

# Modern tenyésztési módszerekkel növelhető a kocák csecsszáma

*Naomi Duijvesteijnnel Peter Best mezőgazdasági újságíró beszélget egy új és izgalmas tanulmányról, amelyen Naomi dolgozott Barbara Harliziusszal és Jaqueline Veltmaattal a TOPIGS Kutatási Központjában, az IPG-nél. A beszélgetés témája az volt, hogy génszelekcióval (a felelős gének megkeresésével és az ezekkel rendelkező egyedek célirányos kiválogatásával, és nem génmanipulációval, idegen géneknek a génállományba való bevitelével vagy gének eltávolításával) felgyorsítható-e a kocák csecsszámának növelése?*

**Peter Best:** Minden sertésenyésztő arra törekszik, hogy a kocái sok utódot hozzanak a világra, és a kocának legyen elég csecse a malacok szoptatásához. Hogyan kapcsolódik ehhez az igényhez a kutatás?

**Naomi Duijvesteijn:** – Kutatásaink során olyan információkat gyűjtöttünk, amelyek génszelekció útján gyorsabb genetikai fejlődést eredményezhetnek a csecsek számának növekedésében a TOPIGS anyai sertésvonalai esetén. Ez az eljárás már segítségünkre volt az alomméret jellegzetességeinek és az anyai képességek esetében is.

Mint köztudott, a megnövekedett koca produktivitás sikertörténet volt a sertésenyésztésben, illetve minden jel arra mutat, hogy a jövőben folytatódni fog a megszületett malacok és az almonként választottak számának növekedése. Ez természetesen magában hordozza az igényt is, hogy a kocának megfelelő legyen a tejtermelése, és a csecsszáma, hogy a nagyobb almoknál a malacok odaférjenek a csecsekhez. Tehát nagy előny lenne, ha a koca megfelelő csecsszámmal rendelkezne.

**PB:** A tenyésztők az utánpótlásra szánt kocák kiválasztásakor mindig figyelembe vették

a működő csecsek számát és elhelyezkedését a kocasüldön. Lehetne még hatékonyabban szelektálni a csecsek száma alapján?

**ND:** – Úgy gondoljuk, hogy erre valódi lehetőséget nyújt a génszelekció. Tanulmányunkban néhány nagyon érdekes eredmény született 1000 sertés genotípusának meghatározáskor, valamint olyan genomon belüli területek keresésekor, amelyek kapcsolatban állhatnak a magasabb csecsszám genetikai hátterével. A meghatározások alapján a sertés kromoszómájának egyes területei szignifikáns kapcsolatot mutatnak, ami azt jelenti, hogy ezeket fel lehet használni a csecsszám további növelését célzó génszelekció során.

Erre azok a fejlesztések adnak alapot, amelyeket a hagyományos szelekciós módszerekkel értek el. Úgy tűnik, hogy a csecsszám méréselten öröklődő tulajdonság, amely jól megbecsülhető a BLUP teszt segítségével.

Jó példa erre a TOPIGS tenyésztési program grafikonján az anyai TOPIGS 20 vonal genetikai trendje, valamint ugyan ebben a vonalban a csecsszám alakulása. A kellő odafigyeléssel alkalmazott szelekciós technikák segítségével



a növekvő csecsszám tartja az ütemet a koca produktivitásának növekedésével, így a növekvő számú élve született malacot a koca képes is lesz szoptatni.

**PB:** *Hogyan végezték az új genomkutatást?*

**ND:** – Az utóbbi években a genetikai kutatások nagy változása volt a genetikai változottság gyors vizsgálatát lehetővé tévő technológiák, a mikroarray chipek megjelenése.

Tanulmányunk során meghatároztuk 936 olyan Nagyfehér sertésnek a genotípusát, melyeknek 14 vagy több csecsük volt (a TOPIGS programban kizárólag 14 vagy ennél több csecssel rendelkező sertést lehet tenyésztésbe venni). A genotípus meghatározásához szőrmintákat, vérmintákat vagy a füljelöléskor kivágott mintákat használtunk DNS-forrásként. A vizsgálatot a kereskedelmi forgalomban kapható Illumina PorcineSNP60 BeadChipként ismert mikroarray chippel végeztük.

Ennek segítségével a teljes genomot érintő asszociációs vizsgálatokat tudtunk végezni ezeken a sertéseken, hogy szélesebb betekintést nyerjünk a csecsszámmak, mint jellemnek a genetikai szerkezetébe. Ilyen munkák esetében először a genotípusokat kell összehasonlítani a csecsszám fenotípusával, hogy találjunk a kromoszómákon olyan QTL régiókat (Quantitative Trait Loci, kvantitatív jellegzetességeket hordozó helyek), melyeket érdemes közelebbről is megvizsgálni. Ezek a QTL régiók olyan DNS-szekvenciák, melyek genetikailag kapcsolódhatnak a vizsgált jellegzetességhez.

**PB:** *Talált a csecsszámmal összefüggésbe hozható QTL-eket?*

**ND:** – Igen, méghozzá sokat! Ez megegyezett a korábbi, különböző sertéspopulációkon végzett kapcsoltsági vizsgálatok eredményeivel, miszerint a kromoszómák nagy részén sok QTL található. A mi tanulmányunkban összesen 39, relatíve kis hatású QTL régiót azonosítottunk, ezért feltételezzük, hogy a csecsszám kialakulását számos gén irányítja. A jelenlegi tanulmányt és a már publikált QTL-eket is figyelembe véve úgy tűnik, hogy összesen két sertéskromoszóma van csak, amely nem hordoz olyan QTL-t, mely részt vesz a csecsszám kialakításában.

A keresést azonban le tudtuk szűkíteni, mivel öt sertéskromoszómán találtunk olyan QTL régiókat, amelyeket erősen szignifikánsnak értékelünk a jelleghez kötődésükkel kapcsolatban. Ezek közül két kromoszóma esetében mi közöltünk először ilyen típusú régiókat. Az összes szignifikáns társított régió a genetikai változottság 9,5%-át teszi ki.

Ezután 489 gént térképeztünk fel a QTL régiókon belül, és potenciálisan megfelelő géneket kerestünk az öt erősen szignifikáns régióban. Habár a QTL-vizsgálatok hasznosak lehetnek, a csecsszámmal kapcsolatban korábban elvégzett vizsgálatok nagy régiókra



terjedtek ki. A saját vizsgálataink, illetve azok, melyek a jobb lefedés érdekében magas denzitású SNP-eket (single nucleotide polymorphisms – egyponyos nukleotid-polimorfizmus, mely mutatja a DNS-szekvenciát) használtak, javíthatják a specifikus QTL-ek finomterképezését, és elősegíthetik a sertések génselektációját.

**PB:** *Eltekintve ezektől a génkapcsolatoktól, a magasabb csecsszámmal rendelkező sertéseknek vannak más közös jellegzetességeik is?*

**ND:** – Igen. Tanulmányunk szerint közös genetikai mechanizmus szabályozza a csecsszámot és az állatok törzsében lévő csigolyák számát.

**PB:** *Úgy érti, hogy a magasabb csecsszámmal rendelkező sertéseknek hosszabb a gerincoszlopuk is?*

**ND:** – Igen, az eredményeink alapján ez volt a megállapításunk. Ez nem olyan meglepő, hiszen a sertéstenyésztés általánosságban is a test hosszúságának növekedését eredményezte, mely egybe esett a magasabb csecsszámmal. Már a múltban is voltak feltételezések, hogy a csigolyák száma genetikailag kapcsolatban van a csecsszámmal.

A mi munkánk most pedig arra mutathat rá, hogy ez a genetikai kapcsolat valóban létezik. A

genotípus vizsgálata közben azt vettük észre, hogy a genetikai variancia 2,5%-ért egyetlen kromoszóma egyetlen QTL régiója felelős. Tehát ez a régió bármelyik másikkal jobban magyarázza a különböző csecsszámmal rendelkező sertések genetikai variabilitását.

Ezen a régióon belül egy gén hívta fel magára a figyelmünket. Ennek a neve Vertnin. A Vertnin azért vonta magára a figyelmünket, mert már más kutatók is feltételezték, hogy ennek a génnek egereknél szerepe lehet az emlő fejlődésében. Leírták már azt is, hogy a génnek szerepe van abban, hogy a háziasított sertéseknek eggyel több hátszigolyájuk van, mint a vad típusú sertéseknek.

Ráadásul a Vertnin mellett újabban egy másik gént, a Prox2-t is felelősnek tartják a csigolyák számának meghatározásában a fehér Duroc és a kínai Erhualian keresztezéséből származó sertések esetén, melyek szintén két DNS-szekvenciát hordoznak a magasabb csecsszámmal vonatkozóan.

**PB:** *Segítséget jelent a tenyésztők számára, ha genetikai kapcsolat áll fenn a csecsszám és a testhosszúság között?*

**ND:** – Nem egy extrém csigolyafejlődésről beszélünk, ami a kocát túl hosszúvá, ezáltal fizikailag gyengévé teszi. Ezért a testhosszú-

sággal kapcsolatban fennálló összefüggés biztosan pozitív tulajdonság, mivel több hely jut a nagyobb számú csecseknek.

Kutatásaink alapján azt a következtetést vontuk le, hogy a talált szignifikáns SNP-k felhasználhatók lehetnek a csecsszám növelésére irányuló szelekcióban, és nem gondoljuk, hogy a társuló csigolyaszám-növekedés hátrányos lenne.

Munkánk a QTL régiókkal kapcsolatos információk finomhangolása, és ez által a génszelekció irányának megadása révén nagyon biztató volt. Ennek segítségével a jövőben a kocáknak magasabb lehet a csecsszámuk a malacok táplálásához, és emellett a törzsük is hosszabb lehet. A szóban forgó kocáknak így, amellett, hogy nagy almokat tudnak felnevelni, több bordájuk is lesz, melyeket viszont meg is ehetnek.

### A sertések egyedi élőlények a természetben

A többi emlőállattal összehasonlítva a sertéseknek jelentősen magasabb a csecsszáma, ezáltal a szoptató anyaállatok kicsinyeiket el tudják látni tejjel. Az emberek és egyéb főemlősök rendes esetben maximum két tejmirigy-

## Csecsszám és testhosszúság

Régóta sejtik, hogy sertések esetében szoros kapcsolat van a testhosszúság és a csecsszám között, de az első tudományos bizonyíték ebben a témában csak a múlt században látott napvilágot egy ausztrál kutatás kapcsán. Nagyfehér sertéseket vizsgáltak, melyek boncolása során kimutatták, hogy 14, 15 vagy 16 pár bordájuk volt, és a csecsszámuk 10 és 18 között mozgott. Röviden: az eredmények azt mutatták, hogy azok a sertések, melyeknek csak 14 pár bordájuk volt, a csecsszámuk többnyire 13 vagy annál kevesebb volt, míg azok az állatok, amelyeknek 16 pár bordájuk volt, a csecsszámuk többnyire 14 vagy annál több volt.

Még ha helyesnek is tűnik az a feltételezés, hogy a bordák számának növekedése a csecsszám növekedésével jár együtt, ez elfedi a mellkasi és ágyéki csigolyák számának az egyes sertésegységek között, illetve a különböző fajták között jelentkező nagy variabilitását.

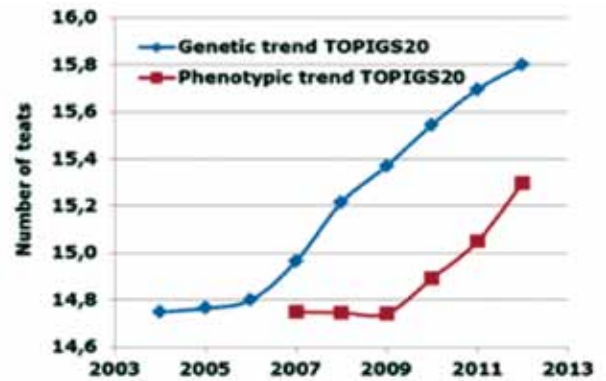
A tankönyvek szerint a sertések mellkasi régiójában 13–17 pár borda helyezkedhet el, valamint 5–7 pár lehet még az ágyéki részen. Ami biztos az az, hogy a hosszabb testű fajtáknak jellemzően több mellkasi csigolyája van, és az ágyéki csigolyák száma csökken minden egyes bordaszám-növekedéssel a mellkasi régióban.

## A magasabb csecsszám elérését célzó tenyésztés hatása

A TOPIGS-nál a tenyésztés célja az, hogy a genetikai fejlődés eredményeként született minden plusz malacot le lehessen választani, és a plusz malacoknak is legyen saját csecse. Ezért a csecsszámmal kapcsolatos genetikai trendnek legalább egyenlőnek kell lennie az almonként született malacok számával. A

TOPIGS 20 anyai vonalában a csecsszám, mint jelleg még gyorsabban fejlődött, mint az összes született malacok száma 2006 óta, amióta elkezdtek vizsgálni kétkomponenses, tisztavérű tenyészetekben a csecsszámot.

Ez a grafikon a genetikai trendet és a fejlődést mutatja az életben maradt utódok fenotípusának megfigyelése alapján. A fejlődés erős meredeksége mindkét trendvonalnál ugyanaz, de három év eltérés van közöttük. Ennek oka az időbeni eltérés a sejtmagi szintű génszelekció és a szaporított állományban megszületett utódok között. Ebben a példában: miután 2006-ban beillesztettük a csecsszámot is a TOPIGS tenyésztési programjába, az első kocák 2007-ben fiáltak, és ezek koca utódai 2008-ban hoztak világra TOPIGS 20 süldő kocákat, melyek aztán 2009-ben és 2010-ben fiáltak saját almokat.



gyel rendelkeznek, míg a tejelő teheneknek négy, a kutyáknak és a macskáknak pedig nyolc. A sertéseknek tipikusan 12 van, de néha ez a szám akár 18 vagy 20 is lehet.

Több száz éven át erről a fajok közötti különbségről úgy gondolták, hogy azt tükrözi, hogy a koca hány utódnak ad életet egyszerre. Ha a tejkészletnek több kimenete van, akkor több utódot tud az anya etetni. A hagyományos elmélet szerint a tejmirigyek tipikus száma egy fajban az egyszerre születendő utódok átlagos számának kétszerese, illetve az elérhető összes csecsszám a maximálisan elérhető alomméretet mutatja.

Míg a fajon belüli alomméret és csecsszám közötti kapcsolat vitatott maradt, sertések esetében a tendencia az, hogy a legtermékenyebb fajták vagy genetikai vonalak nagyobb átlag csecsszámot mutatnak még akkor is, ha a fajtán belüli variabilitás magas.

Sertések esetében a tejmirigyek száma 3–10 pár (tehát 6–20 csec), és a mellső láb mögött kezdődve, két, egymással párhuzamos sorban helyezkednek el. Ideális esetben ezek a mirigyek szimmetrikusan helyezkednek el, és egyenlő távolságokban vannak egymástól. Gyakorlatban előfordul azonban, hogy az elülső pár valamivel nagyobb, szélesebb a távolság köztük, és több tejet termelnek, amikor a malac szopik.

Még az a feltételezés sem mindig igaz, hogy a mirigyek párosan helyezkednek el, mivel az összes megszületett sertés több, mint egyharmada páratlan csecsszámmal rendelkezik. Közismert, hogy a plusz vagy számfeletti

csecsek a harmadik és negyedik normál mirigyek között találhatóak.

A tejmirigyek alapvetően hasonlóak minden állat esetében, de az elhelyezkedésük a testen mégis nagyon eltérő a különböző fajok között. A sertés csecsei végighúzódnak a mellkason és a hason (a törzsi és ágyéki régiókon), a szarvasmarháknál és a lovaknál az ágyék környékén találhatóak, a főemlősök esetén pedig normális körülmények között a mellkasi régióban találhatóak az emlők. A tudósok sertéseknél egy ún. csecs láncolatot írtak le, mely a mellső végtagoktól az ágyékiig húzódik, és az embrionális fejlődés alatt itt alakulnak ki a tejmirigyek. A láncolat hossza potenciálisan kilenc vagy akár 10 pár csecset jelent, mely a szelektív tenyésztéssel egyre inkább elérhetővé tehető.

A TOPIGS a **kiegyensúlyozott tenyésztési módszer** alkalmazása során kezdettől fogva nagy hangsúlyt fektetett a növekvő alomszám mellett az újszülött malacok vitalitásának (életképességének) és a kocák csecsszámának az egyidejű növelésére, a kocák anyai tulajdonságának a fejlesztésére. Mindezek együttes hatásának is köszönhető, hogy a fialási átlag folyamatos emelkedése ellenére a szopósmalac elhullás nem emelkedett, a kocáknak évente választott malacok számának növekedése az utóbbi években még inkább felgyorsult, évenként 0,3–0,5 malaccal többet választanak. Ez a fejlődés a TOPIGS genetikával termelő magyarországi sertéstelepeken is hasonló mértékű, alapját képezve a TOPIGS sertésekkel elérhető gazdaságos sertéshústermelésnek.