

A HAZAI GENOMIKAI TENYÉSZÉRTÉKBECSLÉS GYAKORLATI TAPASZTALATAI A HOLSTEIN-FRÍZ FAJTA TENYÉSZTÉSI PROGRAMJÁBAN

BOGNÁR LÁSZLÓ

ÖSSZEFOGLALÁS

A tanulmány bemutatja a hazai szarvasmarha-tenyésztés egyik legújabb, legkorszerűbb eszközére, a genomikai tenyésztértékbecslésre alapozott szelekciót és a HUNGENOM projekt telepekre/tenyészetekre szabott szintű tenyésztési programok számára szolgáltatott genomikai információit. Az egyes becslési eljárások, valamint a fenotípusos termelési és küllemi bírálati eredmények összehasonlításával alátámasztják a módszer alkalmazhatóságát, és bizonyítják a genomikai tenyésztértékbecslés eredményeinek megbízható mivoltát.

SUMMARY

Bognár, L: PRACTICAL EXPERIENCES OF THE HUNGARIAN GENOMIC BREEDING VALUE ESTIMATION IN THE BREEDING PROGRAM OF THE HOLSTEIN-FRIESIAN GENETIC PROGRAMME

This study addresses the details of the HUNGENOM (Hungarian Genomic Selection Schemes) in the Holstein-friesian breed and provides information on modern, custom-made, herd-level breeding programs. The reliability of the genomically enhanced breeding value estimation is analysed by making a comparison between the results of the various breeding value estimation methods and the phenotypical production and type classification figures.

BEVEZETÉS ÉS IRODALMI ÁTTEKINTÉS

Az állattenyésztésben a tenyésztértékbecslés eredményeinek ismeretében végezhetünk hatékony szelekciós munkát, amelynek precizitását nagymértékben befolyásolja a felhasznált adatok megbízhatósága és pontossága. A tenyésztértékbecslés folyamatosan fejlődő, matematikai modelleken alapuló módszer, amellyel a fejlett állattenyésztéssel rendelkező országokban – így Magyarországon is – a tenyészállatok genetikai képességeinek becslését és ez alapján az egyedek rangsorolását végzik. A hosszú generációs intervallummal rendelkező állatfajok esetében a becslés folyamata a hagyományos technikák és technológiák alkalmazásával akár több évig is eltarthat. Az egyedek genetikai összetételének vizsgálata azonban (bizonyos körülmények között) ezt az időt rendkívüli módon lerövidítheti és egyes alacsony öröklődhetőséggel (h^2 értékkel) rendelkező tulajdonságok esetében a becslés megbízhatóságát nagymértékben növelheti. A kiválasztott egyedek, a továbbtenyésztésre szánt üszők és tenyészbikák genomjának elemzése azonban önmagában még nem elég a tenyésztési döntések meghozatalához, hiszen a pontszerű nukleotid eltérésekkel rendelkező csoportok saját teljesítményadatait, illetve hagyományos módon becsült tenyésztértékét statisztikai módszerekkel kell hozzákapcsolni a megfigyelt genetikai varianciákhoz, polimorfizmusokhoz. Az ismeretlen tenyésztértékű egyedek genomikai tenyésztértékbecslésének alapjául egy olyan saját- vagy ivadékteljesítmények alapján hagyományosan becsült és genomvizsgálati eredményekkel egyaránt rendelkező populáció szolgál, amelyet az adott genetikai tulajdonságokkal, polimorfizmus- (single nucleotide variance, SNP) jellemzőkkel rendelkező egyedek alkotnak. A hagyományos tenyésztértékbecslési eredményekkel és SNP információkkal egyaránt rendelkező egyedek alkotják a referencia-adatbázist. Az, hogy ebben hány egyedre, tenyészbikára, illetve termelő tehénre vonatkozó adat szerepel, nagyban befolyásolja a becslés megbízhatóságát.

A Magyarországon napjainkban végzett hagyományos tenyésztértékbecslés a nemzetközileg elismert, ún. egyedmodellen (Animal Model) alapul; a becslés keretében előbb folyamatosan összegyűjtjük az egyedek termelési, funkcionális küllemi bírálati, szaporodásbiológiai, ellési és egyéb menedzsmentadatait, majd azok alapján számítják ki BLUP¹-módszerrel az állatok tenyésztértékét. A 2000-es évek elején bevezetett modell az 1980-as évek óta immár a harmadik Magyarországon. A becslések futtatásának számításgénye rendkívül nagy.

A genetikai kutatások fejlődésével napjainkra a tenyésztértékbecslésben is új lehetőségek nyíltak. Olyan forradalmi módszereket dolgoztak ki és vezettek be, amelyek már a szarvasmarha egyedek genetikai állományából kinyerhető információkat is figyelembe veszik. Magyarországon érdemi mennyiségben a holstein-fríz fajta esetében állnak rendelkezésre olyan genomikai információk, amelyek egy korszerű, genomalapú tenyésztértékbecslésben hasznosíthatók.

A genomalapú vagy genomikai információkkal bővített tenyésztértékbecslésnek számos előnye van. Például a hagyományos tenyésztértékbecslésben csak olyan bikák vehetnek részt, amelyeknek már saját teljesítménnyel rendelkező ivadéka

1 BLUP (best linear unbiased prediction): a legjobb torzítatlan becslés módszere.

vannak, és befejeződött az ivadékteljesítmény-vizsgálati (ITV²) ciklusa. Ehhez azonban a tenyészbikajelöltnék el kell érnie egy bizonyos életkort. A genomalapú becslés segítségével viszont már jóval fiatalabb korban is képesek vagyunk megbízható, a pedigréinformációhoz képest sokkal pontosabb becslést nyújtani az adott tenyészbikajelölt genetikai potenciáljáról.

INTERBULL

A tenyésztérbécslés nemzetközi módszertani egységességét az 1988-ban alapított, mintegy 50 tagországot számláló, svédországi központtal rendelkező INTERBULL³, az Állattenyésztési Teljesítményvizsgálatok Harmonizációjáért Felelős Szervezet (International Committee for Animal Recording, ICAR)⁴ szatellit-szervezete, az Európai Unió egyik tudományos referenciaközpontja biztosítja. E szervezetnek Magyarország is tagja. Az INTERBULL további feladata a nemzeti tenyésztérbécslek alapján a nemzetközi, ún. MACE⁵-tenyésztérbécslek publikálása, ehhez a tenyészbikák saját országban megállapított tenyésztérbécsletét egy másik ország nemzeti skálájára konvertálják. Ahhoz, hogy egy ország részt vehessen a nemzetközi tenyésztérbécslésben, a nemzeti tenyésztérbécslés szakmai színvonalának, minőségének és az eredmények torzítatlanságának meg kell felelnie a nemzetközi szabványoknak, elvárásoknak. E követelmények Magyarországon a rendszeres tesztelések tanúságai alapján teljesülnek.

A genomalapú tenyésztérbécslés módszertana

A genomikai információk a tenyésztérbécslésben az SNP-információk formájában hasznosulnak. Az SNP egy DNS-szekvenciavariáció, amely akkor jön létre, ha egy nukleotid a genomban megváltozik. Csak akkor tekintünk egy variációt SNP-nek, ha a populáció legalább 1%-ában megjelenik. A tenyészállatok genomalapú információit ún. SNP-chipek segítségével vizsgálják.

Adattisztítás

A tenyésztérbécslés előtt a rendelkezésre álló genomikai információkat összetett, többlépcsős adatelemzésnek, illetve adattisztításnak kell alávetni, és a csak ezen a szűrésen átesett adatok felhasználásával végezhető becslés. (Stoop és mtsai, 2017).

2 ITV: a tenyészbikajelöltek genetikai képességeinek meghatározására szolgáló módszer, amely során egy randomizált célpárosítási terv alapján az országot reprezentáló termelő-környezetekben, -telepeken utódok születnek, majd ezen utódok szaporodásbiológiai, ellési, tejtermelési, funkcionális küllemi és egyéb életteljesítményeit mérjük, gyűjtjük, illetve azokból az apaállat tenyésztérbécsletét becsüljük.

3 <https://interbull.org/index>

4 <https://www.icar.org>

5 MACE (multiple across country evaluation): határokon átvéelő többszörös tenyésztérbécslés (lásd <https://interbull.org/ib/interbullactivities>).

Matematikai modell

A genomikai információkkal bővített tenyésztérték (genomically enhanced breeding value, GE BV) becslése két, egymástól elkülönített munkafázisból áll.

1. Az első a genomikai tenyésztérték kalkulációja, azaz a direkt genomikai érték (direct genomic value, DGV) megállapítása. Matematikai módszertanát tekintve ez hasonló a hagyományos tenyésztértékbecsléshez. A DGV predikciós modell a hagyományos tenyésztértékbecslésben alkalmazott BLUP-modell bővítése egy, az SNP-k hatását is figyelembe vevő taggal. Az SNP-k hatását a referenciapopuláció adatainak segítségével állapíthatjuk meg. Ez olyan bikákból áll, amelyeknek ismert a hagyományos tenyésztértéke, annak megbízhatósági (reliability) értéke, illetve rendelkezünk a genotípusukra vonatkozó információkkal.
 - A bikák előre jelzett „fenotípusos” információit a de-regresszált hagyományos magyar tenyésztérték, hiányzó hazai adatok esetében pedig az INTERBULL által közölt nemzetközi – Magyarország részére publikált – megbízhatósággal súlyozott MACE-tenyésztértékek biztosítják.
 - A genomikai hatások becslésére bayes-i statisztikai algoritmusokat használunk (bayes-i SSVS [stochastic search variable selection, sztochasztikus-változó-választás]).
2. A második munkafázis a DGV integrálása, ötvözése (blending) a hagyományos tenyésztértékekkel (estimated breeding value, EBV), mellyel genomikai információkkal kiegészített tenyésztértéket (genomically enhanced breeding value, GE BV) kapunk.

De-regresszió

Az SNP-k hatását – mint már említettük – a hagyományos tenyésztértékekből, azok megbízhatóságából, valamint a genotípusból becsülhetjük. A hagyományos tenyésztértékből az adott egyed fenotípusa becsülhető meg, míg a megbízhatóságból (rel) a tenyésztértékben rejlő információ súlya. A hagyományos tenyésztértékből származtatott de-regresszált tenyésztértéket (de-regressed proof, DRP) a közvetlen genomikai tenyésztértékbecsléshez (a DGV meghatározásához) használhatjuk. A DRP értékét a VanRaden és mtsai (2009) által leírt módszer alapján számíthatjuk:

$$DRP = PA + (EBV - PA) * \left(\frac{EDC_{\text{parents+progeny}}}{EDC_{\text{progeny}}} \right),$$

ahol PA (parent average) a szülői átlagot, EBV (estimated conventional Hungarian breeding value) a hagyományos magyar tenyésztértéket, EDC (estimated daughter contributions) a lányutódok becsült hozzájárulását (a súlyfaktorokat), parents a szülőket, progeny pedig az utódokat jelzi.

Az EDC -értékek a megbízhatóságokból származtathatók/számíthatók:

- $EDC_{\text{parents+progeny}} \sim \text{rel}(EBV)$;
- $EDC_{\text{parents}} \sim \text{rel}(PA)$;
- $EDC_{\text{progeny}} \sim \text{rel}(PA)$;

DGV-modell

A DGV-becslés *Meuwissen és Goddard (2004)* bayes-i multi-QTL⁶-modelljén alapul, ahol a nagyszámú SNP-k hatása közvetlenül a teljes genomra vonatkoztatható a haplotípusok vagy az azonos származásból eredő valószínűségek használata nélkül. (*Calus és mtsai, 2008*). Bár a módszer több tulajdonságra is alkalmazható egyidejűleg, a rutin genomikai becslések egy tulajdonságra (m) vonatkozó (single-trait) becslések, azaz $m = 1$.

m db tulajdonság esetében a modell a következő:

$$\mathbf{y}_i = \boldsymbol{\mu} + \mathbf{u}_i + \sum_{j=1}^{40947} \mathbf{z}_{ij} \mathbf{q}_j \mathbf{v}_j + \mathbf{e}_i,$$

ahol $\mathbf{y}_i$ ($m \times 1$) vektor, az i . bika fenotípusainak (DRP-) vektora, $\boldsymbol{\mu}$ ($m \times 1$) vektor az adott tulajdonság fix átlaga, $\mathbf{u}_i$ ($m \times 1$) vektor, az i . bikához tartozó random poligén hatás, $\mathbf{q}_j$ (3×1) vektor, a j . SNP random, skálázatlan hatása, amely a 0., az 1. és a 2. allélhoz tartozik (a 0. allél a hiányzó genotípus-információnak felel meg), $\mathbf{v}_j$ ($1 \times m$) vektor, a j . SNP-hez tartozó random skálafaktorok, $\mathbf{z}_{ij}$ ($m \times 1$) vektor, az i . bikához tartozó reziduum (a modell hibája), és az i . bika j . SNP-jéhez tartozó designvektor. $\mathbf{z}_{ij} = [0 \ 2 \ 0]$ és $[0 \ 0 \ 2]$ homozigóta (AA, illetve BB) bikák, $\mathbf{z}_{ij} = [0 \ 1 \ 1]$ heterozigóta (AB) bikák, és $\mathbf{z}_{ij} = [2 \ 0 \ 0]$ azon bikák esetén, ahol az adott SNP-hez tartozó információk hiányoznak.

A modell a következő feltételezésekkel számol még:

- A random poligén hatás ($\mathbf{u}$) többváltozós normál eloszlású: $\text{var}(\mathbf{u}) \sim N(0, \mathbf{A} \otimes \mathbf{K}_u)$, ahol $\mathbf{A}$ a pedigrében szereplő állatok közötti rokonsági mátrix, $\mathbf{K}_u$ pedig a poligének közötti kovarianciamátrix ($m \times m$).
- A random, skálázatlan SNP-hatás ($\mathbf{q}_j$) minden SNP-re standard normál eloszlású: $\text{var}(\mathbf{q}_j) \sim N(0, 1)$.
- Az SNP-hatások skálafaktorai ($\mathbf{v}$) kétféle normál eloszlásból származnak: $\text{var}(\mathbf{v}) \sim N(0, \mathbf{K}_v)$, ha $I_j=1$; $\text{var}(\mathbf{v}) \sim N(0, \mathbf{K}_v/100)$, ha $I_j=0$. I_j értéke azt mutatja, hogy az adott SNP kis vagy nagy hatással társul-e. A különböző tulajdonságok közötti korreláció elhanyagolható ($\mathbf{K}_v$ nemdiagonális értékei nullák).
- A modell hibája ($\mathbf{e}$) is normál eloszlású: $\text{var}(\mathbf{e}) \sim N(0, \mathbf{E} \otimes \mathbf{K}_e)$, ahol $\mathbf{E}$ az egység-mátrix, a különböző tulajdonságok hibatagjai közötti korreláció elhanyagolható ($\mathbf{K}_e$ nem-diagonális értékei nullák).

$\mathbf{K}_u$ és $\mathbf{K}_e$ értékei inverz Wishart-eloszlásból (egyenletes a priori eloszlás), $\mathbf{K}_v$ mátrix diagonálisában szereplő értékek pedig inverz khí-négyzet eloszlásból származnak (prior átlag $\mathbf{K}_p/100$, $\mathbf{K}_p$ a fenotípus kovarianciamátrix). Az I indikátor Bernoulli-eloszlást követ, $I_j=1$ priori valószínűsége 10/SNP-k száma.

⁶ A quantitative trait locus vagy QTL az a régió a kromoszómákon belül, ahol a mennyiségi tulajdonság kialakításában szerepet játszó gének helyezkednek el.

BLUP-modell

A BLUP-modell nagyon hasonlít a DGV-modellhez, ez azonban mentes az SNP-k hatásától:

$$\mathbf{y}_i = \mu + \mathbf{u}_i + \mathbf{e}_i,$$

ahol az $\mathbf{u}$ valószínűségi változó többdimenziós és normál eloszlású: $\text{var}(\mathbf{u}) \sim N(0, \mathbf{A} \otimes \mathbf{K}_u)$; $\mathbf{A}$ a pedigreben szereplő állatok közötti rokonsági mátrix (additive genetic relationship matrix).

Paraméterbecslés

A modellekben szereplő összes paraméter értéke (μ , $\mathbf{u}$, $\mathbf{q}$, $\mathbf{v}$, $\mathbf{e}$, $\mathbf{K}_u$, $\mathbf{I}$, $\mathbf{K}_v$, $\mathbf{K}_e$) bayes-i SSVS segítségével, Gibbs-féle mintavételezéssel becsült. Az első 50 000 iteráció törlése után a posteriori valószínűségeket újabb 50 000 iterációval számítják. Mindkét modellben a becsült tenyésztérték (BLUP, DGV) négy külön modellszámítás átlagából áll elő, ezek különböző a priori valószínűségekkel (different starting seed) futnak (Stoop és mtsai, 2017)

GEV-számítás – a DGV- és az EBV-tenyésztértékek integrálása

A genomikai tenyésztértékek ($\hat{u}_{\text{DGV}}$), a pedigrealapú tenyésztértékek, amelyek nem tartalmaznak SNP-információt, csupán egy pedigrealapú rokonsági mátrixot ($\hat{u}_{\text{POL}}$), valamint a hagyományos magyar MACE-tenyésztértékek ($\hat{u}_{\text{EBV}}$) integrálása (blendingelése), összevonása segítségével a GEV-becslés bármely egyed (nőivarú egyed [üsző, tehén], illetve olyan fiatal tenyészbika, amely még nem rendelkezik ivadékteljesítmény-vizsgálati eredménnyel) számára képes tenyésztértéket becsülni. VanRaden és mtsai (2009) módszerével egy egyed GEV-értéke a következőképpen számítható:

$$\hat{u}_{\text{GEV}} = b_1 \hat{u}_{\text{DGV}} + b_2 \hat{u}_{\text{POL}} + b_3 \hat{u}_{\text{EBV}}$$

ahol a b_1 , b_2 és b_3 a tenyésztértékek súlyértékét jelölik. A becslési folyamat során az egyes indexalkotók számítása történik, melyekből egyszerűen kalkulálhatók összetett szelekciós indexek, például a magyar Holstein Globál Index (HGI⁷).

A hazai populáció genetikai jellemzői

A magyar holstein-fríz állomány méretéből és ebből fakadóan a nemzeti tenyésztési program keretein belül folyó ivadékteljesítmény-vizsgálatban indítható tenyészbika-jelöltek számából adódó korlátok, továbbá a program indulásakor rendelkezésre álló genomanalízisek alacsony száma és a referenciapopuláció méretének maximális kiterjesztése miatt nemzetközi megállapodásokat kötöttünk a genomikai tenyésztértékbecslési adatok kölcsönös megosztása és felhasználása céljából holland és cseh partnereinkkel. A magyar holstein-fríz populáció tenyésztési szempontból nyitott populáció, egy világfajta génállományának része. Mind a hímivar (a tenyészbikák), mind pedig a nőivarú egyedek esetében biztosított a szabad génmigráció.

7 A HGI a Holstein-fríz Tenyésztők Egyesületének „Tenyésztési Programjában” szereplő, meghatározott összetevőkkel és súlyozással számolt szelekciós index.

1. ábra A hazai szaporítóanyagforgalmazás alakulása 2019-ben és 2020-ban

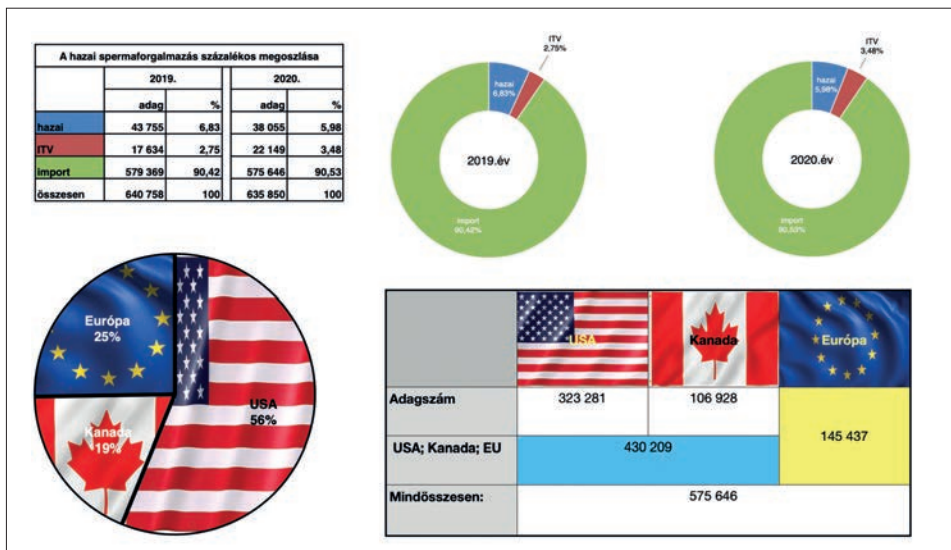


Figure 1. Changes of the sperm trade in Hungary in the years 2019 and 2020

A tenyészbikák mélyfagyasztott szaporítóanyagának globális kereskedelme jelentős volument és kereskedelmi értéket képvisel. Az importsperma felhasználási aránya Magyarországon meghaladja a 90%-ot, amelynek származási kontinensek, régiók és országok szerinti megoszlását az 1. ábra mutatja. A nőivar esetében jelentős mind a szűz-, mind a vemhes üszőimport és export egyes magas szintű tenyésztési kultúrával rendelkező nyugat-európai országokból, elsősorban Hollandiából és Németországból, illetve az export Oroszország, Kazahsztán, Fehéroroszország és Üzbegisztán kisebb mértékben Görögország és a Közel-Kelet irányába.

ANYAG ÉS MÓDSZER

A magyar hagyományos BLUP-modell

A hazai tenyésztérbecslési módszertan az ún. BLUP-típusú, laktációs egyed-modellt használja, amelyben futtatásonként a következő előszűréseket és korrekciókat végezzük:

- laktációs számítás a Wilmink-formula alkalmazásával, a minimum 180 napos laktációk figyelembevételével (Wilmink, 1987);
- heterogén variancia-korrekció a termelési és szomatikus sejtszámon alapuló tenyésztérbecslésnél;
- holstein-fríz lineáris küllemi bírálati tulajdonságok tenyésztérbecslésének standardizálása a bázispopuláció – a 2015-ös születésű, legalább 87,5%-ban fajtatiszta vérségű, nőivarú egyedek – tenyésztérbecslés-eredményei alapján;
- szomatikus sejtszám-tenyésztérbecslés standardizálása a bázispopuláció – a 2015-ös születésű, legalább 87,5%-ban fajtatiszta vérségű nőivarú egyedek – tenyésztérbecslés-eredményei alapján;

- tenyésztértékbecslés futtatása a hosszú hasznos élettartamra (longevity);
- tenyésztértékbecslés futtatása az ellésfolyásra;
- genomikai tenyésztértékbecslés futtatása.

A becslési rendszer fejlesztése

A hazai tenyésztértékbecslési rendszer átfogó fejlesztéseként, 2017-től bevezetésre került a GEBV, majd 2019-ben sikeresen elindítottuk az ún. HUNGENOM projektet, amely egy új, genomikai tenyésztértékbecslésre alapozott szelekciós eszközt biztosít a tenyésztők számára. A projekt lehetőséget teremt a biológiai minták széles körű gyűjtésére, az ezekből kinyert örökítőanyag legmodernebb eszközökkel történő elemzésére, majd a havi gyakoriságú genomikai tenyésztértékbecslésre mindkét nem esetén, bármilyen életkorban. A rendszer tervezésekor a logisztikai feladatok mellett az előbb felsorolt „futtatások” (tenyésztértékbecslési eredményközlések) eredményezte hatalmas információmennyiség feldolgozása is nagy kihívást jelentett, csakúgy, mint átalakításuk a gyakorlat által hasznosítható formába és eljuttatásuk a tenyésztőkhöz. A rendszer indulására azonban sikerült ezek mindegyikének megfelelnünk.

A genomanalízis gyakorlata

A HUNGENOM projektben az EuroG MD beadchip v.2-t⁸ használjuk (2. ábra). Kiterjedt nemzetközi összefogás eredményeként a magyar mintákat feldolgozó laboratórium hozzáférést kapott az EuroGenomix, a világ egyik legnagyobb nemzetközi biotechnológiai egyesülése által fejlesztett és használt analitikai platformhoz, ami azért különösen fontos számunkra, mert e mögött hatalmas, az SNP-adatok milliárdjainak elemzésén alapuló tudás és precíz gyakorlati kivitelezés húzódik meg. A siker egyik legfontosabb feltétele az, hogy a chip képes legyen megbízhatóan azonosítani az örökítőanyag azon pontjait, illetve szakaszait, amelyek szoros korrelációt mutatnak a számunkra fontos funkcionális tulajdonságok változásaival, esetenként képesek is előre jelezni azt.

A vizsgálatot a Cseh-morva Tenyésztők Szövetségének (CMSCH)⁹ laboratóriuma végzi, amelynek magas színvonalú működését nemzetközi akkreditációk és az általuk alkalmazott vizsgálati módszer, a legmodernebb DNS-chiptechnológia biztosítja (3. ábra). A DNS elemzéséből származó, egyedi mutációváltozatokat leíró SNP-mintázatot a már említett referencia-adatbázis értékeivel vetjük össze, hogy megbízható egyedi genomikai tenyésztértéket kapjunk. A magyar HUNGENOM projekt mindkét paramétere (laborháttér és referencia-adatbázis) kimagaslóan jó. Nemzetközi partnereink segítségével hozzáférhetünk a világ egyik legnagyobb referencia-adatbázisához, amely több tízezer tenyészbika, valamint több millió nőivarú egyed hagyományos és genomikai tenyésztértékére vonatkozóan tartalmaz adatokat. Az új chippel végzett genomanalízis segítségével még célzottabban vizsgálhatjuk a DNS számunkra fontos területeit, és ezzel egy időben további QTL-

⁸ Az SNP-vizsgálatra alkalmas chip a genomvizsgálat alapegysége, egy különleges tárgylemez. <https://www.eurogenomics.com/actualites/the-eurog-md-a-unique-genotyping-microarray-for-cattle-.html>
⁹ <https://www.cmsch.cz/>; <https://igenetika.cz/?orderDesc=true&page=1&pageSize=100;>

2. ábra Az Illumina szarvasmarhagenom elemzésére használt chipje



Figure 2. Illumina chip for the cattle genome assay

3. ábra Korszerű Illumina iScan készülék a beadchipek olvasásához



Figure 3. Illumina iScan instrument for the reading of beadchips

információkat is kapunk. Ezek közül kiemelten fontosak az egyedek haplotípusára (HH1–HH7; HH12) vonatkozó információk, amelyeket e technológiai fejlesztésnek köszönhetően géntesztel, vagyis chippel végzett direkt elemzéssel nyerhetünk ki. Ezeken túl az egyes egyedek kappa kazein és béta kazein termelési képességét is tudjuk vizsgálni: az AA, AB és BB, illetve az A1 és A2 tekintetében. A recesszív vörös színért, valamint a genetikai szarvatlanságért felelős gének ugyancsak kimutathatók, mely utóbbi szerepe az állatvédelmi/állattólleti szabályozás, valamint a radikális zöldmozgalmak hatására egyre inkább felértékelődik. A vizsgálatnak köszönhetően tehát a tenyésztők a számukra megfelelő tulajdonságokkal rendelkező tenyészbiák kiválasztásával és használatával megalapozott, tudatos párosítási döntéseket hozhatnak akár a színváltozat, (és ami talán ennél is fontosabb) a genetikailag szarvatlan egyedek állományon belüli felszaporításának érdekében. Mindezek mellett továbbra is vizsgáljuk a már régóta ismert, öröklődő recesszív genetikai terheltségeket (BLAD, DUMPS, MULEFOOT). Egyre több hazai tenyésztő tesz határozott lépéseket annak érdekében, hogy a termelőállományukban domináljanak az A2 típusú tejfehérje termelésére genetikailag predesztinált egyedek. Az A2 tejnek tudásunk jelenlegi állása szerint kedvezőbb dietetikai és élettani hatása van. Ez az értékes tulajdonság így akár piaci előnyt is jelenthet a termelők számára, amely magasabb átvételi ár formájában realizálódhat.

HUNGENOM PROJEKT I.

A HUNGENOM projekt nagyságrendje számokban

A 2019. évi bevezetéstől 2021 júliusáig beérkezett:

- 28 383 db minta és
- a laboratóriumi feldolgozás után 26 161 db SNP-fájl.

Genomikai tenyésztérbécslés és indexet (GHGI¹⁰-t) 23 561 nő- és 107 hímivarú egyed esetében számítottunk.

10 GHGI: genomikai tenyésztérbécslés során számított indexalkotókból kalkulált HGI.

4. ábra Az örökítőanyagot tartalmazó biológiai minta gyűjtésének folyamata

A SZŐRMINTA GYŰJTÉSÉNEK LÉPÉSEI A GYAKORLATBAN



1. Az egyik kézzel fogja meg határozottan a rögzített (pl. nyakfogó, kezelőfolyosó) vagy fiatal üszőborjak esetében a borjúketrécsben lévő állat farkát.



2. Fogjon össze erősen 40-50 szőrszálat – ami kb. egy ceruzányi vastagságú köteg – a farokbojt tiszta szálai közül.



3. Tekerje az egyik ujjá köré ezt a szőrköteget és egy hirtelen, a faroktő felé irányuló rántással tépje ki a szálakat. Semmiképpen se használjon ollót, ne vágja a szőrt, mert így a szőrtüszők az állat bőrében maradnak.



4. Ellenőrizze, hogy lát-e szőrtüszőket a szőrszálak végén, ha nem, tépje újra. Kerülje el a szőrtüszők megérintését, mert így megóvja őket a szennyeződéstől.



5. A szőrköteget próbálja meg egyben tartva úgy összerendezni, hogy a szőrtüszőkkel rendelkező végét a kijelölt területre helyezze.



6. A másik kézzel közben távolítsa el a felirattal ellátott, ráhajtható ragadós matricafelületről a fedőpapírt és hajtsa rá a szőrszálakra a számokkal jelzett sorrendben, ezzel rögzíti azokat a kívánt területen.



7. Vágja le a papír alól a kilógó felesleges szőrszálakat (amely nem tartalmaz szőrtüszőket).



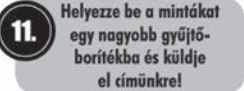
8. Írja rá a boríték megfelelő helyére az egyed ENAR számát. Nagyon fontos, hogy a vizsgálatban részt vevő egyed ENAR azonosítója jól olvasható legyen.



9. Jelölje be, hogy nőivarú egyed (üsző, tehén) vagy bika vizsgálatára gyűjtött mintát és azt, hogy igényli-e további, kiegészítő vizsgálatok elvégzését az adott egyed esetében.



10. A minta előkészítésének befejezéséhez hajtsa rá a boríték fedőlapját a felragasztott szőrökre.



11. Helyezze be a mintákat egy nagyobb gyűjtőborítékba és küldje el címünkre!

Figure 4. Process of the collection of biological samples containing the genetic material

Validációs vizsgálat

A projekt indulásakor csatlakozott tenyészetek esetében lehetőségünk nyílt az eredmények validálására, hiszen a legkorábban vizsgálatba vont egyedeket idővel termékenyítették, amely üszők azután ellettek, tejet termeltek, a megfelelő laktációs stádiumban megtörtént hivatalos küllemi bírálatuk, végül pedig zárták laktációjukat. Ennek köszönhetően a pedigré-, majd a genomikai tenyésztérbecslést követően hagyományos tenyésztérbecslést is kaptak. Vizsgálatunk első fázisában ezekkel az egyedekkel foglalkoztunk és tenyésztérbecslési adataik elemzéséből vontunk le következtetéseket, illetve fogalmaztunk meg ajánlásokat.

A folyamat az örökítőanyagot elegendő mennyiségben és minőségben tartalmazó biológiai minták gyűjtésével kezdődik. Ez esetünkben a tépett (szórtüszőket is tartalmazó) szőr (4. ábra), de lehet fülporc, vér, nyál, nyálka vagy akár az embrió mikrobiopsziájából származó sejtek halmaza is. Az utóbbi esetben még a beültetést megelőzően hozhatók megalapozott szelekciós döntések.

EREDMÉNYEK ÉS ÉRTÉKELESÜK

Leválogattuk a központi adatbázisból azokat az egyedeket, amelyek saját teljesítménye, zárt laktációja és küllemi bírálatuk az előszűrések után bekerülhetett a hagyományos tenyésztérbecslési rendszerbe. A vizsgált tejtermelő gazdaság 190 tehene felelt meg mindkét feltételnek, tehát ezek a termelés és a funkcionális küllemi tulajdonságok tekintetében egyaránt rendelkeztek genomikai és hagyományos tenyésztérbecsléssel. A termelési tulajdonságok közül a tej, a tejszír és a tejfehérje kg-ra, a funkcionális küllemi bírálati tulajdonságok közül pedig a tőgy- és a lábponttra vonatkozó tenyésztérbecslési adatokat elemeztük. A tenyésztérbecslési mindhárom típusát (hagyományos, pedigré, genomikai) tanulmányoztuk. Az egyedek fenotípusos teljesítményét 305 napos standard laktációik, valamint tőgy- és lábpontbírálati értékeik képezték.

A vizsgálatunk előtt a nemzetközi tudományos és gyakorlati példákat alapul véve állítottuk fel a hipotézisünket, amely szerint a *genomikai tenyésztérbecslés megbízható, illetve alkalmas az egyedekkel kapcsolatos tenyésztési és menedzsmentdöntések objektív alátámasztására. Feltételezzük, hogy a genomikai tenyésztérbecslési-eredmények pontosabbak a pedigré-tenyésztérbecslésnél*, amelyek a szülői tenyésztérbecslési átlagát jelentik függetlenül az adott egyed saját teljesítményét megalapozó, predisponáló genetikai jellemzőik változásaitól. Köztudott tény, hogy a legmegbízhatóbb információt az általunk is alkalmazott hagyományos BLUP-tenyésztérbecslés nyújtja, amely figyelembe veszi a saját teljesítményt is. Ez utóbbi esetben viszont a Wilmink-formula alkalmazhatóságához a laktációs termelés mérésére legalább 180 napra, a küllemi bírálat szabályos elvégzésére pedig az ellés után legalább 100 nap elteltére, vagyis az adott egyednek biológiailag meghatározott időre van szüksége. Nem szabad megelégednünk azonban arról sem, hogy e módszerrel ugyan a legpontosabb becslési eredményeket kapjuk, de egy generációt szükségszerűen „elveszítünk”, hiszen az első párosítási döntést a genomikai információk hiányában, a legjobb esetben is csak a pedigré-tenyésztérbecslési alapozva hozhatjuk meg. Az ellést követően azonban már a laktációs termelés és a küllemi bírálat képezi a hagyományos becslés alapját. A két eltérő módszer között kiváló megoldást jelent a genomikai tenyésztérbecslés alkalmazása.

HIPOTÉZIS

Az elemzéseink során a következő hipotézist állítottuk fel, és megvizsgáltuk, hogy vajon az adatok alátámasztják-e azt.

Az egyedek genetikai tulajdonságainak becslése és kifejezőmódja az életkor előrehaladtával, a saját teljesítmények megjelenésével változik, a becsült tenyésztértékek megbízhatósága, pontossága egyre javul az újabb adatok, információk a becslési folyamatokba történő beemelése során.

Az előbbieknél megfelelően a születés pillanatában ismert tenyésztértékkel rendelkező szülők esetében az utód pedigre-tenyésztértéket kap, amely természeténél fogva egy egyszerű matematikai átlag, és amelyet nem befolyásol az utód saját örökítőanyagában bekövetkezett variancia, illetve polimorfizmus, majd ez az érték az idő előrehaladtával, a saját teljesítményadatok, illetve a genomikai információk integrálásával egyre pontosabban írja le az egyed genetikai potenciálját. A tenyésztértékbecslés eredményeinek felhasználásakor kettős kihívásnak kell megfelelnünk, tehát két „döntési sík” között kell összhangot találnunk. Az egyik a becslési információk elérhetősége a megfelelő időben, a másik pedig az eredmények megbízhatósága, pontossága.

A megbízhatóság változásának alakulása a következő:

pedigré-tenyésztérték < genomikai tenyésztérték < hagyományos tenyésztérték.

Az egyed elvi életkora az adott tenyésztérték meghatározhatóságakor:

születés (pedigré-tenyésztérték) < korai mintavétel esetén borjúkor (genomikai) < tehén zárt első standard laktáció és küllemi bírálat (hagyományos).

A hagyományos tenyésztértékbecslés a saját teljesítményekkel, a környezeti hatásokkal, a pedigrében található szülői tenyésztértékekkel, a telepi környezet (tartás, takarmányozás) és a kortársak teljesítményének alakulásával, a heterogén varianciával, az év/évszaki hatásokkal egyaránt számol annak érdekében, hogy a lehető legpontosabban tudja becsülni az adott egyed genetikai tulajdonságait, letisztítva azokat minden más hatástól. E gondolatmenetnek megfelelően nem meglepő, hogy a legmagasabb korrelációs értékek a hagyományos tenyésztértékek és a fenotípusos teljesítmények között találhatók. A genomikai tenyésztértékbecslés ugyanakkor kiváló előrejelző, sokkal megbízhatóbb információt szolgáltat a pedigre-tenyésztértéknél.

Első lépésként a megfigyelt fenotípusos termelési és a küllemi bírálati eredményeket rendeztük párokba a következő elvnek megfelelően:

- tej kg 305 napos standard laktáció esetén (a továbbiakban 305) – pedigre-/genomikai/hagyományos tenyésztérték;
- zsír 305 – pedigre-/genomikai/hagyományos tenyésztérték;
- fehérje 305 – pedigre-/genomikai/hagyományos tenyésztérték;
- tőgypont-fenotípus – pedigre-/genomikai/hagyományos tenyésztérték;
- lábpont-fenotípus – pedigre-/genomikai/hagyományos tenyésztérték.

Korrelációs számításaink eredményeit egyrészt az 1. táblázatban, másrészt – a jobb áttekinthetőség kedvéért – a Mac Numbers-ben készített szórás-/felhődiagramokon mutatjuk be (5-9. ábra).

1. táblázat

R²-értékek alakulása a fenotípusos termelés és küllem, valamint az egyes tenyésztérbéktípusok vonatkozásában

Tenyésztérbéktípusok	Fenotípusos értékek				
	Tej kg 305	Zsír kg 305	Fehérje kg 305	Tőgypont	Lábpont
Pedigré-tenyésztérbék	0,055	0,022	0,023	0,081	0,068
Genomikai tenyésztérbék	0,228	0,100	0,093	0,379	0,350
Hagyományos tenyésztérbék	<u>0.483</u>	<u>0.469</u>	<u>0.371</u>	<u>0.497</u>	<u>0.419</u>

A 305 jelentése: 305 napos standard laktáció. A legmagasabb korrelációs értékeket vastagítással és aláhúzással emeltük ki.

Table 1. R² values of the phenotypic values of production traits and conformation points in different systems for the evaluation of breeding value

5. ábra A 305 napos standard laktációs tejtermelés és a pedigré-, a genomikai, illetve a hagyományos tej kg tenyésztérbékek felhődiagramjai

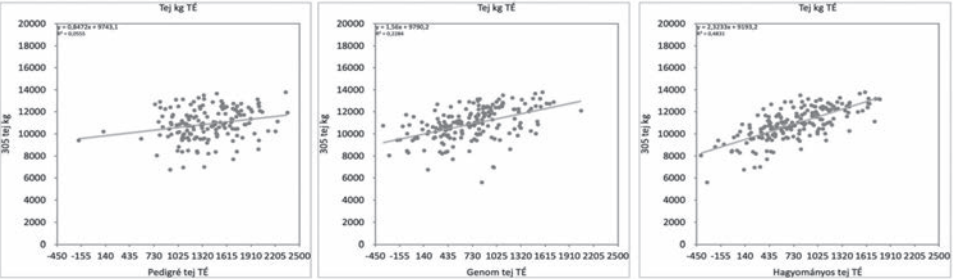


Figure 5. Cloud diagrams of the 305-days lactation milk production calculated in pedigree (left), genomic (centre) and traditional (right) breeding value systems

6. ábra A 305 napos standard laktációs tejszírtermelés és a pedigré-, a genomikai, illetve a hagyományos zsír kg tenyésztérbékek felhődiagramjai

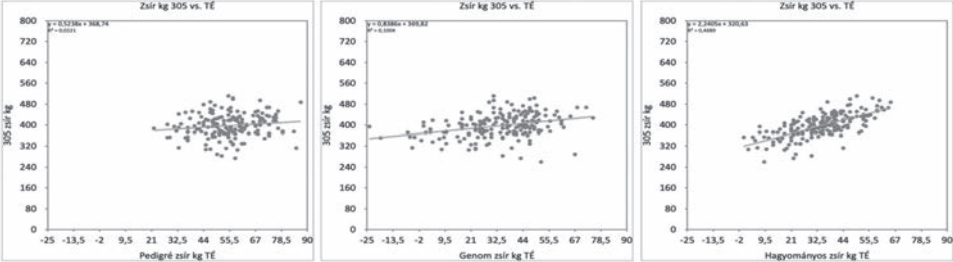


Figure 6. Cloud diagrams of the 305-days lactation milk fat production calculated in pedigree (left), genomic (centre) and traditional (right) breeding value systems

7. ábra A 305 napos standard laktációs tejfehérje-termelés és a pedigré-, a genomikai, illetve a hagyományos fehérje kg tenyésztértékek felhődiagramjai

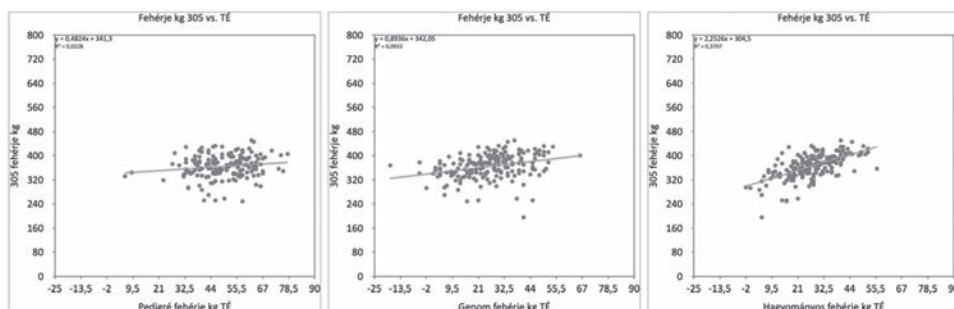


Figure 7. Cloud diagrams of the 305-days lactation milk protein production calculated in pedigree (left), genomic (centre) and traditional (right) breeding value systems

8. ábra A tőgypont küllemi bírálati pontszám és a pedigré-, a genomikai, illetve a hagyományos tőgyponttenyésztértékek felhődiagramjai

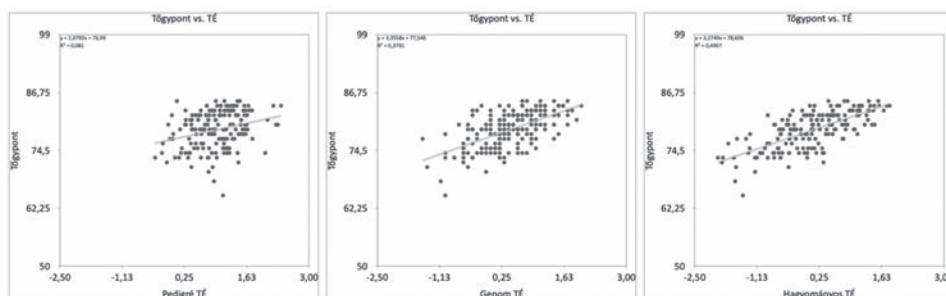


Figure 8. Cloud diagrams of the udder conformation points calculated in pedigree (left), genomic (centre) and traditional (right) udder point breeding value systems

9. ábra A lábpont küllemi bírálati pontszám és a pedigré-, a genomikai, illetve a hagyományos lábponttenyésztértékek felhődiagramjai

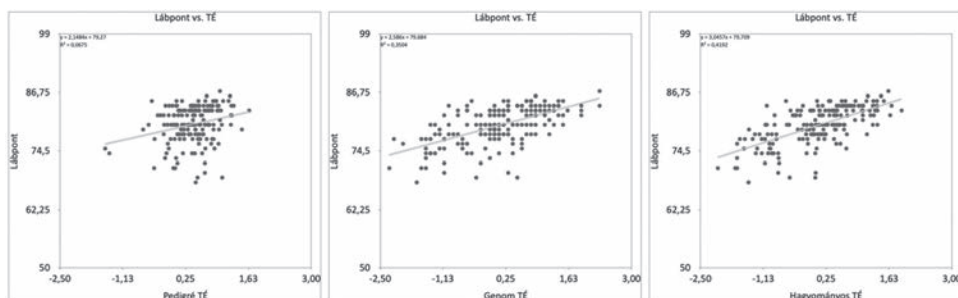


Figure 9. Cloud diagrams of the foot conformation points calculated in pedigree (left), genomic (centre) and traditional (right) foot point breeding value systems

A három tenyésztérbecsles
összefüggése

A háromféle tenyésztérbecsles
eljárás között fennálló korrelációk meg-
állapításához valamennyi vizsgált tulaj-
donságra, tenyésztérb-
adatpáronként el-
végztük a számításokat:

- hagyományos tenyésztérb –
pedigré-tenyésztérb;
- hagyományos tenyésztérb –
genomikai tenyésztérb;
- pedigré-tenyésztérb – genomikai
tenyésztérb.

R²-értékek alakulása a termelési tenyésztérb-típus

Termelési tulajdonságok	Hagyományos tenyésztérb			
Tej; Zsír; Fehérje	[Tej TÉ]	[Zsír TÉ]	[Fehérje TÉ]	
Pedigré-tenyésztérb	0,431	0,317	0,355	
Genomikai tenyésztérb	0,448	0,445	0,434	
Hagyományos tenyésztérb	átló			
átló	Hagyományos tenyésztérb			

Tenyésztérbek felhődiagramjai tulajdonságonként

10. ábra A pedigré-, a genomikai, illetve a hagyományos tej kg tenyésztérbek felhődiagramjai

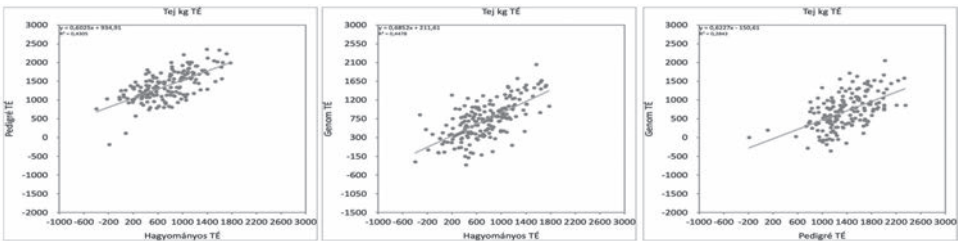


Figure 10. Cloud diagrams of the milk production calculated in pedigree - traditional (left), genomic – traditional (centre) and genomic – pedigree (right) breeding value systems

11. ábra A pedigré-, a genomikai, illetve a hagyományos zsír kg tenyésztérbek felhődiagramjai

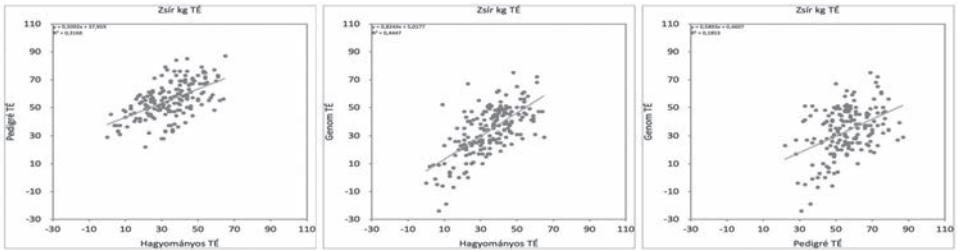


Figure 11. Cloud diagrams of the milk fat production calculated in pedigree – traditional (left), genomic – traditional (centre) and genomic – pedigree (right) breeding value systems

2. táblázat

(baloldal, átló feletti rész), valamint a küllemi tenyésztérték típus (jobb oldal, átló alatti rész) szerint

	Genomikai tenyésztérték			Pedigré tenyésztérték		átló
	[Tej TÉ]	[Zsír TÉ]	[Fehérje TÉ]			
	0,284	0,185	0,310	átló		Pedigré tenyésztérték
	átló			0,394	0,407	Genomikai tenyésztérték
	<u>0.624</u>		<u>0.856</u>	0,511	0,482	Hagyományos tenyésztérték
	[Tőgypont TÉ] [Lábpont TÉ] GEnomikai tenyésztérték		[Tőgypont TÉ] [Lábpont TÉ] Pedigré tenyésztérték		<u>Küllemi tulajdonságok</u> Tőgypont; Lábpont	

A táblázat két irányból értelmezendő: a bal (átló feletti) oldala a három termelési tulajdonság tenyésztértékeire, míg a jobb (átló alatti) oldala a két küllemi tulajdonság tenyésztértékeire vonatkozó R^2 -értékeket tartalmazza. A legmagasabb korrelációs értékeket vastagítással és aláhúzással emeltük ki. TÉ: tenyésztérték.

Table 2. R^2 values according to the breeding value type (left side, over the bias), or according to the conformation breeding value (right side, below the bias)

12. ábra A pedig é-, a genomikai, illetve a hagyományos fehérje kg tenyésztértékek felhődiagramjai

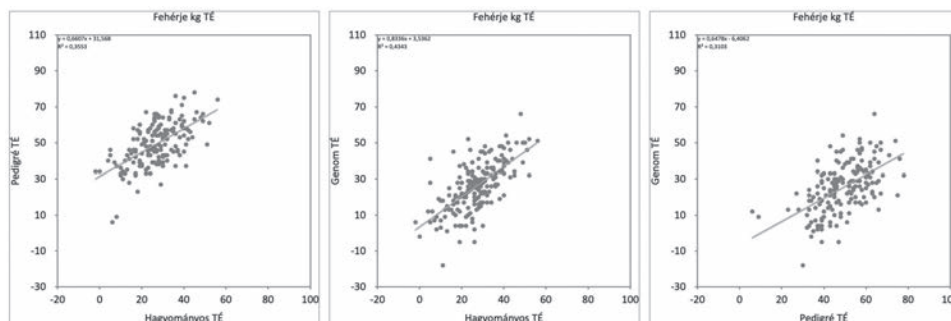


Figure 12. Cloud diagrams of the milk protein production calculated in pedigree – traditional (left), genomic- traditional (centre) and genomic – pedigree (right) breeding value systems

14. ábra A pedigré-, a genomikai, illetve a hagyományos lábponttenyésztérbecslések felhődiagramjai

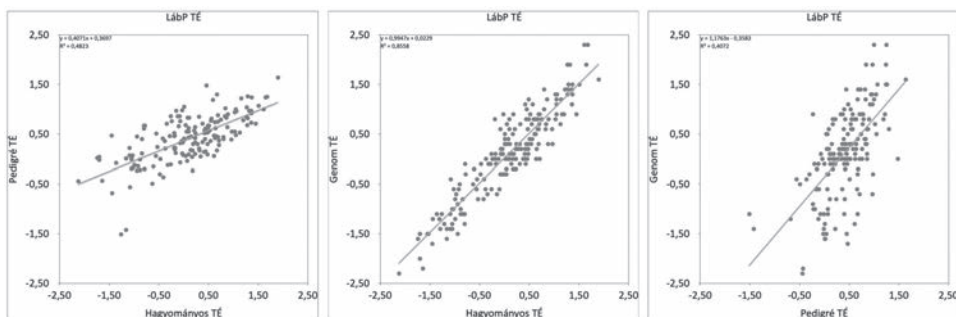


Figure 14. Cloud diagrams of the foot conformation points calculated in pedigree-traditional (left), genomic-traditional (centre) and genomic – pedigree (right) breeding value systems

ÉRTÉKELÉS

Az előbbieken közölt R^2 -értékek és a bemutatott felhődiagramok egyaránt igazolták a hipotézisünket.

A pedigré-, a genomikai és a hagyományos tenyésztérbecslések kapcsolata a standard 305 napos laktációs tej-, tejsír- és tejfehérje-termeléssel

A tejtermelés esetében látványos igazolást nyert hipotézisünk (5-9. ábra), hiszen a standard 305 napos laktációk esetében a tehének üszőkorban pedigréalapon előre jelzett, majd a genotipizálás után már megbízhatóbban prognosztizált és végül a valós teljesítmény alapján becsült tenyésztérbecsléshez tartozó R^2 -értékek a tenyésztérbecslés precizitásának fokozatos növekedésére utalnak:

$$R^2_{\text{pedigre}}: 0,056 < R^2_{\text{genom}}: 0,228 < R^2_{\text{hagyományos}}: 0,4831.$$

A tejsírtelés esetében is hasonlóan alakul a trend, bár itt mind a pedigré-, mind a genomalapú előrejelzés R^2 -értéke alacsonyabb, mint a tejtermelésé, a hagyományos, valós teljesítményadatokat is figyelembe vevő becslése viszont hasonló ahhoz:

$$R^2_{\text{pedigre}}: 0,0221 < R^2_{\text{genom}}: 0,1004 < R^2_{\text{hagyományos}}: 0,4689.$$

A tejfehérje-termelés statisztikai mutatói – előzetes elvárásainkat igazolva – szinte teljesen megfeleltethetők a tejsírtelésnél kapott eredményeknek, azzal az apró eltéréssel, hogy e tulajdonság tenyésztérbecslésének szórása és eloszlása szűkebb tartományban mozog, és az R^2 -értékei alacsonyabbak:

$$R^2_{\text{pedigre}}: 0,0228 < R^2_{\text{genom}}: 0,0933 < R^2_{\text{hagyományos}}: 0,3707.$$

A három tenyésztérbecsléstípus és a küllemi bírálati pontszám (fenotípus) kapcsolata

A két funkcionális küllemi bírálati tulajdonság – a tőgypont és a lábpont – meghatározza a tehénészetekben az állatok hasznos élettartamát. A holstein-fríz

fajtájú tejelő teheneket többnyire szakosodott, nagy egyedszámmal rendelkező tejtermelő gazdaságokban tartják, gépesített, automatizált környezeti feltételek között. A hazai termelésellenőrzött állományra vonatkozó adatok alapján 2020-ban a fejt tehenlétszám 437 volt telepenként. Ez a világ egyik legmagasabb értéke, és egyben a hazai állomány koncentrátságát is mutatja (*Partnertájékoztató Hírlévé, ÁT Kft.*, 2021). Az iparszerű tartási körülmények, az automatizált, esetenként napi háromszori gépi fejés, illetve a nagy telepméretek által megkövetelt szabad mozgás feltétele a kiváló lábszerkezet, valamint a nagy mennyiségű tej termelésére és a gépi fejés során történő leadására alkalmas funkcionális tőgyalakulás. A küllemi bírálati adatokat a Holstein-fríz Tenyésztők Egyesületének szakemberei vételezik fel és juttatják el a központi adatbázisba (SZIR¹¹). A fenotípusos értékek és az eltérő tenyészértéktípusok kapcsolatát tekintve a tejtermelési tulajdonságok megfigyelt összefüggései ismétlődnek azzal az eltéréssel, hogy a két küllemi tulajdonságra kapott R^2 -értékek (a lábpont és a tej-, illetve a tejzsírtermelés hagyományos tenyészértékkel mért korrelációinak kivételével) minden esetben magasabbak a az előbbiekre számítottaknál. Ez nem unikális megfigyelés, az INTERBULL trendelemzése, illetve a WHFF¹² küllemi bírálati harmonizációért felelős munkacsoportjának vizsgálatai is hasonló megállapításra (a mért termelési tulajdonságokénál magasabb korrelációs eredményekre) jutottak a tagországok populációinak küllemi tulajdonságai vonatkozásában.

A pedigré-, a genomikai és a hagyományos tenyészértékek kapcsolata a tőgyponttal:

$$R^2_{\text{pedigré}}: 0,081 < R^2_{\text{genom}}: 0,3791 < R^2_{\text{hagyományos}}: 0,4967.$$

A pedigré-, a genomikai és a hagyományos tenyészértékek kapcsolata a lábponttal:

$$R^2_{\text{pedigré}}: 0,0675 < R^2_{\text{genom}}: 0,3504 < R^2_{\text{hagyományos}}: 0,4192.$$

Összefoglalva, az előbbi eredmények megfelelnek az előzetes elvárásainknak, hiszen a kiemelt termelési, valamint a küllemi paraméterek fenotípusos értékei és az egyes tenyészértékek közötti korreláció a pedigré, a genomikai és a hagyományos tenyészérték sorrendjében növekszik.

A három tenyészértéktípus összevetése

Mindhárom termelési tenyészértékre és a két küllemi tulajdonság tenyészértékeire is korrelációs számítást végeztünk. A három tenyészértéktípusra vonatkozó eredményeket a 2. táblázat és a 10-14. ábrák szemléltetik.

11 SZIR: szarvasmarha-informatikai rendszer, melyet a NÉBIH által üzemeltet.

12 WHFF (World Holstein Friesian Federation): Holstein Világszövetség (<http://www.whff.info>). <http://www.whff.info/documentation/documents/progressoftypeharmonisationversionafterBuenosAiresv2.pdf>

Az összevetési párokat a következők szerint képeztük:

- hagyományos tenyésztérb – pedigré-tenyésztérb;
- hagyományos tenyésztérb – genomikai tenyésztérb;
- pedigré-tenyésztérb – genomikai tenyésztérb.

Az 10-14. ábrák összehasonlításakor szembeötlő, hogy a tenyésztérb típusokat reprezentáló pontok legsűrűbben elhelyezkedve a hagyományos és a genomikai tenyésztérb összevetése esetében alkottak felhőt. További említésre méltó megfigyelés, hogy a hagyományos és genomikai tenyésztérb kapcsolatának vizsgálata során magasabb R^2 -értékek adódtak, mint a másik két (pedigré- és genomikai tenyésztérb, illetve hagyományos és pedigré-tenyésztérb) tekintetében. A diagramok pedig a pedigré- és a genomikai tenyésztérb pároknál mutatták a leglazább szerkezetű felhőket.

A tejtermelő ágazat rendkívül hatékonyan képes előállítani a lakosság egyik alapvető elelmiszerét a tejet. Munkánk velejárója a természetes körforgás, a visszacsatoló (körforgó) gazdálkodás. A felvett takarmányok (tehát a növények, amelyek a légkörből megkötött széndioxidot a napfény energiája segítségével alakítják át tápanyagokká), azok állatok általi megemésztése, majd a melléktermékeknek (légzési, emésztési gázoknak) a légkörbe, a felvett víznek, valamint a szervesstrágyának (mint a talaj termőképességét és a benne élő mikro-, illetve makroszervezetek életkörülményeit biztosító, pótolhatatlan összetevőnek) a talajba való visszajuttatása és végül az értékes tej termelése zárt körfolyamatot, „nullszaldójú” rendszert alkot. Természetesen e folyamat tanulmányozásakor figyelembe kell vennünk a felhasznált külső energiát is, de ez a faktor nem a tejtermelés egyedüli velejárója.

Az egyre hatékonyabban termelő tehenek nemesítése, célzott szelekciója ma már elképzelhetetlen a tudomány és a technika modern vívmányainak, a genomikai ismeretek gyakorlati alkalmazása nélkül. Jelen tanulmányban bemutatott fejlesztéseinkkel és bevezetett szolgáltatásainkkal elérhetővé, illetve telepi/gyakorlati szinten is egyszerűen alkalmazhatóvá tettük a genomikai szelekciót a hazai tenyésztők, termelők számára.

IRODALOMJEGYZÉK

- Calus, M. P. L. – Meuwissen, T. H. E. – de Roos, A. P. W. – Veerkamp, R. F. (2008): Accuracy of genomic selection using different methods to define haplotypes. *Genetics*, 178, 553-561.
- Meuwissen, T. H. E. – Goddard, M. E. (2004): Mapping multiple QTL using linkage disequilibrium and linkage analysis information and multitrait data. *Genet. Sel. Evol.*, 36, 261-279.
- de Roos, A. P. W. – Schrooten, C. – Mullaart, E. – van der Beek, S. – de Jong, G. – Voskamp, W. (2009): Genomic selection at CRV. Workshop presentation, Interbull Workshop on Genomics, Uppsala, Sweden
- Stoop, W. M. – Eding, H. – Schrooten, C. (2017): Method of genomic breeding value estimation, specified for Hungarian data. Proposal for the National Association of Hungarian Holstein Friesian Breeders, Working document.

- Thallman, R. M. – Cooke, D. B. – Bennett, G. L. (2002):* Genoprob: Computation of genotype and grandparental origin probabilities in complex pedigrees with missing marker data. Proc. 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Montpellier, France, CD-ROM Communication No. 28-09.
- VanRaden, P. M. – VanTassell, C. P. – Wiggans, G. R. – Sonstegard, T. S. – Schnabel R. D. –Taylor, J. F. – Schenkel, F. S. (2009):* Invited review: Reliability of genomic predictions for North American Holstein bulls. J. Dairy Sci., 92. 16-24.
- Wilmink, J. B. M (1987):* Comparison of different methods of predicting 305-day milk yield using means calculated from within-herd lactation curves. Livest. Prod. Sci., 17. 1-17.

Érkezett: 2021. augusztus

Szerző címe: *Bognár L.*

Holstein-fríz Tenyésztők Egyesülete

Author's address: National Association of Hungarian Holstein Friesian Breeders

H-1134, Budapest, Lóportár u. 16.

bognar@holstein.hu