

BIOTECHNOLÓGIA

MENNYISÉGI TULAJDONSÁGOK MARKEREINEK

VIZSGÁLATA

(QTL – MARKER KAPCSOLAT AZONOSÍTÁSA)

A legtöbb gazdasági értékmérő „mennyiségi” tulajdonság

- folytonos, normális eloszlású
- a fenotípust a genotípus és környezet befolyásolja
- a genotípust sok gén alakítja ki
- hagyományos szelekcióval 1-3 % genetikai előrehaladás lehetséges (korlátozott)
 - pl. csak egyik ivarban mérhető (tej, tojás term.)
 - pl. csak adott életkorban (vágási teljesítmény)
 - pl. költséges (betegségre való hajlam)
- genetikai markerrel ez nem probléma

Minél közelebb van a marker a génhez, annál kisebb a rekombináció esélye

(nagyobb öröklődési esély!)

A genom kapcsoltsági térképei már fajokként léteznek

Ez adja a MAS (Marker Assisted Selection) lehetőségeit.

NAGYHATÁSÚ GÉN VALÓSZÍNŰSÉGE A POPULÁCIÓBAN

- Előzetesen hagyományos módszerekkel elemezzük adott tulajdonság eloszlását (pl. visszakeresztezéssel)
(pl. 1988 – booroolei gén)
- Ha egy gén allélja nagyhatású, a gén is az!
- Ha nő a gyakoriság, nő az additív variancia, nő a h^2 érték is.
(pl. 0,5 gyakoriságig)
- Ha 0,5 gyakoriság fölötti (szelekció előtt) akkor csökken a variancia és a h^2

1. Normalitásvizsgálat (elosztás)

(nincs származási adat)

Az elosztást a normális elosztások keveréke alakítja

Nagyhatású génnél (allélnál) az eloszlás ferde vagy csúcsos!

- **Közepes gyakoriságú nagyhatású génnél =
lapuló csúcsos eloszlás** mutatkozik
- **Kicsi vagy nagy gyakoriságnál ferde!**
0 és 1 közelében ismét normális az eloszlás
- Csak nagy egyedszám fölött (750) mutatható ki
- Ha a normálistól való eltérés kimutatható – bizonytalanság,
mert nincs származási adat!

2. Rokonsági variancián alapuló próbák

- A nagyhatású gén növeli a testvércsoportokon belüli varianciát (Bartlett próba)

Fain próba

3. Vonalkeresztezési próbák

(Kolmogorov – Smirnov – próba)

4. Vegyes próbák

A normális eloszlástól való eltérésen alapulnak

Fontos, hogy az egyedek közel azonos környezetben termeljenek!

- Maximum „likelihood” becslés
- Komplex szegregációs analízis

A származás ismeretével a kevert eloszlás súlyozható!

- először az egyed, majd a család

valószínűségfüggvényét számolja ki

Nagyhatású genotípus egyedi becslésére alkalmas =

Bayer módszer

Ez állomány elemzés DNS vizsgálat előtt, teszteli, hogy szükséges -e a DNS genotípus meghatározása

KÍSÉRLET TERVEZÉSE QTL – MARKER

KAPCSOLAT AZONOSÍTÁSÁRA

A mennyiségi tulajdonságot befolyásoló gének a markerekhez való kapcsolatuk révén mutathatók ki.

Feltétel: • kapcsoltsági egyensúlyhiány

- fajták vagy vonalak F_2

(visszakeresztezett)

populációjában

• nagy egyedszám

• az egyensúlyhiány okai:

- eltérő allélgyakoriságú populációk

keveredése

- kis populációban, drift

- szelekció

- migráció

- mutáció

- a gamétatípusok gyakoriságán mérhető

• családon belül lehetséges

Kísérleti elrendezések:

- a. apa két leányivadék csoportjának genetikai összehasonlítása
- b. bikák fiainak marker genotípusa és leány unokáik fenotípusos teljesítménye kerül összehasonlításra
(minden fajban)
- c. Édes és féltestvér nemzedék családok összehasonlítása
(pl. baromfinál)
- d. Az F_1 nemzedék visszakeresztezése az egyik szülővel
(csak az additív QTL azonosítható)
Az F_2 nemzedék több információval szolgálhat
- e. F_2 nemzedék létrehozása
Ha két fajta vagy vonal fenotípusosan eltérő
(sertés és baromfi)

SZELEKTÍV GENOTÍPIZÁLÁS

Adott tulajdonságban a fenotípusos szélső értékek genotípus meghatározása

(az állomány kb. 30 %-a)

- családon belül, egy tulajdonságra
- édestestvér családban pontosabb

A GIBBS – FÉLE MINTAVÉTEL

a szegregációs és kapcsoltsági analízis kombinációja

(többszörös mintavétel)

A SZÜKSÉGES LÉTSZÁM MEGHATÁROZÁSA

meghatározott megbízhatósághoz szükséges egyedszám és a

QTL között négyzetes összefüggés

(fele akkora QTL-hez négyszeres egyedszám)

A SZELEKCIÓ HATÁSA A QTL AZONOSÍTÁSÁRA

Az elemszámot nem befolyásolja, de kevesebb és népes család elemzése előnyös

KÍSÉRLETI KIÉRTÉKELÉS

- A szükséges markerek számának meghatározása

(véletlenszerűen, vagy azonos távolságra lévők,
ez utóbbi kedvezőbb)

- Intervallum térképezés

(mindkét, QTL-t közrefogó markerre becslünk)

- Távolság és rekombinációs gyakoriság

(lokuszok közötti távolság)

A térképtávolság = Morgan (M) = 100 centiMorgan

- Az esélyes gén

(adott génről feltételezzük adott tulajdonságra való hatást)

Átöröklés – egyensúlyhiány próbája

QTL AZONOSÍTÁSA ÉS HATÁSBECSLÉSE

LINEÁRIS MODELEKKEL

- varianciaanalízis

(az egyed fenotípusos értékét bontja)

- regresszioanalízis

(a markerallél helyettesítés átlagos hatását becsli,

azaz hogyan változik a populáció

átlagosteljesítménye, ha adott lokuszban az egyik

allélt a másik váltja?)

- maximum likelihood módszeren alapuló becslés

(a QTL, kromoszómán lévő helyét becsüli)

- allélhelyettesítés hatását
- allélgyakoriságot
- a marker és QTL közti rekombinációs gyakoriságot

- valószínűségi térképek készítése

A MARKER – QTL KAPCSOLAT FELHASZNÁLÁSA

- Markeren alapuló tenyésztértékbecslés

(pl. PLUP módszer)

A MAS HATÉKONYSÁGA FÜGG

- a gének számától
- egy lokuszon lévő allélek számától
- kezdeti allélgyakoriságtól
- szelekciós intenzitástól
- az egyes gének hatásától
- alany h^2 érték esetén nő a hatékonyság
- nemzedékenként csökken
- pl. édestestvér tenyészbikajelöltek kiválasztása MAS – al
pontosabb

- **Marker segítségével végzett cseppvérkeresztezés**

(monogénes tulajdonság fejlesztése)

- **Marker segítségével végzett génmegőrzés**

(főleg kis populációkban ígéretes)

- **Keresztezési teljesítmény javítása**

(főleg reciprok keresztezésű tojóhibrideknél)