

**25ο Συνέδριο της Ελληνικής Ζωοτεχνικής Εταιρίας, Ναύπλιο 7-9
Οκτωβρίου 2009**

**Έλεγχος τρόπου κληρονομής της γαλακτοπαραγωγής και
σχεδιασμός ανίχνευσης γονιδιακών τόπων ποσοτικών ιδιοτήτων
(QTL) στο πρόβατο της φυλής Χίου**

ΧΑΤΖΗΠΛΗΣ Δ.¹, ΤΖΑΜΑΛΟΥΚΑΣ Ο.², ΜΑΥΡΟΓΕΝΗΣ Α.³, ΚΟΥΜΑΣ Α.³,
ΠΑΠΑΧΡΙΣΤΟΦΟΡΟΥ Χ²., ΜΙΛΤΙΑΔΟΥ Δ².

*¹Τμήμα Ζωικής Παραγωγής, Σχολή Τεχνολογίας Γεωπονίας,, Αλεξάνδρειο Τεχνολογικό
Εκπαιδευτικό Ίδρυμα Θεσ/νίκης, Τ.Θ. 141, Σίνδος 57400, Θεσσαλονίκη, Τηλ/Fax. 2310
791337, e-mail:chatz@ap.teithe.gr*

*²Τμήμα Γεωπονικών Επιστημών, Βιοτεχνολογίας και Επιστήμης Τροφίμων, Σχολή
Γεωτεχνικών Επιστημών και Διαχείρισης Περιβάλλοντος, Τεχνολογικό Πανεπιστήμιο Κύπρου,
Αρχ. Κυπριανού 31, Ακίνητα Συνεργατικού Ταμειτηρίου Λ/σού Τ.Θ. 50329, 3036 Λεμεσός,
Κύπρος*

*³Κλάδος Ζωικής Παραγωγής, Ινστιτούτο Γεωργικών Ερευνών Κύπρου, Λευκωσία, Τ.Θ. 22016,
1516 Λευκωσία, Κύπρος*

Εισαγωγή- Σκοπός

Ο τρόπος κληρονομής των ποσοτικών χαρακτήρων (π.χ. γαλακτοπαραγωγή), θεωρείται ότι είναι κάτω από πολυγονιδιακό έλεγχο. Τα τελευταία χρόνια οι ραγδαίες εξελίξεις στον τομέα της μοριακής γενετικής έδωσαν τη δυνατότητα ανίχνευσης γενωμικών περιοχών, οι οποίες περιέχουν γονίδια με μεγάλη δράση σε παραγωγικές ιδιότητες των αγροτικών ζώων, όπως η γαλακτοπαραγωγή. Σε αυτή την προκαταρκτική εργασία μελετάται ο τρόπος κληρονομής της γαλακτοπαραγωγής σε ένα πυρήνα προβάτων της φυλής Χίου, καθώς και δυνατότητα (power) ανίχνευσης γονιδιακών τόπων ποσοτικών ιδιοτήτων (QTL) για την ιδιότητα της γαλακτοπαραγωγής.

Υλικά και Μέθοδοι

Γενεαλογικά στοιχεία 32 ετών με 6965 επαναλαμβανόμενες μετρήσεις γαλακτοπαραγωγής, που συγκεντρώθηκαν από το Ινστιτούτο Γεωργικών Ερευνών της Κύπρου μελετήθηκαν με σκοπό την ανίχνευση πιθανής ολιγονιδιακής επίδρασης

στη γαλακτοπαραγωγή του προβάτου της φυλής Χίου. Η μέθοδος η οποία χρησιμοποιήθηκε ήταν η ανάλυση διάσπασης μείζονος γονιδίου (Segregation analysis) βασισμένη στο θεώρημα του Bayes. Το πρόγραμμα ανάλυσης δεδομένων που χρησιμοποιήθηκε ήταν το MaGGic 4.0. Χρησιμοποιώντας τα αποτελέσματα της ανάλυσης διάσπασης μείζονος γονιδίου (εκτιμώμενο μέγεθος δράσης του μείζονος γονιδίου και εκτιμώμενες γενετικές παράμετροι του πληθυσμού) και τη γενεαλογική δομή του υφιστάμενου πληθυσμού, πραγματοποιήθηκε προσομοίωση και ανάλυση σύνδεσης για την ανίχνευση QTL με την χρήση της μεθοδολογίας συστατικών παραλλακτικότητας, με σκοπό την εκτίμηση της δυνατότητας ανίχνευσης QTL (power) στον πυρήνα των προβάτων φυλής Χίου του Ι.Γ.Ε.

Αποτελέσματα

Τα αποτελέσματα της ανάλυσης διάσπασης μείζονος γονιδίου δείχνουν υψηλή πιθανότητα διάσπασης μείζονος γονιδίου στον συγκεκριμένο πληθυσμό των προβάτων της φυλής Χίου. Η *a posteriori* κατανομή της παραλλακτικότητας της δράσης του μείζονος γονιδίου είναι κατά πολύ μεγαλύτερη από αυτή της πολυγονιδιακής κληρονόμησης. Παρόλα αυτά, η *a posteriori* κατανομή της παραλλακτικότητας της πολυγονιδιακής κληρονόμησης παραμένει σημαντικά μεγαλύτερη του μηδενός. Τα παραπάνω ενισχύουν την άποψη ενός μεικτού προτύπου κληρονόμησης της γαλακτοπαραγωγής στο Χιακό πρόβατο. Δηλαδή, ένα τμήμα της γαλακτοπαραγωγής του Χιακού προβάτου ελέγχεται από ένα γονίδιο με μεγάλη δράση (μείζον γονίδιο) ενώ το υπόλοιπο ελέγχεται από πολλά γονίδια με μικρή δράση.

Η συχνότητα του μείζονος γονιδίου στον πληθυσμό εκτιμάται να είναι 0,74. Η αθροιστική δράση του μείζονος γονιδίου εκτιμάται στα 45,6 κιλά γάλα ανά γαλακτική περίοδο, ενώ η κυριαρχική δράση στα -39,4 κιλά ανά γαλακτική περίοδο! Ο συντελεστής κληρονομικότητας του μείζονος γονιδίου, με την μεθοδολογία Bayes, εκτιμάται ως 0,38, του πολυγονιδιακού τμήματος ως 0,10, ενώ ο συντελεστής κληρονομικότητας του μεικτού προτύπου (μείζονος γονιδίου και πολυγονιδιακού τμήματος) είναι 0,47. Ο συντελεστής κληρονομικότητας εκτιμώμενος με βάση πολυγονιδιακό πρότυπο και ανάλυση μέγιστης πιθανοφάνειας (REML) εκτιμάται ως 0,21.

Έπειτα από ανάλυση σύνδεσης προσομοιωμένου QTL με αθροιστική μόνο δράση 45,6 κιλών γάλακτος ανά γαλακτική περίοδο και χρησιμοποιώντας τη γενεαλογική δομή του υφιστάμενου πληθυσμού προβάτων της φυλής Χίου του Ι.Γ.Ε. εκτιμάται ότι

υπάρχει 50% πιθανότητα να εντοπισθεί ένα QTL, εφόσον υπάρχουν μοριακοί γενετικοί δείκτες με μέση απόσταση 10cM μεταξύ τους. Εάν η πυκνότητα των μοριακών γενετικών δεικτών διπλασιασθεί, τότε η πιθανότητα αυτή αυξάνεται κατά 20%.

Συμπεράσματα

Η ανάλυση διάσπασης μείζονος γονιδίου αποτελεί μόνο ένδειξη του τρόπου κληρονόμησης μιας ιδιότητας και όχι απόδειξη διάσπασης ενός γονιδίου. Μπορεί όμως να αποτελέσει ένα ισχυρό εργαλείο για την προκαταρκτική εξέταση υποψηφίων παραγωγικών ιδιοτήτων για ανάλυση σύνδεσης QTL με υφιστάμενους πολυμορφισμούς. Επίσης, η παραπάνω ανάλυση, κατά Bayes, δίνει τη δυνατότητα επιλεκτικής γονοτύπησης οικογενειών χρησιμοποιώντας την *a posteriori* κατανομή των πιθανοτήτων των γονότυπων των ζώων.

Τα αποτελέσματα της ανάλυσης διάσπασης μείζονος γονιδίου σε αυτή τη μελέτη αν και ενθαρρυντικά δημιουργούν ορισμένα ερωτήματα όσον αφορά στην αρνητική κυριαρχική δράση. Το πρώτο βήμα προς την διαλεύκανση τέτοιων ερωτημάτων θα προερχόταν απευθείας από το γενετικό κώδικα των ζώων μέσω της ανίχνευσης QTL. Αν και η δυνατότητα ανίχνευσης QTL στον πληθυσμό είναι μέτρια, η χρήση διαφορετικής μεθόδου ανάλυσης των μοριακών δεδομένων (π.χ. μέθοδος των ετεροθαλών οικογενειών), αναμένεται να αυξήσει τη δυνατότητα ανίχνευσης QTL.

Ευχαριστίες

Η έρευνα χρηματοδοτήθηκε από το Ίδρυμα Προώθησης Έρευνας Κύπρου και το Τεχνολογικό Πανεπιστήμιο Κύπρου.