

Variabilita genetická a prostředí kvantitativních znaků u drůbeže

Modul č. 4: Precizní chov hospodářských zvířat

prof, Ing, Tomáš Urban, PhD,

Mendelova univerzita v Brně, Agronomická fakulta



Co-funded by
the European Union

Znaky kvalitativní

- Mendelovské znaky
- Jedná se o znaky s jasným rozlišením mezi fenotypy, tj, s jasně rozlišitelnými kategoriemi,
- Jsou ovlivněny malým počtem genů velkého účinku (majorgeny, oligogeny),
- Vliv vnějšího prostředí na daný znak je zanedbatelný,
- **P = G**
- Vykazují diskrétní proměnlivost,
- Příklady: zbarvení zvířat, monogenní genetické choroba atd,

Vlastnosti kvantitativní

- Jsou ty znaky se spojitým vývinem vlastnosti,
- Jsou ovlivněny velký počet genů malého účinku (minorgeny, polygeny),
- Vliv vnějšího prostředí se podílí různým podílem u různých vlastností,
- **P = G + E**
- Vykazují spojitou (plynulou) proměnlivost,
- Příklady: užitkové vlastnosti a jejich produkční ukazatele, polygenní choroby (mastitidy)...



Fenotypová hodnota

$$P = G + E$$

P = fenotypová hodnota jedince

G = vliv genotypu

E = vliv prostředí

+ náhodné vlivy prostředí

Typické komplexní vlastnosti u drůbeže:

- hmotnost těla
- abdominální tuk
- Velikost vajec
- Hmotnost vajec
- Tloušťka skořápky
- Plodnost
- Líhnivost
- Spotřeba krmiva
- ...



Co-funded by
the European Union

Vztah genotypu a fenotypu

Genotyp

Potenciální
schopnosti

Fenotyp

Působení
vývojových činitelů
(vnitřní, vnější)

Působení
podmínek prostředí
(vnitřní, vnější)

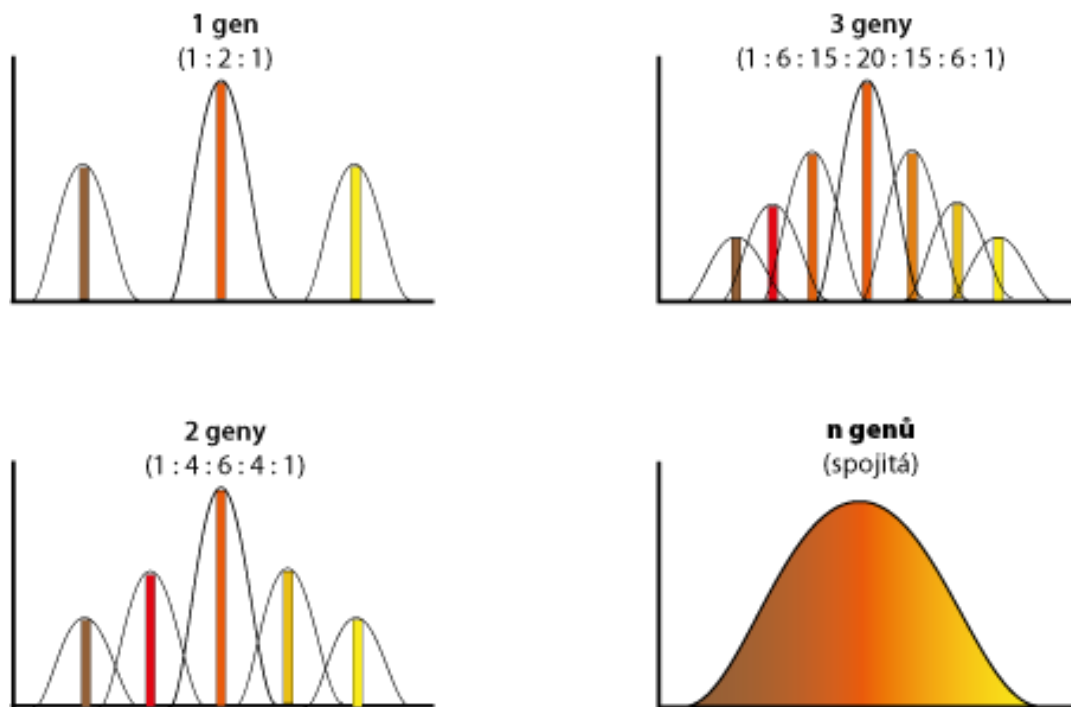
ISAGREED



Co-funded by
the European Union

Podstata genetické variability u kvantitativních znaků

Křížení heterozygotů a efekt počtu genů na fenotypovou variabilitu



Mendelistická genetika



Biometrická genetika



populační statistické parametry (průměr, variance, atd...)

ISAGREED

Prostředová variabilita

Nesystematické efekty

- Působí na každého jedince různě v neznámém směru a neznámé velikosti,
- Nedají se korigovat,
- Zanášení „šum“ do genetických odhadů a předpovědí,
- Reziduální chyba,

Systematické efekty

- Působí na skupinu zvířat ve stejném směru a velikosti,
- Dají se eliminovat výpočetním způsobem či standardizací,
- Dělí se na:
 - vnitřní:** věk, četnost vrhu, pořadí vrhu, pořadí laktace, pohlaví atd,
 - vnější:** hospodářství, oblast, stáj, rok, roční období, atd,



Co-funded by
the European Union

Genetická variabilita

- Genetická variabilita je způsobena rozdíly v sekvencích DNA mezi jednotlivci.
- Genetické rozdíly mohou být způsobeny mutacemi, rekombinací nebo jinými genetickými procesy
- Genetická variabilita je zdrojem evoluce a umožňuje populacím přizpůsobovat se měnícímu se prostředí,
- Genetická variabilita je důležitá v programech šlechtění zvířat, protože poskytuje zdroj pro selekci. Výběrem zvířat s žádoucími znaky a jejich společným šlechtěním mohou chovatelé zvýšit četnost žádoucí výše znaků v populaci. To může vést ke zlepšení produktivity, zdraví a dalších znaků, které jsou důležité pro živočišnou výrobu



Proměnlivost prostředí

- Variabilita prostředí označuje rozdíly v podmínkách prostředí, které mohou ovlivnit užitek zvířat
- Variabilita prostředí může mít významný vliv na kvantitativní znaky drůbeže: například teplota a vlhkost mohou ovlivnit rychlost růstu a účinnost krmiva, výkonnost drůbeže mohou ovlivnit i další faktory prostředí, jako je osvětlení a hustota osazení,
- Chovatelé mohou řídit proměnlivost prostředí u svých hejn vhodným ustájením a způsoby hospodaření
- Chovatelé mohou například používat ventilační systémy k regulaci teploty a vlhkosti, zajistit vhodné světelné podmínky a řídit hustotu osazení, aby snížili stres ptáků,



Genetické parametry

- Většina produkčních znaků u drůbeže je kvantitativní povahy (polygenní dědičnost, aditivní působení genů, vliv prostředí, kontinuální variabilita),
- Odhad genetické variability a variability prostředí můžeme použít pro výpočet dalších genetických parametrů,
- **Genetické parametry** – jedná se o statistické parametry:
 - heritabilita, opakovatelnost, genetická korelace a fenotypová korelace,
- **Odhad genetických parametrů je statistická metoda** používaná k odhadu genetických parametrů znaků u zvířat,
- Odhad genetických parametrů je důležitou problematikou ve šlechtění zvířat,
- Odhad aditivních genetických a možných neaditivních genetických variací přispívá k lepšímu pochopení genetického mechanismu,
- Genetické parametry hrají významnou roli při navrhování šlechtitelského programu a jsou nezbytné pro hodnocení hospodářsky významných znaků,



Centrální genetický parametr - heritabilita

- **Heritabilita** je podíl fenotypové variability, který je způsoben genetickou variabilitou, Je to míra toho, **jak velká část variability znaku je způsobena genetickými faktory** ~ je to v podstatě odhad genetické struktury (variability) v populaci,
- Heritabilita se pohybuje od 0 do 1
 - přičemž 0 znamená, že celková fenotypová variabilita je způsobena faktory prostředí, a 1 znamená, že veškerá variabilita je způsobena genetickými faktory (nereálné extrémy!),
 - zdrojem dat jsou naměřené hodnoty znaků jedinců v populaci,
 - Heritabilita se odhaduje porovnáním fenotypové variability znaku s genetickou variabilitou tohoto znaku, To se provádí porovnáním fenotypové variability v populaci s očekávanou fenotypovou variabilitou na základě genetických vztahů mezi jedinci v dané populaci

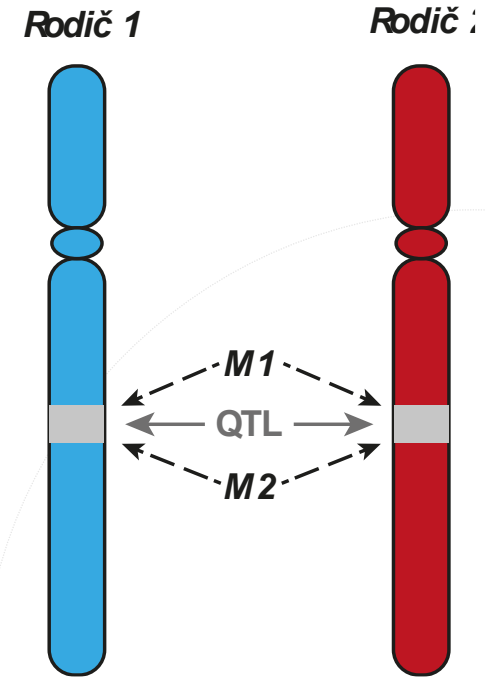
$$h^2 = \frac{V_G}{V_P} = \frac{V_G}{V_G + V_E}$$



Vlastnosti u kura	Odhad heritability
Hmotnost těla	0,39-0,91
Přírůstek hmotnosti	0,11-0,81
Břišní tuk	0,6-0,90
Produkce vajec	0,11-0,44
Velikost vajec	0,4-0,50
Tloušťka skořápky	0,25-0,60
Žloutkový cholesterol	0,11-0,25
Oplozenost	0,05
Pohlavní dospělost	0,25-0,39
Spotřeba krmiva	0,39
Využitelnost krmiva	0,03-0,48
Rychlost metabolismu	0,23-0,43

Odhad genetických parametrů a analýza celogenomového sekvenování

- **Metody mapování QTL** se aktivně používají u drůbeže k identifikaci chromozomálních oblastí, které přispívají k variabilitě znaků souvisejících s růstem, odolností vůči chorobám, produkcí vajec, chováním a metabolickými parametry,
- Pro úspěšné využití těchto informací ve šlechtitelských programech je však zapotřebí mapování s vyšším rozlišením a lepší znalosti genetické architektury, která je základem QTL,



Top QTL/associations in the database

Traits	Number of QTL
Body weight	3,704
Feather pecking	1,145
Feed conversion ratio	796
Eggshell effective layer thickness	784
Eggshell thickness	774
Egg number	540
Average daily gain	418
Feed intake	411
Egg weight	393
Body weight gain	380
Feathering	372
Earlobe color	328
Shank length	282
Comb weight	276
Feather pigmentation	251
Abdominal fat weight	241
Breast muscle weight	239
Comb height	199
Carcass weight	185

Chicken QTLdb

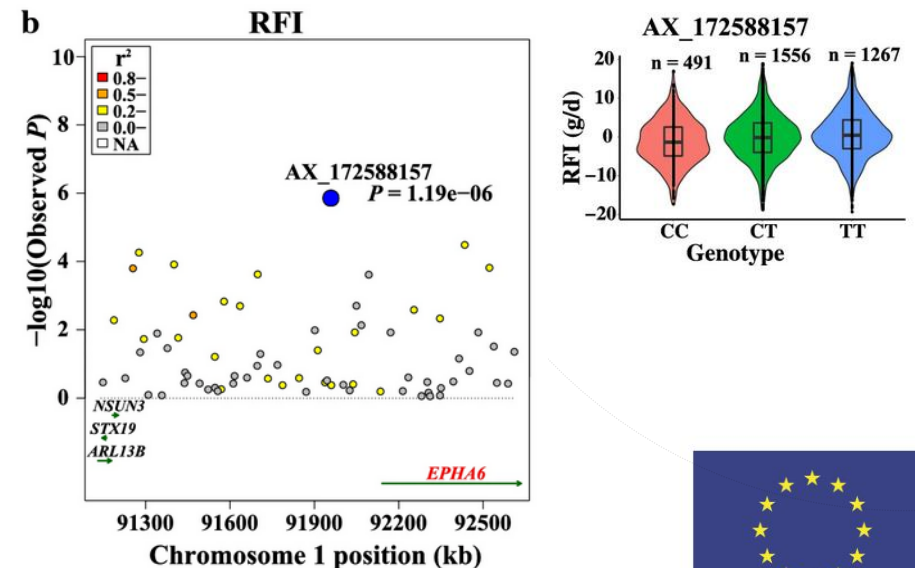
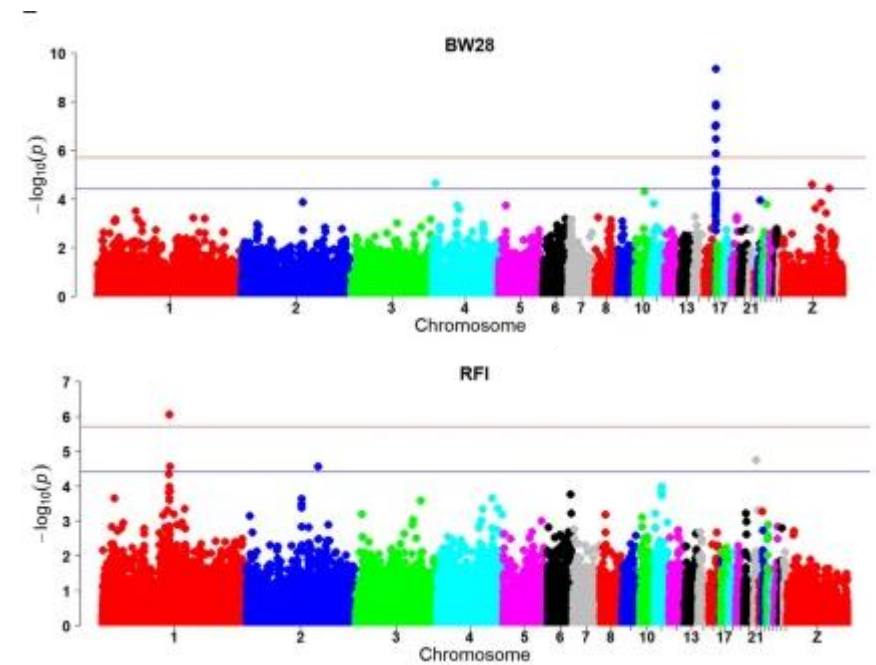
- K 25. dubnu 2023 bylo na Chicken QTLdb zveřejněno 18 411 QTL / eQTL / asociací, Tato data byla kurátorována z 386 publikací a představují 372 základních znaků, 115 variant znaků a 39 genů eQTL,
- [Chicken QTL Database \(animalgenome.org\)](https://animalgenome.org)



Co-funded by
the European Union

Příklad identifikace QTL oblastí a kandidátních genů pro růst a účinnost krmiva u brojlerů

- odhad genetických parametrů a identifikace QTL pro efektivitu krmiva u čistokrevných brojlerů pomocí celogenomové asociační studie,
- Brojleři byli genotypizováni pomocí 55 K chip SNP,
- **Odhady genomické heritability** pro sedm růstových znaků a znaků účinnosti krmiva, včetně tělesné hmotnosti ve 28 dnech věku (BW28), BW42, průměrného denního příjmu krmiva (ADFI), RFI a RFI upraveného o hmotnost abdominálního tuku (RFIa), se pohybovaly od **0,12 do 0,26**,
- Oblast na **chromozomu 16** (2,34-2,66 Mb) byla spojena s BW28 i BW42 a nejvýznamnější SNP v této oblasti představoval **7,6 % genetické variance** BW28,
- chromozom 1 (91,27-92,43 Mb) byl spojen s RFI a ADFI a obsahuje *NSUN3* a *EPHA6* jako kandidátní geny, Nejvýznamnější SNP v této oblasti představoval **4,4 % genetické variance** RFI,
- Jako nejpravděpodobnější kandidátní geny pro tyto QTL byly identifikovány *NSUN3*, *EPHA6* a *AGK*, Tyto geny se podílejí na mitochondriální funkci a regulaci chování,
- Tyto výsledky přispívají k identifikaci kandidátních genů a variant pro růst a účinnost krmiva u drůbeže,





Děkuji za pozornost!

Partners:



Siedlce University
of Natural Sciences
and Humanities

Mendel
University
in Brno



Czech University
of Life Sciences Prague

This presentation has been supported by the Erasmus+ KA2 Cooperation Partnerships grant no, 2021-1-SK01-KA220-HED-000032068 "Innovation of the structure and content of study programs in the field of animal genetic and food resources management with the use of digitalisation - Inovácia obsahu a štruktúry študijných programov v oblasti manažmentu živočíšnych genetických a potravinových zdrojov s využitím digitalizácie", The European Commission support for the production of this presentation does not constitute an endorsement of the contents which reflects the views only of the authors, and the Commission cannot be held responsible for any use which may be made of the information contained therein,



Tomáš Urban



urban@mendelu.cz

