

Állattenyésztési Kutatóintézet és Számítógéppalkalmazási Kutató-
intézet

A POPGEN populációgenetikai információs rendszer

Eőry A., Klósz T., Ács I., Tarján P., Káldi T. és Pótczy P.

Alapfogalmak

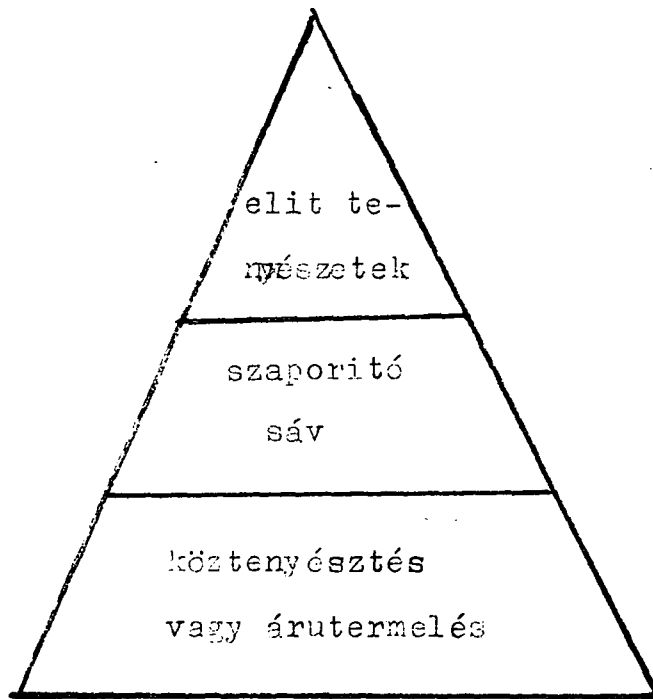
A populációgenetika szemléletmódjának fő jellemvonása, hogy az állategyedek vizsgálata helyett a teljes populációk genetikai analizisére és nemesítési eljárásainak fejlesztésére irányítja a tenyésztők figyelmét. Genetikai szempontból populációnak tekintjük az állatállományt akkor, ha tagjai egymás között párosodnak és bizonyos mértékű genotipusos és rendszerint fenotipusos hasonlóságot mutatnak. Ez az a hasonlóság, amely a szóban forgó állományt többé-kevésbé határozottan elhatárolhatóvá teszi. (Dohy, 1973.)

A populáció vizsgálata egyedei tulajdonságainak mérésével, vizsgálatával kezdődik. Sertések esetén - a POPGEN rendszer sertésállományok adataira épül - az állategyedek tulajdonságai örökölhetőség szempontjából 3 nagy csoportba oszthatók:

1. Kevésbé öröklődő tulajdonságok, mint pl. szaporaság (azaz malacsám), valamint a születéskori malac önsúly (un. alomsúly).
2. Közepesen öröklődő tulajdonságok, ide tartozik az állat takarmányértékesítése és növekedési erélye.
3. A jól öröklődő tulajdonságok közé tartozik az állat szalonnavastagsága, ezzel kapcsolatban a hus-zsír aránya stb.

Problémafelvetés

Az állattenyésztési viszonyokat jól jellemzi az un. tenyésztői piramis:



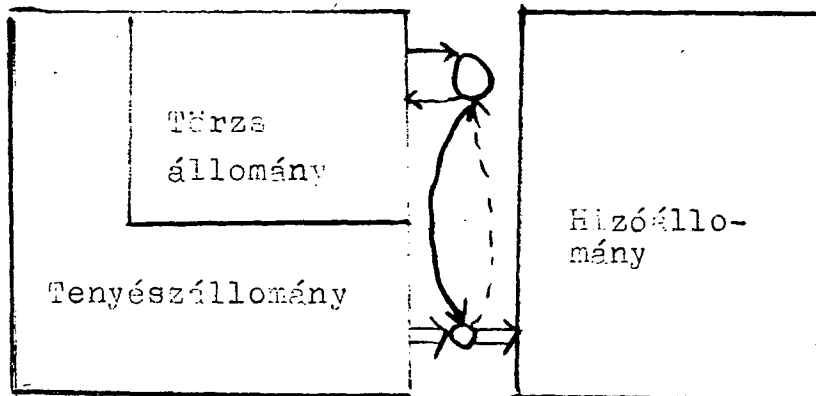
1. ábra

Az állattenyésztés szempontjait jellemző tenyésztői piramis

Hazánk tenyészállat-állománya viszonylag kisszámú elit-tenyészetben található, egy-egy telepen viszonylag nagy számban. Ez a tőkés viszonyokhoz képest is egyedülálló sajátosság lehetővé teszi nagy állatlétszámú populációk bevonását a genetikai nemesítő munkába. Nagy állatlétszámok esetén azonban nélkülözhetetlen egy populáció-genetikai számítógépes információs rendszer.

A fajsertés tenyészetek állománya funkció szerint három részre osztható. A fajok fenntartását hivatott szolgálni a törzsállomány. A tenyészállomány a levágott hizósertések utánpótlását biztosítja. Leselejtezett egyedei helyére a törzsállományból kerül utód. (2. ábra)

Bár a tenyésztői munkát csak a törzs- és tenyészállományon kell végezni, az itt nyilvántartott egyedek száma jelenleg már 1500.



2. ábra
A törzs-, tenyés- és hizóállomány kapcsolata

A POPGEN rendszer

Jelen előadásunk szorosan kapcsolódik az előzőekhez, mivel a POPGEN rendszer kialakításához, karbantartásához és lekérdezéséhez szükséges programrendszer kialakításával járó munkaráfordítást lecsökkentettük azzal, hogy a Számítógéptudományi Kutatóintézetrel együttműködve a MEDREK rendszerrel szerzett tapasztalatokat hasznosítottuk.

A POPGEN akárcsak a MEDREK archív rendszer. Ez azt jelenti, hogy az adatbázis egy dologra vonatkozó adatait vagy módosítani, vagy lekérdezni lehet. A két állapot közötti választóvonal az illető dologra vonatkozó adategyüttes lezárása. Természetesen esetenként ún. fiktív lezárást is alkalmazhatunk, így a tenyészállomány naprakész lekérdezésére is van lehetőség.

Bizonyára emlékszik a tisztelt Hallgatóság a megelőző előadásból, de a két évvel ezelőtt ugyanezen a kollokviumon elhangzott beszámolómban szerepelt már (Széphalmi et al., 1974, Lác et al. 1974) a klinikai MEDREK adatok típusának ismertetése (3. ábra).

Itt az eseménytípus együtt jelzi az adat típusát és értékét is.

Klinikai MEDREK	Beteg	forrás	dátum	jelző	esemény tip.	Megj.
--------------------	-------	--------	-------	-------	--------------	-------

POPGEN MEDREK	Állat	forrás	dátum	adatifajta	érték	megj.
------------------	-------	--------	-------	------------	-------	-------

3. ábra

A klinikai MEDREK és a POPGEN-MEDREK adatstruktúrája

A POPGEN rendszer esetében a szóbijöhető értékek nagy száma miatt az eseménytípust két részre bontottuk, az adatfajta és érték fogalmát kettéválasztottuk.

Ebbe a struktúrába épült be az az új jellemvonás, hogy rokon kapcsolatok állnak fenn az állategyedek között. Ezeknek a sokszor rendkívül szövevényes rokon kapcsolatoknak az értelmezése a megfelelő fogalmak bevezetésével történt.

A rendszer által értelmezhető fogalmak együttese a katalógus. Ugyancsak ismert az előző előadásból, hogy a katalógusban a forrás, adatfajta és érték fogalmai szerepelnek. A katalógusban szereplő fogalmak nem függetlenek egymástól, ezeket bizonyos kapcsolatok fűzik egymáshoz. A kapcsolatok közül a genetikus-specifikus (G-S) összefüggés a legfontosabb.

Lehetőségek

A POPGEN rendszer adatszolgáltatásait mindenekelőtt annak eldöntésére kívánjuk felhasználni, hogy a szóbijöhető populáció egyseges-e az egyes értékmérő tulajdonságokra nézve, vagy több-kisebb populáció összekeveredésével állunk szembe. Ez a feladat a tulajdon-ság-adatok gyakoriságvizsgálatát jelenti.

Ha a vizsgált populációnk homogén, a kiválasztott tulajdonságokra alapstatisztikákat kérünk, úgymint átlag, szórás, minimum és maximum értékeket.

A kiindulási és a következő generációk figyelembevételével most már kiszámíthatjuk az un. örökölhetőségi értéket (k^2), amely

egyféle értelmezésben a populációra jellemző utód-szülő regressziós koefficiens. Abban az esetben, ha mindkét szülő tulajdonságait ismerjük a k^2 kiszámításához a szülői tulajdonságok átlagát képezhetjük.

Az örökölhetőségi érték ismeretében számításokat kell végezni a tenyésztői genetikai előrehaladás becslésére. Ehhez mindezekelőtt a generáció intervallum kiszámítására van szükség:

$$G_1 = \frac{k_A + k_M}{2}$$

azaz a malac születésekor a kan és a koca életkorának (k_A és k_M) átlaga.

A tenyésztői feladat szabja meg az un. szelekciós intenzitás (I) értékét, amely pl. ha a 27 mm-es hátszalonna vastagságról le akarunk menni 24 mm-re egy generáció intervallum alatt, akkor kb. 10 %. Mindezek alapján a genetikai előrehaladás:

$$\Delta g = I \cdot h^2 \cdot \bar{X} / G_1$$

ahol \bar{X} az átlagos tulajdonság érték.

Mivel a gyakorlatban több tulajdonság vizsgálata alapján szelektálunk az egyes tulajdonságok súlyozásával egy un. szelekciós indexet kell megadni.

A POPGEN információs rendszer adatbázisa különböző sertésfajta elit tenyészetek adatait tartalmazza R-10-es számítógépen. Ezeknek az un. alapvonalaknak a homogenizálása a cél, ami megtérül azzal, hogy a belőlük kialakított tenyészhibrid is jobban homogenizálható.

Irodalom

- (1) Dohy, J.: Bevezetés a populációgenetikába (in: "A genetika alkalmazása az állattenyésztésben") MÉM Mérnök- és Vezető-továbbképző Intézet, Orsz. Állatteny. Felügy. Budapest, 1973.

- (2) Széphalmi, G., Kovács, F., Naszlady, A., Pótczy, P.: Fogalomrendszer és modell orvosi-egészségügyi információk kezelésére, Számítástechnikai és kibernetikai módszerek alkalmazása az orvostudományban és a biológiában, 5. Kollokvium, Szeged, 1974.
- (3) Lánc, M., Széphalmi, G., Torma, L.: Számítógépes kórházi kóresettár kialakító, karbantartó és lekérdező programrendszer, Számítástechnikai és kibernetikai módszerek alkalmazása az orvostudományban és a biológiában, 5. Kollokvium, Szeged, 1974.