

A szürkemarha

DNS alapú komplex genetikai vizsgálata

A magyarszürke mikroszatellit vizsgálatairól korábban, tudományos lapban az Animal Science Papers and Reports oldalain számoltunk be (2014, 32, 121-130). Akkor több mint háromezer egyed tenyészetenkénti jellemzésére vállalkoztunk.

Jelen írásunk első részében rutinszerű származási vizsgálatokon átesett, több mint tizenötezer egyed vizsgálatáról számolunk be abból a szempontból, hogy detektálható-e bennük a szürkemarhán néhány alkalommal használt maremman fajta hatása? Az írás második részében a teljes genomot érintő vizsgálatainkat mutatjuk be.

A szürkemarha egyedek felmenőinek nyilvántartása sajnos a második világháború idején megsemmisült, ezért a mai nyilvántartást 1950-es évektől lehet eredeztetni, melyet 1962-2004-ig vércsoport vizsgálatokkal támasztottak alá. 2000 óta DNS mikroszatellit vizsgálattal állapítják meg a helyes származási viszonyokat. A vizsgált minták DNS profilja a NÉBIH által rutinszerűen elvégzett szülői származásellenőrzési teszteknek köszönhetően álltak rendelkezésre.

Az ENAR számmal azonosítható maremman minták egyrészt Olaszországból, másrészt Magyarországon korábban tartott maremman egyedek vérmintáiból voltak hozzáférhetőek.

A maremmanhatás meglétének DNS alapú ellenőrzését többféle csoport felállításban, illetve többféle szoftver különféle algoritmusainak felhasználásával végeztük el. A 15455 minta és 36 olaszországi maremman egyed 18 DNS-mikroszatellit markerrel vizsgáltuk. Korábbi vizsgálatainkban 11 DNS markert használtunk.

Első lépésként a maremman egyedeket vizsgáltuk meg, vajon a különböző idő-

pontokból származó minták azonos fajta-ba tartoznak-e, van-e detektálható eltérés közöttük? A különféle maremman csoportokat azonosnak tekinthettük, mert azok egymástól való genetikai differenciáltsága, eltérése nem volt szignifikáns.

A DNS markereket felhasználva a maremman-csoportokon és véletlenszerűen kiválasztott 100 szürkemarha egyeden ellenőriztük a két fajta genetikai elkülönülésének a mértékét. Az elkülönülés nagymértékűnek adódott, amely megerősítette, hogy a megfogalmazott cél vizsgálatára alkalmasak a származásellenőrzéshez használt DNS markerek.

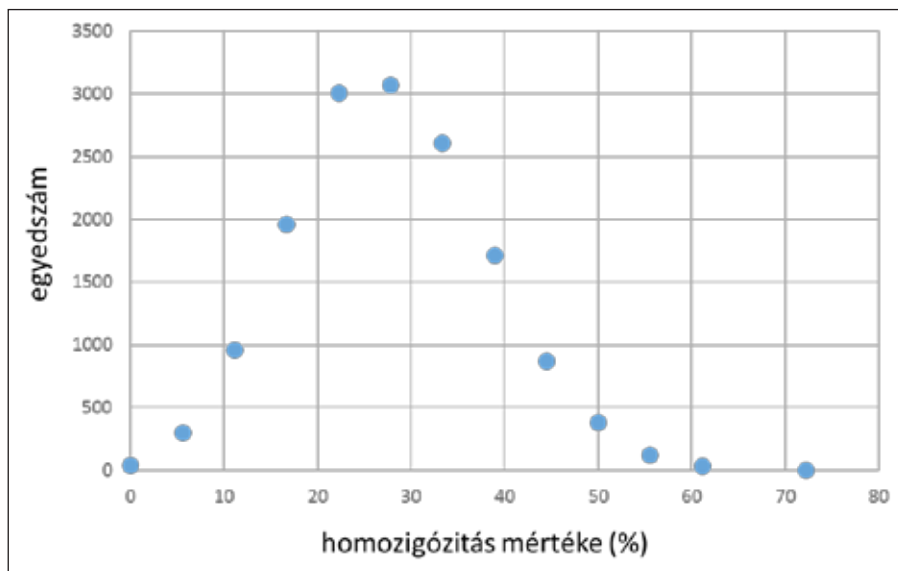
Maremman hatást összesen 267 egyed esetében detektáltunk (a vizsgált mintamennyiség 1,7 %-a). Az azonosított állatokat más fajtákkal is összevetettük (holstein-fríz, charolais, angus, blond, hereford, limusin); mely fajták valószínűsíthető hatása néhány fentebb említett szürkemarha egyeden jelentkezett. A 267 egyed közül 78 (a teljes vizsgált mintamennyiség fél százaléka) többször is megjelent a használt matematikai al-

goritmusok találatai között. A minták tenyészetek szerinti eloszlása azt az ismert feltételezést erősítette, miszerint az egyedek többsége nemzeti parkos területekhez köthető.

A maremman hatással bíró minták száma nagyonak tűnik (267, illetve 78), de figyelembe véve a 15455 vizsgált egyedszámot, ezen egyedek aránya nagyon alacsony volt. Ennek oka valószínűleg az, hogy 1991 után a tenyésztők a már működő származásellenőrzési adatok és a visszamenőlegesen ismert származási adatlapok alapján kerültek el a maremman bikák utódjainak kiterjedt használatát. A DNS adatok alapján ezen erőfeszítés sikere megerősítést nyert.

A maremman hatáson kívül a heterozigótási mértékét is meghatároztuk minden egyes magyarszürke állat esetében, mely értéke átlagosan 72% volt. A homozigótási értékek egyedszám szerinti eloszlása az 1. ábrán látható. Az átlagos homozigótási érték 28%-os.

A korábbi 2014-ben végzett vizsgálatban 11 DNS markerrel ugyanezen érték



1. ábra: . A homozigótási értékek egyedszám szerinti eloszlása



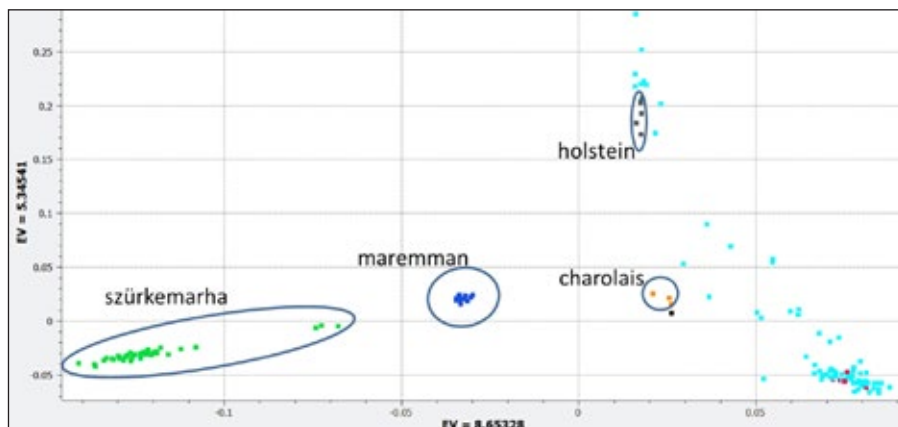
szürkemarha esetében 30 %-ot mutatott. Ennél kisebb értékkel az angus, blond, holstein fajták bírtak (rendre: 28, 26, 27%).

A szürkemarha állomány folyamatosan végzett származásellenőrzés-vizsgálatain túl, a felgyülemelő adatok populációgenetikai irányú feldolgozását 3-5 évente javasoljuk megismételni.

Teljes genomot lefedő vizsgálatokat is elvégeztünk 132 szürkemarha egyeden. A továbbiakban ún. SNP markerek használatát és vizsgálati eredményét írjuk le, mellyel a jövőben bizonyára többször fog találkozni a tenyésztő.

Az utóbbi évek technikai fejlesztéseinek köszönhetően a DNS chip-technológia ma már lehetővé teszi, hogy a fajta teljes örökítő anyagát egyszerre több állaton ellenőrizzük, az állatokat érintő különböző biológiai folyamatokról, a genomban történő változásokról átfogó képet nyerjünk.

Vizsgálatunkat egy egyedre nézve 130 ezer SNP genotípus adatával végeztük el. A vizsgálatba a 132 szürkemarhán kívül 12 maremman és egyéb, más kutatási projektből származó; holstein, charolais, magyartarka, jersey, limousin fajtákat vontunk be. A mintázandó tenyészeteket, illetve szürkemarha egyedeket korábbi ismereteinket figyelembe véve a tenyésztők és a kutatók közösen választották ki. Azokban az esetekben,



2. ábra: A jersey, magyartarka, holstein, charolais, szürkemarha egyedek genetikai háttere alapján elvégzett főkomponens analízis kimutatta, hogy a vizsgálat előbb felsorolt résztvevői még jobban elkülönülnek a szürke marha egyedektől, mint a maremman. Az ábrán nem bekarikázott, világoskékkel, pirossal, és feketeíval jelölt egyedek magyartarka, jersey és limousin egyedeket jelentenek.

ahol a kiválasztott egyednek nem volt hozzáférhető vérmintája, ott ugyanazon tenyészetből véletlenszerűen választottunk helyettesítő egyedeket. A maremman minták kiválasztásához 18 mikroszatellit markerrel felvett DNS profilt használtuk. A DNS profilból számolt rokonsági fok alapján azokat a maremman egyedeket választottuk ki, amelyek a lehető legkisebb rokonságban voltak egymással.

A 130 ezer SNP marker genotípusának analízise a maremman és a szürkemarha mintákat -hasonlóan a korábban beszámolt mikroszatellit markerek esetéhez- egyértelműen elkülönítette. Az egyéb

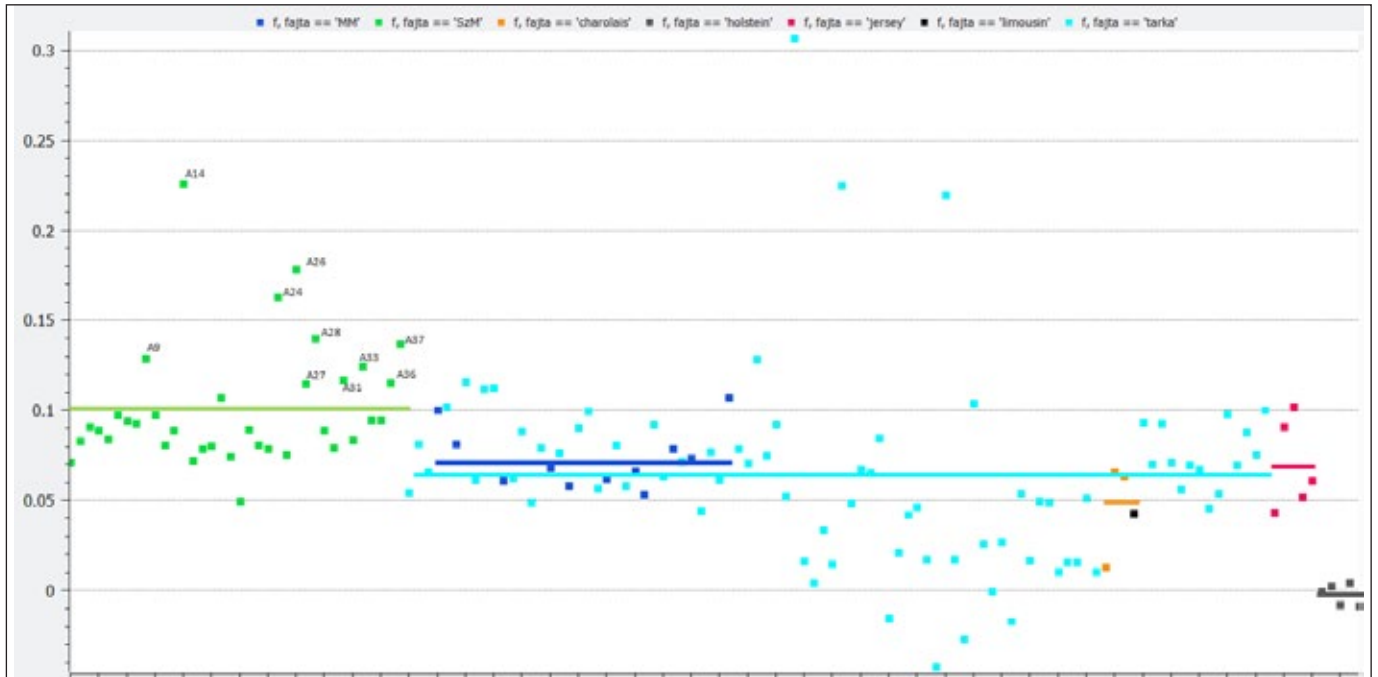
szarvasmarhák felhasználásával a fajták egymáshoz viszonyított helyzetét is ábrázolni tudtuk (2. ábra).

A szürkemarha csoportból (2. ábra, zöld pontok) három szürkemarha egyed „kilóg”. E három egyed közül egy a korábban említett 15 000 állat mikroszatellit vizsgálatai között szerepelt; ezen egyedben maremmanhatást lehetett kimutatni. A három „kilógó” szürkemarha egyed közül kettő nem vett részt a korábbi vizsgálatokon, de az egyedek elhelyezkedése és a harmadik egyed mikroszatellit eredménye alapján ezekről is elmondható a maremmanhatás megléte, kimutathatósága. A szürkemarha egyedeket más európai fajtákkal és primitív típusú fajtákkal is összehasonlítottuk, melynek eredményeként elmondható, hogy a szürkemarha különleges, más fajtahoz nem hasonlítható, védendő genetikai háttérrel rendelkezik.

A teljes genom áttekintő tesztelése (hasonlóan a mikroszatellittekhez) a heterozigóitási/homozigóitási adatokról is nyújt felvilágosítás akár egyedi szinten. Az adatokat a tervszerű párosításban lehet felhasználni. Értéke pontosabb a korábban beszámolt mikroszatellit markerekhez képest.

Egyedek várt és megfigyelt beltenyésztettségi értékeiből számolt jellemzőt (függőleges tengely) egyedenként felvéve és pontonként ábrázolva azt láthatjuk (3. ábra), hogy bár minden vizsgált





3. ábra: Az észlelt homozigóta arány eltéréseinek mértéke a várt homozigóták arányától. Zöld: szürkemarkarha, kék: marmemman, világoskék: tarka, narancssárga: charolais, piros: jersey, fekete: holstein. Az egyedül álló fekete pont limousin egyedeket mutat. A vonalak az adott fajta egyedeinek átlagát mutatják.

fajtában (kivéve holstein) több volt a homozigóták aránya a várthoz képest, de a legnagyobb eltérés a várthoz képest a szürkemarkarhánál jelentkezik.

A szürkemarkarha genotípus adatokból a szürkemarkarha fajtában alkalmazható, szülői származásellenőrzésre alkalmas SNP készletet is azonosítottunk, mert a marutinszerűen használt mikroszatellit-



kel szemben az SNP markerek tipizálása könnyebben automatizálható és költség-hatékonyabban alkalmazható.

A tenyésztésben a kiemelt fontossággal bíró egyedek genomjának SNP-chippel való vizsgálata javasolható egyrészt ezen egyedek pontos rokonsági viszonyainak, másrészt a tenyésztők számára fontos tulajdonságok genetikai hátterének, bélyegeinek meghatározása céljából. A tenyésztésben felhasználható bélyegek megtalálásához, majd felhasználásához sokféle tulajdonságot dokumentáló, egész fajtára kiterjedő egységes adatbázis létrehozása, holstein fajtában már alkalmazott minősítési rendszer bevezetése elengedhetetlen.

A rendelkezésre álló fenotípus adatok, pl. marmagasság, súlygyarapodás, tenyésztérték pontszám SNP genotípusokkal való összevetése során sikerült olyan markereket találni, melyek a tenyészcél kiválasztása után alkalmazhatóak a szelekciós munkában. A találatok széles körű használatát egy kiválasztott tenyésztésben elvégzett sikeres validálás után javasoljuk.

A komplex genetikai vizsgálatok keretében az Egyesület kiválasztott három bikát genomjuk teljes megismerésére. A bikák genomjának összeállítása megtörtént. Analízisük az ismert más szarvasmarha genomokkal, illetve a fenotípusokkal kapcsoltságot mutató markerek környezetének megismerése folyamatban van.

Zsolnai Attila

NAIK, Állattenyésztési, Takarmányozási és Húsipari Kutatóintézet, Herceghalom

Kaltenecker Endre

Baracska Lajos

Magyar Szürke Szarvasmarhát Tenyésztők Egyesülete, Budapest

Bán Beáta

Józsa Csilla

NÉBIH Állattenyésztési Igazgatóság, Genetikai Laboratórium, Budapest,

Maróti-Agóts Ákos

Állatorvostudományi Egyetem, Budapest

Anton István

NAIK, Állattenyésztési, Takarmányozási és Húsipari Kutatóintézet, Herceghalom

