

MYNS INSIENS

'n Basiese oorsig van vee-genomika

Deur prof Carina Visser, Departement Veekunde, Universiteit van Pretoria

Stoettelers, produsente en veekundiges word deesdae links en regs met die term 'genomika' gekonfronteer. Terme soos dié word egter nie aldag goed verstaan nie en dikwels in die verkeerde konteks gebruik. In hierdie artikel verduidelik ek graag hierdie vakwoord en gee 'n bietjie agtergrond oor die algemene beginsels van vee-genomika.

Genomika beskryf die wetenskap wat die begrip van genetica en geenfunksie bevorder – waar gene geleë is en hoe dit in vee en ander diere uitgedruk word. By plaasdiere stel ons veral belang in hoe gene diere se produksie, gesondheid, wel-syn, die gehalte van die produk en doeltreffendheid beïnvloed.

Om DNS- of genetiese inligting te bekom, moet diere gegenotipeer word. Genotiperings behels die monsterneming van bloed, weefsel, hare of semen van individuele diere. Die selle word met behulp van spesifieke ensieme 'opgebreek', wat navorsers toegang gee tot die DNS-materiaal (genoom) wat in die kern van elke sel is. Die genoom bevat al die nukleotiede en gene waaruit die DNS van die dier saamgestel is.

Verskillende DNS-merkers

Elke chromosoom bestaan uit reekse van vier nukleotiede (of basispare), naamlik adenien (A), sitosien (C), timien (T) en guanien (G). Binne 'n spesie bly die volgorde van die meeste van hierdie nukleotiede in die genoom dieselfde, maar daar is sekere plekke waar spesifieke variasies tussen diere voorkom. Dit word DNS-merkers genoem.

Twee verskillende DNS-merkers word algemeen vir die genotiperings van diere gebruik, naamlik mikrosatelliete en enkel-nukleotied polimorfismes (*single nucleotide polymorphisms* of SNP's).

'n Mikrosatellietmerker is 'n kort tandemherhaling van enkele nukleotiede – byvoorbeeld, een ram met vyf herhalings van CT, terwyl 'n ander ses herhalings van dieselfde volgorde sal hê. SNP, daarteenoor, beteken dat twee diere op een spesifieke punt in hul DNS verskillende nukleotiede sal hê.

SNP's vir genetiese vordering

Soos wat hierdie chromosome in 'n proefbuis losgemaak word, raak ongeveer drie miljard nukleotiede beskikbaar om 'gelees' of gegenotipeer te word. Natuurlik kan so 'n groot hoeveelheid data nie vir elke dier verwerk word nie.

Daarom is SNP-skyfies ontwikkel, waarop ons slegs diere genotipeer in die spesifieke genoom-areas waar bekende variasie voorkom. Die aantal SNP's wat per skyfie gegenotipeer word, wissel van lae-digtheid skyfies met 'n paar honderd SNP's, tot skyfies met 'n hoë digtheid waar meer as 600 000 liggings gelyktydig genotipeer kan word.

Die verskille tussen die toepassingswaarde van mikrosatelliete en SNP's is belangrik om te verstaan. 'n Dier word gewoonlik gegenotipeer vir minder as 30 mikrosatellietmerkers. Hierdie inligting kan gebruik word vir ouerskapverifikasie en bied 'n beperkte uitkyk op genetiese diversiteit. Hoewel dit 'n relatief goedkoop metode is, is die toepassingswaarde daarvan beperk.

SNP-inligting, daarteenoor, kan gebruik word vir ouerskapverifikasie, diversiteit- en intelingskattings, diagnostiese toetsing en genetiese verbetering deur genomiese seleksie. Hoewel dit duurder tegnologie is, is die toepassing daarvan heelwat wyer.

Genomiese seleksie (die kombinasie van SNP-genotiperings met beraamde teelwaardes) is tans die doeltreffendste manier om genetiese vordering te

bewerkstellig. Dit is afhanklik van 'n rasspesifieke verwysingspopulasie, wat gegenotipeerde diere met volledige fenotipiese en stamboominligting insluit.

Ná die ontwikkeling van hierdie verwysingspopulasie, kan genomies verrykte teelwaardes vir seleksiekandidate sonder fenotipiese rekords beraam word. Dit beteken dat diere op 'n baie jonger ouderdom akkuraat geselekteer kan word, wat 'n korter generasie-interval en vinniger genetiese vordering beteken.

Bedryfspesifieke hindernisse

Daar is wel 'n paar uitdagings in die kleinveebedryf. Oor die algemeen word minder geld wêreldwyd in navorsing oor kleinvee belê as met beeste. Dit beteken dat minder SNP-skyfies en minder digte versamelings met beperkte diagnostiese toetse beskikbaar is. Omdat die prys van SNP-genotiperings van vraag afhang, beteken minder navorsing ook hoër pryse vir dié tegnologie.

Laastens kan verwysingspopulasies vir genomiese seleksie slegs vasgestel word as daar genoeg diere met akkurate teelwaardes vir die spesifieke eienskappe is. Die geringe vlak van deelname aan aantekeningsskemas en gepaardgaande beperkte akkurate fenotipiese rekords, bied 'n uitdaging vir die implementering van genomiese seleksie by kleinvee.

Maar ten spyte van dié struikelblokke, is genomika hier om te bly. Die kleinveebedryf moet die geleentheid benut om die nuutste tegnologie te gebruik vir doeltreffende produksie en om mededingend te bly in 'n uitdagende bedryf. **VP**

Vir meer inligting, stuur 'n epos aan prof Carina Visser by carina.visser@up.ac.za.