



GENETIKA A METÁNCSSÖKKENTÉS SZOLGÁLATÁBAN II.

GENOMSZELEKCIÓS LEHETŐSÉGEK A TEJÁGAZATBAN

**Szakértő
munkatársunk írása**
Állattenyésztési
Teljesítményvizsgáló Kft.

Az Európai Unió országaiiban kiemelt stratégiai cél az állattenyésztés fenntarthatóságának növelése, különös tekintettel az üvegházhatású gázok – köztük a metán (CH_4) – kibocsátásának csökkentésére. A szarvasmarhák enterális CH_4 -termelését elsősorban nem öröklődő tényezők befolyásolják, például a felvett takarmány mennyisége, összetétele, minősége, valamint az emésztőtraktuson való áthaladási sebessége. Ugyanakkor még azonos takarmányozási és tartási feltételek mellett is megfigyelhetők eltérések az állatok által kibocsátott CH_4 mennyiségében, ami arra utal, hogy a genetikai tényezők szintén szerepet játszanak a CH_4 -termelés egyedszintű különbségeinek kialakulásában.



Ez a felismerés új irányt jelölt ki a CH_4 -kibocsátás csökkentését célzó kutatások és tenyésztési programok számára, különösen azért, mert a különféle takarmányozási beavatkozások és mikrobiális manipulációs stratégiák (probiotikumok használata, defaunálás, vakcinázás stb.) hatása többnyire átmeneti, míg a genetikai szelekció hosszú távon is fenntartható eredményeket kínál.

Rovatunk egy korábbi írásában már szó esett a hagyományos törzskönyvi/teljesítményvizsgálati alapú genetikai szelekcióról, amelynek keretében a tenyészbikák teljesítményét ivadékaik – elsősorban lányaik – fenotípusos (közvetlenül megfigyelhető és mérhető) tulajdonságai alapján értékelik. E rendszer kulcseleme a BLUP (best linear unbiased prediction – legjobb lineáris torzítatlan becslés), amely egy matematikai eljárás, továbbá az erre épülő BLUP-MGS-modell (MGS: maternal grandsire – anyai nagyapa) és BLUP-egyedmodell. A BLUP-MGS-modellt a tenyészbikák tenyészértékének meghatározására használták, az ivadékteljesítmény-vizsgálatok eredményei alapján. Sajátossága, hogy nagy megbízhatósággal képes becslést adni a tenyészbikák (apa és anyai nagyapa) tenyészértékeire. Később,



a BLUP-MGS-modell továbbfejlesztésével létrejött az ún. BLUP-egyedmodell, amely lehetővé teszi a hím- és nőivarú egyedek tenyésztékének párhuzamos, egyidejű becslését. A modellalkalmazások elsődleges célja a legkedvezőbb tulajdonságokkal rendelkező egyedek kiválasztása; a szelekció eredményességét az utódok teljesítményének hosszabb távú, folyamatos nyomon követésével értékeli.

Az enterális CH_4 -kibocsátás fenotípusos mérése ugyanakkor – mint azt már többször kiemeltük – összetett, valamint költség- és időigényes feladat. Az adatgyűjtést technikai korlátok, a standardizálás nehézségei, valamint az állatok számára okozott stressz is akadályozza – különösen nagylétszámú populációk esetében, ahol a mérések kivitelezése komoly logisztikai kihívást jelent. Ráadásul egy állat genetikai potenciáljának megbízható megítéléséhez nagyszámú utód teljesítményének több éven át tartó követésére van szükség, ami lassítja a szelekciós előrehaladást.

A hagyományos szelekció korlátai és a fenntarthatósági szempontok egyaránt előtérbe helyezték azokat

az innovatív megközelítéseket, amelyek célja a CH_4 -kibocsátás gyorsabb és megbízhatóbb genetikai alapú becslése. E törekvések közé tartozik például az a Kanadában kifejlesztett genetikai értékelési rendszer is, amely az állatok CH_4 -hatékonyságának meghatározásával támogatja a tejtermelő állományok CH_4 -kibocsátásának mérséklését. Jelen írás elsőként e rendszer bemutatására vállalkozik, majd áttekinti a tejhasznú szarvasmarhák enterális CH_4 -termelésének genetikai hátterét feltáró legújabb kutatási eredményeket, különös tekintettel az érintett génekre, genetikai markerekre és a genomszelekció alkalmazhatóságára.



1. A kanadai tejhasznú szarvasmarha-állományok genetikai értékelése

Előző számunkban kifejtettük, hogy az enterális CH_4 -kibocsátás genetikai alapú mérséklése már nem csupán elméleti lehetőség, hanem a gyakorlatban is sikeresen megvalósítható, ráadásul nem feltétlenül jár hátrányos kompromisszumokkal a termelési teljesítmény tekintetében. E felismerésre alapozva dolgozta ki a Lactanet és a Guelph-i Egyetem kutatócsoportja a világ első olyan nemzeti genetikai értékelési rendszerét, amely kifejezetten az enterális CH_4 -kibocsátás csökkentésére irányul. A „Metánhatékonyság” (Methane Efficiency) néven ismert rendszer 2023 áprilisában vált hivatalosan elérhetővé a Lactanet és Kanada egyik vezető, nemzetközi szinten is meghatározó mesterséges termékenyítő állomásának együttműködése révén, és azóta rutinszerűen alkalmazzák az országban. Segítségével a tenyésztők célzott szelekcióval mérsékelhetik állományaik CH_4 -kibocsátását anélkül, hogy ez kedvezőtlen hatással lenne a tejtermelésre.

A kanadai program több mint 700 000 tehén tejmintájához kapcsolódó, milliós nagyságrendű közép infravörös (mid-infrared, MIR) spektroszkópiás adatokra, valamint GreenFeed-rendszerrel mért

CH_4 -emissziós eredményekre épül. Az ezekből létrehozott adatbázis – méretét tekintve – a világ egyik legnagyobb ilyen jellegű gyűjteménye. A kutatás egyik legjelentősebb eredménye egy olyan megbízható kibocsátás-előrejelző modell kidolgozása volt, amely az említett adatállományra támaszkodva tette lehetővé a Metánhatékonyság-rendszer megalkotását. A genetikai értékelés folyamatának főbb módszertani lépései a következők:

1. tejminták elemzése MIR-spektroszkópiával – minden minta esetében több mint 1 000 spektrális adatpontot rögzítenek;
2. CH_4 -kibocsátás előrejelzése gépi tanulási algoritmusok segítségével – a MIR-adatokat mesterséges intelligencia elemzi, és becslést ad a várható CH_4 -kibocsátásra;
3. relatív tenyészték meghatározása – az előre jelzett kibocsátási adatok alapján statisztikai-genetikai modellekkel meghatározzák a tehenek CH_4 -hatékonyságát. Ez alapján azonosíthatók azok a bikák, amelyek utódai örökölt tulajdonságaik révén várhatóan kevesebb CH_4 -t termelnek.

A kanadai kutatók által relatív tenyésztékként definiált CH_4 -hatékonyság az egyedek tej-, tejszír- és



tejfelhérjehozamtól genetikai szinten függetlenített CH_4 -termelését fejezi ki. Ez alapján szelekció végezhető a kisebb CH_4 -kibocsátásra, miközben a termelési teljesítmény sem sérül. A CH_4 -hatékonyság átlagértéke 100, tipikus értéktartománya pedig 85 és 115 közé esik – a magasabb érték kisebb kibocsátást jelent. Vizsgálatok szerint minden 5 pontnyi növekedés évente hozzávetőleg 3 kg-os csökkenést eredményez egy holstein-fríz tehén átlagos CH_4 -kibocsátásában. A kutatás során mért adatok alapján a napi CH_4 -termelés tehenenként megközelíti az 500 g-ot, ami éves szinten kb. 180 kg-nak felel meg. Egyazon állományon belül azonban akár $\pm 30\%$ -os eltérések is előfordulhatnak az átlaghoz képest, így két egyed éves CH_4 -kibocsátása között akár 110 kg különbség is lehet.

A „Metánhatékonyság” genetikai értékelési rendszer bevezetésével Kanada lett az első ország, amely hivatalos tenyésztéskbecslést kínál tejtermelő állományai számára a CH_4 -kibocsátás csökkentése

céljából. Az új tenyészték elérhető valamennyi, a tejtermelés-ellenőrzési program adatbázisában szereplő holstein-fríz tehén esetében, és megjelenik a tenyészbikák genetikai értékelésében is, lehetővé téve a célzott szelekciót.

Jelenleg folyamatban van e mutató integrálása az összetett tenyésztéskindexekbe, ami tovább növelheti a tejtermelő ágazat fenntarthatóságát.



2. A genomika szerepe a fenntartható állattenyésztésben: fókuszban a CH_4 -kibocsátás

Az elmúlt évtized kutatásai jelentős előrelépést hoztak az enterális CH_4 -kibocsátás genetikai hátterének feltárásában. A vizsgálatok egyik legfontosabb eredménye annak megállapítása volt, hogy a CH_4 -termelés, vagyis az arra ható genetikai tulajdonságok örökölhetősége tejhasznú szarvasmarhák esetében az alacsony-közepes tartományba esik ($h^2 = 0,05\text{--}0,38$; például van Engelen, 2018; Breider és mtsai., 2018; López-Paredes és mtsai., 2020 stb.). Ez arra utal, hogy a CH_4 -kibocsátás genetikai alapú mérséklése rövid távon csupán korlátozott előrehaladással járhat, a szelekció kumulatív hatásai révén azonban hosszabb távon tartós és számottevő javulás érhető el.

A kívánt genetikai előrehaladás eléréséhez kulcsfontosságú azoknak a géneknek és genetikai markereknek az azonosítása, amelyek kimutatható hatást gyakorolnak az enterális CH_4 -termelésre. Mivel e tulajdonság közvetlen fenotípusos mérése problémás, a hagyományos tenyésztéskbecslést egyre gyakrabban egészíti ki vagy váltja fel a genomikai (genom-) alapú szelekció.

A genomikai szelekció lényege, hogy a vizsgált állatok tenyésztéskét nem közvetlenül megfigyelt/mért fenotípusos adatok, hanem öröklődő genetikai markerek – elsősorban egy pontos nukleotidpolimorfizmusok

(single nucleotide polymorphisms, SNP-k) – alapján becsülik. Ehhez egy referenciapopulációra van szükség, amelynek egyedeiről fenotípusos (például CH_4 -kibocsátásra vonatkozó), valamint genotípusos (SNP-alapú) adatokat, SNP-mintázatot is gyűjtenek. A kétféle adattípus statisztikai-genetikai modellekkel történő integrált elemzése lehetővé teszi annak meghatározását, hogy az egyes SNP-k milyen hatással vannak az adott tulajdonságra. A kapcsolatok megbízható feltérképezését követően olyan előre jelző modellek építhetők, amelyek segítségével az egyedek tenyésztéské fenotípusos mérések nélkül, pusztán genotípusos adataik (például DNS-mintából származó SNP-profiljuk) alapján is megbízhatóan becsülhető. Ez lehetővé teszi a legígéretesebb tenyészállatok korai – akár újszülöttkori – azonosítását és a későbbi életszakaszban realizált teljesítményük előrejelzését. Mindezek eredményeként jelentősen lerövidül a szelekciós ciklus, és felgyorsul a genetikai előrehaladás.

A genomikai szelekció előnyei tehát többértékes. 1. Csökkenti az ivadékteljesítmény-vizsgálatban indított tenyészvikajelöltek számát – bár az ilyen vizsgálatok továbbra is elengedhetetlenek a referenciapopuláció fenntartása és a rendszer alapját képező genomikai tenyésztéskbecslések pontosságának biztosítása érdekében. 2. Költség-



és időhatékonyabbá teszi a tenyésztési folyamatot. 3. Elősegíti a tenyészállatok korai kiválasztását, lerövidítve ezáltal a generációs intervallumot (azaz a szülők és utódaik tenyésztésbe állítása között átlagosan eltelt időt), illetve felgyorsítva a genetikai előrehaladást. 4. Hatékony megoldást kínál azon tulajdonságok esetében, amelyek fenotípezálása nehézkes, drága vagy nagy léptékben nem kivitelezhető. 5. Lehetővé teszi az enterális CH_4 -kibocsátás mérséklését anélkül, hogy az hátrányosan érintené a termelési mutatók alakulását.

Fontos azonban hangsúlyozni, hogy a genomikai tenyészértékek kezdeti megbízhatósága nem minden esetben éri el a hagyományos tenyészértékek szintjét – különösen akkor, ha a referenciapopuláció mérete, genetikai sokfélesége vagy reprezentativitása nem megfelelő. Ennek több oka is lehet:

1. Adatbázisok korlátozottsága: A becslések pontossága erősen függ a rendelkezésre álló genotípusos és fenotípusos adatok mennyiségétől, illetve minőségétől. Mivel a genomikai szelekció

még viszonylag új módszer, és az enterális CH_4 -kibocsátás ritkán mért tulajdonság, az elérhető adatbázisok gyakran nem elég nagyok vagy részletesek.

2. Referenciapopuláció mérete és összetétele: Az eredményes tenyészértékbecslés feltétele egy kellően nagy, genetikailag sokféle, a célállományt jól reprezentáló mintacsoport. Ha ez nem teljesül, a becslések megbízhatósága jelentősen csökkenhet.

3. Genetikai markerek súlyozása: A korai modellek korlátozottan voltak képesek azonosítani az enterális CH_4 -kibocsátásra hatással bíró SNP-eket. Az ismert genetikai variánsok számának növekedésével és az elemzési módszerek fejlődésével azonban a becslések megbízhatósága is folyamatosan javul.

4. Modellek fejlesztése: Bár a modern statisztikai módszerek, gépi tanulási algoritmusok és a mesterséges intelligencián alapuló megközelítések komoly potenciált hordoznak, gyakorlati alkalmazásuk még nem általános. Ez egyelőre akadályozza a genomikai szelekció pontosságának növelését és szélesebb körű elterjedését.

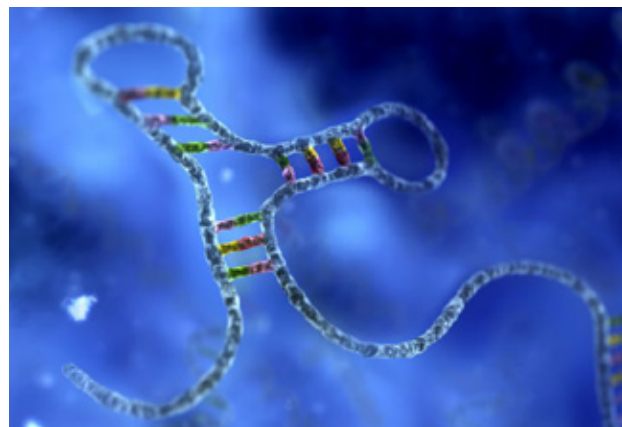
Az élőlények genetikai információja a DNS- (dezoxiribonukleinsav-) és az RNS- (ribonukleinsav-) molekulákban tárolódik. E molekulák alapvető szerepet töltenek be az öröklődésben, a fehérjeszintézisben és az élő szervezetek működésének szabályozásában.

A DNS és az RNS alapvető építőkövei a **nukleotidok**, amelyek három fő komponensből állnak: egy foszfátcsoportból, egy cukormolekulából és egy nitrogénbázisból. A nukleotidok hosszú láncokba kapcsolódva alkotják a DNS- és RNS-szálakat. Az ezekben található nitrogénbázisok sorrendje határozza meg a fehérjék – köztük az enzimek – aminosavsorrendjét, ezáltal pedig a sejtek és a szervezet működését.

A **DNS-molekula** jellegzetes spirális, ún. kettős hélix szerkezetű, amelyben két, egymással komplementer szál kapcsolódik össze. E szerkezet stabilitását a komplementer nitrogénbázisok közötti

hidrogénkötések biztosítják: az adenin a timinnel, a guanin a citozinnal alkot bázispárokat.

Az **RNS** ezzel szemben egyszálú molekula, bár bizonyos szakaszokon visszahajolhat, és önmagával hidrogénkötéseket képezve részleges kettős spirált alakíthat ki. A DNS-től emellett a nitrogénbázisok tekintetében is különbözik: az RNS-ben timin helyett uracil található, így az adenin az uracillal, a guanin pedig továbbra is a citozinnal alkot bázispárt. Az RNS-molekulák a DNS-nél rövidebbek és funkcionálisan sokrétűbbek, mivel nemcsak a genetikai információ közvetítésében, hanem annak szabályozásában is kulcsszerepet töltenek be.



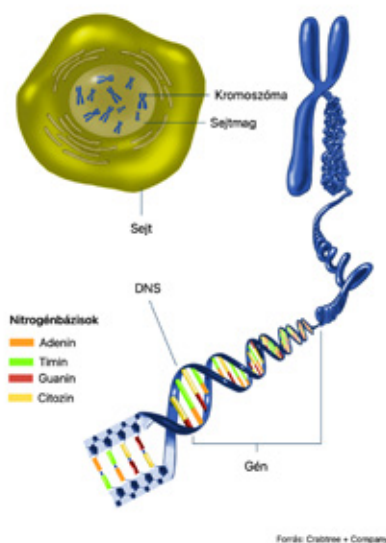
A **gének a DNS-molekulák (ritkábban az RNS) olyan szakaszai**, amelyek meghatározott biológiai funkcióval rendelkeznek. Ezek hordozzák a sejtműködéshez és a fehérjeszintézishez szükséges „genetikai utasításokat”. A géneket alkotó nukleotidok sorrendje szabja meg, hogy milyen szerkezetű és funkciójú fehérje jön létre. **Egy adott génnek több változata, ún. allélja is létezhet**, amelyek különböző mértékben hatnak a tulajdonságok kifejeződésére.

A **géninformáció a génexpressziónak nevezett folyamat útján válik aktívvá**, amely két fő szakaszból áll:

1. **transzkripció** – A DNS adott szakaszának egyik száláról hívívó RNS-másolat (mRNS) készül, amely a fehérjeszintézis helyére, a riboszómához szállítja a genetikai információt;
2. **transzláció** – A riboszómák folyamatosan, átfedés és kihagyás nélkül leolvassák az mRNS bázissorrendjét, meghatározva ezzel a képződő fehérje-polipeptidlánc aminosavsorrendjét.

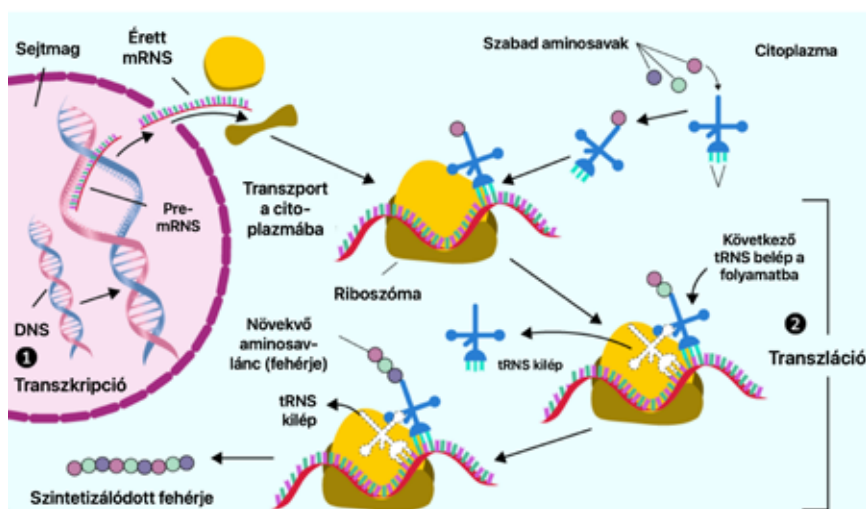


Az ehhez szükséges aminosavakat a citoplazmában aktiválódó, megfelelő szállító RNS-molekulák (tRNS-ek) juttatják el a riboszómákhoz. A fehérje, elkészülte után, leválik az RNS-ről, elhagyja a riboszómát, majd betölti specifikus biológiai funkcióját a szervezetben. *(A fehérjeszintézis folyamatában háromféle RNS-típus vesz részt: a riboszómális RNS [rRNS] alkotja a riboszómák szerkezeti és funkcionális alapját; a hívívó RNS [messenger RNS, mRNS] hordozza a fehérjét kódoló információt; míg a szállító RNS [transzfer RNS, tRNS] megköti az aminosavakat, és a megfelelő sorrendben a riboszómákhoz szállítja azokat.)*



Forrás: Cratree + Company

A fehérjeszintézis folyamata



A **kromoszóma** a sejtmagban található, DNS-ből és fehérjékből (elsősorban hisztonokból) felépülő, kompakt struktúra, amely az örökítőanyag „rendezett csomagolását” és átadását biztosítja a sejtosztódás során. Mindegyik kromoszóma egy-egy hosszú DNS-molekulát hordoz, amely több millió nukleotidból épül fel, és számos gén helyezkedik el rajta. A sarvasmarhákban 60 kromoszóma található, 30 párba rendezve.

A **genetikai markerek** a DNS meghatározott szakaszain elhelyezkedő, öröklődő genetikai elemek, amelyek kulcsszerepet töltenek be a modern szelekciós programokban. Segítségükkel pontosabban azonosíthatók azok a genomrégiók, amelyek meghatározzák az egyes tulajdonságokat, és így lehetővé válik a célzott szelekció. Emellett széles körben alkalmazzák őket diagnosztikai célokra is, például öröklődő betegségek kimutatására vagy egyedi genetikai mintázatok feltárására. Használatuk mind egyedi, mind populációs szinten meghatározó, hiszen bizonyos genetikai variánsok – többek között a pontmutációk – egyes populációkban szelekció révén elterjedhetnek, míg másokban csak ritkák, vagy teljesen hiányoznak.



Az ún. **funkcionális genetikai markerek** közvetlen hatást gyakorolnak a fenotípusra, például egy adott fehérje szerkezetének vagy működésének módosítása révén. Ezzel szemben az **indirekt (kapcsolt) markerek** önmagukban nem „okozói” a vizsgált tulajdonságnak, azonban olyan génrégiók közelében helyezkednek el, amelyek szerepet játszanak annak kifejeződésében.

Mivel a genom bizonyos szakaszai gyakran együtt öröklődnek, az indirekt markerek is eredményesen alkalmazhatók szelekciós célokra. Például egy olyan SNP, amely egy, a metanogenezisben szerepet játszó gén közelében található, megbízhatóan előre jelezheti az enterális CH_4 -kibocsátás mértékét – még akkor is, ha közvetlenül nem befolyásolja a CH_4 -termelés folyamatát. Általánosságban megállapítható, hogy a funkcionális markerek pontosabb és stabilabb előrejelzést tesznek lehetővé, míg az indirekt markerek használata elsősorban akkor indokolt, ha a fenotípusos eltérést kiváltó gén(ek)e)t még nem sikerült egyértelműen azonosítani.

A genetikai markerek főbb típusai:

- SNP-k (single nucleotide polymorphisms – egyponos nukleotidpolimorfizmusok): A DNS egyetlen bázispárjának eltéréséből származó pontmutációk; csak akkor tekinthetők valódi polimorfizmusnak, ha a populáció legalább 1%-ában előfordulnak. Az SNP-k a leggyakrabban használt genetikai markerek, és így kiemelt szerepet töltenek be a tenyésztéskbecslések pontosságának növelésében. A pontmutációk közül viszont azok, amelyek populáción belüli előfordulási gyakorisága nem éri el az 1%-ot, genetikai variánsnak, azaz egyedi nukleotidváltozatnak (single nucleotide variant, SNV) minősülnek.
- STR-ek (short tandem repeats – mikroszatellitek): Rövid, 1–6 bázispár hosszúságú, ismétlődő DNS-szekvenciák, amelyek ismétlődésszáma egyedenként eltérő lehet. E markerek variabilitása nagyfokú, a genomban akár több ezer helyen is jelen lehetnek. Kiemelkedően hasznosak a genetikai diverzitás, valamint a rokonsági kapcsolatok vizsgálatában.
- RFLP-k (restriction fragment length polymorphisms – restrikciós fragmentumhossz-polimorfizmusok): A DNS-szakaszok restrikciós helyeinek variációi, amelyek a restrikciós (DNS-hasító) enzimek felismerési szekvenciáinak eltéréseiből adódnak, különböző hosszúságú DNS-fragmentumokat eredményezve. A restrikciós enzimek meghatározott nukleotidsorrendeket ismernek fel, és ott vagy azok közelében hasítják el a DNS-láncot. Ha egy mutáció megváltoztatja/eltünteti ezt a felismerési szekvenciát, az enzim már nem képes elvágni az adott ponton a DNS-molekulát. Ugyanígy, új vágási helyek is létrejöhetnek, melyek következtében az érintett DNS-szakasz különböző hosszúságú fragmentumokra hasad. A fragmentumhosszok közötti eltérések gélelektroforézissel kimutathatók, és jól alkalmazhatók az egyedek vagy populációk genetikai variabilitásának vizsgálatára.

3. A CH_4 -kibocsátás genetikai háttere: gének és SNP-k

Az enterális CH_4 -kibocsátás genetikai hátterének feltárása érdekében az elmúlt évtized során számos, teljes genomra kiterjedő asszociációs vizsgálatot (genome-wide association study, GWAS) végeztek. E kutatások célja olyan genomrégiók és SNP-k azonosítása volt, amelyek befolyásolhatják a CH_4 -kibocsátás fenotípusos megnyilvánulását. Az eredmények egyértelműen azt mutatják, hogy nem létezik egyetlen „szupergén”, amely önállóan, domináns módon szabályozná a CH_4 -termelést. Ehelyett számos, kis hatású lókuszt együttes működése formálja e komplex tulajdonságot, megerősítve azt

a feltételezést, hogy a CH_4 -kibocsátás poligénes öröklődésmenetet követ (Pszczola és mtsai., 2018). *(A lókuszt a kromoszómának azon szakasza, ahol egy gén vagy genetikai marker található.)*

A GWAS-ok több olyan gént is feltártak, amelyek valamilyen módon összefüggésbe hozhatók az enterális CH_4 -termeléssel – bár ezek hatása többnyire közvetett. A leggyakrabban vizsgált gének közé tartozik a **DGATI**, a **RPTOR** és a **SCD1** (Schennink és mtsai., 2007; Bovenhuis és mtsai., 2015; Liu és mtsai., 2024; Bouwman és mtsai., 2014; Saxton és Sabatini, 2017), amelyek az



anyagcsere-folyamatok szabályozásán keresztül befolyásolhatják a bendőben zajló fermentációs mechanizmusokat. A *DGAT1* (diacilglicerol O-acil-transzferáz 1) gén által kódolt enzim központi szerepet tölt be a triglicerid-szintézisben, és ezáltal hatással van a tejsír mennyiségére és összetételére. A gén jól ismert **K232A polimorfizmusa** jelentős eltéréseket idézhet elő a tejsírprofilban, ami közvetett úton módosíthatja a tej MIR-spektruma alapján becsült CH_4 -értékeket. Fontos azonban hangsúlyozni, hogy az így becsült adatok nem mindig tükrözik pontosan a bendőben ténylegesen keletkező CH_4 mennyiségét, és a *DGAT1* gén közvetlen szerepe a metanogenezis szabályozásában jelenleg nem bizonyított.

A *RPTOR* (regulatory associated protein of mTOR complex 1 – az mTOR-komplex 1 szabályozásában részt vevő fehérjét kódoló) gén az mTORC1 (mechanistic target of rapamycin complex 1 – a rapamicin mechanisztikus célpontját alkotó 1-es jelátviteli fehérjekomplex) meghatározó komponense. Ez a több alegységből álló komplex vezérli az mTOR (mechanistic target of rapamycin – a rapamicin mechanisztikus célpontja) nevű enzim aktivitását, amely kulcsszerepet tölt be a sejtek anyagcseréjének, növekedésének, osztódásának, illetve tápanyag-érzékelésének irányításában. Működése nagymértékben függ a szervezet energia- és tápanyag-ellátottságától, valamint a különféle növekedési és stresszhatásokat közvetítő jelektől. A *RPTOR* gén az anyagcsere-szabályozási folyamatokon keresztül, közvetve befolyásolja a bendőben zajló fermentációt, és ezáltal hatással lehet az enterális CH_4 -termelésre. Egyes kutatások szerint a gén a 19. kromoszóma olyan szakaszán található, amely összefüggésbe hozható a tejsír mennyiségének és összetételének alakulásával (Bouwman és mtsai., 2014). Ezáltal – a *DGAT1* génhez hasonlóan – a *RPTOR* is közvetett úton módosíthatja a tejösszetételen alapuló CH_4 -kibocsátási becsléseket, jóllehet a metanogenezisre gyakorolt közvetlen hatására eddig nem született tudományos bizonyíték.

A *SCD1* (sztearil-koenzim A dezaturáz 1) gén a zsírsavanyagcsere egyik meghatározó szabályozóeleme, amely a telített zsírsavak egyszerűen telítetlen zsírsavakká történő átalakítását irányítja. E mechanizmus révén nemcsak a tejszírsav-összetételre gyakorol hatást, hanem áttételesen a bendőbeli takarmányfermentációs folyamatokra is. Az egyszerűen telítetlen zsírsavak – például az

olajsav – ugyanis a bendőben zajló biohidrogenáció során hidrogént kötnek meg, ami csökkenti a metanogén mikroorganizmusok aktivitását, és így mérsékli az enterális CH_4 -kibocsátást. Fontos ugyanakkor megjegyezni, hogy ennek pontos biológiai mechanizmusa jelenleg még nem teljesen tisztázott.

Pszczola és mtsai. (2018) holstein-fríz teheneken végzett kutatásukban több olyan kvantitatív (mennyiségi) tulajdonságokat meghatározó lókusz (quantitative trait locus, QTL) is azonosítottak, amelyek kapcsolatba hozhatók az enterális CH_4 -termeléssel. (A QTL rövidítés jellemzően nem egyetlen génre, hanem nagyobb DNS-szakaszokra utal; ezek több, a vizsgált tulajdonságra ható gént vagy egyéb szabályozó elemet is tartalmazhatnak.) Bár e QTL-ek a CH_4 -kibocsátás fenotípusos varianciájának csupán kis részét magyarázzák, részleges átfedést mutatnak olyan tulajdonságokat meghatározó genomterületekkel, mint a takarmányhasznosítás, tejtermelés, testméret vagy egészségi állapot. Ez arra utal, hogy a CH_4 -termelés és az említett tulajdonságok genetikai szinten is összefügghetnek – amit érdemes figyelembe venni a szelekciós stratégiák kialakításakor.

Ugyanezen vizsgálat (Pszczola és mtsai., 2018) öt olyan gént is kiemelt, amelyek különféle metabolikus útvonalakon, tehát egymásra épülő biokémiai reakciók sorozatán keresztül kapcsolódhatnak a CH_4 -termeléshez: **CYP51A1** (4. kromoszóma), **PPPIR16B** (13. kromoszóma), valamint **NTHL1**, **TSC2** és **PKD1** (mindhárom a 25. kromoszómán). Ezek közül külön figyelmet érdemel a *PKD1*, amely az emésztőrendszer, különösen a bendő és a béltraktus fejlődésének szabályozásában betöltött szerepe révén, közvetlenül befolyásolhatja a CH_4 -képződés mikrokörnyezetét.



Sarghale és mtsai. (2020) iráni holstein-fríz állományon végzett vizsgálatukban 16 olyan SNP-t azonosítottak, amelyek összefüggést mutattak az enterális CH_4 -termeléssel: 2 a CH_4 -intenzitással, 14 pedig az egységnyi tejszírra vetített CH_4 -kibocsátással áll szignifikáns kapcsolatban. A kutatók azt is megállapították, hogy e genetikai markerek 51 gén közelében helyezkednek el. Különösen figyelemre méltó, hogy ezek közül 17 gén a szaglóreceptorok működéséhez köthető, ami új megvilágításba helyezi a CH_4 -termelés genetikai hátterét. A szaglás genetikai variabilitása ugyanis hatással lehet az állatok takarmányfelvételi preferenciáira és étvágyára, ezeken keresztül pedig a takarmánylebontás során képződő CH_4 mennyiségére. Emellett az eredmények arra is utalnak, hogy az illózsírsav-anyagcsere szabályozásában részt vevő gének – bár közvetve – szintén szerepet játszhatnak a metanogenezisben.

A vizsgálatban feltárt SNP-k olyan genomrégiókban helyezkednek el, amelyek átfedést mutatnak a tejtermelést, a testtömeget és a takarmányhasznosítást befolyásoló QTL-ekkel. Ez tovább erősíti azt a feltételezést, hogy a CH_4 -kibocsátás és más fontos – például termelési vagy -hatékonysági – tulajdonságok közötti genetikai szinten is lehetnek összefüggések. Másképp megfogalmazva: ha egy genetikai variáns mérsékli a CH_4 -kibocsátást, az egyúttal hatással lehet a tejhozamra vagy a takarmányhasznosítás mértékére is. További előnyt jelent, hogy a fermentáció során keletkező illó zsírsavak mennyiségére és arányára alapozott CH_4 -emisszióbecslés hozzájárulhat a GWAS-ok és a referenciapopulációk bővítéséhez, fokozva ezáltal a szelekció hatékonyságát.

Több kutatás is megerősítette, hogy az eddig feltárt SNP-k csupán a genetikai variancia kis hányadért felelősek. Például de Haas és mtsai. (2011) hét olyan SNP-t azonosítottak, amelyek öt különböző kromoszómán (13., 18., 24., 26., 27.) helyezkednek el, de még együttesen is mindössze kb. 0,2%-át magyarázzák a CH_4 -kibocsátás genetikai varianciájának. Ugyanakkor az ezek alapján számított genomikai tenyésztértékek kétszer pontosabbnak bizonyultak, mint a teljesítményvizsgálati és törzskönyvi adatokon alapuló hagyományos becslések, és a genetikai variancia háromszorosát fedték le azokhoz képest.

A CH_4 -kibocsátás örökletes háttere tehát széles, szinte a teljes genomra kiterjedő eloszlást mutat: számos,

kis hatású gén (lókus) együttesen befolyásolja a fenotípus alakulását. Ez a poligénis öröklődés arra utal, hogy a markerasszisztált szelekció – amely néhány nagy hatású lókuszra összpontosít – önmagában nem nyújt elegendő alapot a kívánt genetikai előrehaladás eléréséhez. Ezzel szemben a teljes genomot lefedő genom szelekció hatékonyabb megközelítést kínál, mivel lehetővé teszi több ezer, egyenként csekély hatású SNP egyidejű figyelembevételét a tenyésztértékbecslés során. A genom szelekció sikerességéhez azonban elengedhetetlen a megfelelő infrastrukturális és módszertani háttér biztosítása. Különösen fontos szerepet játszanak ebben a nagy elemszámú, genetikailag reprezentatív referenciapopulációk, a genetikai adatok nemzetközi megosztása, valamint a különböző populációk közötti közös genetikai alapok, öröklődési mintázatok és marker-hatásmechanizmusok feltárása. E célokat szolgálják például a több országot összefogó nemzetközi kezdeményezések, mint a *RobustMilk*-projekt (<http://www.robustmilk.eu/>), amely a tejhasznú szarvasmarhák fenntartható tenyésztését célzó genetikai kutatásokat támogatja. Az ilyen együttműködések lehetőséget teremtenek a különböző adatforrások integrálására és globálisan összehangolt szelekciós stratégiák kialakítására.

A szelekció pontosságának fenntartása érdekében emellett kulcsfontosságú az SNP-panelek – vagyis a tenyésztértékbecsléshez használt genetikai markerhalmazok –, valamint az ezekre épülő statisztikai modellek és referenciapopulációk rendszeres frissítése is, hogy a tenyésztértékbecslés továbbra is reálisan tükrözze az állatok genetikai potenciálját a CH_4 -kibocsátás szempontjából, és ezzel hozzájáruljon a tenyésztési döntések megbízhatóságához.

A genomikai szelekció tehát nem csupán új eszközt, hanem egyúttal új szemléletet is kínál a tenyésztők számára. Lehetővé teszi számukra, hogy környezeti szempontból fenntarthatóbbá tegyék az állattenyésztést, anélkül, hogy lemondanának a termelési hatékonyságról. Ez a megközelítés hosszú távon biztosíthatja, hogy a tejtermelő ágazat a gazdasági célkitűzések mellett a környezeti kihívásokra is érdemi, tudományosan megalapozott válaszokat adjon.

A felhasznált források listáját a cikk terjedelmi korlátai miatt nem közöljük, az a szerkesztőségben érhető el.

