

10. Variabilita genetická a prostředí kvantitativních znaků u drůbeže

Dobrý den. Tématem této přednášky je variabilita genetická a prostředí u kvantitativních znaků drůbeže. Přednáška je součástí modulu 4, Precizní chov hospodářských zvířat. Vytvoření této prezentace bylo podpořeno grantem ERASMUS+ KA2 v rámci projektu ISAGREED, Inovace obsahu a struktury studijních programů v oblasti managementu živočišných genetických a potravinových zdrojů s využitím digitalizace.

Rozdíl mezi kvalitativními a kvantitativními znaky je v počtu genů, které je determinují a ve vlivu prostředí na vývoj znaku. Kvantitativní znaky jsou ovlivňovány velkým množstvím genů malého účinku (polygeny), často aditivního a na projev znaku má vliv i prostředí. Fenotypová hodnota znaku u jedince je tedy rovna efektu genotypů a faktorů prostředí. Výsledkem tohoto multifaktoriálního působení je výskyt spojitě, plynule fenotypové proměnlivosti v populaci. Všechny produkční vlastnosti jsou tohoto typu, dokonce i některé polygenní choroby jako mastitida u skotu.

Fenotypová hodnota jedince pro konkrétní vlastnost je tedy rovna součtu efektů vlivu genotypu a vlivu prostředí, včetně náhodného prostředí, které nejsme schopni nějak detekovat, analyzovat a zohledňovat. Týká se to např. hmotnost těla, abdominální tuk, velikost vajec, hmotnost vajec, tloušťka skořápky, plodnost, líhnivost, spotřeba krmiva a další.

Vztah mezi genotypem a fenotypem, resp. cesta od genotypu k fenotypu je velmi komplikovaná. Zejména kaskáda genů ovlivňující různé metabolické dráhy zapojené do vývoje vlastnosti, projevy genů a interakce na různých úrovních jsou dále ovlivněny vývojovými činiteli a efekty prostředí vnějších a vnitřních.

To se projevuje i do podstaty genetické variability. Genetická variabilita je dána podíly různorodých genotypů v populaci. U kvalitativních znaků lze genetickou variabilitu přímo identifikovat podle fenotypové variability (u mendelovských znaků). U kvantitativních znaků je potřeba pro kvantifikaci genetické variability používat statistické metody a získávat tak odhady populačních parametrů (jako jsou průměr, variance apod.) z důvodu kontinuální variability dané velkým počtem genů s aditivním a malým účinkem a vlivem rozdílnosti efektů prostředí.

Prostředíová variabilita se rozděluje podle efektů na nesystematické a systematické efekty. Nesystematické efekty působí na každého jedince různě v neznámém směru a neznámé velikosti, nedají se korigovat, zanášení „šum“ (nepřesnost) do genetických odhadů a předpovědí, zvyšují reziduální chybu. Systematické efekty působí na skupinu zvířat ve stejném směru a velikosti, dají se eliminovat výpočtem způsobem či standardizací, dělí se na: vnitřní: věk, četnost vrhu, pořadí vrhu, pořadí laktace, pohlaví atd., a vnější: hospodářství, oblast, stáj, rok, roční období, atd.

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.

Většina produkčních znaků u drůbeže je kvantitativní povahy (polygenní dědičnost, aditivní působení genů, vliv prostředí, kontinuální fenotypová variabilita). Odhad genetické variability a variability prostředí můžeme použít pro výpočet dalších genetických parametrů. Genetické parametry jsou statistické parametry jako heritabilita (dědivost), 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 veškerá variabilita je způsobena faktory prostředí, a 1 znamená, že veškerá variabilita je způsobena genetickými faktory (obě hodnoty jsou 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, příbuzenských vztahů mezi jedinci v dané populaci.

V tabulce můžeme vidět typické rozmezí hodnot heritability odhadované v různých populacích drůbeže. Vyšší hodnoty jsou u vlastností spojené s hmotností těla nebo jeho částmi, naopak nízké hodnoty jsou u vlastností spojené s reprodukcí.

V současnosti do odhadů genetických parametrů zasahují i molekulární data, zjištěné na základě 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.

Existuje databáze QTL pro živočichy QTLdb. K 25. dubnu 2023 bylo na Chicken QTLdb zveřejněno 18 411 QTL / eQTL / asociací, Tato data byla získána z 386 publikací a představují 372 základních znaků, 115 variant znaků a je popsáno 39 genů eQTL.

Příklad identifikace QTL oblastí a kandidátních genů pomocí celogenomových SNP pro růst a účinnost krmiva u brojlerů je uveden na tomto snímku. Odhad genetických parametrů a identifikace QTL pro efektivitu krmiva u čistokrevných brojlerů byla řešena pomocí celogenomové asociační studie. Brojleři byli genotypizováni pomocí 55 K chip SNP; Odhady genomické heritability pro sedm růstových znaků a znaků účinnosti krmiva se pohybovaly od 0,12 do 0,26; Oblast na chromozomu 16 (2,34-2,66 Mb) byla spojena se znaky hmotností BW28 i BW42 a nejvýznamnější SNP v této oblasti představoval 7,6 % genetické variance pro BW28; chromozom 1 (91,27-92,43 Mb) byl spojen s příjmem krmiva a byly v této QTL oblasti nalezeny geny NSUN3 a EPHA6; Nejvýznamnější SNP v této oblasti představoval 4,4 % genetické variance příjmu krmiva. Jako nejpravděpodobnější kandidátní geny pro tyto QTL byly identifikovány geny NSUN3, EPHA6 a AGK. Tyto geny se podílejí na mitochondriální funkci a regulaci chování. Výsledky z této případové studie přispívají k identifikaci kandidátních genů a variant pro růst a účinnost krmiva u drůbeže.

A děkuji vám za pozornost.