

KAS IR GENOMS?

Genoms ir visai sugai raksturīgo gēnu kopums, kas atrodas hromosomās katras šūnas kodolā. 2004.gadā tika atklāts liellopa genoms (izmantoja Herefordas šķirnes dzīvnieku), kurā ir 30 hromosomas un DNS ķēdē ir 3 miljardi DNS nukleotīdu.

Genoma selekcijā izmanto katra dzīvnieka gēnu individuālo informāciju, lai noteiktu tā tālāko ciltsvērtību. ASV 2007. gadā zinātnieki izstrādāja genoma izpēti (DNS nukleotīdu secības analīzi) izmantojot DNS un noteica vairāk kā 58 000 ģenētiskās informācijas nesējus, tik niecīgas un smalkas zīmes, kuras iespējams noteikt tikai ar mūsdienu augsto tehnoloģiju instrumentiem. Katrs šis sīkais informācijas gabaliņš tiek saukts par SNP (pronounced snip).

Kas ir SNP?

SNP ir kā marķieri - zīmes, kas atļauj caurskatīt visas hromosomas un novērtēt dzīvnieku pēc 58 000 marķieriem jeb nukleoīdiem. Tie var būt noderīgi, kaitīgi vai arī būt bez jebkāda efekta. Liellopa genomā ir miljoniem šo SNP zīmju. Viena daļa šo gabaliņu ir atrasti, bet daudzi vēl joprojām tiek atklāti. Kaut gan ne visi šie identificētie 58 000 SNP ir noderīgi piena lopu ģenētikā (izmantojami apmēram 38 000), tomēr daudzi no tiem palīdz mums noteikt jau iepriekš vai mēs atlasām dzīvniekus ar tādām īpašībām, kādas vēlamies.

Kā darbojas šī atlase?

Pirmais solis šajā procesā ir salīdzināt ģenētisko informāciju, kura iegūta no liela skaita dzīvniekiem, ar vispārējām pazīmēm, kuras ir raksturīgas piena liellopu populācijai. Šīs pazīmes ir produktivitāte, atnešanās vieglums, tipa pazīmes un tā tālāk. Nākošajā solī tiek izmantota katra dzīvnieka individuālā genoma informācija, lai noteiktu šī dzīvnieka ciltsvērtību. Datora programma pievieno visus rezultātus par raksturīgākajām īpašībām, kuri iegūti ar dažādiem SNP-iem. Tālāk šai informācijai tiek pievienota informācija par dzīvnieka vecāku vidējiem rādītājiem, kurus izmanto tradicionālajā vērtēšanas sistēmā. Tad tiek noteikta vispārējā genoma ciltsvērtība dzīvniekam (GEBV - a Genomic Estimated Breeding Value).

Vai ir tāda precizitāte kā pārbaude pēc pēcnācējiem?

ASV Lauksaimniecības departamenta projektā genoma ciltsvērtība tika noteikta 5825 buļļiem un govīm un tad salīdzināta ar viņu faktisko ciltvērtību 2008. gada vērtējumā, lai noteiktu precizitāti vērtējumam pēc genoma. Tā tika noteikta produktivitātei, kā arī funkcionālām, atnešanās un tipa īpašībām.

Svarīga nozīme ir genoma ticamībai.

Jaunais GEBV apvienos individuālu dzīvnieku genotipa informāciju ar dzīvnieka vecāku vidējiem rādītājiem un vēl papildus jebkādu individuālas pārbaudes informāciju. Līdz ar to ticamība vērtējumam pēc genoma varētu būt no 63 līdz 75%. Šī ticamība var mainīties jo plašāk šī genoma programma tiek ieviesta. Šis rādītājs ir individuāls arī katram dzīvniekam atkarībā no tā cik informācijas ir iegūts un uzkrāts par viņa senčiem

Jāpiebilst, ka genoma ticamība ir augstāka ļoti lielām populācijām, t.i., Holšteinas šķirnes lopiem. Mazāka skaita lopu populācijām šīs metodes izmantošana nav bijusi

īpaši veiksmīga. ASV Švices šķirnei šis projekts nav bijis veiksmīgs, bet iespējams, ka tuvākā nākotnē genoma buļļi varētu būt Džersijas šķirnei.

Uz genoma novērtējumu nevar paļauties tā kā uz vērtējumu pēc pēcnācēju kvalitātes, bet tas ir daudz precīzāks kā vērtējums pēc vecāku vidējiem rādītājiem.

Kādi ir ieguvumi?

Atlasei pēc genoma ir divas priekšrocības – ātrums un zemākas izmaksas. Genotipu var iegūt jau drīz pēc teļa piedzimšanas, tas ļauj potenciāli izmantot dzīvnieku gan MAS kā vaislinieku gan kā buļļu māti. Pilna genoma noteikšana izmaksā 250 -300 dolārus. Genoma pārbaude atļauj atlasīt no ievērojama daudzuma buļļiem tieši noderīgākos vaisliniekus tālākai izmantošanai daudzās ar cilts darbu saistītās programmās.

Uzlabojot genoma ticamību, būtu iespējams uzlabot arī tādu slikti pārmantojamo īpašību ticamības līmeni kā apaugļošanās, veselība un dzīvnieka piemērotība apstākļiem.

Ieguvums ir arī ģenētiskā progresa paātrināšanās, jo bullis pirms nonākšanas MAS – apsēklošanas stacijā, tiek testēts pēc genoma. Tādā veidā tiek atlasīti noderīgākie vaislinieki. Līdz ar to var samazināties atlasīto buļļu skaits gandrīz uz pusi. Vislabāk novērtētie vaislinieki pēc genoma, jau var tikt izmantoti kā buļļu tēvi jau pirms pārbaudes rezultātu saņemšanas.

Arī Eiropā tiek strādāts pie liellopu genoma izpētes. Bet jāņem vērā, ka Eiropas valstu Holšteinas lopu populācija ir mazāka kā ASV. Eiropā vairāk, piem., Nīderlandē tiek pētīts piena genoms. Arī AS Siguldas CMAS ir sākusi noteikt saviem vaisliniekiem K-kazeīna gēnu. Šis darbs tiek veikts sadarbībā ar Tartu lauksaimniecības universitāti. Visā pasaulē joprojām tiek daudz diskutēts par genoma buļļu ienākšanu un kā šis process turpināsies – iespējams sekot internetā un lasīt presē. Viedokļi par to ir ļoti dažādi. Izskatās, ka turpmākie gadi paies pilnveidojot genoma izpēti un to ieviešot ganāmpulku atražošanā. Cik veiksmīgs būs šis process, to parādīs tikai laiks.