

Bevezetés a genomikába

Tekintettel arra, hogy több tenyésztő társaság beépítette már a genominformációkat BREEDPLAN elemzéseibe és számos további társaság célja a genomikai értékelés bevezetése a nem túl távoli jövőben, a jelen technikai tájékoztató célja, hogy bevezetést nyújtson a genomikai technológiába.

Technikai tájékoztatónkban felvázoljuk, hogy mi a genomika, hogyan működik, és miért előnyös a szarvasmarha-tenyésztők számára, ha a BREEDPLAN elemzésekbe felveszik a genomikai adatokat is.

MI A GENOMIKA?

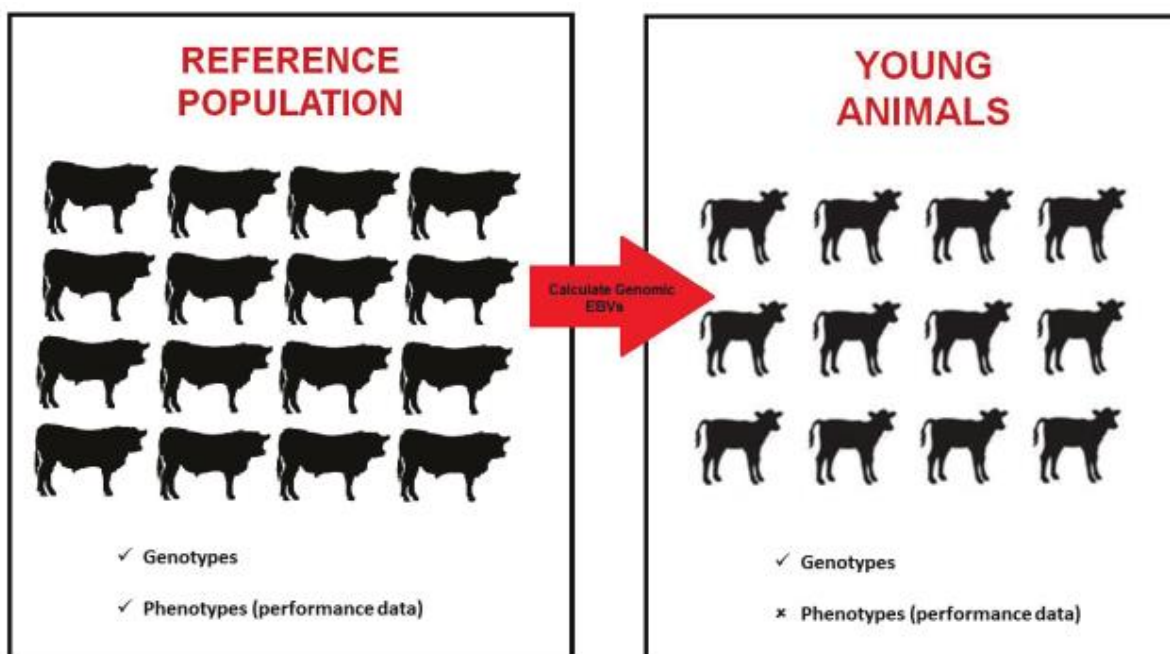
A genom egy szervezet genetikai anyaga; azaz egy szervezet teljes DNS-e. A genomika a genom tanulmányozása, míg a genomikai kiválasztás a DNS információinak a genetikai kiértékelő és kiválasztó programba való felvételét jelenti (ilyen pl. a BREEDPLAN). A genomikai kiválasztásban felhasznált DNS információk (vagy genotípusok) genetikai markerek ezreiként vannak jelen, amelyeket egyedi nukleotid-polimorfizmusokként (SNP-k) ismerünk. Az SNP markerek ezreit tartalmazó genotípusokat az állatból származó, egy SNP-chipen lévő DNS-minta elemzésével állítják elő. Az SNP-chipek különböző sűrűségben használhatók; például egy SNP-chip tartalmazhat 20.000 SNP markert (20K), 50.000 SNP markert (50K) vagy 800.000 SNP markert (800K).

Ahhoz, hogy genom-információt nyerjenek állataikról, a tenyésztők szőrszál-mintát vesznek az állatokról, és felkérlik a tenyésztő társaságot vagy egy laboratóriumot, hogy végezzenek genomtesztet a mintán. A DNS-t a szőrmintából vonják ki, és a DNS-adatokat lefuttatják az SNP-chipen (a sűrűséget a tenyésztő határozza meg; a nagyobb sűrűségű chipek drágábbak). Ezt követően felhasználhatók a kapott SNP genotípusok a pedigradatokkal és teljesítményadatokkal együtt a BREEDPLAN elemzésben a becsült tenyészértékek (EBV-k) számításában.

HOGYAN MŰKÖDIK A GENOMIKAI KIVÁLASZTÁS?

Ha a BREEDPLAN elemzésben nem szerepelnek genomadatok (ez az aktuális helyzet a legtöbb ausztrál fajta esetén), a BREEDPLAN elemzés pedigradatokat és teljesítményadatokat használ (mind az egyénekre, mind a rokonsági kapcsolatban álló állatokra) az EBV-k generálásához. Ha genomadatokot implementáltak egy fajtaspecifikus csoportos BREEDPLAN elemzéshez, a tenyésztők szőrmintát vehetnek egy egyedről, elküldhetik a mintát a laborba és erre genotípus-elemzést végeztethetnek az elérhető SNP-chipek egyikén. A genotípus-adatot a fajtára vonatkozóan fel kell venni a BREEDPLAN elemzésbe és a pedigre- és teljesítményadatokkal együtt kell felhasználni az EBV-k generálására.

A genomikai kiválasztás sikerességéhez szükséges egy referencia-populáció. A referencia-populáció több ezer állatból áll, amelyek mind fenotípusokkal (teljesítményadatokkal), mind genotípusokkal rendelkeznek (1. sz. ábra). A referencia-populáció felállítása volt az egyik kihívás számos szarvasmarha-fajta esetében a genomika megvalósításában; számos fajta tekintetében még a mai napig sincs elegendő, elérhető fenotípussal és genotípussal rendelkező állat ahhoz, hogy tényleges referencia-populációt alkothassanak. Az ideális referencia-populáció a fajtára jellemző minden gazdaságilag lényeges és érdekes jellemzőről gyűjtött fenotípusokkal rendelkezik.



[ábra szövege:

REFERENCIA-POPULÁCIÓ

Genotípusok

Fenotípusok (teljesítmény-adatok)

FIATAL ÁLLATOK

Genomikai EBV-
k számítása

Genotípusok

Fenotípusok (teljesítmény-adatok)

]

1. sz. ábra – A genomikai értékelés megvalósításához és folyamatos sikeréhez kritikus fontosságú, hogy legyen referencia-populáció. A referencia-populáció fenotípusokkal (a gazdaságilag fontos jellemzőkre vonatkozó teljesítmény-adatokkal) és genotípusokkal rendelkező állatokat tartalmaz. A referencia-populáció genotípusai és fenotípusai közötti összefüggés felhasználható a genomikai EBV-k számítására olyan fiatal állatok esetében, amelyek rendelkeznek genotípussal, de nem rendelkeznek fenotípussal (teljesítmény-adatokkal).

Az 1. sz. ábrán a második állatcsoportot a genotípusokkal rendelkező állatokat tartalmazza, amelyekre azonban fenotípusokat még nem gyűjtöttek. Ezek tipikusan fiatal állatok, amelyek még nem érték el azt a kort, amikor teljesítményük rögzíthető. Azonban minden állat besorolható ebbe a második csoportba, amelyek rendelkeznek genotípussal de teljesítményadattal még nem.

A genomikai kiválasztás a referencia-populációba tartozó állatok tekintetében a fenotípusok és genotípusok közötti ismert kapcsolatokat használja a fiatal állatokra vonatkozó EBV-k számításához (1. sz. ábra).

Több tényező befolyásolja, hogy a genomikai kiválasztás mennyire működik sikeresen. Mindenekelőtt a referencia-populáció mérete kritikus fontosságú. Ahhoz, hogy a genomikai kiválasztás sikeresen működjön az ausztrál szarvasmarhák tekintetében, legalább három- ötezer állatból álló referencia-populáció szükséges, amelyek mind fenotípusokkal (teljesítményadatokkal), mind genotípusokkal rendelkeznek. Másodsorban, a genomikai kiválasztás akkor működik a legjobban, ha referencia-

populáció szoros rokonsági kapcsolatban áll a fiatal állatok populációjával, amelyre a genomikai EBV-eket kalkulálják. Ezért a referencia-populációt úgy kell megtervezni, hogy a fajta teljes genetikai készletét képviselje, és ne csupán a fajtán belül egy genetikai részhalmazt. Ez egyben az egyik oka annak is, hogy a genomika miért nem helyettesítheti a teljesítményadatok rögzítését: igény van arra, hogy a következő generációba tartozó állatok genotípusai és fenotípusai idővel egyaránt bekerüljenek a referencia-populációba. Fontos, hogy a tenyészállomány-gazdák megértsék, hogy a genomika nem fogja a teljesítmény-rögzítést kiváltani; az a munka, amit Önök, mint tenyészállomány-gazdák végeznek állataik teljesítmény-rögzítésével, kritikus fontosságú lesz a genomika jövőbeli sikere szempontjából.

MILYEN ELŐNYÖKRE SZÁMÍTHATNAK A SZARVASMARHA-TENYÉSZTŐK A GENOMIKÁTÓL?

A genomika megvalósítása esetén a tenyésztő szőrmintát vehet az egyes állatokról, azt elküldheti genotípus vizsgálatra, és a genotípus-adat bekerül a BREEDPLAN elemzésbe és fel lesz használva az EBV-k generálásánál. Ennek két fő alkalmazási területe lesz a tenyészállomány-gazdák számára:

1. EBV-k generálhatók olyan állatok számára, amelyek nem rendelkeznek teljesítmény-adatokkal

Minden fajtán belül lesz valamennyi olyan állat, amelyik nem rendelkezik teljesítmény-adatokkal, mert olyan csordából származik, ahol nem rögzítik a teljesítmény-adatokat. A jövőben a genomikai adatok BREEDPLAN elemzésbe való felvételével ezeknek az állatoknak is meghatározható a genotípusa és kaphatnak BREEDPLAN EBV-eket. Ezek az állatok származhatnak akár tenyész-állományból, akár kereskedelmi csordákból.

Vannak olyan állatok is, amelyek BREEDPLAN csordába tartoznak, de egyes jellemzők tekintetében nincs teljesítmény-adatuk. Ez az alábbiak miatt lehet:

- Az állat túl fiatal még ahhoz, hogy az adott jellemzőre mérést végezzenek. Például egy 200 napos borjún még nem végeztek ultrahangos vizsgálatot, ezért valószínűleg még nem rendelkezik EMA, bordaszír, farzsír vagy IMV EBV-ekkel. Ahol a 200 napos borjú rendelkezik tetem EBV-ekkel, azok minden bizonnyal meglehetősen alacsony pontosságú szülői köztes EBV-k.
- A jellemző mérése nehéz vagy költséges. Például a nettó takarmány-bevitelt (NFI) olyan takarmánytétel-vizsgálatokban mérik, ahol az állatok közel 100 napig ad libitum takarmányon élnek (beleértve a vizsgálat előtti szabályozási időszakot is). Ez nagyon költségessé teszi az NFI mérést, ezért az NFI méréseket általában csak utóteszt-programokba vett állatokon gyűjtik. A kiskereskedelmi marhahús-hozam egy másik jó példa; a kiskereskedelmi marhahús-hozam mérése nagyon költséges, mert ahhoz a tetemet teljesen ki kell csontozni, és az egyes kiskereskedelmi húsféléket szét kell darabolni és meg kell mérni.
- A jellemző csak az egyik nemnél mérhető. Például az érett tehén súlyát csak a nőstények esetén rögzítik.
- A jellemzőt akkor lehet megmérni, ha az állat már elpusztult. Például a vágóhídi tetem adatok, köztük a kiskereskedelmi marhahús-hozam és a márványozás csak tetemen mérhető, élő állaton nem. A szarvasmarha-tenyésztési ágazat az élő állatokon ultrahangos vizsgálatot használ mérési módszerként e probléma áthidalására, de a tényleges tetemvizsgálatok csak az elpusztult állatokon végezhetőek el.
- Még akkor is, ha az állat rendelkezik teljesítmény-adatokkal, ezeket az adatokat esetleg nem lehet hatékonyan felhasználni a BREEDPLAN elemzésben. Például, ha egy állatot egyetlen kortársi csoportba helyeznek, teljesítmény-adatai nem használhatók fel a BREEDPLAN elemzésben EBV-k számításához. Emiatt a legtöbb állat, amely egyetlen kortársi csoportba tartozik, szülői köztes EBV-ekkel rendelkezik addig, amíg teljesítmény-adatok gyűjthetők saját utódaikon vagy más rokonokon.

Bármilyen is legyen az oka annak, hogy egy állat nem rendelkezik teljesítmény-adatokkal, az állat vagy rendelkezik EBV-ekkel a kérdéses jellemzőre, vagy szülői köztes EBV-ekkel rendelkezik, amelyek pontossága meglehetősen alacsony.

A genomika alkalmazásával az ilyen állatokat genotípusba lehet sorolni, és EBV-eket kaphatnak egy tulajdonságtartományra (feltéve, hogy ha a genomadatok BREEDPLAN elemzésbe való felvétele azt jelenti, hogy az EBV-k elérték a jelentéshez szükséges minimális pontossági küszöböt). Az egyes jellemzők tekintetében a teljesítményrögzítéshez még túl fiatal állatokat fiatal korban genotípusba lehet sorolni (pl. születéskor), és olyan EBV-eket kaphatnak, amelyeket normál esetben csak sokkal idősebb korokban kaphatnának meg (pl. 2 éves kor elérésekor az ultrahangos vizsgálatok esetében).

Hasonlóképpen, ha a tenyészállomány-gazda nehezen mérhető jellemzőkre kíván EBV-eket ménesbeli állatokra, a genomika azt jelenti, hogy megfelelő állatok genotípusa meghatározható és EBV-k generálhatók a genomikai adatok használatával.

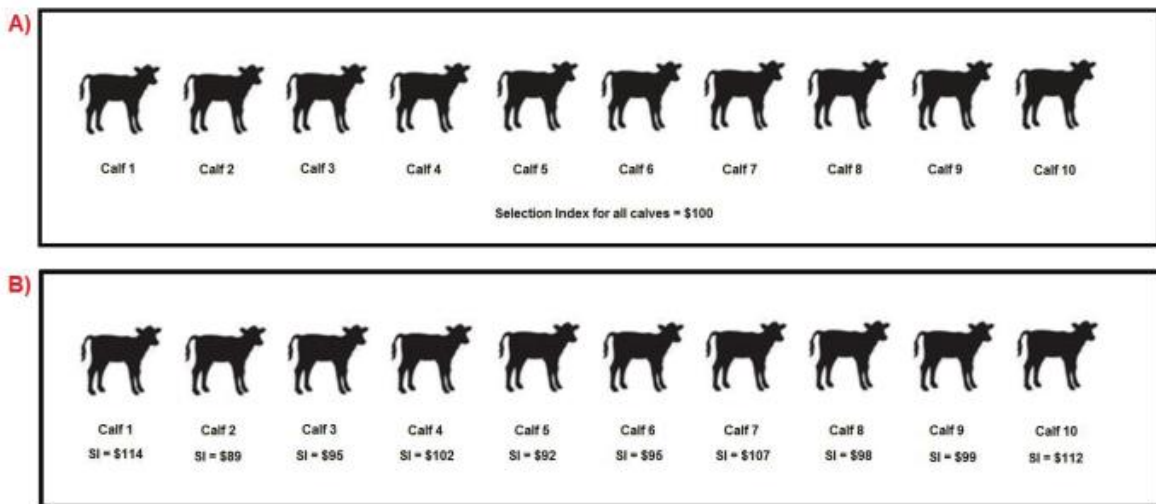
2. Pontosabb EBV-k generálhatók a korlátozott teljesítmény-adatokkal rendelkező állatok esetében

Jelenleg egy (akár saját, akár utódi) teljesítmény-adatokkal nem rendelkező fiatal állat szülői köztes EBV-ekkel rendelkezik, amelyek pontossága meglehetősen alacsony. Saját teljesítmény-adatainak és utódai teljesítmény-adatainak hozzáadásával az EBV-k megváltoznak (attól függően, hogy az egyed és utódai mennyire teljesítenek jól kortársi csoportjukban), és az EBV-khez kapcsolódó pontosság növekszik.

A genomika „felfoldja” a BREEDPLAN EBV-k pontosságát; és ez az előny még hangsúlyosabb, ha az állat alacsony pontosságú EBV-ekkel rendelkezik. Például, egy fiatal állat tekintetében egy adott EBV pontossága 30%; a genomikai teszt felvételével az adott EBV pontossága 40%-ra növelhető. Azonban egy idősebb állat esetében, amelynél ugyanennek az EBV-nek a pontossága 90%, a pontosság valószínűleg csupán 92%-ra növekszik a genomikai adatok felvétele által.

Ily módon a genomikára úgy is tekinthetünk, hogy hasonló, mint ha utódadatokat vinnénk be a BREEDPLAN elemzésbe; amikor egy EBV pontossága alacsony, további adatok felvétele nagy hatást gyakorol. Természetesen, az EBV pontosságának javítása genomikai adatok felvételével változó lesz az egyes jellemzők esetében (a referencia-populáció méretétől és a jellemző örökölhetőségétől függően) és az egyes állatok esetében is (attól függően, hogy az adott állat mennyire közeli rokonságban áll a referencia-populációval).

A genomika a fentiekben tárgyaltak szerinti alkalmazása lehetővé teszi a tenyészállomány-gazdák számára az elit bikák és üszők azonosítását a mai lehetőségekhez képest már fiatalabb korban. Például, vegyünk egy ET programot, ahol 10 közvetlen testvér bika született (2. sz. ábra). Közvetlen testvéreként az ET borjak DNS-ük átlagosan 50%-a közös (vagyis a közvetlen testvér ET borjak genetikailag nem azonosak). Ezek a fiatal bikák a megjelölés idején azonos, alacsony pontosságú szülői köztes EBV-ekkel fognak rendelkezni. Ezt illusztrálja a 2A jelű ábra, ahol mind a 10 bikaborjú esetében a szülő köztes kiválasztási index értéke 100 dollár. Melyiket/melyeket kell megtartani tenyészbikaként, és melyeket kell ivartalanítani? Ez nehéz döntés, mert a tenyésztő tudása korlátozott a fiatal bikaborjak genetikai potenciálja tekintetében, vagyis genetikai potenciáljuk tekintetében semmiképpen nem tudja megkülönböztetni ezeket a borjakat.



[ábra szövege:

A) Borjú 1 ... Borjú 10

Kiválasztási index az összes borjú esetén: 100 dollár

B) Borjú 1 ... Borjú 10

különböző kiválasztási indexek a 89–114 dollár tartományban]

2. sz. ábra – Egy ET tenyésztési programban 10 közvetlen testvér bika születik. Az A) rész azt illusztrálja, hogy mind a 10 borjú túl fiatal még ahhoz, hogy teljesítmény-adatokat rögzítsenek rájuk vonatkozóan, ezért azonos szülői köztes EBV-ekkel és kiválasztási indexekkel rendelkeznek. Ebben az esetben mind a 10 borjú kiválasztási indexe 100 dollár. A B) rész azt illusztrálja, hogy a 10 borjúra genomikai tesztet végeztek és a genomikai adatokat felvették a BREEDPLAN elemzésbe. Itt a genomikai adatok felvétele révén a 89–114 dollár közötti tartományba eső kiválasztási index értékeket kapunk.

A 2B jelű ábra a kiválasztási indexeket mutatja, miután a BREEDPLAN elemzésbe genomikai adatokat vettek fel. Amint a 2B ábrán látható, a genomikai adatok BREEDPLAN elemzésbe való felvételét követően a 10 közvetlen testvér bikaborjú kiválasztási indexének értéke most 89 és 114 dollár között változik. Mivel a tenyésztő most már különbséget tud tenni a borjak között genetikai potenciáljuk alapján, a tenyésztő azonosítani tudja, hogy e fiatal közvetlen testvér bikaborjak közül melyik rendelkezik a kívánt genetikai jellemzőkkel a tenyésztési program szempontjából. A tenyésztő most már a legjobb fiatal bikákat használhatja az éves párosztatásra. Természetesen a kiválasztási index használata csak az illusztrációt szolgálja; valójában a tenyésztőnek egyaránt figyelembe kell vennie a kiválasztási indexeket és a fontos egyedi EBV-eket, és vizuális szerkezeti felmérést kell végeznie a választási döntés meghozatalához.

Amint a 2. sz. ábrán látható, a genomika erőssége az elit bikák és üszők fiatal korban való azonosítása. Ez lehetővé teszi, hogy a szarvasmarha-tenyésztők a jelenlegi lehetőségekhez képest az állatok fiatalabb korában hozhassanak meg a kiválasztásra vonatkozó döntéseket, ezáltal lerövidítve a szaporítási intervallumokat. A szaporítási intervallumok lerövidítésével pedig a genetikai fejlesztés gyorsasága növekszik az egyes tenyésztőknél és a fajta teljességére vonatkoztatva egyaránt.

KONKLÚZIÓ

Több tenyésztő társaság beépítette már a genominformációkat BREEDPLAN elemzéseibe és számos további társaság célja a genomikai értékelés bevezetése a belátható jövőben. A genomikai értékelés bevezetése több előnyt hoz az ausztrál szarvasmarha-tenyésztők számára, többek között azt a lehetőséget, hogy EBV-eket kalkuláljanak olyan állatokra, amelyek esetében nem lehetséges konkrét jellemzőket mérni, vagy ezt nem végezték el. Ezenkívül a genomikai adatok felvétele a BREEDPLAN elemzésbe valószínűleg növelni fogja a korlátozott teljesítmény-adatokkal rendelkező fiatal állatok EBV-inek pontosságát. Ezért az genomika várhatóan fontos eszköz lesz az ausztrál szarvasmarha-tenyésztők számára, akik a jövőben folytatni kívánják a genetikai fejlesztést.

A genomika témájában további információért kérjük, forduljon a Southern Beef Technology Services (SBTS) vagy Tropical Beef Technology Services (TBTS) munkatársaihoz.

Southern Beef Technology Services (SBTS) Telefon: (02) 6773 3555 E-mail: office@sbts.une.edu.au	Tropical Beef Technology Services (TBTS) Telefon: (07) 4927 6066 E-mail: office@tbts.une.edu.au
---	---