



21. AUGUST

NR. 372

### Genmarkører med indflydelse på kvægets kødproduktionsevne

*P. H. Petersen*

*Husdyrbrugsinstituttet, KVL*

*Bent Larsen*

*Afdelingen for fysiologi, endokrinologi og blodtypeforskning, KVL*

*B. Bech Andersen*

*Afdelingen for forsøg med kvæg og får, SH*

Den traditionelle kvægavl baseres på kendskab til arvens generelle indflydelse på individernes produktionsevne, men uden kendskab til enkeltgenerne. Gennem bestemmelsen af blod- og proteintyper kan enkelte geners indflydelse på produktionsegenskaberne vurderes.

For RDM og SDM er der foretaget en undersøgelse af 6 blodtype- og 2 proteintypesystemers indflydelse på 7 kødproduktionsegenskaber hos 1060 tyrekalve efter 113 tyre.

Medens arven generelt bestemmer 20–90% af forskellene mellem individerne for de omtalte egenskaber ( $h^2 = 0,2-0,9$ ), så bidrager de undersøgte blodtype- og proteintypesystemer (genmarkører) kun med 0–10% af den totale forskel ( $h^2_{MG} = 0,0-0,1$ ). Dertil kommer, at bidragene fra de enkelte markørsystemer i mange tilfælde er forskellige for RDM og SDM. På denne baggrund kan det ikke på nuværende tidspunkt anbefales at anvende de undersøgte markørsystemer i forbindelse med selektionen af avlsdyr.

Projektet er gennemført med støtte fra Statens Jordbrugs- og Veterinærvidenskabelige Forskningsråd.

Avlsarbejdet har primært til formål at frembringe en forbedring af individernes produktionsevne i kvægpopulationerne. Dette sker gennem identificering (avlsværdiurdering) og selektion af de genetisk bedste individer, der derefter anvendes som forældre til næste generation af avls- og produktionsindivider. Avlsværdiurdering og selektion for produktionsevne har traditionelt

været baseret på en generel vurdeing af de arvelige forskelle mellem individerne. Den arvelige andel af totalvariationen udtrykkes ved arvbarheden (heritabiliteten). Uden kendskab til de enkelte arveanlæg (gener) og disses indflydelse på vækstevnen er det eksempelvis fundet, at ca. 60% af forskellene i den målte tilvækst hos tyrekalvene på individprøven er arveligt betinget ( $h^2 = 0,6$ ).

Der har gennem tiderne været gjort mange forsøg på at identificere de enkelte gener og deres

indflydelse på nedarvningen af de kvantitative produktionsegenskaber. Gennem bestemmelsen af blodtyper blev der åbnet nye muligheder for disse studier. En af de tidligste undersøgelser gennemførtes af Neimann-Sørensen og Robertson (1961), der udviklede statistisk-genetiske metoder til vurdering af blodtypernes indflydelse på mælkeproduktionsegenskaberne. Senere har Smith (1967) vist, hvorledes det kan vurderes, om enkeltgenernes bidrag til de genetiske forskelle mellem individerne kan udnyttes ved avlsværdi-vurderingen og selektionen af avlsdyr.

### Identificering af enkeltgener

Gennem bestemmelse af blod- og proteintyper kan nogle af individernes enkeltgener identificeres. For hver af de kendte blodtypesystemer kan en eller flere faktorer således identificeres. For systemer, hvor en faktor er identificeret, vil der være individer med denne faktor i dobbeltdosis, enkeltdosis eller uden faktoren, afhængig af om individet har modtaget faktoren fra begge forældre, en af forældrene eller ingen af forældrene. For mange af systemerne vil individer med faktorerne i dobbeltdosis og individer med faktoren i enkeltdosis ikke kunne adskilles ved en blodtypebestemmelse på individerne selv. Dette svarer til, at det ene allel (gen fra den ene af forældrene) dominerer over det andet. I systemer med flere faktorer vil der i de fleste tilfælde ligeledes forekomme dominans, således at alle genotyper ikke kan adskilles. Eksempelvis vil M/M genotypen ikke kunne adskilles fra M/- genotypen i M-blodtypesystemet, og man kan derfor kun identificere fænotyperne med (M/M og M/-) og uden (-/-) faktoren. Med kendskab til en eller begge forældrenes blodtyper er det dog muligt at identificere nogle af M/- individerne. Er faderen således af typen -/- og afkommet i besiddelse af M-faktoren, kan afkommet ikke være af typen M/M, men må være af typen M/-.

De biokemiske egenskaber, der betinger opdelingen i blodtypefaktorer og proteintyper, og som udviser en simpel nedarvning, betinget af enkeltgener, benævnes *genetiske markører* eller *genmarkører* (GM).

### Beregning af genetisk variation

Beregningen af heritabiliteten baseres på forskellene mellem afkomsgrupper på afkomsprøven eller individprøven. Individerne i disse halv-søskendegrupper vil i gennemsnit have en fjerdedel af deres gener tilfælles fra faderen, og ved statistiske analyser er det muligt at beregne, hvor stor en andel af variationen mellem individerne der er genetisk betinget, det vil sige heritabiliteten.

Gennem identifikationen af fæno- eller genotyper kan individerne opdeles i 3 til flere grupper for hver blod- eller proteintypesystem svarende til opdelingen i afkomsgrupper på grundlag af identifikationen af fædrene. I lighed med den før omtalte statistiske analyse af afkomsgruppeforskellene er det muligt at beregne, hvor stor en andel af variationen i f.eks. daglig tilvækst, der kan tilskrives forskellene mellem grupperne i de enkelte blod- og proteintypesystemer. Under forudsætning af at de identificerede genmarkører har en sand indflydelse på produktionsegenskaben, bestemmes denne indflydelses størrelse gennem den statistiske analyse.

### Materialer og metoder

Siden 1967 har der været gennemført afkomsprøver for kødproduktion på EGTVED. For alle tyrekalvene i disse prøver er der foretaget blodtypebestemmelse ligesom enkelte proteintypesystemer er bestemt. I nærværende undersøgelse indgår 542 SDM- og 508 RDM tyrekalve efter henholdsvis 59 SDM og 54 RDM tyre, hvis kødproduktionsresultater er publiceret i Statens Husdyrbrugsforsøgs beretninger for prøveårene 1971-1976/77. Relationen mellem kødproduktionsegenskaberne og 6 blodtype- og 2 proteintypesystemer er undersøgt (tabel 1).

Den statistiske model for beregning af den fænotypiske varians og heritabiliteten for kødproduktionsegenskaberne omfattede afprøvningsår og afkomsgruppe inden for prøveår, hvorved årsforskelle elimineredes.

Modellen for den fuldstændige statistiske analyse af markørsystemerne omfattede foruden prøveår og afkomsgrupper de 8 anførte blod- og proteintypesystemer samt A-blodtypesystemet

**Tabel 1. Oversigt over frekvens af polymorfe blod- og proteintypesystemer for RDM og SDM i materialet**

| System:                  |     | Blodtyper      |      |      |      |      | Proteintyper |      |      |
|--------------------------|-----|----------------|------|------|------|------|--------------|------|------|
| Symbol:                  |     | F              | L    | M    | Z    | R'   | T'           | Am   | Ca   |
| Allel <sub>1</sub>       |     | F <sub>1</sub> | L    | M    | Z    | R'   | T'           | B    | A    |
| Allel <sub>2</sub>       |     | V <sub>1</sub> | -    | -    | -    | S'   | -            | C    | B    |
| Frekvens <sub>1</sub> *) | RDM | 0,96           | 0,02 | 0,22 | 0,12 | 0,50 | 0,02         | 0,87 | 0,45 |
|                          | SDM | 0,80           | 0,22 | 0,09 | 0,21 | 0,11 | 0,04         | 0,38 | 0,25 |

\*) Frekvens<sub>2</sub> = 1 - Frekvens<sub>1</sub>

og transferrintypesystemet. I dette tilfælde inkluderedes prøveår, afkomsgrupper og de to sidstnævnte systemer for at eliminere en eventuel påvirkning fra disse. Ved den endelige analyse udelades de systemer, hvor effekten på produktionsegenskaberne måtte antages at være uden betydning ( $P > 0,20$ ).

Genmarkørsystemernes indflydelse på produktionsegenskaberne blev beregnet som den andel af den fænotypiske varians, der kunne tilskrives disse systemers additive effekt (Petersen, 1979), hvilket udtrykkes som GM-heritabiliteten,  $h^2_{GM}$ .

### Resultater

De estimerede fænotypiske spredninger, heritabiliteter og GM-heritabiliteterne samt de genmarkørsystemer, der bidrog til  $h^2_{GM}$  fremgår af tabel 2.

Medens de fænotypiske spredninger stort set er ens for de to racer, er der for flere af egenskaberne en markant forskel mellem de beregnede her-

itabiliteter. For tilvækstegenskaberne og foderforbruget er heritabiliteterne for RDM lavere end de fælles estimerer for de to racer (Andersen et al. 1977), medens heritabiliteten for procent fedt i kødet for SDM til gengæld er højere end tidligere fundet (Andersen et al. 1977).

Den arvelige variation, der kan tilskrives genmarkørerne, ligger generelt på 1-4% ( $h^2_{GM} = 0,01-0,04$ ) for de enkelte egenskaber. Undtagelsen er kødfarve hos RDM ( $h^2_{GM} = 0,10$ ). Forholdet  $h^2_{GM}/h^2$  udtrykker, hvor stor en del af den genetiske variation, der beskrives af genmarkørerne. For foderforbrug og kødfarve hos RDM er forholdet henholdsvis 20 og 18%, medens det for de øvrige egenskaber ligger på 1 til 10%.

For de enkelte egenskaber har 2 til 5 af de 8 genmarkørsystemer bidraget til den genetiske variation. For kødfarve hos RDM har Z-blodtypesystemet og Ca-proteintypesystemet således bidraget til variationen. Det skal tilføjes, at Z-systemets bidrag er ti gange større end Ca-systemets bidrag.

**Tabel 2. Skøn over fænotypisk spredning, heritabilitet ( $h^2$ ), genmarkørheritabilitet ( $h^2_{GM}$ ) samt de tilsvarende genmarkørsystemer for RDM og SDM**

|               | RDM        |       |            |           | SDM        |       |            |              |
|---------------|------------|-------|------------|-----------|------------|-------|------------|--------------|
|               | $\sigma_p$ | $h^2$ | $h^2_{GM}$ | GM-syst.  | $\sigma_p$ | $h^2$ | $h^2_{GM}$ | GM-syst.     |
| Daglig tilv.  | 88         | 0,241 | 0,015      | Z,R'      | 85         | 0,616 | 0,020      | M,R',T'      |
| Nettotilv.    | 50         | 0,204 | 0,018      | Z,R'      | 50         | 0,424 | 0,043      | M,R',T'      |
| F.e./kg tilv. | 0,25       | 0,206 | 0,041      | L,Z,R',Ca | 0,22       | 0,362 | 0,037      | L,R',T',Am   |
| Pistolpct.    | 1,12       | 0,562 | 0,015      | T',Am     | 1,27       | 0,318 | 0,012      | F,M,T',Am,Ca |
| Kødfarve      | 1,07       | 0,555 | 0,102      | Z,Ca      | 1,13       | 0,480 | 0,021      | M,Am         |
| % fedt i kød  | 0,32       | 0,191 | 0,009      | M,Am      | 0,25       | 0,777 | 0,011      | Am,Ca        |
| Kødkonsist.   | 2,67       | 0,462 | 0,001      | Am        | 3,86       | 0,928 | 0          |              |

## Diskussion

Ved sammenligning af den enkelte egenskab hos de to racer bemærkes, at det i høj grad er forskellige markørsystemer, der har bidraget til  $h^2_{GM}$ . Dertil kommer, at forskellen mellem de 2 alleler inden for et givet system i flere tilfælde er modsat rettede for de to racer. Det må derfor fastslås, at flere uafhængige undersøgelser er påkrævede, før der kan drages endelige konklusioner med hensyn til markørsystemernes indflydelse på kødproduktionsegenskaberne.

For de egenskaber, der kan måles på de levende individer inden kønsmodenhed såsom vækstrate og foderforbrug, vil anvendelsen af genmarkørsystemer med heritabiliteter ( $h^2_{GM}$ ) af den fundne størrelsesorden ikke kunne bidrage væsentligt til en mere effektiv selektion i forbindelse med individprøven.

For kødkvalitetsegenskaber, der ikke kan registreres på det levende individ, vil en selektion baseret på markørsystemer hos det unge individ kunne fremskynde selektionen. Imidlertid vil en selektion baseret på en heritabilitet af størrelsesordenen,  $h^2_{GM} = 0,01 - 0,10$ , være meget ineffektiv. Dertil kommer, at selektion på grundlag af et markørsystem vil medføre en forskydning i genfrekvensen med en hurtig eliminering af de ugunstige genotyper til følge. Dermed vil selektionsmuligheden være udtømt for dette system.

På trods af de ringe bidrag til den genetiske varians for kødproduktionsegenskaberne, som genmarkørerne har vist i denne undersøgelse, er fortsatte undersøgelser yderst relevante. Der findes således til stadighed nye markørsystemer, som kunne være af interesse. Desuden tyder erfaringer fra husdyravlen, specielt fjerkræavlen, på at med ændring af produktionsniveauet træder nye gener i funktion og bidrager til den genetiske variation. Dette betyder, at markørsystemer, der tilsyneladende er uden betydning i dag, kan blive af praktisk værdi senere.

## Referencer

- Andersen, B. Bech, Th. Lykke, Kr. Kousgaard, L. Buchter & J. Wismer Pedersen, 1977. 453. ber. Statens Husdyrbrugsforsøg.
- Neimann-Sørensen, A. & A. Robertson, 1961. The association between blood groups and several production characteristics in three Danish breeds. *Acta Agric. Scand.* 11, 163-196.
- Petersen, P. H. 1979. Gene markers as a tool in animal breeding, with special reference to cattle breeding. Internord. Post Graduate course. 11 pp.
- Smith, C. 1967. Improvement of metric traits through specific genetic loci. *Anim. Prod.* 9, 349-358.