

Genetické markery ve šlechtění



Modul č. 3: Šlechtění zvířat
prof. Ing. Tomáš Urban, PhD.
Mendelova univerzita v Brně
Agronomická fakulta

Molekulární genetika/genomika a šlechtění

Hlavní významy molekulární podpory šlechtění

- Využívání **reálné** genetické variability genetických markerů
 - > mapování genů či oblastí QTL
 - > **zpřesnění** odhadů genetických parametrů a plemenných hodnot
 - > zefektivnění šlechtění zvýšením genetického zisku a zkrácením generačního intervalu



Co-funded by
the European Union

Molekulární podpora selekce

- **MAS** – *marker assisted selection* (vazba 1 marker s 1 **QTL**)
 - Přímé využití markerů jako selekční kritérium (*CRC* gen stresu u prasat, *BLAD* u skotu)
 - Více markerů -> markerBLUP pro zpřesnění odhadu PH
- **GAS** – *gene assisted selection* (**QTN** – quantitative trait nucleotide – použití kandidátních genů)
- Genomická selekce (**GS**) – Genomic selection (**SNP** rovnoměrně po celém genomu)
- Využívání znalosti skutečné genetické variability (mutace v genech nebo v jejich blízkosti) detekovatelné metodami molekulární genetiky
- Jejich aplikace ve šlechtění v systémech selekce
- **GS** – začlenění **genomické SNP markerů do genomické matice příbuznosti** a tu do rovnic BLUP-AM (různé varianty) a odhadnutí GEBV (**genomická OPH**)
- **Efektivnější šlechtění (snižuje náklady, zpřesňuje odhady PH), zkracuje generační intervaly**



Co-funded by
the European Union

Genetické molekulární markery

PorcineSNP60 v2 BeadChip

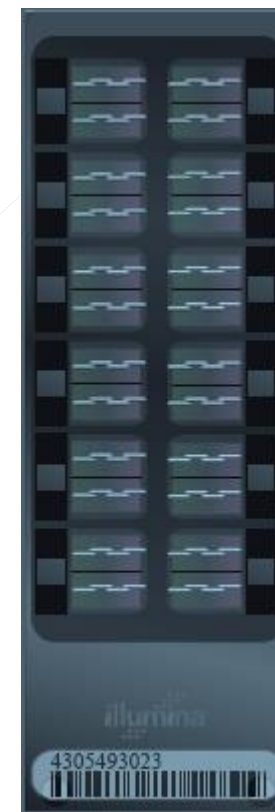
- **Detekovatelné polymorfizmy se známou pozicí v genomu**
- **I. typ** - kódující geny, kandidátní geny (např. *ESR*, *GH*)
- **II. typ** - mikrosatelity (MS), krátké tandemově opakující se sekvence bází (STR)
- **III typ** - bialelický jednonukleotidový polymorfismus (**SNP**) v kódujících nebo častěji v nekódujících intronových či intergenových regionech

```
...ccccggctgacaagtgtgCggtccacagg...  
...ggggccgactgttcacacGccagggtgtcc...
```

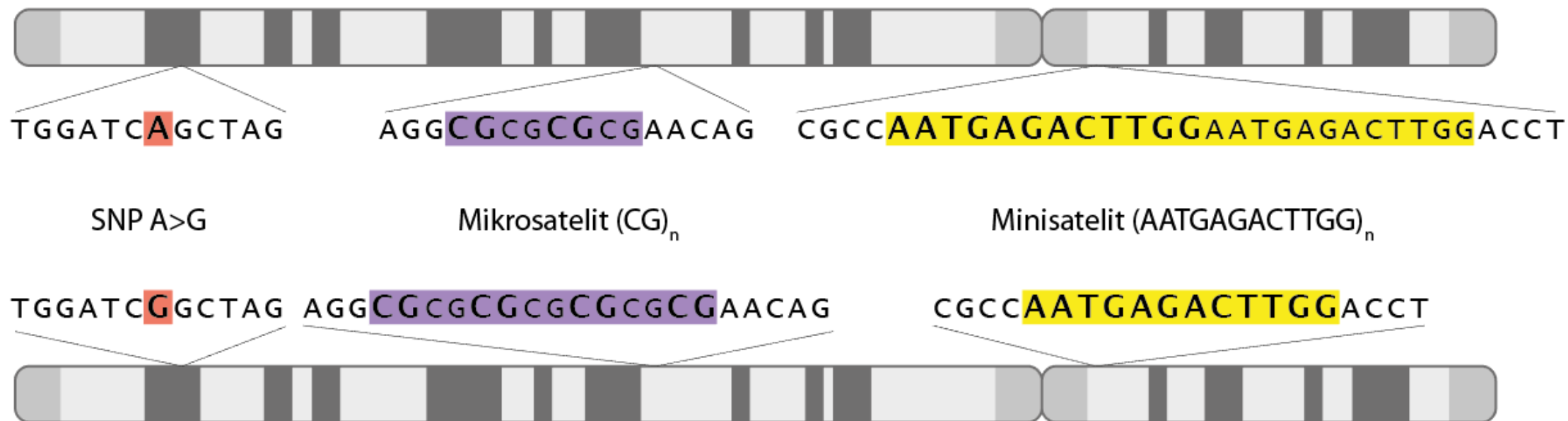
```
...ccccggctgacaagtgtgAggtccacagg...  
...ggggccgactgttcacacTccagggtgtcc...
```

↑
SNP

Více než 64000 SNP po celém genomu
Mezi SNP je průměrná vzdálenost méně než 43,4 kb

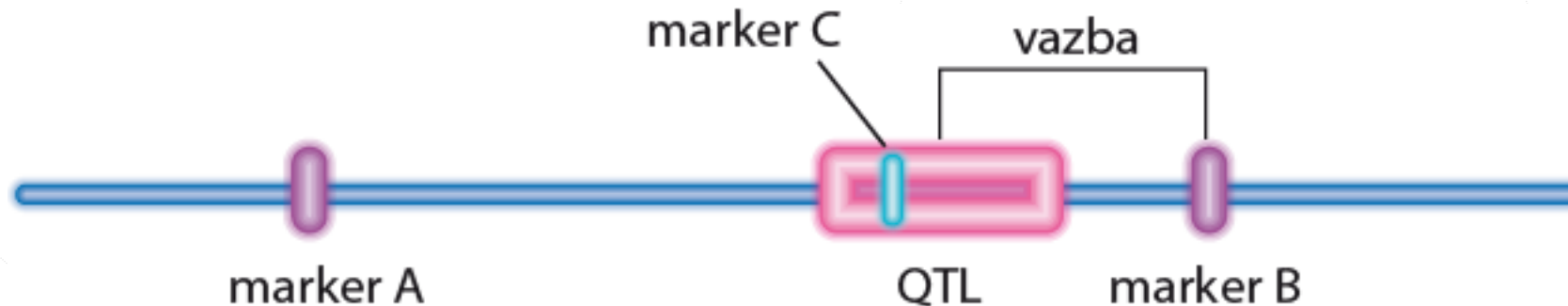


Co-funded by
the European Union

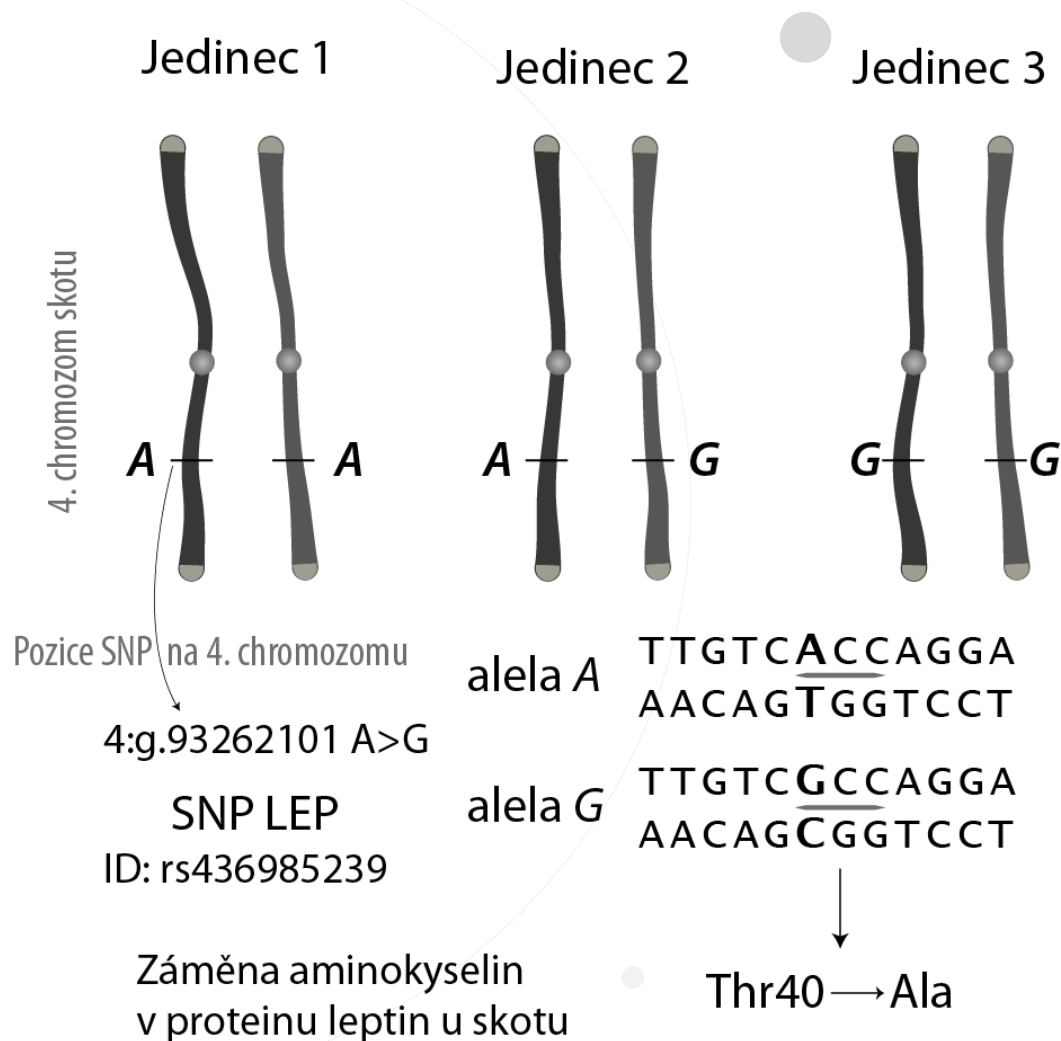


Genetický marker (GM): polymorfní sekvence, jehož varianty vykazují mendelistickou dědičnost a mohou být v asociaci s variabilitou znaku důležitou pro šlechtění (příp. mapování), ačkoliv nemusí mít přímý biologický efekt

Marker **přímý** (příčinný polymorfismus v genu) a **nepřímý** (ve vazbě s neznámým příčinným genem – vazbová nerovnováha LD)

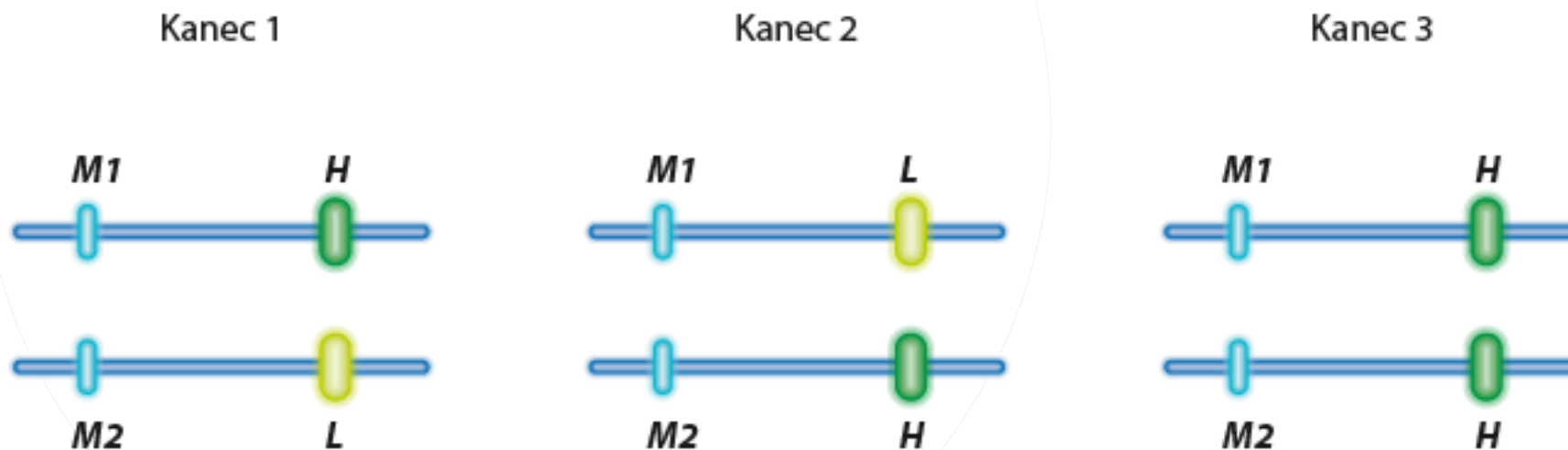


Genetický marker jako kandidátní gen



Vztah mezi markerem a QTL

- QTL – lokus kvantitativních vlastností (oblast v genomu detekovaná pomocí asociační analýzy hodnotící vztah mezi variabilitou genetického markeru a variabilitou užitkové vlastnosti)
- Marker (**M**) nemusí být příčinný, ale může být **ve vazbě** s příčinným lokusem QTL (**H**), který neznáme (má 2 alely; **H** – asociována s vyšší užitkovostí, **L** – s nižší užitkovostí) - možnost rekombinací



M1 alela je asociována s vysokou užitkovostí u potomstva

M1 alela je asociována s nízkou užitkovostí u potomstva

Potomstvo s alelami M1 a M2 má stejnou užitkovost

Selekce pomocí markerů (MAS)

- MAS v selekčních programech hospodářských zvířat umožňuje zvýšit přesnost výběru specifických variací DNA, které jsou spojeny s měřitelnými rozdíly v hospodářsky významných vlastnostech.
- Míra genetického zlepšení dosažená pomocí MAS může být podstatně vyšší než zlepšení dosažené selekcí založenou na plemenných hodnotách u znaků, které mají v populacích nízké hodnoty heritability nebo se určují post mortem. MAS má proto potenciál výrazně zvýšit efektivitu šlechtění zvířat u těchto vlastností.



Co-funded by
the European Union

Fáze MAS

- ve **fázi detekce** se polymorfismy DNA používají jako přímé nebo vázané markery za účelem zjištění specifických frekvencí alel v rámci segregačních populací QTL. Během této fáze jsou identifikovány markery spojené s QTL a lze odhadnout velikost alelových efektů QTL a umístění QTL v genomu.
- V **hodnotící fázi** jsou propojené markery testovány v cílových populacích, aby se zjistilo, zda se QTL v rámci populace segregují.
- A ve **fázi implementace** se v rámci rodin používají prediktivní propojené markery v populaci a přímé markery se používají napříč rodinami za účelem vytvoření genotypové databáze. Tyto údaje se při genetickém hodnocení kombinují s rodokmenovými a fenotypovými informacemi, aby bylo možné předpovědět individuální genetické hodnoty.



MAS a její aplikace

- **Využití MAS pro přímou selekci jedince podle genotypu genetického markeru/genu** pro jednoduché vlastnosti – monogenní (nejčastěji monogenní choroby) je vhodné.
 - např. gen stresu **CRC** u prasat, gen nemoci **BLAD** u skotu
- **Pro markery asociované s kvantitativními znaky se využití MAS menší, s menším efektem** – není tolik popsanych kandidátních genů a hlavně není mnoho vlastností s jednoduchým genetickým determinizmem. Pro tyto vlastnosti je nutné zahrnout celogenomové SNP markery a to do systému genomické selekce.



Co-funded by
the European Union



Siedlce University
of Natural Sciences
and Humanities



Czech University
of Life Sciences Prague

Partneři:

Děkuji za vaši pozornost!



Táto prezentácia bola podporená grantom Erasmus+ KA2 Partnerstvá pre spoluprácu č. 2021-1-SK01-KA220-HED-000032068 "Inovácia štruktúry a obsahu študijných programov v oblasti manažmentu živočíšnych genetických a potravinových zdrojov s využitím digitalizácie - Inovácia obsahu a štruktúry študijných programov v oblasti manažmentu živočíšnych genetických a potravinových zdrojov s využitím digitalizácie". Podpora Európskej komisie na prípravu tejto prezentácie nepredstavuje schválenie jej obsahu, ktorý vyjadruje len názory autorov, a Komisia nenesie zodpovednosť za akékoľvek použitie informácií v nej obsiahnutých.



Tomáš Urban



urban@mendelu.cz



Co-funded by
the European Union