DEBRECENI EGYETEM
AGRÁRTUDOMÁNYI CENTRUM
AGRÁRGAZDASÁGI ÉS VIDÉKFEJLESZTÉSI KAR
GAZDASÁGELEMZÉSI ÉS STATISZTIKAI TANSZÉK

ÁLLATTENYÉSZTÉSI TUDOMÁNYOK DOKTORI ISKOLA

Doktori Iskola vezető: Dr. Kovács András PhD, DSc, habil

Témavezető:
Dr. habil Komlósi István PhD
egyetemi docens

DOKTORI (PHD) ÉRTEKEZÉS TÉZISEI

AZ ÉRTEKEZÉS CÍME:
A variancia és a beltenyésztettség vizsgálata számítógépes szimulációval

Készítette:
Szőke Szilvia
doktorjelölt

Debrecen
2005.

Bevezetés, célkitűzés

A szimulációs módszerek, többek között a Monte Carlo módszer is hatékonyan alkalmazható a bonyolult genetikai szerkezetek tanulmányozására, költséges és időigényes kísérletek részbeni helyettesítésére, kiegészítésére. Ezek az előnyök lehetővé teszik a szimulációs programok felhasználását az állattenyésztésben is. Természetesen a szimulációk nem helyettesíthetik teljesen a biológiai kísérleteket. Ismert törvényszerűségeket egyszerűen fogalmazunk meg, néhány összefüggést kiragadunk a biológiai környezetből – ez előnye is és hátránya is a számítógépes szimulációknak. Dolgozatomban a számítógépes szimuláció alkalmazásával három téma részletesebb vizsgálatának eredményeiről számolok be. Ezek a témák az állattenyésztés számára fontos kérdéseket taglalnak: a genetikai változatosságra ható tényezőket, illetve a genetikai változatosság befolyásolhatóságát, a beltenyésztettséget illetve a beltenyésztettség elkerülésének lehetőségeit.

A jelenleg alkalmazott tenyészértékbecslési módszerek közel $r \cong 1$ pontossággal becsülik a fenotípusból a genetikai értéket, így a szülők kiválasztása megközelítően azok valós genetikai értéke alapján történik. A rangsor elejéről kevés egyedet választunk ki, ezek között valószínűleg több rokon egyed van a tenyészértékbecslés pontossága miatt. Tehát a nemesítés során a továbbtenyésztésre meghagyott korlátozott létszámú és egymással rokon egyedekből álló szülőpopuláció így nemcsak az utódpopuláció genetikai varianciáját csökkenti, hanem egyúttal annak beltenyésztettségét is növeli. Ez utóbbi megnövelheti a letális, szemiletális allélok homozigozitását, így beltenyésztéses leromlást okoz. Ha a szelekció során egy állományban a genetikai variancia csökken, akkor ez kisebb szelekciós differenciál megvalósítását, végső soron kisebb genetikai előrehaladást okozhat. Hosszú távon a gének fixálódnak, kimerülnek a genetikai tartalékok, csökken az adott fajta versenyképessége. A nagy hatékonyságú állattenyésztés, az ipari módszereket alkalmazó állattartás egyik alapfeltétele a genetikai lehetőségek maximális kihasználása. A számítógépes szimulációs program lehetővé teszi több genetikai tényező változtatását, így fajtától függetlenül, nemzedékeken keresztül is figyelemmel kísérhetők a genetikai változások.

Célom volt különböző genetikai tényezőknek – populációméret, génhelyek száma, allélkölcsönhatás, párosítás módja – a genetikai előrehaladást, genetikai változatosságot

és a beltenyésztettséget befolyásoló hatását megvizsgálni. A genetikai előrehaladást az allélértékek átlagos összege alapján, a genetikai változatosságot pedig a populáció egységes homozigótává válásának időpontja alapján kívántam összehasonlítani.

Korunkban különösen nagy figyelmet kell fordítanunk értékeink – köztük élővilágunk genetikai állományának megóvására is. Egyes háziállat fajtákat is veszély fenyegeti, hiszen egy fajta meghatározott piaci igényt elégít ki, s az igény változásával, a fajta létszáma csökken. A rég honosult háziállatfajták azonban rendelkeznek különleges értékekkel, ami iránt egyre gyakrabban mutatkozik érdeklődés (MIHÓK és mtsai, 1999). Éppen ezért a tenyésztők számára fontos a már nem divatos fajták tartása, génjeinek megőrzése (BODÓ és MIHÓK, 2002). A Debreceni Egyetem Agrártudományi Centrumának génmegőrzésre fenntartott bronzpulyka állományában jelenleg rotációs - véletlenszerű párosítást alkalmaznak.

A második vizsgálatom célja a jelenlegi párosítási eljárás genetikai változatosságra való hosszú távú hatásának elemzése, s olyan párosítási tervek (szaporodási közösség méret- és ivararány függő) kialakítása, melyek kedvezőbbek lehetnek a génmegőrzési feladatok ellátására, a populáció méretének változtatása nélkül.

Hagyományos módon, a szokásos tenyésztési eljárással és tenyészkiválasztással a kiváló teljesítményt nyújtó szarvasmarhák csak hosszú idő alatt szaporíthatók el, mert egyet ellő, és a vemhesség ideje hosszú. Az új biotechnikai, biotechnológiai eljárások közül a klónozásnak nagy jövője van, illetve lehet az állattenyésztésben. Jelenleg több módszere ismert. Általános alkalmazásukkal a legkiválóbb teljesítményt nyújtó állatokat tetszőleges számban lehetne előállítani. A termelés szempontjából kedvező genotípusok gyors elterjesztésén kívül más előnyei is lehetnének az új biotechnológiai eljárások tömeges alkalmazásának. A kívánt arányban lehetne az utódok nemét befolyásolni. Gazdasági hatása vitathatatlan: a hústermelésnél a bika-, a tejtermelésben pedig üszőborjak születése kedvezőbb. Van azonban árnyoldala is az új technológia alkalmazásának, hiszen az azonos genetikai felépítésű egyedek tömeges előállításával csökkenne a genetikai variancia, és megnőne a beltenyésztettség az állományban. A genetikai variancia csökkenése a szelekciós célok megváltozásánál okozna nehézséget. A beltenyésztettség növekedése a genetikai terheltség halmozódásához, a fitness tulajdonságok romlásához vezethetnek.

Célom volt a különböző klónozási technológiák szimulációja segítségével felmérni azok tömeges alkalmazásának hatását a genetikai értékek változására és a beltenyésztettségre nézve egy tejelő szarvasmarha populáció esetén.

Néhány genetikai tényező hatásának vizsgálata

Előzmények és az alkalmazott kutatási módszerek

A vizsgálat során különböző genetikai tényezők hatását elemeztem a genetikai előrehaladásra, a genetikai változatosságra és a beltenyésztettségre nézve. A genetikai előrehaladást az allélértékek átlagos összege alapján, a genetikai változatosságot pedig a populáció egységes homozigótává válásának időpontja alapján kívántam összehasonlítani. A változtatott genetikai tényezők az alábbiak voltak: populációméret (1000 egyed, 2000 egyed), lókuszok száma (5 illetve 10), allélkölcsönhatás (additív génhatás, részleges dominancia és teljes dominancia), párosítás módja (célpárosítás és véletlenszerű párosítás).

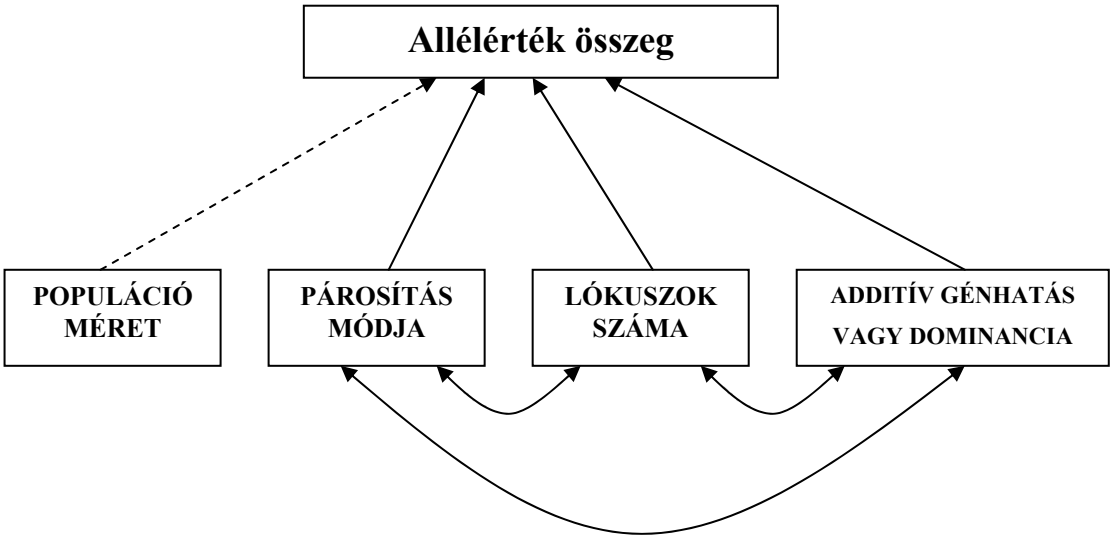
A fenti tényezők változtatásával 24 féle kísérleti beállítást 15 ismétlésben vizsgáltam. Az alappopuláció egyedeit lókuszonkénti alléljaik meghatározásával definiáltam. A lókuszonkénti két–két allél kezdeti értéke 50-50% valószínűséggel lehetett –1 vagy +1 öt lókusz esetén, illetve +0,5 vagy –0,5 tíz lókusz esetén. A gének allélpárjai függetlenek voltak, nem volt episztázis és a lókuszok között nem volt kapcsoltság. Átfedő populációt alkalmaztam, minden egyed három szaporodási ciklusban vehetett részt, és a korosztályok létszáma megegyezett. Minden nőivarú egyednek egy utódja lehetett párosításonként. Az ivararány 1:4 volt. A párosítás során keletkezett egyedeket fenotípusuk alapján rangsoroltam, és a legjobbak közül annyit tartottam meg, hogy a populáció létszáma és az ivararány ne változzon. A számítógépes szimulációban a párosítástól az utódok generálásán át az egyedek selejtezéséig tartó időszakot szaporodási időszaknak nevezem, és a populáció történetében az idő múlását szaporodási időszakokban mérem.

A párosítás során a szelekciós szabályoknak megfelelő szülőpárt kiválasztottam, majd az utód alléljait a szülők megfelelő lókuszain lévő alléljaiból úgy határoztam meg, hogy 50% valószínűsséggel az egyik vagy a másik allélt kapja az utód a szüleitől. Az allélok értékének összegzése után, ahol figyelembe vettem esetleges dominancia hatást is, a fenotípust határoztam meg. A genetikai értékhez egy nulla várható értékű adott szórású normális eloszlásból származó véletlenszámot adtam a környezeti hatást modellezve. A fenotípus a lókuszonkénti genotípusok és a környezeti hatás összege volt. A beltenyésztettségi koefficiens számítására Wright (1921) formuláját alkalmaztam.

Rögzítettem szaporodási időszakonként a pedigrét, az egyedek allélértékeit, valamint azt a nemzedékszámot, ahol a populáció minden egyede először lett minden lókuszán a kedvezőbb homozigóta. Genotípus helyett azért az egyedek allélértékeit választottam, hogy összehasonlíthatók legyenek az allélhatások. A számítógépes szimulációs programhoz a SCILAB 2.7.2 (DRAKOS, 1997) matematikai szoftvert használtam és a programok egy részét a Nemzeti Információs Infrastruktúra Fejlesztési Program szuperszámítógépén futtattam. A kísérletek eredményeit varianciaanalízissel (SVÁB, 1981), nemparaméteres Kruskal-Wallis (VINCZE és VERBANOVA, 1993) valamint Gehan teszttel (MCGRADY, 2005) és a túlélés analízis modelljeivel – Kaplan-Meier becslés (BOLLA és KRÁMLI, 2005), log-rate modell (VERMUNT és MOORS, 2005) – elemeztem.

Főbb megállapítások

A különböző genetikai tényezők változatokat varianciaanalízissel hasonlítottam össze. Az 1. ábra mutatja a fő hatásokat és a fennálló legjelentősebb interakciókat az allélértékek elemzésénél.



1. ábra. Az allélérték összeget befolyásoló lényeges faktorok a modellben

A vizsgált tényezők mindegyike – a populációméret, a lókuszok száma, a párosítás módja, valamint az additív és dominancia génhatás – befolyásolta az

allélértékek összegét. A tényezők közül a teljes dominancia jelenlétének volt a legnagyobb hatása. Teljes dominancia mellett a heterozigóták és a kedvezőbb homozigóták fenotípus alapján nem voltak megkülönböztethetők, a kedvezőtlen allél nem szelektálódott ki, és így a genetikai variancia nem csökkent nullára. Additív génhatásnál és részleges dominanciánál a kedvezőtlen allél 20 szaporodási időszakon belül kiesett, a genetikai értékek elérték a maximumot, a genetikai variancia pedig nulla lett.

A dominancia után a lókuszok száma befolyásolta legnagyobb mértékben az allélgyakoriságot. Amikor a tulajdonságot 10 gén határozta meg, a 10. szaporodási időszakban szignifikánsan kisebb volt az allélértékek összege, mint az 5 lókuszos esetekben. Az 5 és 10 lókusz közötti hatásbeli különbséget a teljes dominancia mérsékelte.

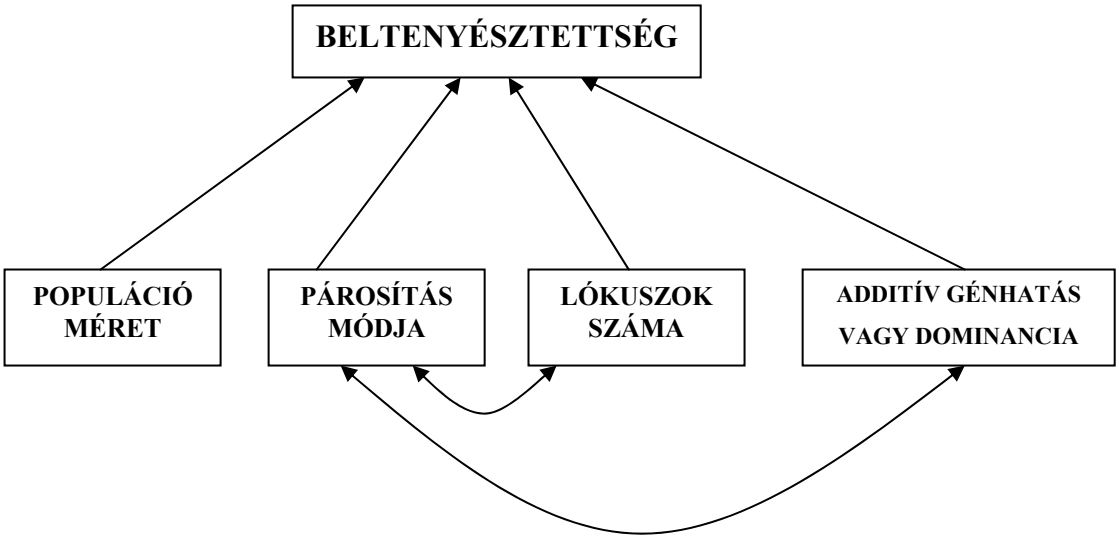
A harmadik lényeges tényező a párosítás módja; célpárosítás mellett gyorsabban növekedtek a genetikai értékek. A célpárosítás genetikai értékek növekedését gyorsító hatását a teljes dominancia tompította. A párosítás–lókuszszám interakció következtében 10 lókusz esetén a célpárosítás hatása nagyobb volt, mint 5 lókusz esetén, 10 lókusz mellett erőteljesebben gyorsult a folyamat. A populáció méretbeli különbsége a varianciaanalízisnél szignifikáns, de önmagában gyenge hatásnak bizonyult.

Az 1. táblázat az egyes hatásokhoz tartozó varianciakomponenseket és intraclass korrelációs értékeket tartalmazza.

Hatások	Intraclass korreláció (r)	Variancia-komponensek	A teljes variancia hány százaléka tulajdonítható az adott hatásnak
Allélkölcsönhatás	0,99	1,6681	63,68%
Lókuszok száma	0,97	0,5246	20,03%
Párosítás módja	0,95	0,2963	11,31%
Lókuszszám-allélkölcsönhatás interakció	0,81	0,0698	2,66%
Párosítás-allélkölcsönhatás interakció	0,71	0,0418	1,60%
Párosítás-lókuszszám interakció	0,53	0,0187	0,71%
Populációméret	0,15	0,0002	0,01%

1. táblázat. Az allélértékek összagét befolyásoló faktorokhoz tartozó intraclass korrelációs értékek és varianciakomponensek

Az allélérték összeg mellett a beltenyésztettség képezte a vizsgálat tárgyát. A 2. ábra mutatja a fő hatásokat és a fennálló legjelentősebb interakciókat a beltenyésztettségre nézve. A 2. táblázat az egyes hatásokhoz tartozó variancia-komponenseket és intraclass korrelációs értékeket tartalmazza.



2. ábra. A beltenyésztettséget befolyásoló lényeges faktorok a modellben

Hatások	Intraclass korreláció (r)	Variancia-komponensek	A teljes variancia hány százaléka tulajdonítható az adott hatásnak
Párosítás módja	0,62	0,0302	32,67%
Allélkölcsönhatás	0,53	0,0209	22,65%
Populációméret	0,51	0,0193	20,85%
Párosítás-allélkölcsönhatás interakció	0,38	0,0116	12,52%
Párosítás-lókuszszám interakció	0,22	0,0054	5,83%
Lókuszok száma	0,21	0,0051	5,48%

2. táblázat. A beltenyésztettséget befolyásoló faktorokhoz tartozó intraclass korrelációs értékek és varianciakomponensek

A beltenyésztettség alakulásánál a hatótényezők sorrendje: párosítás módja, a génhatások, a populációméret és a lókuszok száma volt. Leginkább a párosítás módja befolyásolta a beltenyésztettségi koefficiensek alakulását. Célpárosításnál a beltenyésztettség magasabb volt, mint véletlenszerű párosításnál. Ennek oka, hogy a

fenotípusosan hasonló egyedek közt több volt a genotípusosan is hasonló és így rokonsági kapcsolatban álló egyed.

A génhatások közül, az allélértékek összegnél leírtakhoz hasonlóan a teljes dominancia tért el jelentősen, akár az additív génhatástól, akár a részleges dominanciától. Ez utóbbi kettő között nem volt szignifikáns különbség. A teljes dominanciánál kisebb beltenyésztettség mutatkozott.

A teljes dominancia markánsan elkülönülő hatása még kifejezettebb volt célpárosításnál, mint véletlenszerű párosításnál. Más szóval a célpárosítás beltenyésztettséget növelő hatását jelentősen mérsékelte a teljes dominancia megléte, illetve véletlenszerű párosítás mellett kisebb volt annak a jelentősége, hogy a teljes dominanciánál a kedvezőbb homozigóták és a heterozigóták fenotípusosan nem voltak megkülönböztethetők.

A harmadik hatótényező a populációméret volt. A kis populációméret növeli a rokonegyedek párosodási valószínűségeit, ezáltal növeli a beltenyésztettséget.

A lókuszok száma igazán csak a célpárosításon át hatott a beltenyésztettségre, véletlenszerű párosodás mellett nem volt szignifikáns különbség a beltenyésztettségi koefficiensek értékeiben 5 és 10 gén esetén.

A genetikai változatosság elvesztésének időpontját vizsgáltam túlélés analízissel. Ebbe az elemzésbe a teljes dominancia hatás eseteit nem vontam be, mert a módszer alkalmazhatóságának feltételei ezt nem tették lehetővé, hiszen egyetlen alkalommal sem csökkent a genetikai variancia nullára. A kapott eredmények megerősítik a populáció allélérték összegének varianciaanalízissel történt vizsgálatának eredményeit. Ez nem meglepő, hiszen minél nagyobb volt az allélértékek összege a 10. szaporodási időszakban, annál hamarabb következett be az allélvesztés, ily módon tehát a két vizsgált tényező kapcsolatban állt egymással. A log-rate modellel vizsgálva az allélvesztés valószínűsége 5,58-szor nagyobb 5 lókusz esetén, mint 10 lókusz esetén, és 3,52-szer nagyobb célpárosításnál, mint véletlen párosításnál.

Génmegőrzés

Előzmények és az alkalmazott kutatási módszerek

A Debreceni Egyetem Agrártudományi Centrumának génmegőrzés céljából fenntartott bronzpulyka populációjánál jelenleg rotációs – véletlenszerű párosítást

alkalmaznak. A tenyészpopulációt a vizsgálat időpontjában 211 egyed alkotta, a nemek szerinti eloszlása 38 bak és 173 tojó. A populáció létszáma nemzedékről nemzedékre közel azonos szinten áll. Az egyedeket 11 vonalban tartják. Egy vonalban 3 – 4 bak és 12 – 16 tojó található. A vonalból kikelt tojók tenyészállatként a vonal nőivarú egyedeinek utánpótlását, a bakok pedig a szomszédos vonal bakjainak tenyészutánpótlását szolgálják. A tojók megközelítően 40 tojást tojnak. Az egyedeket átlagosan két évig tartják tenyésztésben. A szaporodási ciklus során a vonalakon belüli egyedek véletlenszerűen párosodnak. A tojásokat mind kikeltetik. Keltetés után a tenyésztésre alkalmasnak talált bakokat a következő voliere-be helyezik, az utolsó voliere bakjai pedig az elsőbe kerülnek. Ezzel a ciklikus mozgatással igyekeznek a tenyésztők a genetikai változatosságot fenntartani.

I. kísérlet

A genetikai variancia nagysága igen fontos kis populációknál. Ezért azt vizsgáltam, hogy a jelenleg alkalmazott párosítási algoritmus elősegíti-e a genetikai változatosság szinten tartását. A gödöllői Mezőgazdasági Biotechnológiai Kutatóközponttal közösen vérből nyert DNS alapján alapján mikroszatellit markerek segítségével felmértük a populáció genetikai állapototát (KOROM és mtsai, 2003). A kapott DNS-vizsgálati eredményekből 144 egyed 8 lókuszán elhelyezkedő génváltozatainak adatait kaptam meg, ez alapján tudtam következtetni a genetikai variabilitásra, majd számítógépes szimuláció segítségével a következő 100 nemzedék helyzetét vizsgáltam. A DNS-mintából származtatott adatokból indultam ki, majd a használt párosítási és szelekciós eljárást leprogramozva száz nemzedéken keresztül követtem az állomány változását. A szimulációt 400-szor ismételtem, majd a kapott állományokat összehasonlítottam a jelenlegivel. Output adatként rögzítettem lókuszonként és nemzedékenként az allélok előfordulási számát, az allélgyakoriságot, és egy az allélgyakoriságból származtatott Shannon indexet.

$$H_i = -\sum_{j=1}^{5} p_{ij} \ln p_{ij}$$

ahol i=1,…,7 a lókuszok számát jelenti, j=1,…,4 a 4 különböző allélra vonatkozik, és p_{ij} a megfelelő allélgyakoriságot jelenti. Ezen kívül rögzítettem, ha egy lókusz valamelyik allélja eltűnt, nulla lett a gyakorisága.

II. kísérlet

Egy másik szimulációs programmal arra kerestem a választ, hogy egy-egy ritka allél milyen gyorsan tűnik el a populációból. Ennél 9 esetet vizsgáltam meg. A ritka allél gyakorisága 0,0035, 0,007 illetve 0,0105 volt a kiindulási állományban. Ez azt jelenti, hogy a 144 egyedből egy, kettő vagy három egyed rendelkezett a ritka alléllal. Ezen belül a hordozó egyedek különböző neműek lehettek. A ritka allélt csak tojók, csak bakok illetve vegyesen hordozhatták. Az első kísérlet kiinduló adatait csak annyiban módosítottam, hogy az említett 9 eset mindegyike fellelhető legyen. Minden kísérleti elrendezést 100 nemzedéken keresztül figyeltem, és mindegyiket 400-szor futtattam le.

Az I. és II. kísérlethez tartozó számítógépes szimulációkat a MATLAB 4.2 matematikai szoftvercsomag matematikai szimulációval foglalkozó részeinek használatával készítettem (MATLAB, 1992). A statisztikai elemzéseket χ^2 próbával (FALCONER és MACKAY, 1996), Kaplan-Meier becsléssel (BOLLA és KRÁMLI, 2005), Gehan próbával (MCGRADY, 2005), és log-rate modellel (VERMUNT és MOORS, 2005) végeztem. Ezekhez a Microsoft Excel, SPSS és LEM programokat alkalmaztam.

III. kísérlet

Egy újabb kísérlettel arra kerestem a választ, hogy mekkora voliere méret – hány egyedből álló családok, szaporodási közösségek – esetén lenne legnagyobb esélye a ritka gének fennmaradásának a teljes populációméret változtatása nélkül.

A nemek eloszlása 72 bak és 288 tojó volt. Ez 1:4 ivaránynak felel meg. A szimulációban diszkrét populációval számoltam. A kiindulási populáció genetikai szerkezete háromféle lehetett. Az allélok gyakoriságait táblázatba foglaltam (3. táblázat). Az első esetben igen ritka allélok találhatók, a harmadiknál az allélgyakoriságok megegyeznek, míg a második esetben az előbbi értékek közé esnek az allélgyakoriságok. A volierek száma lehetett: 4, 12, illetve 36, így a családok mérete 90 vagy 30 vagy 10 egyed lehetett. Ebben a kísérletben 360 ismétlést végeztem mind a kilenc alappopuláción, így összesen 3240 futás eredményeit elemeztem. A program rögzítette minden volierben és a teljes állományban a Shannon index értékeket, valamint azt az első időpontot, amikor egy génváltozat elveszett.

Esetek	Allélok	Lókuszok							
		1	2	3	4	5	6	7	8
1.	A	0,9750	0,9750	0,9750	0,9528	0,9528	0,9528	0,9806	0,9806
	B	0,0111	0,0111	0,0111	0,0250	0,0250	0,0250	0,0194	0,0194
	C	0,0069	0,0069	0,0069	0,0222	0,0222	0,0222		
	D	0,0069	0,0069	0,0069					
2.	A	0,2917	0,2917	0,2917	0,4167	0,4167	0,4167	0,7500	0,7500
	B	0,2917	0,2917	0,2917	0,4167	0,4167	0,4167	0,2500	0,2500
	C	0,2917	0,2917	0,2917	0,1667	0,1667	0,1667		
	D	0,1250	0,1250	0,1250					
3.	A	0,2500	0,2500	0,2500	0,3333	0,3333	0,3333	0,5000	0,5000
	B	0,2500	0,2500	0,2500	0,3333	0,3333	0,3333	0,5000	0,5000
	C	0,2500	0,2500	0,2500	0,3333	0,3333	0,3333		
	D	0,2500	0,2500	0,2500					

3. táblázat. A III. kísérlethez tartozó kiindulási allélgyakoriságok

IV. kísérlet

Itt az ivararány változtatásával figyeltem meg, hogyan változik a variancia illetve a ritka allélok hány nemzedék alatt vesznek el. A kiindulási populáció létszáma ismét 360 egyed volt. Tizenkét vonalba soroltam az egyedeket, így volierenként 30-an voltak. A bakok és tojók aránya 1:2, 1:4 és 1:9 volt. Változtattam az allélgyakoriságot, melyek megegyeztek a harmadik kísérletben alkalmazottakkal. Összesen ismét kilenc alapesettel 15 nemzedéken át, 360 ismétlést végeztem, így 3240 futás eredményei alapján vontam le következtetéseimet a genetikai változatosságra és az allélvesztésre vonatkozóan.

A III. és a IV. kísérlethez a SCILAB 2.7.2 (DRAKOS, 1997) matematikai szoftvert használtam és a programok egy részét a Nemzeti Információs Infrastruktúra Fejlesztési Program szuperszámítógépén futtattam. A statisztikai elemzéseket varianciaanalízissel, Kolmogorov-Szmirnov próbával (LUKÁCS, 1996), Kaplan-Meier becsléssel (BOLLA és KRÁMLI, 2005) és Gehan próbával (MCGRADY, 2005) végeztem mindkét kísérletben. A statisztikai elemzéseket az SPSS programmal készítettem.

Főbb megállapításai

A populáció minden lókuszára nézve Hardy-Weinberg egyensúlyban volt. A számításokat χ^2 próbával végeztem. A becsült beltenyésztettség 1,17%.

$F = 1 - \frac{H_0}{H_e}$, ahol a H_0 a megfigyelt a H_e pedig a Hardy–Weinberg egyensúly alapján várt heterozigozitást jelenti.

Az entrópiával (Shannon index) kapcsolatos számítások azt igazolják, hogy a gyakorlatban használt rotációs vonalpárosítás algoritmus megfelelő a genetikai egyensúly és a beltenyésztettség szempontjából, amennyiben a tenyésztési cél a genetikai változatosság fenntartása. Az entrópia a kezdeti értékhez közel stabilizálódott. Fontos hangsúlyozni, hogy ez statisztikailag érvényesül, hiszen nagy egyéni eltérések mutatkoznak. A folyamatban igen nagy a véletlen szerepe, és ez adott esetben óhatatlanul is együtt jár a gének elvesztésével.

A számítógépes szimulációk során rögzítettem, hogy egy ritka allél hányadik nemzedékben vész el. Megvizsgáltam, hány nemzedék kell az allélgyakoriság nullává válásához, ha a populációban egy, kettő illetve három egyed rendelkezik ezzel a ritka génváltozattal. Külön kellett kezelni a nemeket, hiszen a szelekció miatt eltérő esélye van egy baknak illetve egy tojónak génjei továbbadására. A szimuláció eredményeit a 4. táblázat tartalmazza.

		Az allélvesztések időpontjainak mediánja	**Az esetek hány százalékában következett be az allélvesztés az első 5 nemzedékben**	**Az esetek hány százalékában maradt meg a gén 25 nemzedéken túl**	**Az esetek hány százalékában maradt meg a gén 100 nemzedéken túl**	**Szórás**
Kezdeti allél-gyakoriság: 0,0035	**1 tojó**	1	85,5%	2,8%	0,0%	11,2
	1 bak	23	21,5%	48,5%	6,5%	37,1
Kezdeti allél-gyakoriság: 0,007	**2 tojó**	3	71,0%	6,8%	0,3%	14,4
	1 tojó 1 bak	31	19,8%	53,3%	7,8%	38,1
	2 bak	59	5,5%	72,0%	1,3%	34,4
Kezdeti allél-gyakoriság: 0,0105	**3 tojó**	7	43,5%	30,5%	1,0%	30,8
	2 tojó 1 bak	39	15,3%	60,0%	5,3%	34,9
	1 tojó 2 bak	75	6,3%	76,0%	24,0%	36,6
	3 bak	96	1,0%	88,0%	33,8%	29,9

4. táblázat. Az allélvesztéssel kapcsolatos számítások eredményei 400 ismétlés után

Az allélvesztések módszeresebb áttekintése érdekében itt is alkalmaztam a túlélés analízis két eljárását, a Kaplan–Meier becslést, és a log-rate modellt. Az

allélvesztés időpontját tekintve bármely két eset között szignifikáns eltérés mutatkozott (Gehan próba, P<0,001). Ebben a problémában a túlélés a ritka allél megmaradását jelenti. Az exponenciális log-rate modell alapján kiszámoltam, hogy hányszor nagyobb a valószínűsége a ritka allél elvesztésének néhány összehasonlítható esetben. Ezeket a hányadosokat tartalmazza az 5. táblázat, mely a következő módon értelmezhető. A cellákban található számok azt mutatják, hogy hányszor nagyobb a valószínűsége egy ritka allél elvesztésének, ha a felső sorban olvasható a hordozók neme és száma, a bal szélső függőleges oszlopban olvashatókkal szemben. Például 4,392-szer nagyobb az allélvesztés valószínűsége, ha az egyetlen hordozó tojó, mintha az egyetlen hordozó bak volna. Egy másik esetet nézve: ha a kiindulási populációban volt egy allélunk, amit csak két egyed, egy tojó és egy bak hordozott, összehasonlítjuk azzal az esettel, amikor a hordozó két bak volt. Ekkor a táblázat 5. oszlopában és 5. sorában lévő 1,269-es szám azt jelenti, hogy a vegyes hordozók esetén 1,269-szer nagyobb a valószínűsége a ritka allél elvesztésének.

	1 tojó	**1 bak**	**2 tojó**	**1 tojó 1bak**	**2 bak**	**3 tojó**	**2 tojó 1 bak**	**1 tojó 2 bak**
1 bak	4,392							
2 tojó	1,646							
1 tojó 1 bak			2,758					
2 bak		1,312	3,501	1,269				
3 tojó	3,075		1,868					
2 tojó 1 bak						1,54		
1 tojó 2 bak						2,187	1,42	
3 bak		1,899			1,447	2,712	1,761	1,24

5. táblázat. Az allélvesztés valószínűségének arányai

Azonos populációméret (360 egyed) mellett megvizsgáltam a genetikai változatosságot 4, 12 illetve 36 alpopulációra bontás után. A Shannon indexek nagyobbak voltak, tehát a genetikai változatosság eredményesebben fenntartható volt, ha több kisebb méretű szaporodási közösségre bontottam az állományt (36-szor 10 egyed/vonal), bár ezek a különbségek nem voltak szignifikánsak, ha a kiindulási populációban az allélok, 0,01-nál kisebb gyakoriságúak voltak. Általános esetben, ha az allélgyakoriságok kezdeti értékében nem voltak kirívó eltérések, 36 kis közösség eredményesebb volt, mint 4 nagy szaporodási közösség. Ebből arra következtettem, hogy a rotációs vonalpárosításnál a bakok ciklikus áthelyezése hatékonyabb eszköz a

változatosság fenntartása érdekében, mint ha a populációt véletlenszerűen párosítanánk. A nagyon ritka, 0,01-nál kisebb gyakoriságú allélok elvesztésének időpontját vizsgálva csak a legkisebb és a legnagyobb családméret (10 és 90 egyed/vonal) között volt szignifikáns különbség. A Debreceni Egyetem Agrártudományi Centrumának bronzpulyka populációja megfelelő családméretű (15-20 egyed/vonal).

Az ivararány változtatásával az effektív populációméret is változott. Természetesen a nagyobb effektív populációméret mellett a genetikai változatosságot mérő Shannon indexek is nagyobbak voltak. Jelentős különbségek azonban csak akkor mutatkoztak, amikor a kiindulási allélgyakoriságok megegyeztek. Ebből a tényből az következik, hogy pusztán a bakok számának növelésével, de a populáció létszám szinten tartásával a genetikai változatosság számottevően nem növelhető. Ha a populációban igen ritka gének vannak, ezek megmaradása szempontjából viszont lényeges különbség volt az egyes ivararányokhoz tartozó esetek között. Itt is az 1:2 ivararány volt a kedvezőbb. Az alkalmazott tenyésztési eljárásban az 1:4 ivararány megfelelő génmegőrzési szempontból.

A klónozás tömeges alkalmazásának hatásai a tejelő szarvasmarha populációban

Előzmények és az alkalmazott kutatási módszerek

Számítógépes szimuláció segítségével összehasonlítottam a testi sejtes klónozás, és az embrióosztási technológia tömeges alkalmazásának lehetséges hatását egy szimulált tejelő szarvasmarha populációra nézve, közelítve a hazai tehénlétszámhoz. Vizsgáltam a genetikai értékek változását, a genetikai variancia változását, valamint a tejelő állomány átlagos beltenyésztettségét.

Az alap populáció generálása

Az alappopuláció létszáma 200 000 tehén, a kísérleti beállítástól függően 500 vagy 667 vagy 1000 tenyészbika és a borjak. A klónozási kísérlet során az infinitezimális modellt alkalmaztam. Nem számoltam dominancia és episztázis hatással, így az összes genetikai érték az additív genetikai értékkel egyezett meg. Az egyedeket a genetikai értékeikkel és a tenyészértékükkel jellemeztem. A genetikai értékek a

kiindulási populációban standard normális eloszlásból származó véletlenszámok voltak. A tenyészérték szintén egy normális eloszlást mutató valószínűségi változó volt; a genetikai értékhez egy nulla várható értékű véletlenszámot adtam hozzá. Ez a véltelenszám is normális eloszlásból származott, szórása függött a nemtől, bikáknál 0,05, teheneknél 0,2 volt. A két ivarban eltérő a tenyészértékbecsléshez használt adat mennyisége, és a továbbtenyésztési hányad, ezért tettem különbséget közöttük. A genetikai értékeknek az utódok létrehozásánál volt szerepe: az utódok a szülők genetikai értékének átlagát és egy nulla várható értékű véletlenszám összegét kapták, ez utóbbi a mendeli varianciát modellezte. A tenyészértékek alapján rangsoroltam az egyedeket.

A kísérletekben három különböző klónozási eljárást, több különböző változatban hasonlítottam egy kontroll populációhoz. A kísérletben átfedő populációkat vizsgáltam. Egy–egy szimulációs ciklusnyi idő két ellés közötti időszaknak felelt meg (410 nap). Erre a későbbiekben szaporodási időszakként hivatkozok. Egy szaporodási időszakban történik a párosítás, az ellés és a következő szülőpopuláció kiválasztása. Minden kísérleti elrendezésben célpárosítást alkalmaztam. A legmagasabb tenyészértékű bikákat a 200, 300 vagy 400 legmagasabb tenyészértékű tehénnel párosítottam. A második legjobb bikát, pedig a rangsorban következő nőivarú egyedekkel. A tejelő állomány korszerkezete állandó volt (6. táblázat), az arányokat élettartamindex táblázat (BÁDER és mtsai, 2002) alapján készítettem.

Kor évben	Kor szaporodási időszakban (1 szaporodási időszak=410 nap)	Létszám (egyed)
0	0	60 000
1,1	1	60 000
2,2	2	60 000
3,4	3	48 000
4,5	4	34 000
5,6	5	25 000
6,7	6	17 000
7,8	7	10 000
9	8	5 000
10,1	9	1 000

6. táblázat. A tejelő állomány korszerkezete a szimulációs programban az összes kísérleti beállításban

A tenyészbikák változó korszerkezetűek voltak, hiszen a tenyészállatok 5 éves kor és legalább 75%-os megbízhatóság mellett mindaddig tenyésztésben maradnak, amíg a legjobbak között vannak (PRINCZ, L., személyes közlés. 2005).

Az *A* változat volt a kontrollpopuláció. Itt nem alkalmaztam klónozást.

A *B* változatban az embrionális sejttenyészetek segítségével történő sejtmag–átültetéses klónozást modelleztem. A párosítások során a legjobb tenyészértékű tehenek embriói felhasználásával 9–9 klónt képeztem, a klónutódok genetikai értékei megegyeztek. (A kilences szám a *D* változat hármas ikreivel indokolható, azzal összehasonlítható populációkat kívántam létrehozni.)

A *C* változatban testi sejtes klónozást modelleztem. A legjobb tenyészértékű tehenek 9–9 klónját képeztem. A genetikai értékeik a donoréval egyeztek meg. A testi sejtes klónozás a jelenlegi gyakorlatban a legkevésbé sikeres eljárás, ugyanakkor állattenyésztési jelentősége nagy, hiszen ismert teljesítményű állatokat lehetne klónozni ily módon.

A *D* változat a klónozás egy harmadik típusát vizsgálja. Embrióosztási eljárás néven vált ismertté, és gyakorlatilag egypetéjű ikrek előállítását célozza. Egy embriót nyolcsejtes állapotáig tartanak, mikor felosztják négy részre. Ettől több részre osztásnál még nem születtek életképes utódok. A modellben a négy részből egyet „feláldoztam”, hogy a nemét meg lehessen állapítani, hiszen csak nőivarú egyedeket kívántam klónozni. Összességében tehát azonos genetikai értékű hármas iker utódok születtek. Kísérletemben egy anyától, egy párosításból több hármas ikret származtattam. Azonos szülőktől származó hármas ikrek genetikai különbsége csak a mendeli varianciának volt köszönhető.

A klónembrió kihordásához szükség van egy egyedre, szokásos elnevezéssel „béranyára” vagy „dajkaanyára”. A dajkaanyákat a legkisebb tenyészértékű egyedek közül választottam ki, így egy szaporodási időszakon belül a legjobb teljesítményű tehenek még ivaros szaporodásban is részt vehettek. A béranya vehemre gyakorolt hatásával nem számoltam. A megszületett klónok mind nőivarúak voltak.

A kísérletek során kétféle paraméterértéket változtattam. Egyrészt a tenyészbikák, másrészt a ciklusonként született klónok számát. A tenyészbikák létszáma háromféle lehetett. A ciklusonként született klónozott egyedek számánál 18–cal osztható számot választottam, hogy a hármas ikrek esetével összehasonlíthatók legyenek. Ennek megfelelően ciklusonként 10080, vagy 5040, vagy 1008 klón született. Az alábbi táblázatban megtalálhatóak az egyes kísérleti elrendezések (7. táblázat).

A táblázatban található 9–féle beállítás mindegyikét mindhárom bikalétszámmal együtt alkalmaztam, így összesen 9 x 3 = 27 kísérleti elrendezést vizsgáltam. A szimulációs programot 18 szaporodási időszakra állítottam, ezzel 20,2 évet vizsgáltam.

Ciklusonként rögzítettem a tejelő állomány átlagos genetikai értékét, a genetikai értékek szórását és a beltenyésztettségi koefficienst minden egyedre. A 18 szaporodási időszak alatt több, mint 1,34 millió egyed született egy kísérleti program futtatás során. Mind a 27 kísérletet 20 ismétléssel végeztem. A populáció magas létszáma miatt nagy teljesítményre és háttértárra volt szükségem, ezért a SCILAB nyelven írt programokat a Nemzeti Információs Infrastruktúra Fejlesztési Program szuperszámítógépén futtattam. A beltenyésztettségi koefficiens számolására 1,34 millió egyed mellett a SCILAB nyelv nem volt alkalmas, nem volt képes ennyi adatot egyszerre kezelni. Ezért a SCILAB által készített pedigré fájl alapján egy JAVA nyelven írt programmal számítottam ki a beltenyésztettségi koefficienseket minden egyedre a Wright-féle képlet alapján. Ezt a programot algoritmusom és útmutatásaim felhasználásával egy informatikai mérnök készítette.

Betűjelzés	**Típus**	**Anyák/donorok száma**	**Klónok száma összesen**	**Klónok aránya a tejelő állományhoz viszonyítva**
A	Kontroll populáció. Nincs klónozás	0	0	0%
B1	Sejtmag–átültetéses klónozás	1120	10080	5%
B2		560	5040	2,5%
B3		112	1008	0,5%
C	Testi sejtes klónozás	1120	10080	5%
D1	Embrió–osztási eljárás	1120	10080	5%
D2		560	5040	2,5%
D3		112	1008	0,5%
D4		560	10080	5%

7. táblázat. Kísérleti paraméterek leírása

Főbb megállapítások

A kiindulási populáció átlagos genetikai értéke 0, genetikai értékek szórása pedig 1 volt. Az alábbi táblázatban látható, hogyan változott meg ez a két jellemző 18 szaporodási időszak, vagyis 20,2 év alatt (8. táblázat).

A genetikai értékek növekedése szempontjából elsősorban a klónozott utódok aránya, majd a tenyészbikák száma volt meghatározó. A szimulációs kísérletbe vont háromféle klónozási eljárás a sejttenyészetből származó sejtmag átültetése, a testi sejtes klónozás és az embrióosztásos eljárások közül a testi sejtes klónozás elmaradt a másik

kettő mögött a genetikai értékek növekedését tekintve. Ennek okát abban látom, hogy a genetikai állományt meghatározó ivaros szaporodás a testi sejtet adó donor esetében több szaporodási időszakkal (évekkel) előbb történt, mint a másik két klónozási eljárásnál, hiszen ott a megtermékenyítés a klónozással egy szaporodási 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 keletkezett állatokéhoz képest. A testi sejtes klónozott populáció késéssel érte el ugyanazt a teljesítményszintet, mint az embrióosztásos vagy a sejtmag-átültetéses populáció. Jelentősen növelte a populáció átlagos genetikai értékét, ha ugyanazt a klónozási arányt kevesebb anya/donor alkalmazásával értem el.

Kísérleti elrendezés típusa	**500 tenyészbika mellett**		**667 tenyészbika mellett**		**1000 tenyészbika mellett**	
	Genetikai értékek átlaga	**Genetikai értékek szórása**	**Genetikai értékek átlaga**	**Genetikai értékek szórása**	**Genetikai értékek átlaga**	**Genetikai értékek szórása**
A	7,44	1,12	7,23	1,11	6,91	1,06
B1	9,97	1,84	9,82	1,85	9,58	1,86
B2	9,17	1,73	8,94	1,70	8,66	1,70
B3	8,03	1,37	7,82	1,36	7,52	1,34
C	9,42	1,56	9,24	1,56	8,97	1,54
D1	9,97	1,84	9,81	1,86	9,53	1,84
D2	9,09	1,70	8,85	1,68	8,64	1,70
D3	8,03	1,38	7,86	1,37	7,54	1,35
D4	10,31	1,99	10,22	2,02	9,96	2,03

Az elrendezés típusánál alkalmazott rövidítések: A – kontroll populáció, nincs klónozás. B1, B2, B3 – sejtmag-átültetéses klónozás, a tejelő állomány 5%-a, 2,5%-a, 0,5,%-a klón. C – testi sejtes klónozás, a tejelő állomány 5%-a klón. D1, D2, D3 – embrióosztásos klónozás, a tejelő állomány 5%-a, 2,5%-a, 0,5,%-a klón. D4 – embrióosztásos klónozás, a tejelő állomány 5%-a klón. A D4 és a D1 eset abban különbözik, hogy a D4-nél az anyák száma fele a D1-hez képest.

8. táblázat. A genetikai értékek és a genetikai értékek szórása a tejelő állományra vonatkozóan

A beltenyésztettséget elsősorban a klónozás típusa befolyásolta. Legkisebb beltenyésztettséget az embrióosztásnál tapasztaltam a kontrollpopuláció után. 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 50%-os a rokonság foka, és ez jelentősen csökkenti a beltenyésztettséget. A következő a testi sejtes klónozás, itt a genetikai értékeknél említett késleltetés az oka a viszonylag nem túl magas beltenyésztettségnek. A klónok 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

sejttenyészetből származó sejtmag átültetéses technológia mellett volt. A beltenyésztettségi koefficiensekre 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. A tenyészbikák száma csak harmadsorban befolyásolta a beltenyésztettséget A beltenyésztettségi koefficiensek átlagos értékei a 18. szaporodási időszakban a 9. táblázatban láthatók.

Kísérleti elrendezés típusa	Beltenyésztettségi koefficiens		
	500 tenyészbika mellett	667 tenyészbika mellett	1000 tenyészbika mellett
A	0,50%	0,35%	0,28%
B1	2,48%	2,26%	1,90%
B2	2,33%	2,12%	1,84%
B3	1,49%	1,31%	1,24%
C	1,39%	1,26%	1,12%
D1	0,72%	0,62%	0,49%
D2	0,61%	0,58%	0,44%
D3	0,58%	0,53%	0,41%
D4	0,97%	0,75%	0,59%

Az elrendezés típusánál alkalmazott rövidítések: A – kontroll populáció, nincs klónozás. B1, B2, B3 – sejtmag-átültetéses klónozás, a tejelő állomány 5%-a, 2,5%-a, 0,5,%-a klón. C – testi sejtes klónozás, a tejelő állomány 5%-a klón. D1, D2, D3 – embrióosztásos klónozás, a tejelő állomány 5%-a, 2,5%-a, 0,5,%-a klón. D4 – embrióosztásos klónozás, a tejelő állomány 5%-a klón. A D4 és a D1 eset abban különbözik, hogy a D4-nél az anyák száma fele a D1-hez képest.

9. táblázat. A beltenyésztettségi koefficiensek átlaga a tejelő állományra vonatkozóan a 18. szaporodási időszakban

Az értekezés új, illetve újszerű eredményei

Néhány genetikai tényező hatásának vizsgálata

Az átlagos allélértékek növekedésére igazolt hatással van:

– az allélkölcsönhatás típusa *additív – részleges dominancia – teljes dominancia* sorrendben (63,68%-ban),

– a génhelyek száma *több (5) – kevesebb (10)* sorrendben (20,03%-ban),

– a párosítás típusa *célpárosítás – véletlen párosítás* sorrendben (11,31%-ban),

– a populációméret *nagyobb (2000) – kisebb (1000)* sorrendben (0,01%-ban).

A teljes variancia maradék százalékai a vizsgált hatások interakcióból származnak, összesen 4,97%-ban.

Az átlagos beltenyésztettség növekedésére igazolt hatással van:

– a párosítás típusa *célpárosítás –véletlen párosítás* sorrendben (32,67 %-ban),

– az allélkölcsönhatás típusa *additív – részleges dominancia – teljes dominancia* sorrendben (22,65 %-ban),

– a populációméret *nagyobb (1000) – kisebb (2000)* sorrendben (20,85 %-ban),

– a génhelyek száma *kevesebb (5) – több (10)* sorrendben (5,48 %-ban).

A teljes variancia maradék százalékai a vizsgált hatások interakcióból származnak, összesen 18,35 %-ban.

A genetikai variancia megszűnésének időpontját igazoltan befolyásolja:

– a párosítás típusa (célpárosítás, ill. véletlen párosítás). (Annak a valószínűsége, hogy a genetikai variancia nullává váljon 3,52-szor nagyobb célpárosítás esetén, mint véletlenszerű párosításnál.)

–A génhelyek száma (5, ill. 10). (Annak a valószínűsége, hogy a genetikai variancia nullává váljon 5,58-szor nagyobb 5 lókusz esetén, mint 10 lókusz esetén.)

Nem volt hatása

– a populációméretnek (1000, ill. 2000),

– az allélkölcsönhatás típusának (additív, ill. részleges dominancia).

Génmegőrzés

Vizsgálataimmal megállapítottam a következőket:

– a Debreceni Egyetem Agrártudományi Centrumának génmegőrzés céljából fenntartott bronzpulyka populációja a vizsgálat időpontjában a vizsgált lókuszokon Hardy-Weinberg egyensúlyban volt.

– A jelenleg alkalmazott rotációs párosítási eljárás jól biztosítja a genetikai változatosság szinten való tartását, a szimulációs kísérlet során a genetikai változatosságot mérő Shannon indexek átlaga nem volt kisebb a kiindulási populációhoz viszonyítva.

– Rotációs véletlenszerű párosítás esetén a bakoknak nagyobb esélyük van génjeik átadására, mint a tojóknak. A ritka allélok megőrzésénél nemcsak az allélgyakoriságot kell figyelembe venni, hanem a hordozó egyed nemét is.

– Adott méretű populáció esetén a véletlenszerű párosítás helyett jobban biztosítja a genetikai változatosság fenntartását, ha alpopulációkra osztjuk őket, és az alpopulációk közötti migrációt rendszeresen biztosítjuk. Az

alpopulációk kialakításánál lehetőség szerint minél nagyobb effektív populációméretet kell biztosítani.

A klónozás tömeges alkalmazásának hatásai a tejelő szarvasmarha populációban

A genetikai értékek az alábbi sorrendben növekedtek klónozás típusát tekintve:

- kontroll csoport,
- testi sejtes klónozás
- embriódarabolásos klónozásnál és sejtmag-átültetéses. (Embriódarabolásos klónozásnál és sejtmag-átültetéses klónozásnál azonosak voltak a genetikai értékek.)

A tenyészbikák számának csökkentésével nőttek a genetikai értékek. A klónozott egyedek arányának növekedésével a genetikai értékek is növekedtek.

A beltenyésztettségi koefficiensek az alábbi sorrendben növekedtek klónozás típusát tekintve:

- kontroll csoport,
- embriódarabolásos klónozásnál
- testi sejtes klónozás
- és sejtmag-átültetéses.

A tenyészbikák számának csökkenése a beltenyésztettségi koefficiensek növekedésével járt. A klónozott egyedek arányának növekedésével a beltenyésztettség is növekedett.

Vizsgálataimmal megállapítottam, hogy a klónozás tömeges alkalmazása esetén nem célszerű a testi sejtes klónozás alkalmazása, helyette inkább csúcsteljesítményű állatok embrióiból nyert klónok alkalmazhatók, akár embrióosztásos technológiával, akár sejtmag–átültetéses módszerrel. Ebben az esetben pedig a beltenyésztettség növekedése jelentősen csökkenthető, ha egy embrióból származó nagy számú klón helyett egy párosításból származó több embrió kevesebb számú klónját alkalmazzák.

A klónozás 5%-nál nem nagyobb arányú rendszeres alkalmazása 20 év alatt a populáció átlagos beltenyésztettségi koefficiens növekedése nem több 0,0248-nél.

Az eredmények gyakorlati hasznosíthatósága

Néhány genetikai tényező hatásának vizsgálata

A teljes dominancia megléte nagymértékben befolyásolta a populáció allélérték összegét és a beltenyésztettséget is. Egy modell megalkotásakor ezzel a hatással is számolni kell.

Génmegőrzés

Tapasztalataimat összegezve megállapítottam, hogy a jelenleg alkalmazott rotációs – véletlenszerű párosítás megfelelő eljárás génrezerv baromfi populációk számára. Ezt azonban érdemes kiegészíteni rendszeresen DNS-vizsgálattal, amelyből egzakt adatokat nyerhetünk a populáció genetikai összetételére vonatkozóan. Ennek gyakorisága sok tényezőtől – pénzügyi lehetőségek, a populáció genetikai állapota – függ. Pontosabb értékelést a DNS-vizsgálat javasolt gyakoriságának megállapítására csak populációra szabottan, a konkrét DNS-vizsgálati eredmény elemzése után lehet adni. Az eredmények alapján ezt a DNS-vizsgálatot ilyen szerkezetű populációnál négy nemzedékenként javasolom, amennyiben a populációban ritka 0,05 vagy ez alatti gyakoriságú allélokat találunk, és ezek hordozói nagy részben vagy teljességgel tojók. Számításaim szerint beavatkozni, vagyis az ilyen tojóktól a szokásosnál több utódot megtartani ebben a populációban akkor kell, ha az allélgyakoriság 0,03 alá csökken.

Klónozás

A klónozási kísérlet megmutatta, hogy a genetikai értékek növekedése és a beltenyésztettség szempontjából összesítve a legkedvezőbb eljárás az, ha az embriódarabolásos technológiát alkalmazzuk. A generációnkénti klónok száma lehet akár viszonylag magas is, a beltenyésztettség mértéke – köszönhetően annak, hogy az egy párosításból származó klónok között sok esetben genetikai értelemben testvéri a kapcsolat – mégis mérsékelt marad. Ezt az eredményt figyelembe véve igazán nem is az embriódarabolási 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 megtartani tetszőleges technológiai megoldás mellett.

A kísérlet tapasztalata szerint érdemes átgondolni a testi sejtes klónozás állattenyésztésben való alkalmazhatóságát. 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 megtérülése felől.

A szimulációs kísérlet alapján elmondható, hogy a klónozott állományok kismértékű alkalmazása belátható időn belül nem vezet a beltenyésztettség nagymértékű növekedéséhez. Ezekben a kísérletekben nem törekedtem a rokontenyésztés szándékos kerülésére, így ha azokra a tenyésztők tudatosan figyelnek, akkor a beltenyésztettség csökkenthető. Ha az embriókori genetikai vizsgálatok segítségével a genetikai terheltségek idejében felismerhetők és szűrhetők lesznek, a beltenyésztettségi leromlás jelensége jórészt elkerülhető lesz, így a klónozás pozitív hatásai a negatívok felé kerekedhetnek.

Tudományos közlemények jegyzéke

Szőke Szilvia - Komlósi István: A variancia változásának vizsgálata szimulált populációban; IV. Magyar Genetikai Kongresszus 1999. április 11-14. Siófok. Poszter.

Szőke Szilvia - Komlósi István: A BLUP modellek összehasonlítása; Állattenyésztés és Takarmányozás 2000. 49. 3. 231-245. p.

Szőke Szilvia - Komlósi István: Génhatások számítógépes szimulációja, Informatika a Felsőoktatásban 2002. Debrecen. Konferencia 2002. augusztus 27-29. Előadás. (Teljes terjedelemben megjelent.)

Szőke Szilvia: Szimulációs kísérletek különböző genetikai paraméterek vizsgálatára, Debreceni Tudományos Napok 2002. PhD Hallgatók Konferenciája. 2002. november 12. Előadás. (Teljes terjedelemben megjelent lektorált közlemény: **Szőke Szilvia**: Szimulációs kísérletek különböző genetikai paraméterek vizsgálatára, Debreceni Egyetem Agrártudományi Közlemények 10. Különszám 46-49. old. 2003.)

Szőke Szilvia – Komlósi István – Korom Edit – Ispány Márton – Mihók Sándor: Egy pulykapopuláció genetikai vizsgálata; V. Magyar Genetikai Kongresszus 2003. április 13-15. Siófok. Poszter.

Szőke Szilvia – Komlósi István – Korom Edit – Ispány Márton – Mihók Sándor: Vizsgálatok egy génrezerv pulykapopulációban, Debreceni Tudományos Napok 2003. PhD Hallgatók Konferenciája. 2003. november 20. Előadás. (Teljes terjedelemben megjelent lektorált közlemény: **Szőke Szilvia** – Komlósi István – Korom Edit – Ispány Márton – Mihók Sándor: Vizsgálatok egy génrezerv pulykapopulációban, Agrártudományi Közlemények, 2004. szeptember 48–52. p.)

Tóth Zsuzsanna – **Szőke Szilvia** – Bodó István – Sölkner, Johann: A lovaknál előforduló szürke szín intenzitásának elemzése, Innováció, a tudomány és a gyakorlat egysége az ezredforduló agráriumában Konferencia, Debreceni Egyetem Agrártudományi Centrum, Debrecen, 2004. április 16. Poszter.

Szőke Szilvia – Komlósi István –Mihók Sándor: Kis populációk párosítási szerkezete, Innováció, a tudomány és a gyakorlat egysége az ezredforduló agráriumában

Konferencia, Debreceni Egyetem Agrártudományi Centrum, Debrecen, 2004. április 16. Előadás.

Zsuzsanna Tóth – **Szilvia Szőke** –István Bodó – Johann Sölkner: Analysis of the grey colour in horses. 2nd International Scientific Symposium ”Natural Resources and Sustainable Development” Oradea, April 23-24, 2004. Poster.

Szilvia Szőke – István Komlósi – Edit Korom – Márton Ispány – Sándor Mihók: A statistical analysis of population variability in Bronze Turkey considering gene conservation, Archiv für Tierzucht, 2004. Volume 47, Number 4, 377–386.

Szőke Szilvia – Komlósi István: Rotációs párosítási eljárás vizsgálata számítógépes szimulációval. A jövő tudósai, a jövő Magyarországa. PhD konferencia. 2004. nov. 15. Előadás. (Teljes terjedelemben megjelent lektorált közlemény: **Szőke Szilvia** – Komlósi István: Rotációs párosítási eljárás vizsgálata számítógépes szimulációval Agrártudományi Közlemények, 2005)

Szőke Szilvia: Új biotechnológiai módszerek lehetséges hatásainak vizsgálata Monte–Carlo szimulációval. XI. Ifjúsági Tudományos Fórum. Keszthely. 2005. 03. 24. Előadás. (Teljes terjedelemben megjelent közlemény.)

Szőke Szilvia – Komlósi István: Klónozás alkalmazása a tejelő szarvasmarha tenyésztésben – számítógépes szimuláció. VI. Magyar Genetikai Kongresszus. 2005. április 10-12. Eger. Előadás.

Szőke Szilvia: A beltenyésztettség változása a tejelő szarvasmarha tenyésztésben – számítógépes szimuláció. Verseny Élesben. Európa–napi Nemzetközi Konferencia. Mosonmagyaróvár. 2005. május 5-6. Előadás. (Teljes terjedelemben megjelent közlemény.)

Szőke Szilvia – Kovács Sándor – Komlósi István: Túlélés analízis alkalmazása populációgenetikai vizsgálatoknál. Agrárinformatika 2005. Konferencia. 2005. augusztus 23. Debrecen. Előadás. (Teljes terjedelemben megjelent közlemény.)

Citációk:

Szőke Sz. – Komlósi I. (2000): BLUP Modellek összehasonlítása. Állattenyésztés és Takarmányozás. 49. 3: 231-245.

LENGYEL, Z., DOMOKOS, Z., SZABÓ, F., ERDEI, I., MÁRTON, D., WAGENHOFFER, ZS, POLGÁR, J. P. (2003): A hereford és charolais fajták egyes tulajdonságainak populációgenetikai paraméterei. EU konform mezőgazdaság és élelmiszerbiztonság. Szent István Egyetem Gödöllő. 2003. június 5. II. kötet. P. 136-141.

TŐZSÉR, J., DOMOKOS, Z. (2003): Teljesítményvizsgálatok. In A charolais fajta és magyarországi tenyésztése. Szerk: TŐZSÉR, J. Mezőgazda Kiadó és a Charolais Tenyésztők Egyesülete. p. 146-164.

LENGYEL, Z., BALIKA, S., POLGÁR, P., SZABÓ, F. (2004): A hazai limousin állományok ellés lefolyásának és választási eredményeinek vizsgálata. Állatetnyésztés és Takarmányozás. 53. 3. 199-211. p.

NAGY, B., BODÓ, I., GERA, I., LENGYEL, Z., TÖRÖK, M., SZABÓ, F. (2004): Magyar szürke szarvasmarha állományok választási eredményei. Állattenyésztés és Takarmányozás. 53.6.503-513.