

AZ ÚJ BIOTECHNOLÓGIAI MÓDSZEREK ÉS A BELTENYÉSZTETTSÉG (A HATÁS BECSLÉSE SZIMULÁCIÓS MODELLEL)

SZÓKE SZILVIA — BÉRI BÉLA — KOMLÓSI ISTVÁN

ÖSSZEFOGLALÁS

Az új biotechnikai, biotechnológiai eljárások közül a szuperovuláltatásnak és klónozásnak nagy jövője van, illetve lehet az állattenyésztésben. Általános alkalmazásukkal, a legkiválóbb teljesítményt nyújtó állatokat, tetszőleges számban lehet előállítani. Ez azonban a genetikai variancia csökkenésével, és a beltenyésztettség növekedésével jár együtt.

A szerzők célja volt a különböző klónozási technológiák szimulációja segítségével felmérni azok tömeges alkalmazásának hatását a genetikai változatosságra és a beltenyésztettségre nézve, egy tejelő szarvasmarha populációban. Megállapították, hogy 200 000 tejelő szarvasmarha esetén, borjazásonként 5% klónutóddal számolva, az eltérő klónozási technológiák hatására, jelentős különbségek adódtak. Mintegy 21,5 évnyi időszak alatt, a beltenyésztettség klónozatlan populációkban 0-ról 0,28% és 6,31% közé emelkedett, eltérő bikahasználat mellett. Különböző klónozási technológiák használatakor, a beltenyésztettség szintén jelentősen eltért, a vizsgált időszak alatt, 0-ról 0,41% és 12,77% közé emelkedett szintén eltérő bikahasználat mellett.

SUMMARY

Szöke, Sz. Ms. – Béri, B. – Komlósi, I.: NEW BIOTECHNOLOGICAL METHODS AND INBREEDING (PREDICTION OF THE EFFECT USING SIMULATION MODEL)

Among the many recent advances in biotechnology and its application, superovulation and cloning offer the greatest potential for improvements in animal breeding. General use of these techniques may allow production of animals with the most desirable characteristics all but at will, with associated declines in genetic variance and increases in inbreeding. They examined the potential effects of cloning on genetic value and inbreeding in a dairy cattle herd with computer simulation. Assuming a herd size of 200,000 and different numbers of bulls the inbreeding coefficient was 0.28%-6.31% in the control population after 21.5 years. Using clones with different technology the inbreeding coefficient was 0.41%–12.77%, depending from number of bulls too.

BEVEZETÉS

A keresztezések és szelekció segítségével létrehozott nagy tejhozamú szarvasmarha fajták hagyományos módon, csak hosszú idő alatt szaporíthatók el, mert az ikervemhesség ritka, és a vemhesség ideje hosszú. Egy újabb eljárás szerint a kiváló teljesítményű egyedek embrióiból, vagy testi sejtjeinek felhasználásával, genetikailag identikus egyedeket állítanak elő — vagyis klónoznak. Jelenleg ennek is több módja ismert. Az új technológia alkalmazásával viszont, az azonos genetikai felépítésű egyedek tömeges előállítására csökkenti a genetikai variációt, és megnöveli a beltenyésztettség az állományban. Ez utóbbi a genetikai terhelttség halmozódásához, a fitness tulajdonságok romlásához vezethet. Célunk volt a különböző klónozási technológiák számítógépes szimulációja segítségével felmérni azok tömeges alkalmazásának lehetséges hatását a beltenyésztettségre, egy tejelő szarvasmarha populációban. Ezzel a modellezéssel a várható folyamat és annak nagyságrendje elemezhető, s javaslat tehető a megelőzésre.

IRODALMI ÁTTEKINTÉS

Klónozási eljárások

Az embrió-darabolási eljárásban egy petesejtet mesterségesen termékenyítenek meg, majd az így létrejött zigótát, a nyolc sejtből álló embrionális állapotig hagyják osztódni. Ekkor az embriót több részre hasítják. Nyolcsejtes állapotig nem indul meg a sejtek differenciálódása, az így kapott embriók genetikailag teljesen azonosak lesznek. Az eddigi kutatások alapján úgy tűnik, hogy az embriókat legfeljebb négy részre lehet osztani, hogy elegendő számú sejtből álló életképes embriókat lehessen később beültetni (Gócza, 1997; Baranyai és mtsai, 2000). Az embrió-átültetés során fellépő veszteségek miatt a hatékonyság 40–60%-os.

A sejtmag-átültetési technológiával (nukleáris transzfer) az embrionális stádiumban lévő sejtmagot olyan zigótába vagy petesejtbe injektálják, amelynek saját sejtmagját előzőleg eltávolították. Gyenge elektromos áram segítségével egyesítik, és így életképes zigóta nyerhető. „A korai fejlődés során, az embrionális sejtek toti- vagy pluripotensek, azaz sejtmagjuk tartalmazza a teljes élőlény kifejlődéséhez szükséges összes genetikai információt” (Solti, 2004). A sejtmagokban található DNS minden embrióban megegyezik, azonban a befogadó (recipiens) petesejt citoplazmája is tartalmaz öröklődő anyagot. Ez kis eltérést jelent a klónembriók között.

A testi sejt klónozás, az előzőekben leírt sejtmag-átültetési eljárástól abban különbözik, hogy egyszomatikus sejt sejtmagját ültetik be egy sejtmagjától megfosztott petesejtbe. Az ismertté vált *Wilmot és mtsai* (1997) számoltak be az első sikeres kísérletről, melynek eredményeképpen született meg Dolly. Ennek jelentősége és nehézsége abban áll, hogy a testi sejtek már differenciálódtak, specializálódtak valamilyen feladat ellátására. A testi sejt klónozás, a jelenlegi gyakorlatban, a legkevésbé sikeres eljárás, ugyanakkor állattenyészté-

si jelentősége nagy, hiszen ismert teljesítményű állatokat lehetne klónozni ily módon.

Egy embrióból kevés sejt nyerhető a sejtmag-átültetéshez, ezért csak kis-számú genetikailag azonos egyed hozható létre. Ez a tény fordította a kutatók figyelmét az embrionális őssejtek felé. A cél az volt, hogy sejtenyészetből származó embriót tudjanak eredményesen beültetni, így tetszés szerinti létszámban lehessen genetikailag identikus egyedeket előállítani. „Erre a legalkalmasabb megoldást az ún. Embrionális eredetű őssejtek (ES-sejtek) használata jelent, mert pluripotensek és tenyészetben differenciálódás nélkül fenntarthatók szarvasmarhából (Gócza, 1997, 1998)”. Eddig már több faj esetében is sikerült élő utódokat nyerni testi sejtekből; egérből, kecskéből, sertésből, macskából, nyúlból, gaurból, bantengből, muflonból, őszvérből, lóból, afrikai vadmacskából (*Dinnyés és mtsai*, 2002). Így tehát megvan a gyakorlati lehetősége annak, hogy genetikailag azonos egyedeket tetszőleges számban állítsanak elő bizonyos állatfajok esetén. Azonban szarvasmarha őssejtekből még nem sikerült klónozott utódokat létrehozni.

Rokonsági viszonyok

Az embrió-darabolással létrehozott állatok valódi szülei a petesejtet és a himivarsejtet adó donorok. Velük ugyanúgy 50%-os a rokonság, mint bármely természetes úton fogant egyed esetében. Az embriót kihordó nőstény csak béranya, genetikai értelemben nem rokon. Az embriódarabolással létrejött ikrek, csakúgy, mint a természetben az egypetéjű ikrek, egymással teljesen egyforma génkészletet tartalmaznak, így 100%-os rokonságuk mértéke.

Genetikai információ a sejtmagon kívül (ami az apai és anyai genom hordozója) a mitokondriumban is található. A himivarsejtből származó mitokondrium felszívódása miatt az utód csak az anyai eredetű mitokondriumokat, illetve mitokondriális géneket örökli (*Bodó és Gerencsér*, 2000). Sejtmag-átültetés esetén, így az embriónak van egy harmadik — genetikai értelemben vett — szülője is.

Gibson és mtsai (1997) szarvasmarhában vizsgálták a mitokondriális hatást a tejszír-százalékára. Megállapították, hogy az összes variancia 2,9–5,6%-a a mitokondriális eltéréseknek köszönhető. Más, korábbi közlemény szerint (*Bell és mtsai*, 1985), ez az érték nem több 1,2%-nál. A laktációk 4%-os zsirtartalomra korrigált tejmenyiségét vizsgálták *Faust és mtsai* (1990). Ők a mitokondriális hatást 0–5% közöttinek találták a teljes varianciához viszonyítva. *Onken és Swaive* (1993) tej-, zsír- és fehérjemennyiség, valamint tejszír százalék adatokat vizsgálva, frisland szarvasmarhában, a teljes variancia 6,8; 0; 2,4; illetve 1,2%-át tulajdonították a citoplazmában található eltérő géneknek.

ANYAG ÉS MÓDSZER

Számítógépes szimuláció segítségével összehasonlítottuk a sejtmag-átültetési klónozás, a testi sejtes klónozás, és az embrió-darabolási technológia tömeges alkalmazásának lehetséges hatását egy elképzelt tejelő szarvasmarha állományban. Az alappopuláció létszáma 200 000 tehén volt, a bikák

száma pedig, a kísérleti beállítástól függően, 100, 500, 667 vagy 1000 tenyész-bika volt, valamint modelleztük a 2004-es valós bikahasználatot is (az adatok *Dr. Monostory Istvántól* származtak).

A klónozási kísérlet során az infinitezimális modellt alkalmaztuk, ami azt jelenti, hogy végtelen számú gén egyenként igen kis (végtelenül kis) hatást gyakorol az adott tulajdonság kifejeződésére. Nem számoltunk dominancia és episztázis hatással, így az összes genetikai érték az additív genetikai értékkel egyezett meg. Az egyedeket genetikai értékeikkel és tenyészértékükkel jellemeztük. A kiindulási populáció genetikai értékei a standard normális eloszlásból származó véletlenszámok voltak. A tenyészérték szintén normális eloszlást mutató valószínűségi változó volt; a genetikai értékhez egy nulla várható értékű véletlenszámot adtunk. Ez is normális eloszlásból származott, szórása függött az ivartól, a bikáké 0,05, a tehénké 0,2 volt. A két ivarban eltérő a tenyészérték-bebecsléshez használt adatok mennyisége, és a továbbtenyésztési hányad, ezért tettünk különbséget közöttük. A genetikai értékeknek az utódok létrehozásában volt szerepe: ezek a szülők genetikai értékének átlagát és egy nulla várható értékű véletlenszám összegét kapták, ami a mendeli varianciát modellezte. A tenyészértékek alapján rangsoroltuk az egyedeket.

A szimulációban átfedő populációkat vizsgáltunk. Az időt 436 napos egységekben mértük, ami két ellés közötti időszaknak felelt meg. Minden kísérleti elrendezésben célpárosítást alkalmaztunk. A legnagyobb tenyészértékű bikákat, a 200, 300, 400, 2000 legnagyobb tenyészértékű tehénrel „párosítottuk”. A második legjobb bikát, pedig a rangsorban következő nőivarú egyedekkel. A valós bikahasználatban nem volt azonos az egy bikára jutó tehének száma.

A tejelő állomány korszerkezete állandó volt, az arányokat élettartamindex táblázat (*Báder és mtsai*, 2002) alapján állítottuk be. A tenyészbikák változó korúak voltak, hiszen legalább 5 éves kor, és legalább 75%-os megbízhatóság esetén mindaddig tenyésztésben maradnak, amíg a legjobbak között vannak (*Princz*, 2005).

A kontrollpopulációban nem alkalmaztunk klónozást.

Az embrionális sejtenyészetek felhasználásával történő sejtmag-átültetéses klónozás modelljében, a párosítások során, a legjobb tenyészértékű tehének embriói felhasználásával, 9-9 klónt képeztünk, az utódok genetikai értékei megegyeztek.

A testi sejtes klónozás modelljében, a legjobb tenyészértékű tehéneknek szintén 9-9 kiónt képeztünk. Genetikai értékeik a donoréval egyeztek meg.

Az embrionális sejtenyészetek használatával történő sejtmag-átültetéses klónozás és a testi sejtes klónozás esetében felmerül az anyai hatás kérdése. A kiónek genetikai értelemben vett szülei a donor szüleivel egyeznek meg. A donortól azonban csak a sejtmagot kapja, a citoplazma egy másik egyedtől származik. A citoplazmában lévő mitokondriális DNS még vitatott, többnyire 0–5%-os teljesítményre gyakorolt hatását ebben a kísérletben elhanyagoltuk, pontosabban, ha a citoplazma donor, hasonlóan kiváló teljesítményű a sejtmagdonorhoz, akkor várhatóan nem ront annak teljesítményén. A dajkaanyákat a legkisebb tenyészértékű egyedek közül választottuk ki, így egy-egy időegységben belül, a legjobb teljesítményű tehének még ivaros szaporodásban is részt vehettek. A megszületett kiónek természetesen mind nőivarúak voltak.

Az embrió-darabolási eljárás modelljében, a négy embriódarabból egyet „feláldoztunk”, hogy az ivarát meg lehessen állapítani, mivel csak nőivarú egyedek kióját kívántuk modellezni. Összességében tehát azonos genetikai értékű hármastestvér utódok „születtek”. Kísérletünkben egy anyától, egy párosításból több hármastestvért származtattunk. Az azonos szülőktől származó hármastestvérek genetikai különbsége csak a mendeli varianciának volt köszönhető.

A szimuláció során kétféle paramétert változtattunk. Egyrészt a tenyészbikák, másrészt a időegységenként létrehozott kiók számát. A klónozott egyedek számához kilenccel osztható számot választottunk, hogy a hármastestvérek esetével összehasonlíthatók legyenek. Ennek megfelelően, egy-egy borjázáskor, 10 080, vagy 5 040, vagy 1008 klón „született”. Az 1. táblázatban mutatjuk be a kísérleti elrendezéseket.

1. táblázat

A szimulációs paraméterek

A klónozás módszere(1)	Anyák/donorok száma(6)	Klónok száma összesen(7)	Klónok aránya a tejelő állományhoz viszonyítva, %(8)
Kontroll populáció, nincs klónozás(2)	0	0	0
Sejtmag-átültetési klónozás(3)	1120	10 080	5,0
	560	5 040	2,5
	112	1 008	0,5
Testi sejt klónozás(4)	1120	10 080	5,0
Embrió-darabolási eljárás(5)	1120	10 080	5,0
	560	5 040	2,5
	112	1 008	0,5

Table 1.: The parameters of the simulation
cloning methods(1), control population, there is no cloning(2), nuclear transfer method(3), somatic cell cloning(4), embryo splitting method(5), number of mothers/donors(6), number of clones(7), clones as a percentage of cows(8)

A táblázatban található nyolc beállítás mindegyikét öt bikalétszámmal együtt alkalmaztuk, így összesen $8 \times 5 = 40$ kísérleti elrendezést vizsgáltunk. A szimulációs programot 18 időegységre állítottuk, ez mintegy 21,5 évet ölel fel. Borjázásonként rögzítettük a tejelő állomány átlagos genetikai értékét, a genetikai értékek szórását és a beltenyésztettségi koefficiens minden egyedre. A vizsgált időszak alatt több, mint 1,34 millió egyed született egy kísérleti program futtatás során. Mind a 40 szimulációs elrendezésben 20 ismétlést végeztünk, így $40 \times 20 = 800$ szimuláció adatait értékeltük. A populáció nagy létszáma miatt, nagy teljesítményre és háttértárra volt szükségünk, ezért a SCILAB (2006) nyelven írt programokat, a Nemzeti Információs Infrastruktúra Fejlesztési Program szuperszámítógépén futtattuk.

EREDMÉNYEK

A kiindulási populáció átlagos genetikai értéke nulla volt. A 2. táblázatban látható, hogyan változott meg ez a jellemző 18 szaporodási időszak alatt.

Genetikai értékek a tejelő állományra vonatkozóan

A klónozás módszere(1)	Klónok aránya a tejelő állományhoz viszonyítva, %(8)	Genetikai értékek átlaga(9)				
		Valós bikahasználat mellett(6)	100	500	667	1000
			tenyészbika mellett(7)			
Kontroll populáció, nincs klónozás(2)	0,0	9,46	9,18	7,44	7,23	6,91
Sejtmag-átültetési klónozás(3)	5,0	12,56	12,44	9,97	9,82	9,58
	2,5	11,38	11,12	9,17	8,94	8,66
	0,5	9,81	9,71	8,03	7,82	7,52
Testi sejtes klónozás(4)	5,0	11,36	10,80	9,42	9,24	8,97
Embrió-darabolási eljárás(5)	5,0	12,63	12,27	9,97	9,81	9,53
	2,5	11,21	10,99	9,09	8,85	8,64
	0,5	9,80	9,72	8,03	7,86	7,54

Table 2.: The average genetic value of females the average genetic value(1), as in Table 1.(1–5, 8), actual usage of bulls(6), 100, 500, 667, 1000 bulls(7), the average genetic value(9)

A vizsgált tényezők, a klónozás típusa, a klónok száma és a bikák száma 94,8%-ban magyarázták meg genetikai értékekben mutatkozó eltéréseket. Ezek közül legnagyobb hatással a bikák száma volt, majd a klónozottak száma következett, végül pedig a klónozás típusa. Az intraclass korrelációs értékek (Sváb, 1981) a következők voltak: $r_{\text{bikaszám}}=0,96$; $r_{\text{klónszám}}=0,95$ és $r_{\text{klóntípus}}=0,61$.

A bikák számát tekintve minden eset szignifikánsan különbözött a többitől, és a bikák számának csökkenése egyértelműen a genetikai értékek növekedését vonta maga után. Ez alól csak a valós bikahasználat képez kivételt, hiszen ott több, mint 1000 bika esetén a legmagasabb genetikai értékek adódtak. A klónozottak arányát véve az összehasonlítás alapjául, szintén szignifikáns különbségeket kaptunk, és minél nagyobb volt a klónozottak aránya, annál magasabb volt a genetikai érték a szimuláció végére. A legkisebb genetikai értékeket a kontroll populációban találtuk. Az embrió-darabolásos és a sejtmag-átültetési populációk azonos klónozási arány és bikahasználat esetén, nem különböztek szignifikánsan. A testi sejtes klónozásakor tapasztalt értékek elmaradnak a másik két eljáráshoz képest.

A beltenyésztettséget szignifikánsan befolyásoló tényező mindhárom vizsgált faktor, a bikák száma, a klónozás módja és a klónozottak aránya ($P=0,000$). A bikák számától függően, eltérő súlyt kapott a beltenyésztettség alakításában a klónozás módja és a klónozottak aránya. 500, 667 és 1000 bika alkalmazásával, a bikák számán túl, elsősorban a klónozás típusa határozta meg a beltenyésztettséget. A klónozási eljárások közül, a legnagyobb beltenyésztettségi együtthatók az összejtes alapú nukleáris transzfer eljárásban adódtak, ezt követte, csökkenő hatással, a testi sejtes klónozás, majd az embrió-darabolási eljárás és végül a kontroll csoport, klónozás nélkül. 100 bika és valós bikahasználat mellett inkább a klónozottak arányától függött a beltenyésztettség mértéke, minél nagyobb volt a nemzedékenkénti klónozás aránya, annál

nagyobb volt a beltenyésztettség is. A tenyészbikák számával fordítottan volt arányos a beltenyésztettség, minél kevesebb volt a bikák száma, annál nagyobb mértékű volt a rokonpárosítás. Ez alól a valós bikahasználat esete képez kivételt, ott nagyobb volt a beltenyésztettség minden más esethez képest. A 3. táblázatban látható, hogy a beltenyésztettségi együtthatók 0-ról meddig emelkedtek a vizsgált időszak alatt.

3. táblázat

A beltenyésztettségi koefficiensek a tejelő állományra vonatkozóan, %

A klónozás módszere(1)	Klónok aránya a tejelő állományhoz viszonyítva(8)	Genetikai értékek átlaga(9)				
		Valós bikahasználat mellett(6)	100	500	667	1000
			tenyészbika mellett(7)			
Kontroll populáció, nincs klónozás(2)	0,0	6,31	2,78	0,50	0,35	0,28
Sejtmag-átültetési klónozás(3)	5,0	11,99	10,01	2,48	2,26	1,90
	2,5	11,54	7,81	2,33	2,12	1,84
	0,5	8,66	5,95	1,49	1,31	1,24
Testi sejtes klónozás(4)	5,0	7,70	3,23	1,39	1,26	1,12
Embrió-darabolási eljárás(5)	5,0	11,84	8,94	0,72	0,62	0,49
	2,5	11,21	7,19	0,61	0,56	0,44
	0,5	8,56	5,59	0,58	0,53	0,41

Table 3.: The inbreeding coefficients of females as in Table 2.(1–9)

MEGBESZÉLÉS

A genetikai értékek növekedése szempontjából elsősorban a tenyészbikák száma, majd a klónozott embriók aránya volt meghatározó. A szimulációs kísérletbe vont háromféle klónozási eljárás, a sejtenyészetből származó sejtmag átültetése, a testi sejtes klónozás és az embrió-darabolásos eljárások közül, a testi sejtes klónozás elmaradt a másik kettő mögött, a genetikai értékek növekedését tekintve. Ennek okát abban látjuk, hogy a genetikai állományt meghatározó ivaros szaporodás a testi sejtet adó donor esetében szaporodási időszakokkal (évekkel) előbb történt, mint a másik két klónozási eljárásban, hiszen ott a megtermékenyítés a klónozással egy időszakban történt. A két időpont között, az állomány genetikai értelemben fejlődött, a testi sejtes klónozással nyert klónegyedek várható genetikai értékei így elmaradtak a másik két eljárással keletkeztett állatokéhoz képest. A testi sejtes klónozott populáció késéssel tudta ugyanazokat az átlagos genetikai értékeket mutatni, mint a másik két eset.

A beltenyésztettséget elsősorban a bikák száma befolyásolta. Azonos bikahasználat esetén, minél kevesebb tenyészbika volt a populációban, annál nagyobb volt a beltenyésztettség. Valós bikahasználat esetén azonban minden másnál nagyobb beltenyésztettségi együtthatót kaptunk. Néhány favorit bika esetén ugyanis, akár több ezer utódról beszélhetünk, de voltak bikák is ame-

lyeknek csak néhány borja született. A beltenyésztettségi értékek magasabbak voltak, mint 100 bika esetén, pedig létszámuk meghaladta az ezret.

A klónozási módszereket összevetve, a legkisebb beltenyésztettséget az embrió-daraboláskor tapasztaltunk 500, 667, illetve 1000 bika esetén. Ekkor ugyanis egy embrióból, technikai okok miatt, csak három genetikailag azonos egyed hozható létre, és ha egy párosításból kilenc klónutódra van szükségünk, akkor ez három hármas ikerrel oldható meg. A hármas ikrek között csak testvéri a rokonság foka, és ez jelentősen csökkenti a beltenyésztettséget. A következő a testi sejtes klónozás, itt a genetikai értékeknél említett késleltetés okolható a viszonylag nem túl magas beltenyésztettséggel. A kiónok genetikai állománya a donoréval egyezik meg, az igazi szülők két nemzedékkel fogantak hamarabb a klónutódhoz képest. Ez a távolság is csökkenti a rokonpárosodás valószínűségét. A legmagasabb beltenyésztettség a sejttenyésztésből származó sejtmag átültetési technológia alkalmazásakor volt.

A klónozás módszerének hatása már gyengének bizonyult 100 tenyészbika illetve valós bikahasználat esetén. A beltenyésztettségi együtthatókra a klónozott egyedek száma is hatással volt, minél nagyobb volt a klónozott egyedek aránya a tejelő állományhoz képest, annál nagyobb volt a számított F érték. Szimulációnkban a valós bikahasználati modell esetén még klónozás nélkül is figyelmeztetően magas értékeket kaptunk (6,31%). Közel ennyi bika mellett, de azok megegyező számú alkalmazásával, még rendszeres klónozás mellett sem tapasztaltunk ilyen magas beltenyésztettségi növekedést (1,9%).

500–1000 tenyészbika azonos arányú alkalmazása mellett, a genetikai értékek növekedése és a beltenyésztettség szempontjából összesítve, a legkedvezőbb eljárás az, ha az embrió-darabolásos technológiát alkalmazzuk. A generációnkénti kiónok száma lehet akár viszonylag magas is, a beltenyésztettség mértéke — köszönhetően annak, hogy az egy párosításból származó kiónok között sok esetben, genetikai értelemben testvéri a kapcsolat — mégis mérsékelt marad. Ezt az eredményt figyelembe véve igazán nem is az embrió-darabolási módszer alkalmazásán van a hangsúly, hanem, hogy egy kiválasztott nőivarú és hímivarú egyed petesejtjeinek és hímivarsejtjeinek felhasználásával célszerű több embriót létrehozni, és egy-egy embrióból csak kevés számú klónt megtaftani, tetszőleges technológiai megoldás mellett. A genetikai változatosság csökkenése azonban ekkor is várható.

A szimuláció alapján elmondhatjuk, hogy kiegyenlített bikahasználattal jelentősen mérsékelhetjük a beltenyésztettség növekedését. A genetikai értékek növelése céljából hasznos volna a klónozás alkalmazása, hiszen nem túl nagy arányú klónozás mellett is jelentős előrehaladásra számíthatunk. Beltenyésztettségi oldalról vizsgálva azonban, a jelenlegi bikahasználati gyakorlat mellett, rendkívüli módon megemelkedne ennek értéke.

A beltenyésztettség növekedése és főleg ennek következménye a beltenyésztettségi leromlás, mindig is foglalkoztatta az állattenyésztőket. Egyre kevesebb bika állítja elő a következő nemzedék apaállatait, drámaian növelve a beltenyésztettséget. Az átlagos beltenyésztettségi együttható 1982-ben 1,0% volt az Egyesült Államok holstein populációjában, ami 2002-re már elérte a 4,9%-os szintet. Ez az érték, a jersey fajtában, 1,5%-ról 6,6%-ra nőtt, célszerű ugyanezen időszak alatt (Rogers, 2004). Szarvasmarha állományban nem cél-

szerű az átlagos beltenyésztettségi koefficiens értékét, 6%–8%-os szintnél magasabbra engedni Rogers (2004) véleménye szerint.

KÖVETKEZTETÉS

A különböző bikahasználati számítások megmutatták, hogy a jelenlegi árnyok rendkívül előnytelenek a beltenyésztettségi értékek alakulására. Klónozás esetén különösen nagy odafigyelést igényel a rokonsági viszonyok követése. Javasoljuk az apaállatok körének bővítését, és mindenekelőtt kiegyenlítettebb (kevésbé „favorizált”) alkalmazásukat.

A számítások szerint érdemes átgondolni, esetleg újabb gazdasági számításokat végezni, a testi sejtés klónozás állattenyésztésben való alkalmazhatóságával kapcsolatosan. Kétségtelen előnye az eljárásnak, hogy ismert teljesítményű tenyészállatokat lehetne tetszés szerinti számban előállítani, de a genetikai értékek elmaradása a másik két eljáráshoz képest kétségeket ébreszthetnek a klónozás magas költségeinek megtérüléséről. Ugyanakkor génmódosított állatok esetében már lehetséges, hogy ez előnyös eljárásnak bizonyul.

Ezekben a szimulációkban nem törekedtünk a rokontenyésztés szándékos kerülésére, így, ha azokra a tenyésztők tudatosan odafigyelnek, akkor a beltenyésztettség tovább csökkenthető. Ha embriókori genetikai vizsgálatokkal a terheltségek idejében felismerhetők és szűrhetők lesznek, a beltenyésztettségi leromlás hatása jórészt elkerülhető lesz, így a klónozás előnyös hatásai a hátrányosak fölé kerekedhetnek.

IRODALOM

- Báder, E. – Kertész, T. – Kertészné, Gy. E. – Kovács, A. (2002): Eltérő tartástechnológiák hatása a tejelő állományok élettartamára. *Agro Napló*, 10. 36–40.
- Baranyai, B. – Bodó, Sz. – Gócza, E. (2000): Dolly öröksége. *Természet Világa* 3. http://www.sulinet.hu/cgi-bin/db2www/lm/tv_tart/frame?kat=DPac
- Bell, B.R. – McDaniel, B.T. – Robison, O.W. (1985): Effects of cytoplasmic inheritance on production traits of dairy cattle. *J. Dairy Sci.*, 68. 2038–2051.
- Bodó, Sz. – Gerencsér, Á. (2000): Embriódarabolás. *Élet és Tudomány*, 43. 1364–1366.
- Dinnyés, A. – De Sousa, P. – King, T. – Wilmut, I. (2002): Somatic Cell Nuclear Transfer: Recent Progress and Challenges. *Cloning Stem Cells*, 1. 81–90.
- Faust, M.A. – Robison, O.W. – McDaniel, B.T. (1990): Animal model estimates of cytoplasmic line constants for yield in Holsteins. *J. Breed. Genet.*, 107. 401–410.
- Gibson, J.P. – Freeman, A.E. – Boettcher, P.J. (1997): Cytoplasmic and mitochondrial inheritance of economic traits in cattle. *Livest. Prod. Sci.*, 47. 115–124.
- Gócza, E. (1997): Emlőszállatok klónozása. *Természet Világa*, 8. 353–356.
- Gócza, E. (1998): Emlőszállatok fűtőszalagon. *Természet Világa*, 4. 166–168.
- Onken, F. – Swalve, H.H. (1993): Effect of maternal lineage on dairy production in herdbook data from East-Friesland. 44th Ann. Meet. EAAP, Denmark.
- Princz, L. (2005): Állattenyésztési Teljesítményvizsgáló Kft., Gödöllő, személyes közlés
- Rogers, G.W. (2004): http://animalscience.ag.utk.edu/dairy/pdf/pubs/ShouldWeBeConcernedAboutInBreedingInDairyCattle_DairyMail_1_03.pdf
- SCILAB (2006): <http://scilabsoft.inria.fr/>

- Solti, L.(2004): Klónozás és génmódosítás: szép új világ? Magyar Tudomány, 2. 198.
<http://www.matud.iif.hu/mthon.html>
- Sváb, J.(1981): Biometriai módszerek a kutatásban. Mezőgazdasági Kiadó, Budapest
- Wilmot, I. – Schnieke, A.E. – McWhir, J. – Kind, A.J. – Campbell K.H.(1997): Viable offspring derived from fetal and adult mammalian cells. Nature, 385. 810–813.

Érkezett: 2005. szeptember
Szerzők címe: Debreceni Egyetem, Agrártudományi Centrum
Authors' address: Debrecen University, Centre for Agricultural Sciences
H-4032 Debrecen, Böszörményi út 138.
E-mail: szilvia@agr.unideb.hu