

A genomika a ma és jövő juhtenyésztésében

KUSZA SZILVIA

AGRÁR GENOMIKAI ÉS BIOTECHNOLÓGIAI KÖZPONT

2022. április 22.

ÁLLATTENYÉSZTÉS CÉLJA:

Termék előállítás a **piaci igények** szerint **gazdaságosan!**

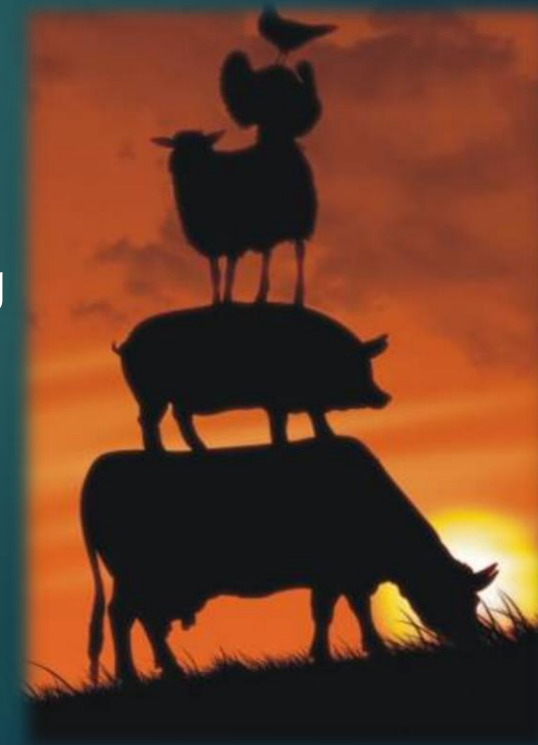
- élelmiszer (hús, tej, tojás stb.)
- másodlagos termékek (melléktermékek) (gyapjú, toll, bőr, szőrme stb.)
 - egyéb tevékenységek (lovaglás, hobbiállatok – kutya, macska)

Elsődleges értékmérők:

- hústermelés
- tejtermelés
- gyapjú termelés
- tojástermelés
- tolltermelés
- takarmányhasznosítás
- májtermelés
- energiatermelés

Másodlagos értékmérők:

- szaporaság
- szervezeti szilárdság
- ellenállóképesség
- technológiával szembeni rugalmasság
- élettartam stb.



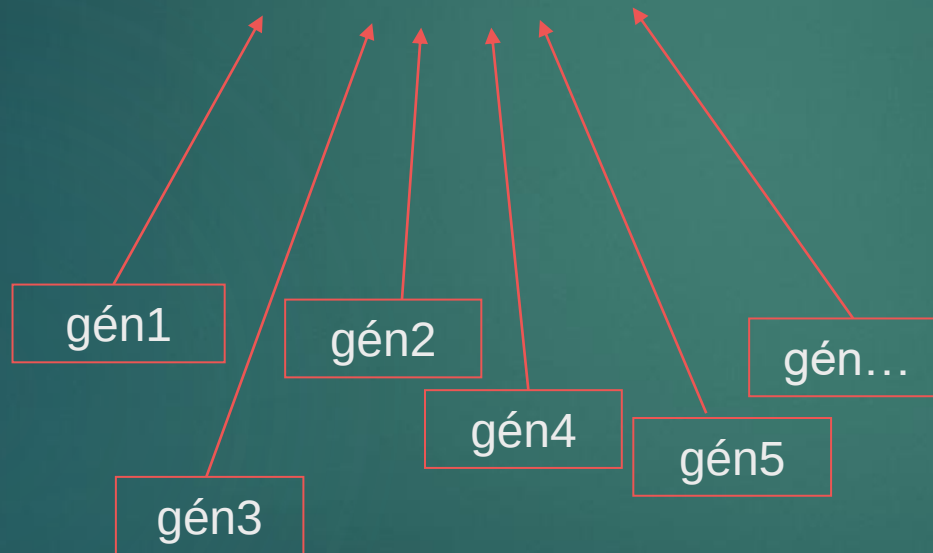
ÉRTÉKMÉRŐK

menyiségi

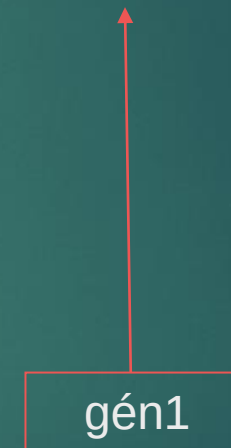
Például; tejhozam, napi súlygyarapodás

minőségi

Például; szarvaltság



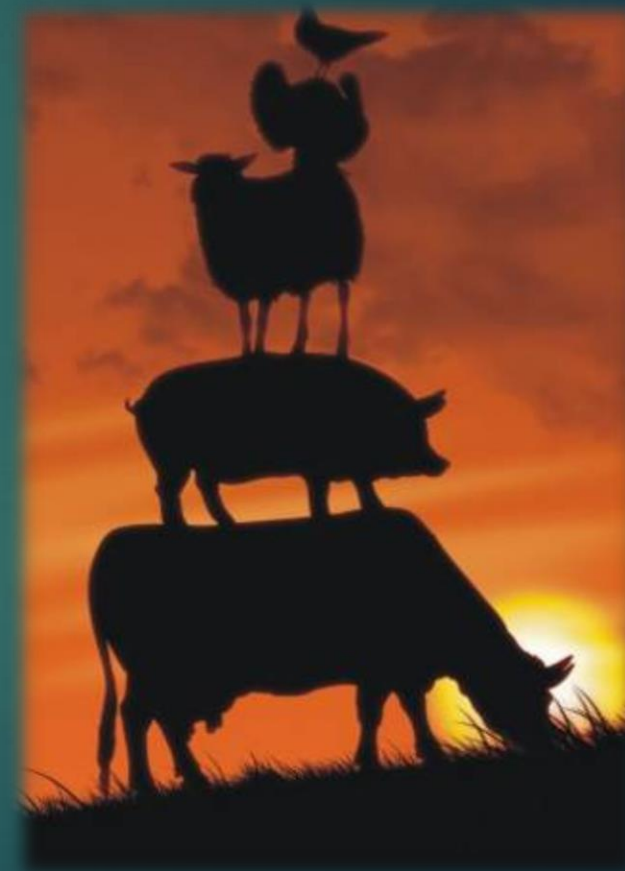
poligénes



monogénes

Legjelentősebb domesztikált állatfajaink

- Szarvasmarha (hús, tej, bőr)
- Sertés (hús)
- Baromfi (hús, tojás)
- **Juh (hús, tej, gyapjú)**
- Kecske (tej, hús)
- Házi szamár (tej)
- Házibivaly (tej, hús, szarv, igavonó erő, "the living tractor of the East")



Klasszikus állattenyésztés



Fajtatiszta tenyésztés

Keresztezés

Szelekció

cél: javítani a termelési jellemzőket



megfigyelés/mérés → *fenotípus alapján történő szelekció*

A hagyományos állattenyésztés korlátai

A szelekció hatékonysága csökken, ha

- Nehéz mérni a tulajdonságokat (rezisztencia)
- A tulajdonság öröklhetőségi értéke alacsony (környezet befolyásolja)
- A tulajdonságok amik a késői életszakaszban jelennek meg (hosszú élettartam, tejtermelés)
- Ivarra korlátozódó tulajdonságok (szaporaság, tejtermelés)
- Vágás után mérhető tulajdonságok (húsminőség)
- Két kívánatos tulajdonság (tejmennyiség és tej fehérjetartalom) között negatív korreláció van

A genomika előnyei

- Növeli a szelekció pontosságát
- Csökkenti a generációs intervallumot
- Növeli a szelekció intenzitását
- Növeli a genetikai előny mértékét

Jövőbeli célok - Kihívások a mezőgazdaságban



Klímaváltozás, globális felmelegedés

- Már megfigyelhető hatásai vannak a környezetre
- Közvetlen problémák délen ÉS közvetett probléma északon (takarmányárak)

Gyakoribb **tüzek**; egyes régiókban hosszabb **aszályos időszakok**; a **trópusi viharok** számának, időtartamának és intenzitásának növekedése; intenzívebb **hőhullámok**; a **tengeri jegek** elvesztése; a folyók és tavak **jégtakarója** hamarabb megtörik; a fák hamarabb **virágoznak**; hatással van a **növény- és állatvilágra** (madarak vonulása, diverzitás csökkenése stb.).

A biológiai sokféleség csökkenése számos negatív hatással lehet az ökoszisztémák és az emberiség jövőjére világszerte.

A tudósok arra számítanak, hogy a biológiai sokféleséget meghatározó fajok száma és köre nagymértékben csökkenni fog, ahogy a hőmérséklet tovább emelkedik.

A táplálékláncban fellépő zavarok nagymértékben befolyásolhatják az emberiség azon képességét, hogy táplálni tudja a növekvő emberi populációt (a különféle rovarfajok elvesztése csökkenti a növények beporzását).

Élelmiszer-/takarmányhiány (népességnövekedés, bioüzemanyagok stb.)

- Emelkednek a takarmányárak (az állati termékek problémássá válnak?)
- A haszonállatoknak nyitottnak kell lenniük az alternatív takarmányozásra
- Energia-, víz-, föld- és egyéb hiányok
 - A (takarmány) erőforrások hatékony felhasználása
- A környezeti lábnyom csökkentése



Genom alapú technológiák

Genotipizálás SNP chipekkel

- SNP = Egy pontos-nukleotid polimorfizmus
- 50K chip: körülbelül 50.000 SNP



.. GAATCTTATGCTATACATAATTATATACTAAT**C**GGGTATTGTTCTTAT..
.. CTTAGAATACGATATGTATTAATATATGATTA**G**CCCATAACAAGAATA..



.. GAATCTTATGCTATACATAATTATATACTAAT**A**GGGTATTGTTCTTAT..
.. CTTAGAATACGATATGTATTAATATATGATTA**T**CCCATAACAAGAATA..

↑
SNP

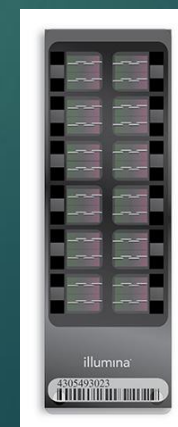
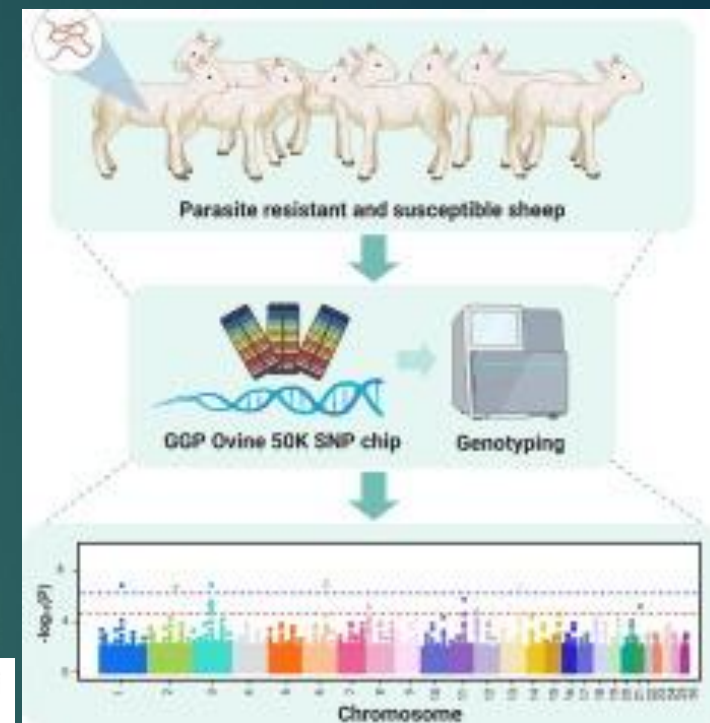
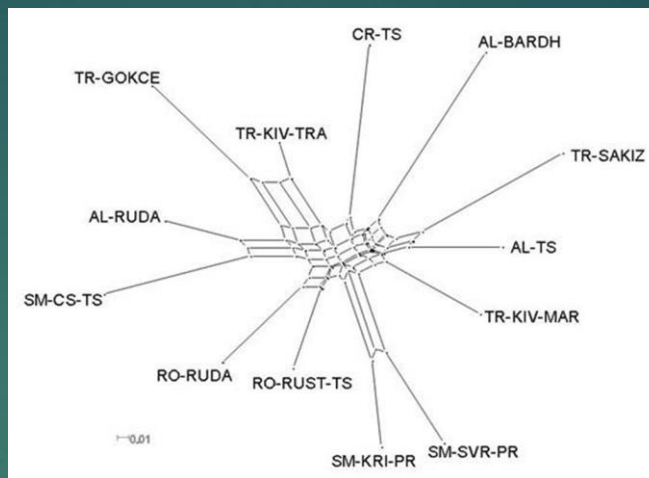
SNP-genotipizáló rendszerek

Származás ellenőrzés

Parazita rezisztencia

Betegségekre való fogékonyság

Termelési tulajdonságokra, szaporaságra genotipizálás



Lehetséges problémák az SNP chipekkel történő genotipizálás során



- A minta nem biztosít megfelelő DNS-minőséget vagy mennyiséget
- A genotípus sok ismeretlen SNP-vel rendelkezik, amelyeket nem lehet meghatározni (90%-os hívási arány szükséges)

Befektetés...

- Genotipizálásba
- Bioinformatikába és a számítógépes biológiába

Nemzetközi együttműködések



9 munkafeladat köré szerveződött a projekt (WP1-WP9)

Ebből többen vesz részt a Debreceni Egyetem (genetikai diverzitás vizsgálat, disszemináció stb).

És a WP1 hez kapcsolódó feladatokat szeretném röviden bemutatni, mely új tulajdonságok az erőforrás-felhasználás hatékonyságának javítására irányul



WP1 Célok

1. Megérteni a takarmányozás, mint összetett folyamat hatékonysága mögött meghúzódó jelenségeket juhokban és kecskéekben.
2. **Új fenotípusok létrehozása a takarmányhasznosítás előrejelzéséhez** automatizált mérések és biomarkerek segítségével.
3. Felmérni a **genetikai paramétereket**, és felfedezni a takarmányozási tényezők hatékonyságának háttérében álló **genomi régiókat** juhokban és kecskéekben.
4. Számszerűsíteni a **genotípus-környezet (GxE) kölcsönhatások mértékét**, illetve ha vannak a takarmányozás hatékonyságát befolyásoló különböző:
 - (a) étrendek (pl., helyi takarmányok vs. koncentrátumok)
 - (b) tartási/tenyésztési rendszerek (pl., intenzív vs. extenzív és/vagy agroökológiai).
5. Az erőforrás-felhasználás hatékonyságát ígérő **fenotípusok** nagyobb léptékű mérése a **kis kérődzők tenyésztési programjaiban** való alkalmazásuk hatásának felmérése érdekében.

WP1 Feladatok

Feladat 1.1: Az erőforrás-felhasználás hatékonyságával kapcsolatos új fenotípusok azonosítása és jellemzése

Feladat 1.2: A takarmányhasznosítás genetikai meghatározottságának elemzése

Feladat 1.3: Genetikai korrelációk vizsgálata a fenotípusok és a termelési jellemzők között

Feladat 1.4: GxE kölcsönhatás az erőforrás-felhasználási hatékonysággal kapcsolatos fenotípusok esetében

Feladat 1.1 Új fenotípusok azonosítása és jellemzése

- **Célkitűzés**
 - A takarmányhasznosítással kapcsolatos új és gyakorlatias biomarkerek azonosítása
- **Az eddig elvégzett munka és az elért főbb eredmények**
 - Kísérleti és kereskedelmi populációkat elemeztek.
 - Az egyéni takarmányhatékonyságot (FE) a kísérleti populációkban a következő módszerekkel becsülték meg: maradék takarmányfelvétel (RFI) és takarmányátalakítási arány (FCR).
 - Ha a teljes egyéni takarmányfelvétel nem állt rendelkezésre, a FE-t alternatív becslők, például a tejre átalakított nettó energiahányados (NEICMR) mérésével becsülték meg.
 - Az FE-vel összefüggő fenotípusok listáját benyújtották.
 - Az FE-vel szignifikánsan összefüggő helyettesítő tényezők:
 - Vér metabolitok
 - Tejkomponensek: zsír, laktóz és tejzsírsav profil
 - Gének

Feladat 1.1 Mért jellemzők

1. **Rutinszerűen rögzített zootechnikai jellemzők** (testtömeg, izomtömeg és ultrahanggal mért hátszalonna vastagság, tejhozam, tejsír- és fehérjetartalom, testkondíciós pontszámok, gyapjú tulajdonságok)
2. **Általában nem rutinszerűen nyilvántartott zootechnikai jellemzők** (GHG, morfológiai jellemzők)
3. **Tej tulajdonságai** (nem célzott metabolizmus, tejsírsavak, finom tejösszetétel)
4. **Vér tulajdonságai** (nem célzott metabolizmus a plazmán, célzott metabolitok: BHB, NEFA, összes fehérje és plazma 15N)
5. **Ürülék tulajdonságai** (NIR-spektrumok az ürüléken)
6. **Kérődzők tulajdonságai** (pH, ammónia- és VFA-tartalom, mikrobióta, metabolizmus)
7. **Tej molekuláris jellemzői** (transzkriptomika és epigenetikai jelek a tej szomatikus sejtjeiben)

Feladat 1.1 Kísérleti populációk

Tejelő juhok

- AUTH
 - vegyes fajták (n = 30)
 - chios (n= 40)



- INRAE
 - lacaune (n = 54)



- UNILEON
 - assaf (n = 40)



Tejelő kecske

- INRAE (n = 49)



Húshasznosítású juhok

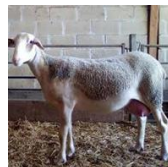
- INRAE
 - romanov (n= 357)
- INIA-UY
 - merinó (n = 854)
 - corriedale (n = 290)
 - dohne (n= 237)



Feladat 1.1 "Kereskedelmi" populációk

Tejelő juhok

- RDF- IDELE
 - lacaune (n=4516)
 - MTR (n=1101)
 - MTN (n=791)
 - BB (n=1007)



Tejelő kecskék

- CAPGENES-IDELE
 - szánentáli (n=3260)
 - alpesi (n=2254)



- Yorkshire-DG
 - composite (n=1146)



Húshasznosítású juhok

- RDF-IDELE
 - MV (n = 2579)
 - BMC (n = 1534)
 - RdO (n = 1198)
- NSG
 - NWS (n=3300)



Feladat 1.2 A takarmányhasznosítás genetikai hátterének elemzése

- **Célkitűzés**

- A kiválasztott erőforrás-felhasználási hatékonyság előrejelzéseinek elemzése a takarmányhasznosítás genetikai alapjainak megfejtése érdekében
- **Eddig elvégzett munka**
- A FE becslők és a termelési tulajdonságok rögzítése kereskedelmi populációkban
- A FE tulajdonságok genetikai paramétereinek becslése
- Az állatok genotipizálása SNP-chipekkel a GWAS számára FE-becslőkkel együtt

Feladat 1.2 A takarmányhasznosítás genetikai hátterének elemzése

- **Az eddig elért főbb eredmények**
 - A fenotípusok, genotípusok és a törzskönyvek adatbázisainak kifejlesztése és fenntartása a további elemzésekhez
 - Modellek kidolgozása a takarmányhasznosítás becslésére különböző populációkban
 - Tejelő juhok esetében: Megállapították, hogy a takarmányfelvétel és a tejtermelés gyakorolja a legnagyobb hatást a tejben átalakított nettó energiabevitel arányára (NEICMR). Leírtak olyan specifikus génhálózatokat, amelyek szerepet játszanak a FE genetikai meghatározásában

Feladat 1.3 Genetikai korrelációk a fenotípus és a termelési tulajdonságok között

- **A feladat célja**
 - A takarmányhasznosítás és a termelési tulajdonságok közötti genetikai korrelációk elemzése
- **Eddig elvégzett munkák**
 - Ez a feladat a 36. hónapban kezdődött, ezért csak a kezdeti munkálatokat lettek elvégezve
 - Az előzetes elemzéseket az alábbi vonalakon végezték el:
 - Romanov vonal
 - Brit húsállomány
 - Yorkshire-DG
- **Az eddig elért főbb eredmények**
 - **Romanov:** h^2 RFI 0,45 és kedvező alacsony negatív genetikai korreláció az RFI és az izom vastagság között
 - **Brit húsállomány:** közepes vagy magas genetikai korrelációt írtak le az izom-, zsír- és csontjellemzők között
 - **Yorkshire-DG:** a genetikai korrelációk a laktáció kezdetén és végén a következők voltak:
 - FI és MY 0,52 (s.e. 0,25) 0,91 (s.e. 0,05) között;
 - FI és BW 0,08 (s.e. 0,21) 0,47 (s.e. 0,21) között;
 - BW és MY -0,24 (s.e. 0,27) -0,25 (s.e. 0,22).

Feladat 1.4 GxE kölcsönhatás az erőforrás-felhasználás hatékonyságával kapcsolatos fenotípusok esetében

- **Célkitűzés**
 - A GxE kölcsönhatás elemzése a takarmányhatékonysági jellemzők tekintetében
- **Eddig elvégzett munkák** (folyamatban lévő eredmények)
 - Román juh (takarmány vs koncentrátum)
 - A Román húsjuhok (INRAE, n ~500) FE-jellemzőinek összehasonlítását intenzív vs. extenzív tartási rendszerekben, valamint koncentrátummal vs. takarmányozással etetett állatok esetében becsültük meg.
 - Lacaune juh (Franciaország vs. Görögország)
 - Közös kosokat azonosítottak
 - A genetikailag rokon állatokkal rendelkező gazdaságok megfigyelése folyamatban van.
 - A tejelő juhok esetében 600 Lacaune anyajuh tejének tulajdonságait (hozam és összetétel) rögzítették Görögországban (AUTH), ezeket összehasonlítjuk a franciaországi rokon állatokkal (IDELE).
 - A takarmányhatékonyságra és a termelési tulajdonságokra vonatkozó adatok rögzítése a két feltételrendszerben.



www.smarterproject.eu

Összegzés

- **Használjunk genomikát** eszközként az állományok javítására!
- **A genom alapú szelekció** egy új eszköz, amely előnyökkel jár a piacon.
- **Csatlakozzunk** nemzetközi konzorciumokhoz!
- **Használjunk genomi értékelést** megfelelő fenotípus-adatokkal.
- **Kérjünk szaktanácsot!**

Köszönöm szépen figyelmüket!