

Genetika kvantitativních znaků

- úvod, význam, aplikace

prof. Ing. Tomáš Urban, Ph.D.
MENDELU
urban@mendelu.cz

Informační zdroje

E-learning:

Urban T.: Virtuální svět genetiky 3 – principy genetiky populací a kvantitativních znaků

<http://user.mendelu.cz/urban/vsg3/>



Falconer D.S. **Introduction to Quantitative Genetics**.

Lynch M., Walsh B. **Genetics and Analysis of Quantitative Traits**.

Hartl D.L., Clark A.G. **Principles of Population Genetics**.

Quantitative Genetics Resources: <http://statistics.arizona.edu/zbook/book.html>

Časopisy:

- **J. of Animal Breeding and Genetics**
- **Livestock Science**
- **Genetics Selection Evolution**
- **J Dairy Science**
- **Genetics**

- Člověk se vždy zabýval otázkami dědičnosti
- Všímal si podobností a rozdílů mezi generacemi
- Dědičnost – schopnost plodit stejné ze stejného
- Využití při zlepšování populací rostlin a zvířat pro potřeby člověka
- Téměř jakákoli vlastnost může být definována popisem **fenotypové variance/variability v a mezi populacemi**
- **Klasická (mendelovská) genetika** se typicky zabývá jednotlivými geny s velkými účinky, **kvantitativní genetika** naopak předpokládá velký počet genů, každý s malými účinky, ovlivňující variabilitu vlastnosti

- Otec moderní kvantitativní genetiky, **R. A. Fisher**: „Přirozený výběr je mechanismus pro generování mimořádně vysoké nepravděpodobnosti“
 - Evoluční historie potvrzuje neustálý výskyt nepravděpodobných jevů
 - To umožňuje vznik velkého rezervoáru genetické variance, výskyt mutací a interakce mezi geny a prostředím.
- Současná revoluce v genomice umožňuje popsat genetickou varianci na nebývalé úrovni, detekce nukleotidových změn, které přímo nebo nepřímo ovlivňují fenotyp .
- Dochází k renesanci v kvantitativní genetice, zejména ve studiu komplexních vlastností, umožňující teorie, které musí být testovány experimenty celogenomového rozsahu.

Význam genetiky populací

- Genetika populací – kvalitativních znaků
 - Mendel
- Genetika populací – kvantitativních znaků
 - Genetika kvantitativních znaků



Historie šlechtění



Proces probíhající cca 12 000 let

- počátky domestikace a šlechtění = první civilizace

Neolitická revoluce

Centra – neolitické kultury – Střední Východ, JV Asie, Afrika, J Evropa

Irán, Irák, Izrael, Jordánsko, Sýrie, Turecko

Thajsko, Čína, Indie, Pákistán...

Egypt, Somálsko

Řecko (Thesálie, Thrácie, Makedónie), Ukrajina až Gobi

Teotihuacán – Mexiko, Peru

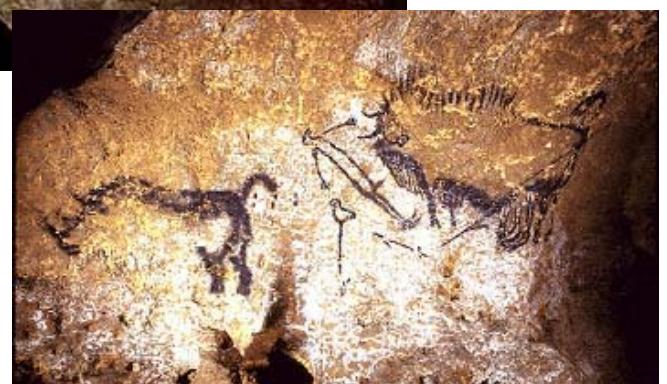


Genetické zušlechťování je **permanentní a kumulativní proces** ne událost



Jeskyně Lascaux

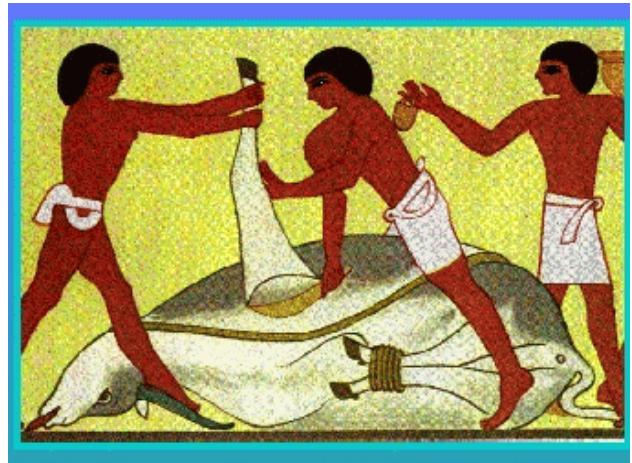
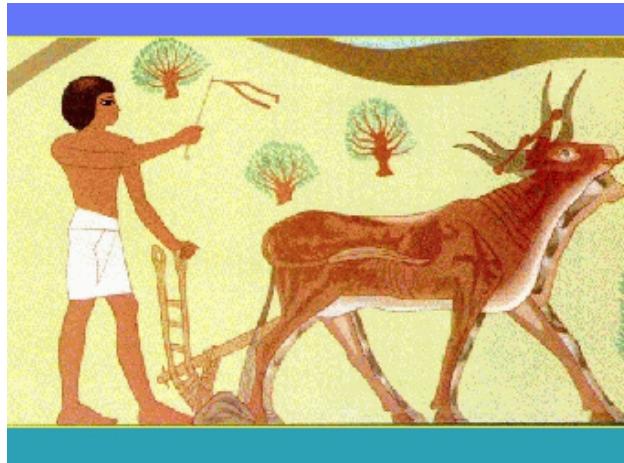
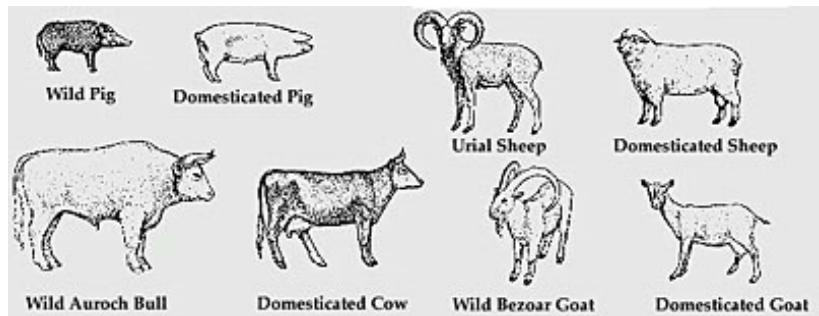
Před 15 000 lety - lovci



Archeological findings

✓ Animal First records

| | | |
|--------------|--------|--------------------------|
| » Dog- | 14,000 | Northern Iraq |
| » Goat- | 10,000 | Middle East |
| » Sheep- | 9,200 | Middle East |
| » Cattle- | 9,000 | Greece/SW Asia |
| » Swine- | 9,000 | Greece/Asia Minor |
| » Horse- | 6,000 | Central Asia |
| » Cat- | 5,000 | Egypt |
| » Poultry- | 5,000 | Pakistan |
| » Turkey | 1,500 | North America |
| » Llama | 6,000 | South America |
| » Alpaca | 6,000 | South America |
| » Guinea-pig | 6,000 | South America |

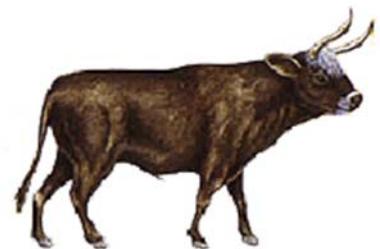


Domestikace – evoluce - šlechtění

Zeslabení působení mnoha přirozených faktorů selekce
(působí však stále)

Cílená selekce na požadovanou vlastnost a výši její hodnoty

Selekce souvisejících vlastností



Kontrola pohybu, šlechtění, krmení

Šlechtění – člověk jako hybatel selekce (evoluce)

- Definice cílů pro šlechtění: selektována jsou nejlepší zvířata
- Typické cíle pro šlechtění jsou kombinace různých vlastností, které jsou důležité pro produkci
- Fenotypová hodnota průměru vlastnosti v populaci může být měněna žádoucím směrem

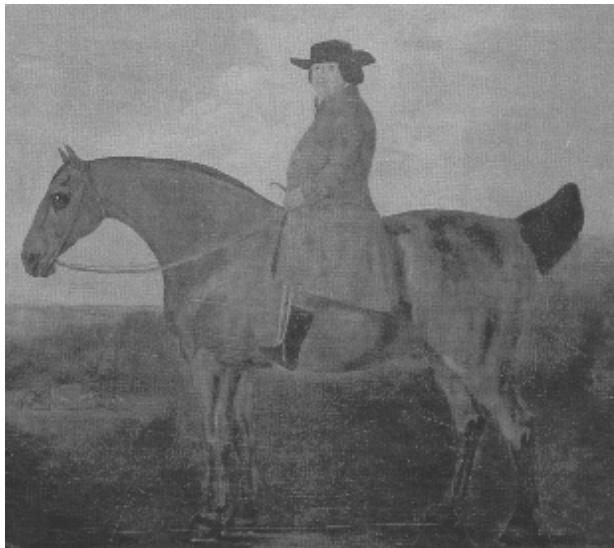
Robert Backewell

1725 - 1795

**Anglický šlechtitel:
Shireský kůň
Leicesterská ovce
Longhornský skot**

**Používal
inbríding
testování potomků**

Jeho metody byly dále využívány

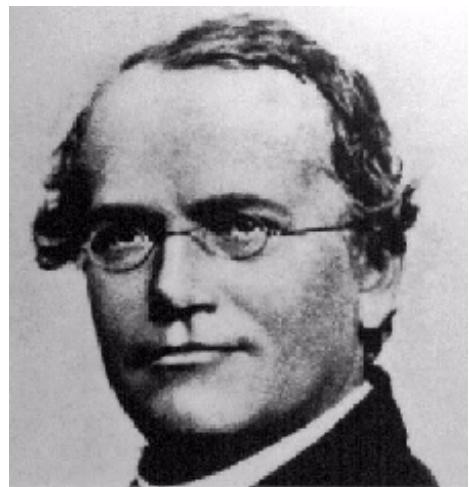


Gregor Mendel

1822 – 1884

**Základy genetických principů
Experimenty – hrách, jestřábník, včely**

- **nepochopen během svého života**
- **matematické hodnocení
biologického pokusu**



Mendel G. 1866. Versuche über Pflanzenhybriden (Pokusy s rostlinnými hybridy). *Verhandlungen des naturforschenden Vereines in Brünn* (Sborník přírodovědeckého spolku v Brně), IV. svazek, za rok 1865, tiskem 1866, v části *Abhandlungen* (Původní sdělení), s. 3-47.

Charles Darwin

1809 -1882

**Britský přírodovědec
- přírodní selekce jako evoluční síla**

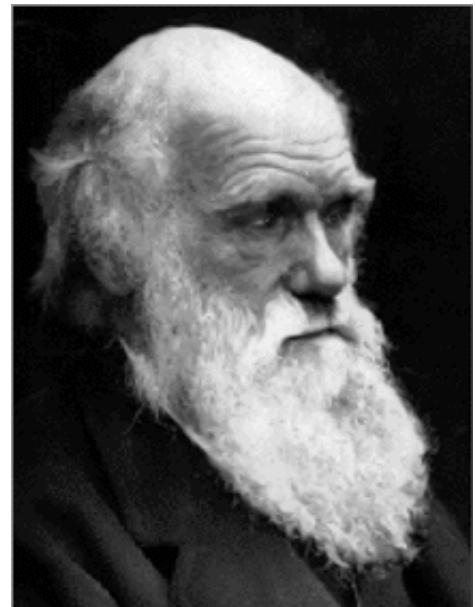
Darwin, C. 1859. The Origin of Species by Means of Natural Selection.

<http://www.human-nature.com/darwin/origin>

<http://www.bena.com/lucidcafe/library/96feb/darwin.html>

Darwin, C. 1883. The Variation of Animals and Plants Under Domestication.

Přirozená selekce tvoří variabilitu mezi jedinci.



Historické kořeny kvantitativní genetiky

Kořeny jdou až k práci **Galtona a Pearsona** z let 1880 –1900, kteří vyvinuli mnoho základních statistických nástrojů (jako je regrese a korelace), dodnes využívaný v QG.

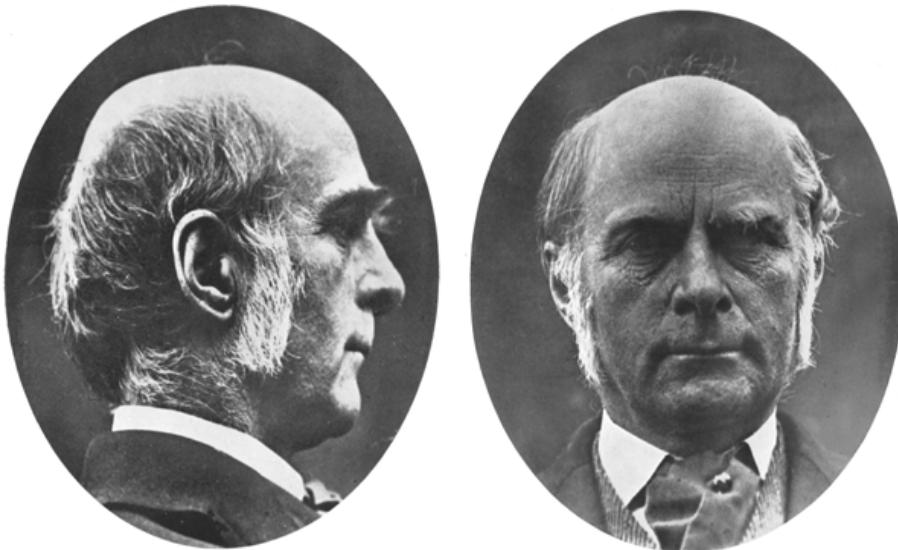
Formální začátek QG začal s prací **R. A. Fishera** roku 1918 se zaměřením na dědičnost kvantitativních vlastností, která dokázala, jak mendelistické genetické modely dědičnosti mohou být využity pro **analýzy podobnosti kontinuálních vlastností mezi příbuznými jedinci**.

Fisher zavedl účinný nástroj statistickou metodu **analýzu variance (ANOVA)**, která je aplikována na celé pole působnosti QG.

Francis Galton F.R.S. 1822-1911

Chtěl kvantifikovat tyto rodinné podobnosti.

Založil statistický přístup ke genetice (regrese a korelace)



Zavedl korelační koeficient (r)

- Možno měřit stupeň asociace pro proměnnou mezi dvěma příbuznými jedinci

Pro vlastnost, která je kompletně geneticky determinovaná, s malým nebo bez vlivu prostředí, se očekává, že r bude stejný jako koeficient příbuznosti

Karl Pearson

1857 – 1936

statistik



- vyvinul matematicko-statistické metody pro studium dědičnosti a evoluce
- zavedl termín směrodatná odchylka
- regresní analýza, korelační koeficient, χ^2 test
- odvodil podmíněné průměry a variance pro multivariátní normální distribuci

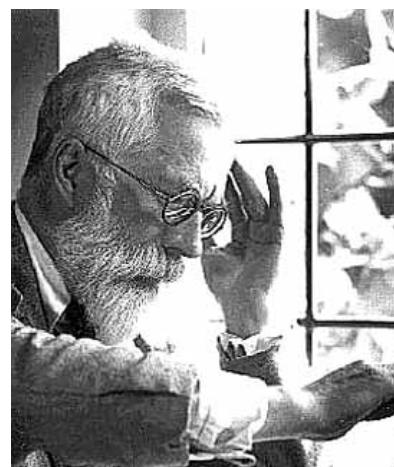
18 článků souhrnně nazvaných: *Mathematical Contribution to the Theory of Evolution* (1893 – 1912)

Ronald Fisher

1890 – 1962

Anglický statistik

**- položil statistické základy
dědičnosti**



- položil základy ANOVA
- zavedl termín maximální věrohodnost (maximum likelihood) a
studoval testování hypotéz

R. A. Fisher. 1930. *The genetical theory of natural selection*. Dover Publications

Sewall Wright

1889-1988



Zoolog, genetik populací

USDA

University of Chicago

University of Wisconsin

- založil moderní teorii genetiky populací a teorii úsekových koeficientů

Wright, S. 1916. An intensive study of the inheritance of color and other coat characters in guinea pigs. Carnegie Institution of Washington: Pub. No. 241:59 Evolution and the Genetics of Populations. Sewall Wright

Vol 1: Genetic and Biometric Foundations. (1968)

Vol 2: Theory of Gene Frequencies. (1969)

Vol 3: Experimental Results and Evolutionary Deductions. (1977)

Vol 4: Variability Within and Among Natural Populations. (1978)

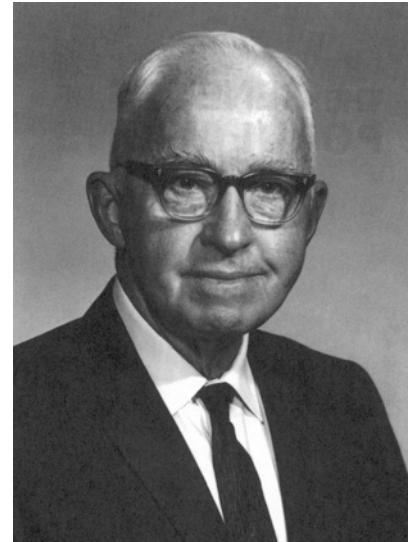
Jay Lush

1896 - 1982

- položil vědecké základy šlechtění zvířat

Iowa State University

30. – 70. léta 20. stol.



- otec moderního šlechtění zvířat a genetiky

- rozpracovával teorii selekčních indexů

- Navrhl moderní definici koeficientu heritability h^2

Lush, J.L. 1931. The number of daughters necessary to prove a sire. J. Dairy. Sci 14:209

Lush, J.L. 1994. The Genetics of Populations. (publikováno po jeho smrti)

Výzkum - QG

Genetické analýzy: odhadování genetických parametrů popisujících příspěvek genetických faktorů k variabilitě užitkovosti a předpovězení genetické hodnoty jedinců pro selekci.

Šlechtitelské cíle: definování žádoucích genotypů zvířat pro užitkové vlastnosti v daných produkčních podmínkách.

Šlechtitelská schémata: návrh (design) selekčních schémat zaměřených na genetický zisk a udržení genetické variability.

Analýza genomu: identifikování a studium role jednotlivých genů (QTL) a celogenomové analýzy struktury a funkce (DNA chipy, microarray, GWAS).

Biologické aspekty: charakterizování biologického pozadí genetických rozdílů mezi zvířaty.

Proč kvantitativní genetika a šlechtění ?

Hlavní principy kvantitativní genetiky – R. Fisher (1918) & S. Wright (1921)

Praktické aplikace - 50. léta a výlučně v zemědělství (teoretický základ pro šlechtění rostlin a živočichů)

- tři hlavní směry uplatnění

- kvantitativní genetika v evoluční biologii
- šlechtění zvířat, rostlin (vývoj nových metod OPH a komponent variance)
- vývoji nových metod pro detekci, lokalizaci a charakterizaci QTL

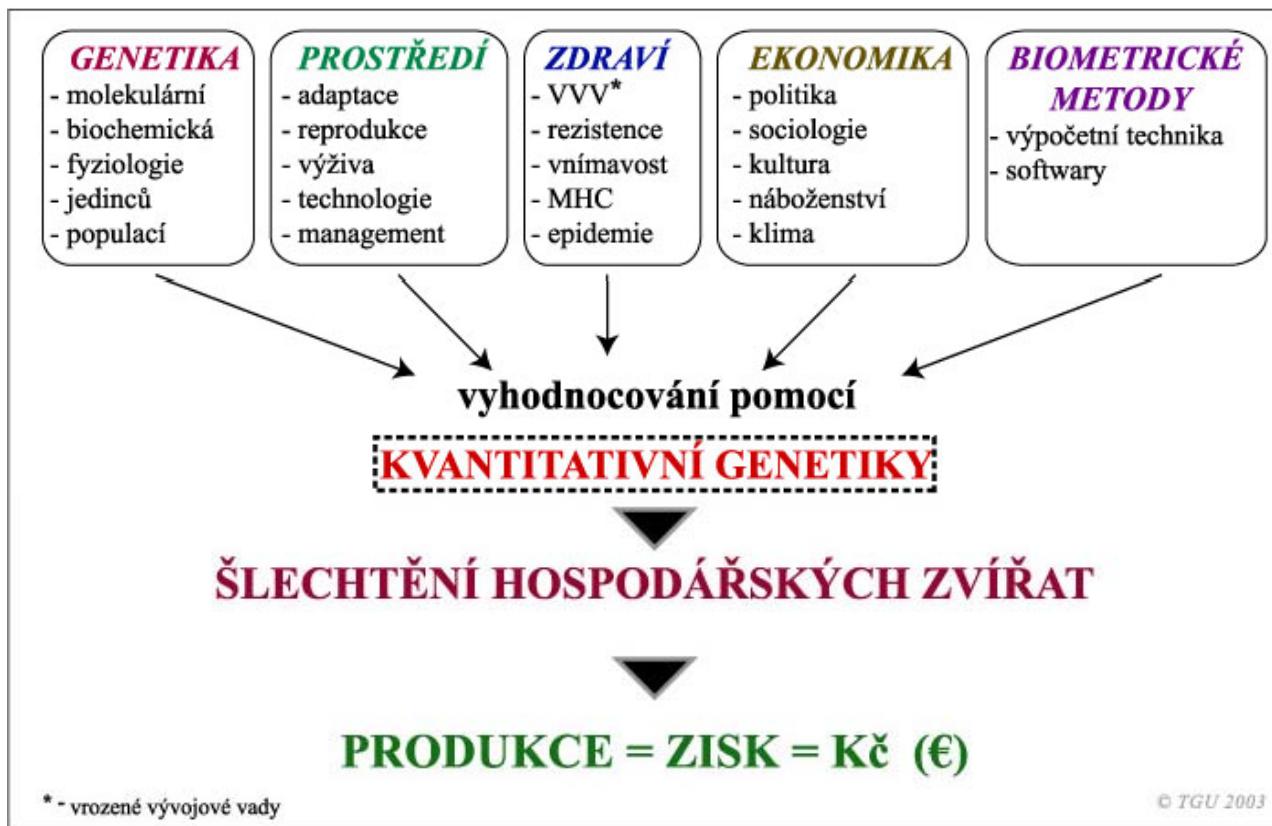
Je kvantitativní genetika „mrtvá“? --> zatím NE

- je však třeba opustit některé předpoklady, jako např. jednoduchou představu, že kvantitativní vlastnosti jsou podmíněny pouze velkým počtem lokusů s malým aditivním účinkem;
- kvantitativní genetika se začíná zaměřovat na vlastnosti s malým počtem lokusů, neaditivními genetickými efekty, nemendelisticou genetikou, ...
- Začleňují se genetické detaily o komplexních vlastnostech od molekulární a vývojové biologie (např. **MAS, genomická selekce**)

Kvantitativní genetika a fenotypová evoluce

- evoluce je primárně genetickým procesem > Studium evoluce pomocí genetických modelů
- kvantitativní genetika využívá statistiku aplikovanou na základní mendelistické principy rozšířené na polygenní vlastnosti a vyjádření je v termínech fenotypových průměrů a variancí
- většina kvantitativně genetických parametrů jsou odhadovány porovnáním fenotypů jedinců se známým stupněm příbuznosti
- idea - podobnost mezi příbuznými je funkcí stupně, kterým je fenotypový projev determinován podílejícími se geny v protikladu k náhodným prostřeďovým efektům
- kontrolovaná genetická analýza by měla být provedena se specifickým souborem příbuzných jedinců konkrétního věku ve specifických podmínkách prostředí
- to nelze dodržet - vyvíjejí se nové statistické procedury jako BLUP AM nebo REML pro genetické hodnocení jedinců
- kritika molekulárních biologů > „povrchnost“ kvantitativní genetiky
- **výhoda QG** - vysvětlí posun průměru a variance vlastností za selekce či inbridingu či předpověď společného projevu korelovaných vlastností

Šlechtění je ekonomicky výhodnější než prostá produkce živočišných produktů.



Faktory ovlivňující kvantitativní vlastnost

$$P = G + E$$

Genetické vlivy

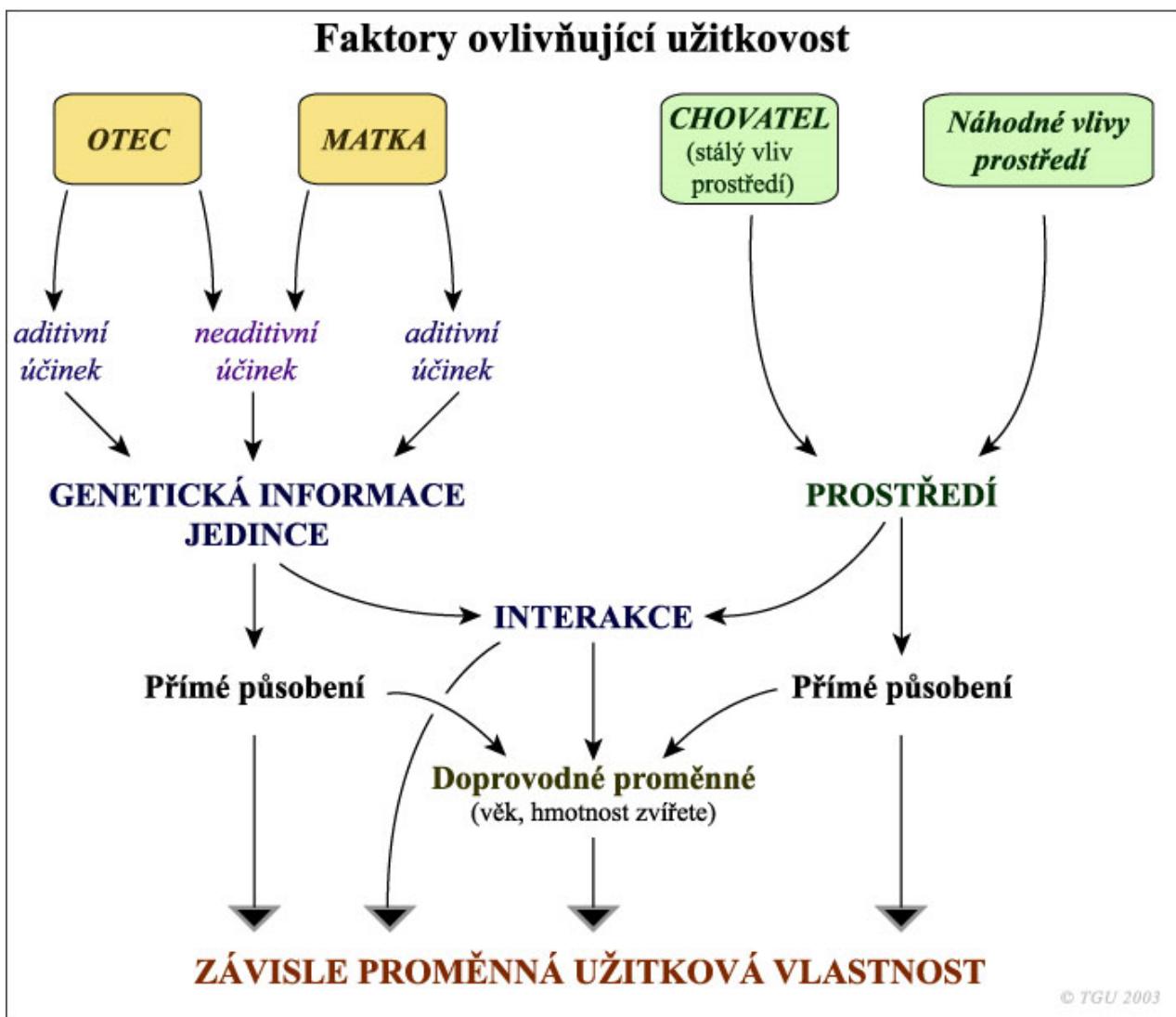
- genetickou hodnotu jedince, způsob křížení, způsob selekce, vliv plemene, ...

Systematické vlivy prostředí

- vliv *chovatele* (rok, sezóna, úroveň výživa, chov, stádo, umístění ve stáji, individuální péče, ...)

Náhodné nekontrolovatelné vlivy prostředí

- jejichž působení nelze kontrolovat, ovlivňovat ani předvídat



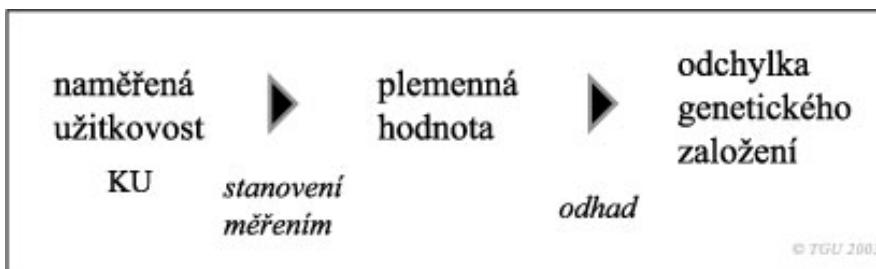
Plemenná hodnota a genetické založení

Kvantitativní charakter užitkových vlastností

Lze zjistit rozdíly mezi užitkovostmi způsobené různými genotypy

Tyto rozdíly jsou **odhadnutelné**

PH - odhad genetického založení jedince (jeho jedinečný genotyp) vyjádřené odchylkou v užitkové vlastnosti od průměru vrstevníků



Odhad plemenné hodnoty (OPH)

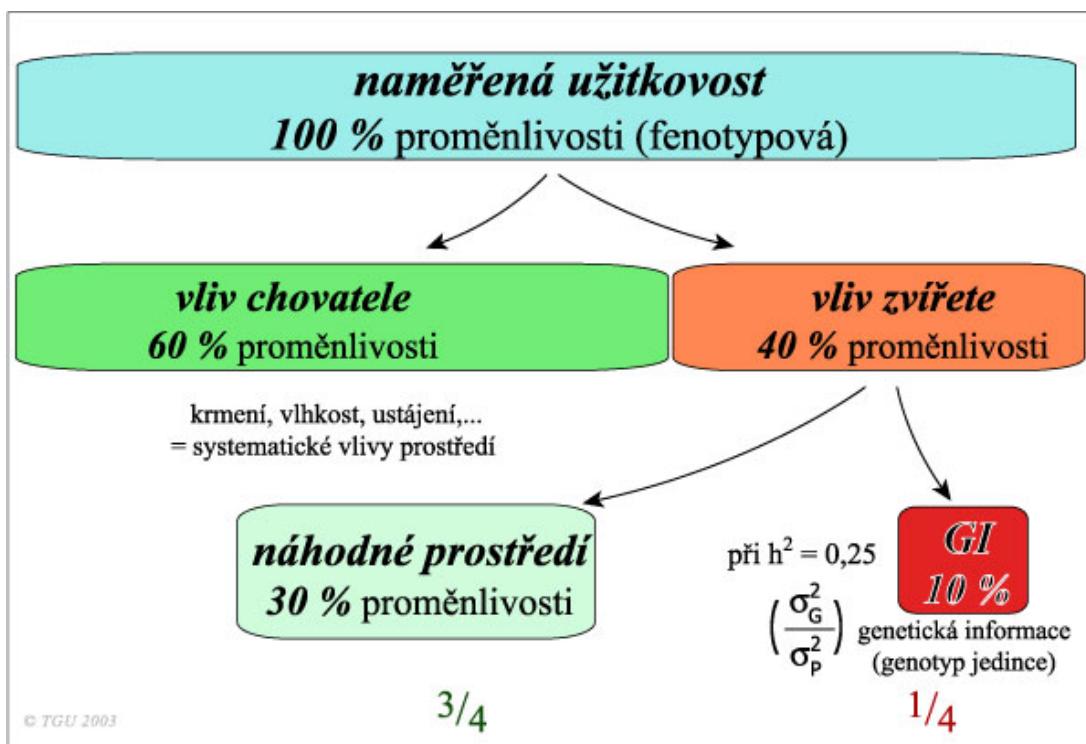
OPH je proces **ocíštění** genetických vlivů působících na užitkovost od činitelů **NEGENETICKÉ** povahy a vše ostatní „odstranit“ z vlivu

Na základě závisle proměnné užitkovosti chci odhadnout genetické založení jedince \Rightarrow testace zvířat a jejich matematické vyhodnocení

- stanovit přímý účinek genotypu jedince na vlastní užitkovost a to genů s **aditivním** účinkem

OPH – odhad odchylky genetického založení.

Kolik % proměnlivosti můžeme šlechtit ?



Šlechtění vychází z těchto hypotéz:

Předmětem není jedinec, ale populace.

Většina užitkových vlastností je determinována polygeny – kvantitativní vlastnosti.

Nepřenáší se z generace na generaci genotypy, ale geny (alely) pomocí gamet, jejichž spojením při oplození se vytváří nové genotypy u generace potomků.

Fenotyp kvantitativních vlastností je modifikován vlivy prostředí.

Výše hodnot genetického zlepšování a její odraz v ekonomickém zisku závisí na:

Genetickém založení vlastnosti, genetické variabilitě

Odhadu plemenné hodnoty jedinců a populací (genotypová hodnota)

Přesnost definování šlechtitelského cíle

Optimální využití populace a zvířat s vysokou PH