

MOLEKULÁRIS GENETIKA A BAROMFITENYÉSZTÉS JELENLEGI IRÁNYZATAIBAN

HIDAS ANDRÁS

ÖSSZEFOGLALÁS

A baromfitermelés és a fogyasztók egyre komplexebb és magasabb szintű igényekkel fordulnak a genetikai alapok felé. Ez nélkülözhetetlenné teszi a legkorszerűbb molekuláris biológiai módszerek alkalmazását a kutatási kapacitások kihasználásával, a még fellelhető géntartalékok és az intenzív nemesítésbe vont állományok genetikai alapjainak feltárásában, nagy állományoknak kell megfelelni a változó szelekciós szempontoknak és a genetikai előrehaladás ütemét is fenn kell tartani. Ez csak úgy oldható meg, ha egyszerre igen sok és ráadásul nehezen mérhető értékmérőt tudunk javítani.

A különböző markereken alapuló szelekciós módszerek felbontása ma már szinte az értékes génváltozatok azonosítását is lehetővé teszi, több pontosságot biztosítva a nemesítésnek. A genomikai ismeretek gyarapodásával azonban látszik a génkifejeződés és szabályozási mechanizmusainak egyre növekvő jelentősége, hiszen a meglévő genetikai információk kibontakozását végeredményben ezek határozzák meg. A genetikai, génexpressziós és élettani kutatási területek lassan felvázolják azokat a bonyolult mechanizmusokat, amelyek az állati termelékenységet leírják.

SUMMARY

Hidas A.: CURRENT STATUS OF MOLECULAR GENETICS AS A TOOL FOR POULTRY BREEDING

Poultry production and market has an increasing demand on the genetic characteristics of the used animals. It means an obligatory usage of the molecular biology tools in the investigation of the still existing genetic resources and the intensively selected lines. These stocks have to fulfil a very high and complex selection demands and provide continuous genetic progression rate as well. It can be ensured if large populations can be tested efficiently on several traits simultaneously, which are often difficult to measure.

Different marker selection methods offer higher and higher resolution, reaching almost the identification of the desired allele variations and providing more precision for the selection. The gaining knowledge on the genome highlights the impact of the gene expression and regulation mechanisms also, which eventually determine the manifestation of the genetic information. The genomic, gene expression and physiology researches start to outline slowly the complicated mechanisms, which describes the animal productivity.

BEVEZETÉS

Egy 2003-as összehasonlító vizsgálatban egy 1957 óta fenntartott random tenyésztett vonalat hasonlítottak össze a modern brojlervonalakkal (*Havenstein és mtsai*, 2003). Ez a vizsgálat többek között rámutatott arra, hogy a teljesítménynövekedés 85%-ban a genetikai előrehaladásnak tulajdonítható. Ez a folyamat jelenleg is tart, évi 2–3%-os javulási ütemmel a csirke hústermelés hatékonyságában. Ezt az előrehaladást évi 1%-ra becsülik a tojóhibrid programokban, annak ellenére, hogy ott számos ellentétesen ható tulajdonságra kell egyidejűleg tenyészteni (*Fulton*, 2006). A hatékonyság javulása egye égetőbb, nem csak gazdasági szempontokból, de környezetvédelmi okokból is (környezethasználat, hulladékok és gázemissziós terhelések). A baromfiágazat ebből a szempontból egyébként is kiemelkedő jelentőségű az állattenyésztési ágazatok között, hiszen pl. a CO₂ terhelése jóval alacsonyabb egységnyi termékre vetítve, mint más fajok esetében (*Foran és mtsai*, 2005), a genetikai előrehaladás pedig a legintenzívebb a jellemző állományméretek, genetikai variabilitás és generációs intervallum következtében.

FŐ TRENDK A JELENLEGI TENYÉSZTÉSI IRÁNYOKBAN

A klaszikus tenyészcélok mellett, amelyek a termék előállítás hatékonyságát szolgálják, az alábbi irányzatok érvényesülnek egyre dominánsabban, mintegy többlet feladatot jelentve a tenyésztés számára.

Állatvédelem

Nem csak a tartástechnológia, hanem a genetika számára is kihívás olyan állományok, genetikai alapok kialakítása, amelyek az új, állatvédelmi szempontoknak megfelelő tartásrendszerekben maximalizálják a termelési hatékonyságot (genotípus-környezet interakciók), másrészt az állatvédelmi szempontokból mérvadó paraméterek tekintetében is kiállják a próbát.

Ellenállóképesség (környezeti, általános és specifikus betegséggel szemben)

Fokozódik a társadalmi és piaci nyomás az állati termék előállítására a hatékonyság és termelésbiztonság mellett az állattartás és termékeinek szermaradvány és fertőzéses kockázatmentessége humán szempontjából is.

Fenntarthatóság

A fenntarthatóság genetikai előrehaladásban is követelmény. A genetikai erőforrások megőrzése egyre inkább felértékelődik, hiszen a sokféle és változó környezet és termékcsoporthoz, valamint a társadalmi, és a fogyasztói elvárások is mind több és többféle igényt támasztanak a genetikai alapokkal szemben, melyek egyre inkább kimerülőben vannak. A genetikai alapok védelme mellett legalább olyan fontos azok megismerése és az ahhoz szükséges vizsgálati technikák fejlesztése.

GENOMIKA

Az 1990-es évek közepétől két keresztezési csirke populáción állítottak fel kapcsoltsági térképet, amit egyebek között mikroszatellit markerekkel oldottak meg, célul tűzve mintegy 1000 marker azonosítását, ami a QTL-ek térképezését indíthatta meg. Az összevont térkép 2003-ra született meg (*Groenen és Crooijmans, 2003*), amit követően több más madár fajban is születtek ilyen térképek. Azóta csirkében 1000 QTL-t azonosítottak a legváltozatosabb értékmérőkel kapcsolatban (*Hocking, 2005, Abasht és mtsai, 2006, www.thearkdb.org*).

A csirke genom szekvenálása során létrehoztak egy BAC fizikai térképet is (*Aerts és mtsai, 2003, Wallis és mtsai, 2004*).

A csirke genom szekvenálás első eredménye (*Hillier és mtsai, 2004*) egy kiváló minőségű szekvencia adatbázis. Ez köszönhető a kisebb genomméret és kisebb repetitív frakció miatt (11%, az emlősökre jellemző 50% helyett). A genetikai és fizikai térképek segítségével 933 Mb-ot, azaz a becsült genomméret 89%-át sikerült azonosítani. Második lépcsőben, ezt egészítették ki kb. 250 000 újabb szekvenciával. Ez a verió különösen a Z kromoszóma tekintetében lépett előre és így a genom 95%-a lett ismert. A cDNS könyvtárakkal összehasonlítva a gének 95%-a található meg az újabb adatbázisban. Hátra vannak még a legkisebb mikrokromoszómák közül néhányan, melyekhez valószínűleg rendelhetők lesznek eddig még meghatározatlan kapcsoltsági csoportok. A W kromoszóma továbbra is gondot jelent, hiszen a genom többi részével szemben jóval nagyobb az ismétlődő szekvencia tartalma.

A szekvenálás során végzett összehasonlító vizsgálat nagy hasonlóságot mutat más madár fajokkal (*Chaves és mtsai, 2006*).

A jövő tendenciája a madár genomszekvenálásokban a meglévő adatbázisok fejlesztése és elemzése mellett a gének és génfunkciók előrejelzésével, a különböző fajok genomjának összehasonlítása.

A genom szekvenálási projekt egyik fő eredménye a gének számának a becslési lehetőségében jelentkezik. Így ma 16 736-ra tehető a csirke gének száma, a humán 22 740-nel szemben.

A csirke genom megszekvenálásával (*Hillier és mtsai, 2004*) és annak az egyedi változatosságának a felmérésével (*Wong és mtsai, 2004*) új lehetőségek nyíltak meg a tenyésztési programok számára. Több, mint 3 millió SNP (pontmutáció) vált ismertté, melyeknek 83%-a kódoló és nem szinoním nukleotid cserét jelentenek. Ezek az adatok 5×10^{-3} nukleotidonkénti diverzitást jelent, ami hatszorosa a humánban megfigyeltnél (*Ellegreen, 2005*). Az SNP-k 70%-a a vizsgált négy fajban közös volt, ami azt mutatja, hogy ezek 5–10.000 éve, még a háziasítás előtt jöttek létre (*Wong és mtsai, 2004*).

A hatalmas SNP adatbázis egy igen kiterjedt genetikai markerkészletet biztosít a QTL térképezésekhez. Jelenleg 10.000 SNP tömeges azonosítására van lehetőség (www.illumina.com, www.affymetrix.com). Ez azt jelenti, hogy az SNP markerek és az értékmérők közötti kapcsolat kimutatása nagyobb pontosságot tesz lehetővé a szelekció számára. A molekuláris genetikai kutatásokban újabb mérföldkő az olyan, nagy áteresztőképességű vizsgálati módszerek elterjedése, amelyekkel egész genomot átérő tesztet végezhetünk egy lépésben. Ezek költségek ugyan első pillantásra, de olyan mennyiségű adatot szolgáltatnak, hogy

fillérekbe kerül egy-egy marker azonosítása egy mintán. Egy 10.000 genetikai markerrel 1000 állaton történő szűrés 10 millió adatpontot szolgáltat. Ennek értékelési módszereit fejlesztik jelenleg, hiszen ez nem kis feladat, ugyanis ezt a megközelítést a hagyományos szelekciós programokba kell integrálni, ami igen nagy bioinformatikai kihívást és beruházást igényel. Leginkább a nehezen mérhető (ellenállóképesség, welfare tulajdonságok) vagy az alacsony öröklődésű (szaporaság) tulajdonságokban várnak ezektől az eszközöktől előrehaladást (Burt, 2008).

Újabb irányzat a kópiaszám változatosság vizsgálata genomszerte (Redon és mtsai, 2006). A kópiaszám változatosság az egyik fő forrás a genetikai variációkban, ezért van nagy jelentősége. Úgy tűnik, hogy a kópiaszám változatosság jóval kisebb mértékű, kb. egy harmadnyi a madarakban, mint az emberben (Griffin és mtsai, 2008). Ennek oka ismeretlen, de feltehetően a kompaktabb csirke genomban keresendő, ami kevesebb lehetőséget nyújt a kópiaszám változékonyságára. A csirke és a pulyka összehasonlítása azt mutatja, hogy a kópiaszám változatosságnak forrása azonos a két fajban. Hasonló megfigyelések származtak a humán – csimpánz összehasonlításából is (Perry és mtsai, 2006). Feltételezik, hogy a szegmentális duplikáció a fő oka a kópiaszám változatosságnak, ugyanakkor ezek kedveznek a kromoszómális átrendeződéseknek is (Hillier és mtsai, 2004). Ez lehet egy magyarázata annak, hogy a madarakban miért olyan ritkák az ilyen kromoszóma elváltozások.

FUNKCIONÁLIS GENOMIKA

A funkcionális genomika a gének működésére és annak szabályozására és a géntermékekre fókuszál az egész genomot figyelembe véve. Megfelelő módszerekkel tanulmányozhatók a génátírás termékei, fehérje produktumok és anyagcsereváltozások, melyekkel az élő szervezet működése átlátható és magyarázható részleteiben és egészében.

A csirke genom funkcionális vizsgálata során majdnem 600.000 EST-t (expression sequence tags, expresszálandó szekvenciák) tártak fel különböző szöveti cDNS könyvtárakból (Carré és mtsai, 2006), ami rengeteg gén azonosítását tette lehetővé. Érdekes, hogy a csirke expresszált szekvenciák 72%-a köthető csak a gén adatbázishoz. Különösen igaz ez az ellenállóképességgel kapcsolatos génekre, amelyek gyorsan változnak és ezért nehéz őket azonosítani, pedig igen nagy jelentőségük volna a tenyésztésben. Humánban 500 gént azonosítottak, amelynek szerepe van a veleszületett ellenállóképességben (Kelley és mtsai, 2005), míg csirkében is már 400-at találtak (Kaiser és mtsai, 2008).

Az ezekből a vizsgálatokból származó szekvenciák kionjait gyakran használják fel cDNS microarray szerkesztéshez a nagy áteresztőképességű génexpressziós vizsgálatokban (Cogburn és mtsai, 2003., Smith és mtsai, 2006). Ezen szekvenciák ismeretében lehetett megtervezni oligonukleotid array és DNS chip teszteket a genomot átfogó expressziós vizsgálatokhoz (www.ark-genomics.co.uk, www.affymetrix.com).

A cDNS microarray tesztekkel egyszerre több ezer génről képződő mRNS szintjét mérhetjük különböző vagy különböző anyagcsere státuszban lévő szövetekből (expressziós QTL-ek). A leggyakrabban vizsgált szervrendszerek: neuroendokrin rendszer és reprodukció, anyagcsere és szomatikus rendszerek, immu-

rendszer. A kapott információkból felépíthető a sejtek, gének olyan szövetvényes működési és szabályozási hálózata, ami az életjelenségeket meghatározza (*Cogburn és mtsai*, 2007).

Az RNS degradációjáért, illetve felelős, transzláció irányításában igen jelentős szabályozó elemek, a 20 nt nagyság környékén található apró, ún. miRNS-ek. Legújabban ezek azonosítása és kvantifikálása került a figyelem előterébe, mivel ezek profilja lehet, hogy jobban tükrözi a különböző anyagcsere állapotokat, mint maguk a sejtekben található mRNS láncok (*Burnside és mtsai*, 2008).

Az RNS szinten egyéb jelenségek is vannak, amelyek kihatnak a gének tényleges kifejeződésére. Ez az RNS interferencia (Rnai) jelensége. A miRNS csak részben komplementer a cél mRNS-sel, míg az siRNS teljes komplementaritást mutat, amivel nem csak a transzlációt képes gátolni, de egy feed back mechanizmus révén az átíródást is. Ezen az elven megtervezett RNS interferencia (RNSi) alkalmazható, mintegy reverz genetikai eszközként, célzott gének működésének gátlására és fenotípusos következményeinek megfigyelésével (*Kawakami és mtsai*, 2003).

A genom működés tanulmányozásának másik módja a proteomika, ami talán még bonyolultabb és még nagyobb áteresztőképességű technikákat igényel, mint a transzkriptumok vizsgálata, hiszen a különböző fehérjékben és állapotukban még nagyobb változatosság figyelhető meg, mint a DNS ill. mRNS szinten.

A fiziológiai genetikának talán újjászületése a metabolomika, mikor genomikai és funkcionális genomika eszközökkel támogatva tudjuk figyelni az anyagcsere-változásokat eltérő genetikai háttér mellett (*Walzem és mtsai*, 2007).

NÉHÁNY GYAKORLATI PÉLDA

QTL térképezések

A figyelem egyik fókuszja a csirke nagy hisztokompatibilitási komplex lokusz genetikai diverzitására irányul (*Fulton és mtsai*, 2006), mivel a betegségrezisztencia egyik fontos alkotóelemének tartják. A génbanki illetve lokális őshonos populációk igen nagy változatosságot mutatnak ebben a tekintetben, de kapcsolatuk a tényleges ellenállóképességgel még csak néhány esetben ismert.

A korábban juh vörösvértest ellenanyagtermelésre divergensen szelektált vonalak közötti tesztkereszteзésekben 3000 SNP segítségével 6 olyan QTL-t azonosítottak, amelyek együttesen kb. 24 ill. 38%-át adják a fenotípusos varianciának az immunizálást követő idő függvényében (*Dorshorst és mtsai*, 2008).

Mikroszatellit QTL térképezéssel 0,2–0,6 g hatást találtak a tojássúlyra (*Settar és mtsai*, 2008). Érdekes összehasonlítás eredményeként mutatták ki, hogy egy ilyen viszonylag jól öröklődő tulajdonságnál, mint a tojássúly, a markeren alapuló szelekció 0,73–0,85, viszonylagos pontos előrejelzést ad az apaállat tenyésztékére összehasonlítva a BLUP módszerrel (*Arango és mtsai*, 2008).

Az állati viselkedés genetikai alapjai hozzájárulhatnak a welfare tulajdonságok kialakulásáért. Egyik legjelentősebb értékmérő ezen a téren a kannibalizmussal kapcsolatos tollcsipkedés. Egyes vizsgálatok szerint QTL-ek mutathatók ki a tollcsipkedés hátterében (*Buitenhus, 2003, Jensen és mtsai*, 2005), amit már alátá-

masztottak korábbi ilyen jellegű öröklődési vizsgálatok is. Megfigyelték azt is, hogy az egyik genetikai marker összefüggést mutat a keresőképesseggel, ezért további vizsgálatok dönthetik el, hogy ezek a markerek mennyiben lehetnek hasznosak, attól függően, milyen természetű az összefüggés a két tulajdonság között.

Európai állati betegség genomikai együttműködés

Gazdaállat, kórokozó és interakcióik genomikai kutatásai jelentenek komplex megközelítést a betegségek elleni rezisztencianemesítésben ill. védekezésben. Ilyen konzorcium az EADGENE, amelyik háziállatok betegségeivel és kórokozóival foglalkozik. Az együttműködés kiterjed a genetikai könyvtárak, immunológiai reagensek, patogén törzsek megosztására csakúgy, mint pl. a microarray tesztekére és azok fejlesztésére. A projekt keretében folyik a meghatározása azoknak a genetikai alapoknak, amelyek a legalkalmasabbak lehetnek a betegségrezisztencia genomikai kutatásaira. A bioinformatikai és analitikai erőforrások egyesítése, összehangolása sem kerülhető el ezekben a projektekben. Talán szokatlan az ilyen nagy konzorciális kutatásoktól, de ezúttal különös gondot fordítanak arra, hogy a folytatott kutatás találkozzon a gyakorlat, a tenyésztő cégek igényeivel. Így fogalmazódnak meg az olyan projektek, mint pl a coccidiózis rezisztencia és a húsminőségre gyakorolt epizotikus hatás, vagy pl. SNP-ken alapuló szelekció a *Salmonella* hordozó státusz elleni védekezésre (van der Laan, 2008).

Génexpressziós vizsgálatok

A takarmányértékesítéssel kapcsolható gének a duodénumban jó egyezést mutattak a jó ill. a rossz takarmányértékesítésű állatoktól várt kifejeződésekkal micro array és RT-PCR vizsgálatokkal. Az energia metabolizmusért, fehérje és kalcium retencióért, lipolízisért, a sejt növekedéséért és proteinszintézisért felelős gének egymás alá dolgoztak a megfigyelések szerint a kedvezőbb takarmányértékesítés irányába, ami lehetőséget mutat genetikai markerek fejlesztésére ezen a téren (Aggrey és mtsai, 2008).

A tojáshéjban előforduló fehérjéknek és enzimeknek a legutóbbi vizsgálatok szerint, igen jelentős hatása van a héjszilárdságra csak úgy, mint annak átjárhatóságára a kórokozók számára. Ezek a szempontok tették indokolttá a tojáshéj proteomikai átvilágítását (Mann és mtsai, 2006) és azok génjeinek expressziós dinamizmusát az uterus különböző szakaszaiban (Jonchere és mtsai, 2008).

Jelentős, kelés előtti veszteséget tulajdonítanak brojler és pulyka keltetésben annak, hogy az anyagcsere és az oxigénellátás nem fejlődik együtt harmonikusan (Christensen és mtsai, 1996). Feltételezések szerint a keltetés korábbi szakaszában (E16–18) alkalmazott csökkentett oxigénszint (17%) javíthatja a keléskori hipoxia túlélési esélyeit. Ezt követendően gén expressziós vizsgálatokkal vizsgálták, hogy miként reagálnak a kelő csibék. A kondicionáláskor alkalmazott hipoxia nem volt elegendő a HIF hipoxia faktor megjelenéséhez, azonban a kelő csibékben jelentős különbség mutatkozott az expressziós profilban. A kondicionált csibék nem mutatták a kezeletlen állatokon megfigyelhető stresszválaszt a génexpresszió szintjén (Druyan és mtsai, 2008).

A metabolomikai kutatások egyik első eredménye a divergensen szelektált brojler vonalakban a plazma lipidprofilok leírása (Walzem és mtsai, 2007).

Hazai baromfi génexpressziós vizsgálatok a baromfitenyésztést nagyban sújtó hőstressz kérdésével kezdtek foglalkozni. Laboratóriumunkban hőstressznek kitett baromfi növendékek hőstressz fehérje és egyéb stressz gének kifejeződését tanulmányoztuk, melyek számos elváltozást mutattak ki (*Horti és mtsai*, 2007).

Származásellenőrzés

Minőségbiztosítási és származásellenőrzési célokra a tenyésztőcégek keresetek ill. kialakítottak genetikai markereket a vonalaikra (*Fulton*, 2006), amivel az esetleges keveredéseket és fajtaazonosságokat lehet kontrollálni.

A hazai gyakorlatban ennek különleges jelentősége van, hiszen rengeteg alkalommal kérdőjeleződik meg baromfi állományok genetikai azonossága, végtermék és szülőpár szinten egyaránt, húscsirke és lúd vonalakon is. A tenyésztő cégek, ha van birtokukban genetikai marker állományaikra, azt nem adják ki, legfeljebb állományok közötti összehasonlító vizsgálatokat végezhetünk vitás esetekben RAPD és mikroszatellit analízissel. Szomorú, hogy míg a világ baromfitenyésztése a molekuláris genetikai eszközöket a nemesítésben használja, hazánkban a gyakorlati gazdasági életben előforduló anomáliákkal kerülünk kapcsolatba. A hazai joggyakorlat szerint, a vásárló tenyésztő, végtermék vagy akár szülőpár állomány beszerzésekor is teljesen védtelen, és még a kirívó esetek is ritkán találnak megfelelő jogi orvoslásra. Ezért indokolt lenne a fajta (hibrid) bejelentésekor valamilyen genetikai marker(ek) megjelölése is vagy azonosíthatóságának biztosítása, hiszen a tenyésztés, termék előállítás minőségbiztosításának alapköve a genetikai azonosíthatóság és azonosság garantálása. A tenyésztő cégek gyakran élnek azzal a kifogással, hogy gyors a genetikai előrehaladás, generációnként változhat a genotípus és a markerkészlet. Viszonylag olcsó megoldást jelenthetne a tenyésztő, forgalmazó cég által rendelkezésre bocsátott vér ill. DNS minta, melyet átmenetileg, az adott vonal vagy generáció használatáig független laboratórium tárolhatna igen csekély költséggel és vizsgálat alá csak vitás esetekben vonná. A gyakorlatban rendszeresen fellépő, nagy termelési értékeket érintő problémás esetek régóta indokoltá teszik ezeket az intézkedéseket.

Transzgenézis a baromfiban

Rég áhított módja a tenyésztői munka felgyorsításának az új vagy kívánatos gének, génváltozatok bejuttatása a genomba, oly módon, hogy a kívánt cél érdekében megfelelően expresszáldjon és öröklődjön is. Az emlős transzgenikus technológiákhoz képest a madár fajok hátrányban vannak az eltérő szaporodásbiológia, másrészt a fejlődésbiológiájuk kisebb szintű ismeretsége miatt (*Mozdiaz és Petite*, 2004).

A közelmúltban két jelentős technológiai fejlesztés tűnik ígéretesnek. Korábban is hatékony és jól expresszáldó transzgenek bevitelére alkalmasnak tűntek a retrovírusok, melyek a gazda DNS-be képesek beépülni úgy, hogy virális fehérjéket tudnak termeltetni. Újabban különösen a lentivírusok tűnnek nagyon alkalmasnak erre a célra, melyekbe 9000 bp szekvenciát lehet bejuttatni és expresszáltatni csirkében is (*McGrew és mtsai*, 2004). Másik irányzat a embrionális őssejtek (ES) transzformálása és felhasználása. Ezek a sejtek *in vitro* szaporíthatók

és mint pluripotens sejtek a csírahámba integrálódhatnak, biztosítva az átöröklést is. A csirkében is előállítottak már ES sejtvonalatokat, ami a feltétele volt ennek a módszernek (van de Lavoie és mtsai, 2006). Az eddigi eredmények elsősorban humán gyógyszerek, fehérjék előállításában hasznosulnak, de elképzelhető a termelési tulajdonságok ilyen javítása a későbbiekben.

ZÁRSZÓ

A világ baromfitenyésztésének genetikai alapjainak nagy része rendkívül koncentrált, nagyon kevés cég kezében összpontosul. Ezek a cégek felismerték, hogy a genotípus-környezet interakció miatt nincsen egyetlen, kitüntetett, versenyképes genotípus az egész világ számára, ezért elég sok vonalat fejlesztenek párhuzamosan a különböző környezeti és technológiai viszonyokhoz. Ez nem jelenti azt, hogy ezekkel bárhova optimális genotípust tudnának kínálni, csak közelíteni tudnak ahhoz. Hazai tapasztalatok mutatják több fajban, hogy annak ellenére, hogy nem rendelkezünk teljesen extrém környezeti és technológiai viszonyokkal, mégis csak szükségük lenne a használt genotípusoknak egy fajta honosításra, hogy legalább azt a szintet teljesítsék, ami elvárható lenne tőlük. A magyar ágazat nem olyan súlyú, hogy valaha is egy multinacionális cég ehhez genetikai munkával alkalmazkodjon, ezért fontos lenne, hogy hazai tenyésztés géntartalékokkal, genetikai munkával rendelkezzen, ezt fejlessze. Ehhez minden adottság megtalálható még a kutatási háttértől a tenyésztői kultúráig, érdemes lenne a hazai baromfiágazatnak különösen azokat a részeit fejleszteni genetikailag, amelyekben jó esélye van, hogy speciális és versenyképes termékeket produkálhasson.

IRODALOM

- Abasht, B. – Dekkers, J.C.M. – Lamont, S.J. (2006): Review of quantitative trait loci identified in the chicken. *Poultry Science*, 85. 2079–2096.
- Aerts, J. – Crooijmans, R. – Cornelissen, S. – Hemmatian, K. – Veenendaal, T. – Jaadar, A. – van der Poel, J. – Filion, V. – Vignal, A. – Groenen, M. (2003): Integration of chicken genomic resources to enable whole genome sequencing. *Cytogenetics Genome Research*, 102. 297–303.
- Aggrey S.E. – Sanglikar, A.P. – Karnuah, A.B. – McMurtry, J.P. (2008): Molecular basis of feed efficiency in meat-type birds. *Proc. XXIII. World's Poultry Congress*, Brisbane, Australia, 35.
- Arango, J. – Settar, P. – Fulton, J.E. – Arthur, J.A. – O'Sullivan, N.P. (2008): From DNA markers to BLUP prediction in a layer line. *Proc. XXIII. World's Poultry Congress*, Brisbane, Australia, 1059.
- Buitenhuys, A. J. – Rodenburg, T. B. – van Hierden, Y. M. – Siwek, M., Cornelissen, S.J. – Nieuw, M. G. – Croijmans, R. P. – Koene, P. – Korte, S. M. – Bovenhuis, H. – Poel, J. J. v. d. (2003): Genetic approaches to identify genes controlling feather pecking behaviour in laying hens. *Poultry Science*, 82. 1215–1222.
- Burnside, J. – Ouyang, M. – Anderson, A. – Bernberg, E. – Lu, C. – Meyers, B.C. – Green, P. J. – Markis, M. – Isaacs, G. – Huang, E. – Morgan, R.W. (2008): Deep sequencing of chicken micro RNAs. *BMC Genomics*, 9. 185.
- Burt, D.W (2008): Sequencing the genome. *Proc. XXIII. World's Poultry Congress*, Brisbane, Australia, 134.
- Carré, W. – Wang, X., Porter, T.E. – Nys, Y. – Tang, J. – Bernberg, E. – Morgan, R. – Burnside, J. – Aggrey, S.E. – Simon, J. – Cogburn, L.A. (2006): Chicken genomics resource: sequencing and annotation of 35,407 ESTs from single and multiple tissue cDNA libraries and CAP3 assembly of a chicken gene index. *Physiological Genomics*, 25. 514–524.

- Chaves, L.D. – Knutson, T.P. – Krueth, S.B. – Reed, K.M. (2006): Using the chicken genome sequence in the development and mapping of genetic markers in the turkey (*Meleagris gallopavo*). *Animal Genetics*, 37. 130–138.
- Christensen, V.L. – Donaldson, W.E. – McMurtry, J.P. (1996): Physiological differences in late embryos from turkey breeders at different ages. *Poultry Science*, 75. 172–178.
- Cogburn, L.A. – Porter, T.E. – Duclos, M.J. – Simon, J. – Burgess, S.C. – Zhu, J.J. – Cheng, H.H. – Dodgson, J.B. – Burnside, J. (2007): Functional genomics of the chicken – a model organism. *Poultry Science*, 86. 2059–2094.
- Cogburn, L.A. – Wang, X. – Carre, W. – Rejto, L. – Porter, T.E. – Aggrey, S.E. – Simon, J. (2003): Systems-wide chicken DNA microarrays, gene expression profiling, and discovery of functional genes. *Poultry Science*, 82. 939–951.
- Dorshorst, B.J. – Siegel, P.B. – Ashwell, C.M. (2008): Genome wide QTL mapping in a chicken F2 population reveals numerous loci associated with antibody response. *Proc. XXIII. World's Poultry Congress, Brisbane, Australia*, 1464.
- Druyan, S. – Suarez, D.F. – Wineland, M. – Ashwell, C. (2008): Gene expression in broilers exposed to reduced oxygen during incubation. *Proc. XXIII. World's Poultry Congress, Brisbane, Australia*, 1027.
- Ellegren, H. (2005): The avian genome uncovered. *Trends in Ecology and Evolution*, 20. 180–186.
- Foran, B. – Lenzen, M. – Dey, C. (2005): Balancing act: A triple bottom line analysis of the 135 sectors of the Australian economy. *CSIRO Technical Report, Sydney*
- Fulton J.E. (2006): Practical applications of molecular biology. *World's Poultry Science J.*, 64. 171–176.
- Fulton, J.E. – Juul-Madsen, H.R. – Ashwell, C.M. – McCarron, A.M. – Arthur, J.A. – O'Sullivan, N. – Taylor, R.L. (2006): Molecular genotype identification of the *Gallus gallus* major histocompatibility complex. *Immunogenetics*, 58. 407–421.
- Griffin, D.K. – Robertson, L.B. – Tempest, H.G. – Vignal, A. – Fillon, V. – Crooijmans, R.P.M.A. – Groenen, M.A.M. – Deryusheva, S. – Gaginskaya, E. – Carré, W. – Waddington, D. – Talbot, R. – Völker, M. – Masabanda, J.S. – Burt, D.W. (2008): Whole genome comparative studies between chicken and turkey and their implications for avian genome evolution. *BMC Genomics*, 9. 168.
- Groenen, M.A.M. – Crooijmans, R.P.M.A. (2003): Structural Genomics: Integrating Linkage, Physical and Sequence Maps. In: *Poultry Breeding and Biotechnology*, (Eds: W.M. Muir and S. E. Aggrey), CAB International, 497–536.
- Groenen, M.A.M. – Crooijmans, R.P.M.A. – Veenendaal, A. – Cheng, H.H. – Siwek, M. – van der Poel, J.J. (1998): A comprehensive microsatellite linkage map of the chicken genome. *Genomics*, 49. 265–274.
- Havenstein, G. B. – Ferket, P. R. – Qureshi, M. A. (2003a): Carcass composition and yield of 1957 versus 2001 broilers when fed representative 1957 and 2001 broiler diets. *Poultry Science*, 82. 1509–1518.
- Havenstein, G. B. – Ferket, P. R. – Qureshi, M. A. (2003b): Growth, livability, and feed conversion of 1957 versus 2001 broilers when fed representative 1957 and 2001 broiler diets. *Poultry Science*, 82. 1500–1508.
- Hillier, L.W. (& 175 co-authors) INTERNATIONAL CHICKEN GENOME SEQUENCING CONSORTIUM (2004): Sequence and comparative analysis of the chicken genome provide unique perspectives on vertebrate evolution. *Nature*, 432. 695–716.
- Hocking, P.M. (2005): Review on QTL mapping results in chickens. *World's Poultry Science Journal*, 61. 215–226.
- Horti, Cs. – Hidas, A. – Körösi Molnár, A. – Révay, T. (2007): Investigation of molecular responses to heat stress in chicken. 5th European Poultry Genetic Symposium, Braedstrup, Denmark, September 26–28.
- Jensen, P. – Keeling, L. – Schutz, K. – Persson, L. – Mormede, P. – Forkman, B. – Kerje, S. – Fredriksson, R. – Ohlsson, C. – Larsson, S. – Mallmin, H. – Kindmark, A. (2005): Feather pecking in chickens is genetically related to behavioural and developmental traits. *Physiology and Behavior*, 86. 52–60.
- Jonchère, V. – Nys, Y. – Cogburn, L. – Hennequet, C. – Sibut, V. – Rehault-Godbert, S. – Herve, V. – Gautron, J. (2008): Identification of new chicken genes coding eggshell proteins potentially involved in the physical defence of the egg using cDNA arrays. *Proc. XXIII. World's Poultry Congress, Brisbane, Australia*, 953.

- Kaiser, P. – Howell, J. – Fife, M. – Sadeyen, J.-R. – Salmon, N. – Rothwell, L., Young, J. – van Diemen, P. – Stevens, M. – Poh, T.-Y. – Jones, M. – Barrow, P. – Wigley, P. – He, H. – Swaggerty, C. – Kogut, M. – Smith, J. – Burt, D.W. (2008). *Developments in Biologicals* (Karger, Basel). Vol. 132.
- Kawakami, Y. – Rodriguez-Leon, J. – Koth, C.M. – Buscher, D. – Itoh, T. – Raya, A. – Ng, J.K. – Esteban, C.R. – Takahashi, S. – Henrique, D. – Schwarz, M.F. – Asahara, H. – Izpisua, J.C. (2003): MKP3 mediates the cellular response to FGF8 signalling in the vertebrate limb. *National Cell Biology*, 5. 513–519.
- Kelley, J. – de Bono, B. – Trowsdale, J. (2005): IRIS: A database surveying known human immun system genes. *Genomics*, 85. 503–511.
- Mann, K. – Macek, B. – Olsen, J. (2006): Proteomic analysis of the acid-soluble organic matrix of the chicken calcified eggshell layer. *Proteomics*, 6. 3801–3810.
- McGrew, M.J. – Sherman, A. – Ellard, F.M. – Lillico, S.G. – Gilhooley, H.J. – Kingsman, A.J. – Mitrophanous, K.A. – Sang, H. (2004): Efficient production of germline transgenic chickens using lentiviral vectors. *EMBO Rep.*, 5. 728–733.
- Mozdzia, P.E. – Petite, J.N. (2004): Status of transgenic chicken models for developmental biology. *Developmental Dynamics*, 229. 414–421.
- Perry, G.H. – Tchinda, J. – McGrath, S.D. – Zhang, J.J. – Picker, S.R. – Caceres, A.M. – lafrate, A.J. – Tyler-Smith, C. – Scherer, S.W. – Eichler, E.E. – Stone, A.C. – Lee, C. (2006): Hotspots for copy number variation in chimpanzees and humans. *Proc. of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 103. 8006–8011.
- Redon, R. (& 42 társszerző) (2006): Global variation in copy number in the human genome. *Nature*, 444. 444–454.
- Settar, P. – Arango, J. – Fuiton, J.E. – Arthur, J.A. – O'Sullivan, N.P. (2008): Marker-trait association analyses in a pure-line White Leghorn. *Proc. XXIII. World's Poultry Congress, Brisbane, Australia*, 1058.
- Smith, J. – Speed, D. – Hocking, P.M. – Talbot, R.T. – Degen, W.G. – Schijns, V.E. – Glass, E.J. – Burt, D. W. (2006): Development of a chicken 5 K microarray targeted towards immune function. *BMC Genomics*, 7. 49.
- van de Lavoie, M.-C. – Diamond, J.H. – Leighton, P.A. – Mather-Love, C. – Heyer, B.S. – Bradshaw, R. – Kerchner, A. – Hooi, L.T. – Gessaro, M. – Swanberg, S.E. – Delany, M.E. – Etches, R.J. (2006): Germline transmission of genetically modified primordial germ cells. *Nature*, 441. 766–769.
- van der Laan, P.M.-H. (2008): European research in animal disease genomics. *Proc. XXIII. World's Poultry Congress, Brisbane, Australia*, 252.
- Wallis, J.W. (& 38 társszerző) (2004): A physical map of the chicken genome. *Nature*, 432. 761–764.
- Walzem, R.L. – Baillie, R.A. – Wiest, M. – Davis, R. – Watkins, S.M. – Porter, T.E. – Simon, J. – Cogburn, L.A. (2007): Functional annotation of genomic data with metabolic inference. *Poultry Science*, 86. 1510–1522.
- Wong, G.K. (& 114 társszerző) (2004): A genetic variation map for chicken with 2.8 million single-nucleotide polymorphisms. *Nature*, 432. 717–722.

Érkezett: 2008. augusztus

Szerző címe: Állattenyésztési és Takarmányozási Kutatóintézet, Kisállattenyésztési Főosztály

Author's address: Research Institute for Animal Breeding and Nutrition, Dept. of Small Animal Research
H-2100 Gödöllő, Isaszegi út 200.