



Poročilo o vrednotenju podatkov na strokovnih nalogah v govedoreji za prvo polletje 2021

Poročilo pripravili:

izr. prof. dr. Klemen Potočnik
Vladimir Štepec
mag. Jurij Krsnik
doc. dr. Gregor Gorjanc
doc. dr. Marija Klopčič
viš. pred. mag. Marko Čepon
doc. dr. Mojca Simčič
Barbara Luštrek mag. inž. zoot.

Domžale, julij 2021

KAZALO VSEBINE

	str.
1	KLJUČNI Poudarki rezultatov dela 6
1.1	Komentar k poročilu..... 6
1.2	Napovedovanje genetskih vrednosti..... 6
1.3	Širjenje genetskega napredka 6
1.3.1	Ohranjanje genetske variabilnosti 7
1.3.2	Preprečevanje parjenja v sorodstvu 7
1.4	Razvojno raziskovalne naloge s področja izvajanja rejskih programov za potrebe STRP 8
1.4.1	Genotipizacija – genomska selekcija..... 8
1.4.2	Preverjanje rezultatov genomske selekcije na tuji referenčni populaciji pri mesnih pasmah 9
1.5	Objava rezultatov 9
2	NAPOVEDOVANJE GENETSKIH VREDNOSTI - ocenjevanje genetskih vrednosti, skladiščenje in organizacija plemenskih vrednosti, razvoj in vzdrževanje aplikacij za analize in preglede podatkov 9
2.1	Genetske spremembe, preprečevanje parjenja v sorodstvu in ohranjanje genetske variabilnosti 10
2.1.1	Parametri enačb mešanega modela za HOL populacijo 11
2.1.2	Genetske spremembe za HOL populacijo 12
2.1.3	Parametri enačb mešanega modela za BSW populacijo..... 14
2.1.4	Genetske spremembe za BSW populacijo..... 14
2.1.5	Parametri enačb mešanega modela za SIM populacijo 17
2.1.6	Genetske spremembe za SIM populacijo 17
2.2	Agregatni genotip, vključevanje novih lastnosti v selekcijsko delo, ocenjevanje genetskih vrednosti, ocena ekonomskih tež 20
3	RAZVOJNO RAZISKOVALNE NALOGE 20
3.1	Genotipizacija - genomska selekcija 20
3.2	Interbull 21
4	OBJAVA PODATKOV - Podatkovno skladišče (PS)..... 22

KAZALO PREGLEDNIC

	str.
Preglednica 1: Spremembe genetske variabilnosti pri HOL populaciji	7
Preglednica 2: Spremembe genetske variabilnosti pri BSW populaciji.....	7
Preglednica 3: Spremembe genetske variabilnosti pri SIM populaciji	7
Preglednica 4: Število ocen PV po izračunih glede na populacijo izračuna PV, spol in uradnost ocene.....	10
Preglednica 5: Število ocen PV po lastnostih glede na spol in uradnost ocene za HOL populacijo	10
Preglednica 6: Število ocen PV po lastnostih glede na spol in uradnost ocene za BSW populacijo	10
Preglednica 7: Število ocen PV po lastnostih glede na spol in uradnost ocene za SIM populacijo	10
Preglednica 8: Število ocen PV po lastnostih glede na spol in uradnost ocene za CIK populacijo	10
Preglednica 9: Število ocen PV po lastnostih glede na spol in uradnost ocene za MES populacijo	10
Preglednica 10: Število ocen PV po lastnostih glede na spol in uradnost ocene za populacijo ČBK.....	10
Preglednica 11: Število ocen PV po lastnostih glede na spol in uradnost ocene za populacijo RJK.....	10
Preglednica 12: Število ocen PV po lastnostih glede na spol in uradnost ocene za populacijo LIK	10
Preglednica 13: Parametri izračuna PV za HOL populacijo	12
Preglednica 14: Parametri izračuna PV za BSW populacijo.....	14
Preglednica 15: Parametri izračuna PV za SIM populacijo	17

KAZALO GRAFOV

	str.
Graf 1: Genetski trendi plemenskih bikov skupaj in ločeno po izvoru (SVN in tuji) za lastnost kg mleka/dan	12
Graf 2: Genetski trendi po spolu za lastnosti mlečnosti – dnevna kontrola.....	12
Graf 3: Genetski trendi po spolu za oceno zunanosti prvesnic – okvir.....	13
Graf 4: Genetski trendi po spolu za oceno zunanosti prvesnic – oblika	13
Graf 5: Genetski trendi po spolu za oceno zunanosti prvesnic – noge	13
Graf 6: Genetski trendi po spolu za oceno zunanosti prvesnic – vime	13
Graf 7: Genetski trendi po spolu za oceno zunanosti prvesnic – seski	13
Graf 8: Genetski trendi po spolu za oceno zunanosti prvesnic – ostalo.....	13
Graf 9: Genetski trendi po spolu za plodnost.....	14
Graf 10: Genetski trendi po spolu za fitnes.....	14
Graf 11: Genetski trendi po spolu za indekse	14
Graf 12: Genetski trendi plemenskih bikov skupaj in ločeno po izvoru (SVN in tuji) za lastnost kg mleka/dan	15
Graf 13: Genetski trendi po spolu za lastnosti mlečnosti – dnevna kontrola.....	15
Graf 14: Genetski trendi po spolu za oceno zunanosti prvesnic – okvir.....	15
Graf 15: Genetski trendi po spolu za oceno zunanosti prvesnic – oblika	16

Graf 16: Genetski trendi po spolu za oceno zunanosti prvesnic – noge	16
Graf 17: Genetski trendi po spolu za oceno zunanosti prvesnic – vime	16
Graf 18: Genetski trendi po spolu za oceno zunanosti prvesnic – seski	16
Graf 19: Genetski trendi po spolu za plodnost	16
Graf 20: Genetski trendi po spolu za fitnes	16
Graf 21: Genetski trendi po spolu za indekse	17
Graf 22: Genetski trendi plemenskih bikov skupaj in ločeno po izvoru (SVN in tuji) za lastnost kg mleka/dan	18
Graf 23: Genetski trendi po spolu za lastnosti mlečnosti – dnevna kontrola	18
Graf 24: Genetski trendi po spolu za ocena zunanosti prvesnic – okvir	18
Graf 25: Genetski trendi po spolu za oceno zunanosti prvesnic – oblika	18
Graf 26: Genetski trendi po spolu za oceno zunanosti prvesnic – noge	18
Graf 27: Genetski trendi po spolu za oceno zunanosti prvesnic – vime	19
Graf 28: Genetski trendi po spolu za oceno zunanosti prvesnic – seski	19
Graf 29: Genetski trendi po spolu za plodnost	19
Graf 30: Genetski trendi po spolu za fitnes	19
Graf 31: Genetski trendi po spolu za indekse	19
Graf 32: Genetski trendi po spolu za lastnosti prirast v direktnem testu	19

RAZLAGA KRATIC

a	aditivni genetski vpliv
BSW	Brown Swiss (rjava) populacija
CBV	klasična PV (na fenotipskih vrednostih)
CHA	šarole pasma
CIK	cikasta pasma
ČB	črno-bela pasma
ČBK	križanke s ČB
D	uradna ocena (Uradnost - v preglednicah in grafih)
DEA	nemški sistem izračuna genomskih PV za SIM populacijo
DGV	direktna genomsko PV
DK	dnevne kontrole
DMT	doba med telitvama
e	ostanek - z modelom nepojasnen del variabilnosti na obravnavano lastnost
F	ženski spol (v preglednicah in grafih)
GEBV	genomska PV (angl.)
GPV	genomska PV
H	vpliv hleva
h^2	dednostni delež
HOL	holštajn (črno-bela) populacija
HY	vpliv interakcije hleva in leta
IBM	indeks beljakovin in maščob
IB IG	mednarodni izračun genomskih PV na Interbull-centru
IB MACE	mednarodni izračun klasičnih PV na Interbull-centru
IB INTERBEEF	mednarodni izračun klasičnih PV na Interbull-centru za mesne pasme
LI	lisasta pasma
LIK	populacija gospodarskih križancev lisaste pasme z mesnimi pasmami
LIM	limuzin pasma
Log	logaritem
M	moški spol (v preglednicah in grafih)
MB	montbeliard pasma
Max	največja vrednost
MES	populacija mesnih pasem (limuzin in šarole)
Min	najmanjša vrednost
N	neuradna ocena (Uradnost - v preglednicah in grafih)
N	število meritev
Ost	križanke
Pe	vpliv stalnega okolja
Povp	povprečje oz. aritmetična sredina
PS	podatkovno skladišče
PV	plemenska vrednost
PV12	standardizirana plemenska vrednost
RED	pasma rdeči holštajn
RJ	rjava pasma
RJK	križanke z RJ
SD	standardni odklon
SIM	simentalska (lisasta) populacija
ssGBLUP	single-step genomski BLUP
SSI	skupni selekcijski indeks ali agregatni genotip
Urea	sečnina

1 KLJUČNI Poudarki Rezultatov Dela

V tem poglavju na kratko predstavljamo ključne poudarke obdelav in izračunov podatkov za aktualno obdobje. V nadaljevanju sledijo standardizirani pregledi, ki predstavljajo rezultate dela na področju obdelav podatkov za potrebe STRP pri govedu.

1.1 Komentar k poročilu

V predmetnem obdobju smo nadaljevali z uvedbo genomske selekcije v prakso. Z redno genotipizacijo smo doslej zbrali genotipe okoli 14000 živali vseh pasem. To je še vedno premajhno število za vzpostavitev referenčnih populacij za nacionalni genomski izračun GPV. Dodatna vira genotipov, ki bosta omogočila uvedbo nacionalnega izračuna GPV pri RJ in ČB pasmi sta projekt EIP (ki predvideva genotipizacijo okoli 8000 živali iz slovenskih populacij) in že vzpostavljeni mednarodni genomski izračun IB IG za BSW (dostopnih okoli 40000 genotipov tujih živali). V letu 2021 smo v okviru EIP pridobili okoli 1700 genotipov RJ pasme in okoli 3400 HOL pasme.

Pri ČB pasmi nadaljujemo s sodelovanjem v rutinskem mednarodnem genomskem izračunu (IB IG HOL), z mesnimi pasmami (CHA LIM) pa v rutinskem mednarodnem izračunu za mesne pasme IB INTERBEEF.

Pomemben del razvoja predstavlja nadaljevanje uvajanja metode za lastni genomski izračun. Gre za metodo, ki je bila razvita s pomočjo več projektov na mednarodni ravni in s katero je mogoče upoštevati več virov podatkov na način, da so pridobljeni rezultati zadovoljivo točni. Z uvedbo te metodologije bo omogočen lastni nacionalni genomski izračun (posledično bo možno tudi sodelovanje v GMACE izračunu pri Interbull centru), ki bo poleg bikov prinesel tudi GPV za krave.

Pri nacionalnem genomskem izračunu se nadaljuje testna faza s podatki, ki so trenutno na voljo. Rezultati validacije nacionalnega genomskega izračuna z uporabo omenjene metode pri slovenski BSW populaciji so prikazani v objavi [Luštrek in sod., 2021](#).

1.2 Napovedovanje genetskih vrednosti

Za potrebe primerjave bikov na Interbull-centru nadaljujemo z napovedovanjem genetskih vrednosti.

Prvi letošnji rutinski mednarodni izračun PV na Interbull-centru je bil izveden v aprilu. Slovenija je s plemenskimi vrednostmi za bike pasme ČB, RJ in LI sodelovala pri sklopih [proizvodnih lastnosti](#), [telesnih lastnosti](#) (ČB, RJ), [zdravja vimena](#), [dolgoživosti](#) in [iztoka mleka](#) (ČB, RJ).

Za presojo izračuna ocenjujemo korelacije med aktualnim in predhodnim izračunom; trenutno ocenjeni korelacijski koeficienti za gospodarsko pomembne lastnosti so zelo visoki, kar potrjuje konsistentnost metodologije izračunov plemenskih vrednosti na vseh ravneh.

1.3 Širjenje genetskega napredka

Za prenos informacij in spodbude k uporabi kakovostnega genetskega materiala skrbimo s prikazovanjem genetskih trendov ter z [objavami](#) v slovenskih in tujih revijah ter prispevki na različnih srečanjih. Z namenom izboljšanja kakovosti slovenske reje in prireje govedi sodelujemo tudi na posvetih o aktualnih tematikah na mednarodnem področju (IB

INTERBEEF, IB IG za RJ in ČB, GenoEx – PSE in GenoEx – GDE; ICAR – Mednarodni komite za kontrolo proizvodnje).

Genetski napredek populacij goveda v Sloveniji je odraz selekcijskega dela na vseh nivojih. Najlažje si predstavljamo genetski napredek, če je prikazan v grafični obliki. Za vsako posamezno lastnost in vse indekse so genski trendi oz. genetske spremembe ocenjene in v grafični obliki predstavljene v nadaljevanju po populacijah (BSW, SIM, HOL).

1.3.1 Ohranjanje genetske variabilnosti

Zaradi kontinuitete izračunavanja PV preverjamo parametre disperzije med katerimi je najpomembnejša genetska variabilnost. Za ta parameter prikazujemo ocene genetske standardne deviacije za zadnji 2 leti in razliko med njima. To prikazujemo za posamezne proizvodne in sekundarne lastnosti pri HOL, BSW in SIM populaciji. Vrednosti lastnosti mlečne kontrole so podane za standardno laktacijo.

Preglednica 1: [Spremembe genetske variabilnosti pri HOL populaciji](#)

Preglednica 2: [Spremembe genetske variabilnosti pri BSW populaciji](#)

Preglednica 3: [Spremembe genetske variabilnosti pri SIM populaciji](#)

Pri večini lastnosti za vse populacije v zadnjem polletju je opaziti pozitivno spremembo variabilnosti, kjer najbolj izstopa lastnost Prirast v direktnem testu. Manjše negativne spremembe variabilnosti so prisotne le pri manjšem številu lastnosti, med katerimi najbolj izstopa Potek telitve (direktni) za BSW populacijo.

Okoliške dejavnike ocenjujemo, vendar njihova navedba ni vključena v objavo rezultatov rutinskega izračuna; njihove ocene podajamo na zahtevo. Splošni genetski trend je pozitiven, kar pomeni, da se je v zadnjem polletju variabilnost plemenskih vrednosti nekoliko povečala. To razložimo z dejstvom, da v izračunu nastopa več živali in izračun vključuje večje število podatkov (za eno leto).

1.3.2 Preprečevanje parjenja v sorodstvu

Po posameznih populacijah je izdelan grafičen prikaz za vse živali in inbridirane posebej. Slike prikazujejo povprečno stopnjo inbridinga pri živalih ločenih po letniku rojstva. Rdeča črta označuje začetek obdobja petih let, nad njo pa je zapisana povprečna letna sprememba stopnje inbridinga v sledečem obdobju. Letni pregled nudi boljši vpogled v dejansko stanje kot polletni pregled. Delež inbridiranih živali glede na leto rojstva se pri vseh populacijah povečuje. Povečanje je delno odraz popolnejšega porekla mlajših živali.

Delež inbridiranih živali pri [HOL](#) populaciji se zadnja leta zmanjšuje, povprečni inbriding v celotni populaciji za zadnjih 5 let pa se povečuje, medtem ko se povprečni inbriding pri inbridiranih živalih zmanjšuje. Za inbridirane živali velja, da so zadnji letniki rojstva v povprečju manj inbridirani od starejših, k čemur pripomore tudi relativno visok delež osemenjevanja s tujimi biki.

Trend povečanja povprečnega inbridinga je pri [BSW](#) populaciji pozitiven. Trend, prikazan za celo populacijo zadnjih letnikov rojstva je bolj izrazit kot trend, prikazan za inbridiran del populacije. V zadnjih letih se delež inbridiranih živali povečuje, velikost populacije pa zmanjšuje zato je izrazit pozitiven trend pričakovan.

Trend povečanja povprečnega inbridinga je v celotni [SIM](#) populaciji pozitiven, vendar podatki za zadnja leta kažejo nekoliko zmanjšanje velikosti populacije kot tudi števila inbridiranih živali in posledično manj izrazit pozitivni trend. Tudi v inbridiranem delu populacije povprečen inbriding za zadnje letnike rojstva in povprečen inbriding za petletno obdobje naraščata.

1.4 Razvojno raziskovalne naloge s področja izvajanja rejских programov za potrebe STRP

1.4.1 Genotipizacija – genomska selekcija

Razvijamo sistem za nacionalni izračun genomskih PV (GPV), ki vključuje:

A. vzpostavitev nacionalne referenčne populacije za RJ in ČB pasmo

Viri genotipov so redna genotipizacija slovenskih živali (predvsem krave), projekti (npr. EIP) in genotipi dostopni preko mednarodnih izračunov (IB IG).

Področje genotipizacije opisujejo sledeči pregledi:

- [splošen pregled genotipizacij](#)
- [katalogi PV z rezultati analize monogenih lastnosti](#)
- [rezultati analize monogenih lastnosti](#)
- [povzetek rezultatov za vse populacije in pasme skupaj ter ločeno](#)

B. vpeljavo trenutno aktualne metode izračuna GPV (ssGBLUP)

Metoda za izračun GPV, razvita v sodelovanju s tujimi raziskovalci ([Vandenplas in sod. 2017](#)), je prirejena za uporabo na majhnih populacijah in pri napovedovanju PV sočasno upošteva vse dostopne informacije (ssGBLUP):

- podatke nacionalnega izračuna (poreklo, fenotip)
- genotipske podatke
- rezultate mednarodnega izračuna klasičnih PV (MACE).

Na ta način dopolni podatke zbrane na nacionalnem nivoju s podatki sorodnih živali tujega izvora, ki ne sodelujejo v nacionalnem izračunu saj njihovi podatki niso prosto dostopni ter s tem poveča obseg informacij in omogoči bolj zanesljivo napoved GPV.

V nacionalni izračun GPV sta vključena mednarodna izračuna IB IG (dodatni vir genotipov) in MACE (pseudo fenotip).

IB IG sistem napovedi mednarodnih genomskih PV kot vir fenotipskih podatkov uporablja deregresirane mednarodne PV (MACE). Slednje posredno vključujejo vse informacije uporabljene v obstoječih nacionalnih izračunih PV vseh vključenih držav, ki temeljijo na nacionalnih fenotipskih podatkih.

Metoda za nacionalni izračun GPV v postopku izračuna genomske PV izključuje podvojene podatke na nivoju posamezne živali ter s tem omogoči nepristrano napoved dejanske PV in njene zanesljivosti. Višja zanesljivost pomeni večjo podobnost prave in napovedane PV in služi kot informacija o kakovosti napovedane PV ter s tem o kakovosti presoje dejanskega genetskega potenciala.

Dana metoda torej nadgradi nacionalni izračun PV, ki temelji na podatkih o fenotipu in sorodstvu v izračun genomskih PV ter s korektnim upoštevanjem podatkov zagotovi bolj zanesljivo napoved PV. Posledično omogoča tudi zanesljivejše in sočasno rangiranje vseh

kategorij živali – bikov, krav in mladih živali. Metoda je računsko zelo zahtevna, zato je za posamezen izračun potrebna velika kapaciteta strojne opreme.

Smo v fazi testiranja nacionalnega izračuna GPV za RJ in ČB pasmo, ki bo z domačo selekcijo vseh živali na osnovi GPV dopolnil obstoječi mednarodni izračun IB IG. Trenutno razpolagamo z IB IG DGV in GPV za genotipizirane bike, za genotipizirane krave pa na osnovi IB IG sami izračunavamo DGV.

Situacija pri LI pasmi je drugačna. Sodeluje v nemškem mednarodnem genomskem izračunu DEA SIM, kjer se vključuje samo s poreklom in genotipi.

1.4.2 Preverjanje rezultatov genomske selekcije na tuji referenčni populaciji pri mesnih pasmah

Rejske organizacije v tujini so se nekoliko bolj zaprle (po implementaciji nove uredbe EU o reji živali) in niso pripravljene brezplačno opraviti testiranja za nas tuje referenčne populacije. Ostajamo polnopravni člani InterBeef konzorcija v okviru katerega sodelujemo pri aktivnostih s ciljem vzpostavitve mednarodne referenčne populacije za mednarodni genomski izračun, kamor bi se vključili z našima populacijama LIM in CHA.

1.5 Objava rezultatov

Poleg vseh rezultatov, ki so organizirani v [podatkovnem skladišču](#), so tu dostopne tudi [objave](#), s katerimi skrbimo za publikacijo in promocijo rejskega dela.

Strokovno javnost, rejce in selekcijske službe servisiramo s specifičnimi željami po analizah, prikazih in izpisih rezultatov.

2 NAPOVEDOVANJE GENETSKIH VREDNOSTI - ocenjevanje genetskih vrednosti, skladiščenje in organizacija plemenskih vrednosti, razvoj in vzdrževanje aplikacij za analize in preglede podatkov

Celoten postopek napovedovanja plemenskih vrednosti se deli na: zajem podatkov iz centralne baze, kontrola podatkov, nastavitve matrik za izračun sistema enačb pripadajočega statističnega modela, izračun enačb, priprava rezultatov za kontrolo, kontrola rezultatov. Sledi objava rezultatov – podatkovno skladišče ter posredovanje rezultatov napovedovanja plemenskih vrednosti v INTERBULL-center za mednarodno primerjavo bikov in posredovanje vseh rezultatov v centralno podatkovno zbirko, ki se vodi pri Kmetijskem inštitutu Slovenije. Vsak cikel poteka po vnaprej določenih terminih, glede na časovni program usklajen glede potreb nacionalnih odbir in koledarjem INTERBULL-centra.

Rezultati so prikazani po populaciji, izvoru izračuna in tipu PV.

Populacije:

1. HOL populacija zajema ČB pasmo goveda in pasmo RED
2. BSW populacija zajema RJ pasmo goveda
3. SIM populacija zajema LI pasmo goveda ter križance s pasmama RED in MB
4. CIK populacija zajema cikasto pasmo goveda

5. MES populacija zajema pasmi goveda limuzin in šarole

Izvor izračuna:

1. SVN = nacionalni izračun PV
2. IB = mednarodna primerjava PV
3. IB IG = mednarodni izračun genomskih PV za BSW in HOL populacijo
4. IB INTERBEEF = mednarodni izračun PV za MES populacijo
5. DEA = mednarodni izračun genomskih PV za SIM populacijo

Tip PV:

1. CBV = klasična PV
2. GEBV = genomska PV (angl.) / GPV = genomska PV (slo.)
3. DGV = direktna genomska PV

Preglednica 4 prikazuje število napovedanih plemenskih vrednosti po rednih nacionalnih klasičnih izračunih PV v tekočem letu glede na populacijo izračuna PV, spol in uradnost ocene. Skupaj je bilo v treh rednih nacionalnih klasičnih izračunih ocenjenih več kot 50 mio plemenskih vrednosti, od teh je več kot 70 % s statusom uradne ocene.

Preglednica 4: [Število ocen PV po izračunih glede na populacijo izračuna PV, spol in uradnost ocene](#)

Preglednice od 5 do 12 prikazujejo število ocenjenih PV po lastnostih za različne populacije v zadnjem uradnem rednem izračunu PV glede na uradnost ocene in spol.

Preglednica 5: [Število ocen PV po lastnostih glede na spol in uradnost ocene za HOL populacijo](#)

Preglednica 6: [Število ocen PV po lastnostih glede na spol in uradnost ocene za BSW populacijo](#)

Preglednica 7: [Število ocen PV po lastnostih glede na spol in uradnost ocene za SIM populacijo](#)

Preglednica 8: [Število ocen PV po lastnostih glede na spol in uradnost ocene za CIK populacijo](#)

Preglednica 9: [Število ocen PV po lastnostih glede na spol in uradnost ocene za MES populacijo](#)

Preglednica 10: [Število ocen PV po lastnostih glede na spol in uradnost ocene za populacijo ČBK](#)

Preglednica 11: [Število ocen PV po lastnostih glede na spol in uradnost ocene za populacijo RJK](#)

Preglednica 12: [Število ocen PV po lastnostih glede na spol in uradnost ocene za populacijo LIK](#)

2.1 Genetske spremembe, preprečevanje parjenja v sorodstvu in ohranjanje genetske variabilnosti

Pri presoji genetskih sprememb je potrebno upoštevati, da je generacijski interval pri govedu relativno dolg, kar pomeni, da se bodo rezultati današnjega selekcijskega dela odrazili v praksi čez približno 5 let. Torej so prikazani rezultati plod selekcijskega dela izpred 10 in več let. Nekoliko smo skrajšali le generacijski interval pri BSW populaciji. To je posledica uvedbe genomske selekcije, ki pa se izvaja v manjši meri, kot bi bilo možno. Posledično se generacijski interval skrajšuje samo v delu populacije, kjer pretežno uporabljajo genomske testirane bike.

Genomska selekcija po ženski strani je kljub večjemu zanimanju v letu 2016 še vedno skromna, zato po ženski strani še ne moremo govoriti o skrajšanju generacijskega intervala.

Za zadnje letnike rojstva genetskih sprememb ni smiselno presojati, saj jih zastopajo živali, ki so prezgodaj začele s produktivnim obdobjem, ali pa so ga prezgodaj zaključile.

Genetske spremembe prikazujemo na skali standardiziranih plemenskih vrednosti (PV12). Na absolutni skali je genetske spremembe težko komentirati, ker je za vsako lastnost posebej pomembno v kakšnih enotah se jo navaja in kakšna je genetska osnova. Slednja se pogosto spreminja. V primeru PV12 je razlaga genetskih sprememb enostavnejša, saj pri vseh lastnostih velja, da vrednost 100 predstavlja povprečje populacije, standardni odklon pa ima vrednost 12. Tako npr. vrednost 112 pomeni, da ima – od živali s to vrednostjo za izbrano lastnost ~ 16 % živali v obravnavani populaciji večjo plemensko vrednost, pri vrednosti 124 pa je živali z večjo PV12 v isti populaciji le dobra 2 %.

Za lažjo predstavo interpretiranih sprememb pogledajmo en primer: v letih od 1990 do 2005 je dosežen napredek en standardni odklon. To pomeni, da bi bila povprečna žival letnika rojstva 2005 s to genetsko vrednostjo v letniku rojstva 1990, zelo dobra (le približno 16 % živali rojenih leta 1990 bi bilo boljših).

Genetske spremembe predstavljamo po spolu, spremembe za ženski spol predstavljajo hkrati tudi spremembe populacije. Število ženskih živali namreč predstavlja večinski del populacije. Bikov je po letniku rojstva zelo malo (izjema so lastnosti, kjer se meritve opravljajo na teletih). To pravilo je še bolj izrazito za zadnje prikazane letnike rojstva. Biki pri lastnostih, kjer se meritve opravljajo na potomcih (progeni test), pridobijo napoved plemenske vrednosti 2 do 3 leta po rojstvu prve generacije njihovih potomcev. Praviloma, ko najmlajše hčere postanejo krave. Takrat so testirani biki stari 5 do 6 let.

Na učinkovitost selekcije in posledično na genetske spremembe vpliva več dejavnikov, poleg intenzivnosti selekcije in generacijskega intervala tudi variabilnost ter dedni delež lastnosti. Slednja parametra sta ključna pri presoji genetskih sprememb, saj je lastnosti z večjim dednostnim deležem moč hitreje spreminjati. Za lažjo interpretacijo genetskih sprememb pri vsaki populaciji pred prikazom le teh predstavljamo ocenjene parametre posameznih lastnosti, ki so bile uporabljene pri zadnjem izračunu v letu 2018.

2.1.1 Parametri enačb mešanega modela za HOL populacijo

Pri vrednotenju genetskih sprememb je pomembno poznati genetsko variabilnost in dednostni delež posamezne lastnosti. Preglednica 13 prikazuje navedene parametre za zadnji nacionalni izračun plemenskih vrednosti in število živali, ki so izpolnile kriterij za uradnost ocene.

Pri dvo- in več-lastnostnih modelih je potrebno upoštevati, da so med lastnostmi ocenjene tudi kovariance. Zaradi obsežnosti navajamo le standardne deviacije plemenskih vrednosti in dednostne deleže, ki so tudi eden od pomembnih omejitvenih dejavnikov, če govorimo o genetskem napredku.

Standardne deviacije so prikazane na skali, ki je enaka meritvam vključenim v napovedovanje plemenskih vrednosti. Dednostni delež pa predstavlja delež genetske variance glede na celotno variabilnost posamezne lastnosti.

Preglednica 13: Parametri izračuna PV za HOL populacijo

2.1.2 Genetske spremembe za HOL populacijo

Za potrebe izvajanja selekcijskega programa se za osemenjevanje uporablja tako seme bikov domače selekcije (biki rojeni v Sloveniji – SVN), kot seme tujih bikov za namen osemenjevanja elitnih krav (bikovskih mater) in oplemenjevanje populacije.

Spodnji grafikoni predstavljajo razlike v doseženem genetskem napredku skupaj ter glede na uporabo domačih in tujih bikov za lastnost količina mleka na kontrolni dan. Na prvi pogled zaznamo štiri ključne ugotovitve:

1. domači biki imajo konstantnejši genetski trend,
2. tuji biki v povprečju dosegajo višje napovedi plemenskih vrednosti
3. število domačih bikov v osemenjevanju je večje od števila tujih bikov. Zlasti pri zadnjih letnikih rojstva bikov je prisotnost tujih bikov izjema, kar nakazuje, da se uvaža predvsem seme starejših bikov.
4. tuji biki imajo v povprečju večje število potomk.

S poznavanjem razmer je kritična presoja nekoliko drugačna:

1. Domači biki predstavljajo celotno populacijo bikov odbranih tako za naravni pripust kot za osemenjevanje, torej gre za vse bike vključene v razmnoževanje in ne le pozitivno testirane bike.
2. Tuji biki so odbrani glede na visoke plemenske vrednosti, torej gre le za pozitivno testirane bike.
3. V zadnjih letih se število uporabljenih tujih bikov močno zmanjšuje, povečuje pa se število osemenitev z enim bikov, kar lahko privede do izgube genetske variabilnosti.
4. Tuji biki se praviloma uporabljajo v velikih čredah z večjo prirejo; tako so njihovi rezultati lahko precenjeni, saj so meritve zbrane le na čredah z večjo prirejo in ne na celotni populaciji, kot je to primer pri domačih bikih.
5. Prikazana je le lastnost količina mleka, ki nima več dominantnega statusa v selekciji. Zelo pomembne so postale oz. postajajo lastnosti, ki se nanašajo na kakovost mleka in prirejo v življenski dobi; za razmere v delu Evrope kamor sodi tudi Slovenija pa postajajo vse pomembnejše tudi lastnosti, ki omogočajo prirejo mleka pretežno iz voluminozne krme.

Graf 1: Genetski trendi plemenskih bikov skupaj in ločeno po izvoru (SVN in tuji) za lastnost kg mleka/dan

Graf prikazuje tudi število bikov po letniku rojstva in povprečno število hčera po teh bikih. Izrazit padec povprečnega števila hčera po biku je po letniku rojstva bika 2005 in 2006, ob tem niha in se zmanjšuje tudi število bikov. Premajhno število kontroliranih hčera po biku vpliva, da se ocena plemenske vrednosti ne približa dejanski plemenski vrednosti oz., da je točnost take ocene majhna.

V nadaljevanju so prikazane genetske spremembe po sklopih lastnosti za celotno populacijo.

Graf 2: Genetski trendi po spolu za lastnosti mlečnosti – dnevna kontrola

Pri HOL populaciji je pričakovan velik genetski napredek pri lastnostih mlečnosti, saj imajo te lastnosti veliko ekonomsko težo pri izračunu agregatnega genotipa. V zadnjih desetih letnikih rojstva krav je opazen velik genetski napredek zlasti pri lastnostih količina mleka, beljakovin in maščob. Podobno seveda velja tudi za indeks beljakovin in maščob. Zaradi dolgoletnega pozitivnega genetskega trenda pri teh lastnostih, je za vse mlajše letnike rojstva povprečje nad povprečjem populacije.

Glede na povečevanje ekonomskih tež pri lastnosti vsebnost beljakovin v primerjavi s vsebnostjo maščobe v začetku tega stoletja, je možno razložiti tudi genetske spremembe za te dve lastnosti. Relativni pomen vsebnosti maščobe v razmerju do vsebnosti beljakovin se je zmanjšal iz 1:2 na 1:4. Tako je za vsebnost maščobe opazen rahel negativni trend, pri vsebnosti beljakovin pa kljub negativni korelaciji s količino mleka, majhen a pozitiven genetski trend.

Graf 3: Genetski trendi po spolu za oceno zunanosti prvesnic – okvir

Pri HOL populaciji je za vse lastnosti izražen pozitiven genetski trend za obravnavano obdobje. To pomeni, da imajo živali iz generacije v generacijo večji okvir in posledično večjo konzumacijsko sposobnost, kar je tudi eden izmed rejskih ciljev.

Graf 4: Genetski trendi po spolu za oceno zunanosti prvesnic – oblika

Za sklop lastnosti oblike je pri posameznih lastnostih selekcijski cilj zmanjšati variabilnost. Povprečne plemenske vrednosti živali po letnikih rojstva se gibljejo okoli povprečja, kar je pričakovano.

Graf 5: Genetski trendi po spolu za oceno zunanosti prvesnic – noge

Podobno kot za lastnosti oblike, velja tudi za lastnosti nog. Pričakovano je, da so genetske spremembe minimalne, genetski trend pa ni izražen. V primeru HOL populacije opazimo le pozitiven genetski trend za kot parklja, kar pomeni, da imajo mlajše živali genetski potencial za večji kot parklja ter za skupno oceno nog. Ta razlika je na absolutni skali relativno majhna, saj je genetska standardna deviacija za parklje 2 do 3-krat manjša v primerjavi z ostalimi opisovanimi lastnostmi.

Graf 6: Genetski trendi po spolu za oceno zunanosti prvesnic – vime

Genetske spremembe za lastnosti vimena, ocenjevane pri prvesnicah, kažejo pozitiven genetski trend. To je razumljivo in skladno z relativno velikimi ekonomskimi težami za te lastnosti pri izračunu agregatnega genotipa. Nekoliko manjši genetski napredek kot pri večini lastnosti iz sklopa vime je dosežen pri lastnosti globina vimena. To je možno razložiti s tem, da ima vime, ki je višje pripeto v povprečju nekoliko manjšo kapaciteto – volumen, kar predstavlja omejitvev z vidika prireje večje količine mleka.

Graf 7: Genetski trendi po spolu za oceno zunanosti prvesnic – seski

Za lastnosti seskov veljajo podobne zakonitosti, kot za lastnosti oblike. Za lastnost dolžina seskov kažejo genetske spremembe v smer krajših seskov. Pri namestitvi seskov pa v smer namestitve seskov bolj skupaj.

Graf 8: Genetski trendi po spolu za oceno zunanosti prvesnic – ostalo

Genetski trend za lastnost kot in prožnost reber je vseskozi pozitiven, kar je v skladu z rejskim ciljem ČB pasme, saj si želimo krav, ki imajo dobro izražen t.i. mlečni karakter, katerega

predstavlja lastnost prožnost reber. Še posebej pri temperamentu so opazna velika nihanja med posameznimi letniki rojstva bikov v prikazanem obdobju kar je, poleg majhnega števila bikov po posameznem letniku rojstva, tudi posledica spremnjanja definicije spremljanja te lastnosti in nekaj letna prekinitev spremljanja te lastnosti.

Za lastnosti vezane na robustnost so trendi pozitivni in konstantni.

Graf 9: [Genetski trendi po spolu za plodnost](#)

Pri lastnostih plodnosti lahko vidimo pozitiven trend pri starosti ob prvi telitvi in minimalne spremembe pri lastnosti doba med telitvama (DMT). V prvem primeru gre za genetsko spremembo v smeri zgodnejše obrejitve, ki ima za posledico prvo telitev ob nižji starosti. Doba med telitvama se genetsko v obravnavanem obdobju ni spremenila. To je dobro, saj smo zadržali genetski potencial za to lastnost plodnosti kljub negativni korelaciji z lastnostmi mlečnosti, ki odražajo pozitivni genetski trend.

Graf 10: [Genetski trendi po spolu za fitnes](#)

Za lastnosti v sklopu fitnes so pri HOL populaciji opazne majne pozitivne spremembe za lastnosti iztok mleka, somatske celice in dolgoživost. Za ostale lastnosti ne moremo govoriti o trendih.

Graf 11: [Genetski trendi po spolu za indekse](#)

Genetske spremembe za skupni selekcijski indeks in indeks telesnih lastnosti izkazujejo pozitiven trend. To pomeni, da se je HOL populacija v obravnavem obdobju pozitivno genetsko spremenila v skladu z rejskimi cilji, ki so vključeni v oceno agregatnega genotipa – skupnega selekcijskega indeksa.

2.1.3 Parametri enačb mešanega modela za BSW populacijo

Kot smo že omenili, je pri vrednotenju genetskih sprememb pomembno poznati genetsko variabilnost in dednostni delež posamezne lastnosti. Preglednica 14 prikazuje navedene parametre za zadnji nacionalni izračun plemenskih vrednosti in število živali, ki so izpolnile kriterij za uradnost ocene.

Pri dvo- in več-lastnostnih modelih je potrebno upoštevati, da so med lastnostmi ocenjene tudi kovariance. Zaradi obsežnosti navajamo le standardne deviacije plemenskih vrednosti in dednostne deleže, ki so tudi eden od pomembnih omejitvenih dejavnikov, če govorimo o genetskem napredku.

Standardne deviacije so prikazane na skali, ki je enaka meritvam vključenim v napovedovanje plemenskih vrednosti. Dednostni delež pa predstavlja delež genetske variance glede na celotno variabilnost posamezne lastnosti.

Preglednica 14: [Parametri izračuna PV za BSW populacijo](#)

2.1.4 Genetske spremembe za BSW populacijo

Za potrebe izvajanja selekcijskega programa se za osemenje uporablja tako seme bikov domače selekcije (biki rojeni v Sloveniji – SVN), kot seme tujih bikov za namen osemenjanja elitnih krav (bikovskih mater) in oplemenjevanje populacije.

Spodnji grafikoni predstavljajo razlike v doseženem genetskem napredku skupaj ter glede na uporabo domačih in tujih bikov za lastnost količina mleka na kontrolni dan. Na prvi pogled zaznamo štiri ključne ugotovitve:

1. domači biki imajo konstantnejši genetski trend,
2. tuji biki v povprečju dosegajo nekoliko večje napovedi plemenskih vrednosti
3. število domačih bikov v osemenjanju je bistveno večje od števila tujih bikov
4. tuji biki se uporabljajo v povprečju pri višji starosti kot domači biki

S poznavanjem razmer je kritična presoja nekoliko drugačna:

1. Domači biki predstavljajo celotno populacijo bikov odbranih tako za naravni pripust kot za osemenje, torej gre za vse biki vključene v razmnoževanje in ne le pozitivno testirane biki.
2. Tuji biki so odbrani glede na visoke plemenske vrednosti, torej gre le za pozitivno testirane biki.
3. V zadnjih letih se število uporabljenih tujih bikov močno zmanjšuje, število osemenitev z enim bikom za nekatera leta pa je zelo veliko, kar lahko privede do izgube genetske variabilnosti.
4. Prikazana je le lastnost količina mleka, ki nima več dominantnega statusa v selekciji. Zelo pomembne so postale oz. postajajo lastnosti, ki se nanašajo na kakovost mleka in prirejo v življenjski dobi, za razmere v delu Evrope kamor sodi tudi Slovenija pa postajajo vse pomembnejše tudi lastnosti, ki omogočajo prirejo mleka pretežno iz voluminozne krme.

Graf 12: Genetski trendi plemenskih bikov skupaj in ločeno po izvoru (SVN in tuji) za lastnost kg mleka/dan

Graf prikazuje tudi število bikov po letniku rojstva in povprečno število hčera po teh bikih. Izrazit padec povprečnega števila hčera po biku je po letniku rojstva bika 2004, ob tem niha in se zmanjšuje tudi število bikov. Premajhno število kontroliranih hčera po biku vpliva, da se ocena plemenske vrednosti ne približa dejanski plemenski vrednosti oz., da je točnost take ocene majhna.

Graf 13: Genetski trendi po spolu za lastnosti mlečnosti – dnevna kontrola

Pri BSW populaciji je pričakovan genetski napredek pri lastnostih mlečnosti, saj imajo te lastnosti veliko ekonomsko težo pri izračunu agregatnega genotipa. V zadnjih desetih letnikih rojstva krav je opazen genetski napredek zlasti pri lastnostih količina mleka, beljakovin in maščob. Podobno seveda velja tudi za indeks beljakovin in maščob. Zaradi dolgoletnega pozitivnega genetskega trenda pri teh lastnostih je povprečje vseh mlajših letnikov rojstva nad povprečjem populacije.

S povečevanjem ekonomskih tež pri lastnosti vsebnost beljakovin v primerjavi s vsebnostjo maščobe v začetku tega stoletja je možno razložiti tudi genetske spremembe za te dve lastnosti. Relativni pomen vsebnosti maščobe v razmerju do vsebnosti beljakovin se je zmanjšal iz 1:2 na 1:4. Tako za vsebnost maščobe ni opazen trend, pri vsebnosti beljakovin pa kljub negativni korelaciji s količino mleka, majhen a pozitiven genetski trend.

Graf 14: Genetski trendi po spolu za oceno zunanosti privesnic – okvir

Pri BSW populaciji je za vse lastnosti okvirja izražen pozitiven genetski trend za obravnavano obdobje. To pomeni, da imajo živali iz generacije v generacijo večji okvir in posledično večjo konzumacijsko sposobnost, kar je tudi eden izmed rejskih ciljev.

Izjema je lastnost širina spredaj, kjer se kaže rahel negativni trend v populaciji.

Graf 15: Genetski trendi po spolu za oceno zunanosti prvesnic – oblika

Za lastnosti oblike je pri posameznih lastnostih selekcijski cilj zmanjšati variabilnost. To pomeni, da imajo živali posamezne lastnosti izražene manj ekstremno oziroma bliže povprečju, kar je skladno z rejskim ciljem. V tem sklopu je prikazana še lastnost, ki se nanaša na okvir - dolžina križa, za katero je viden pozitiven trend.

Graf 16: Genetski trendi po spolu za oceno zunanosti prvesnic – noge

Podobno kot za lastnosti oblike velja tudi za lastnosti nog. Pričakovano je, da so genetske spremembe minimalne, genetski trend pa ni izražen. V primeru BSW populacije opazimo pozitiven genetski trend le za skupno oceno noge, kar pomeni, da imajo mlajše živali genetski potencial za bolj zaželene lastnosti nog. Ta razlika je na absolutni skali relativno majhna, saj je genetska standardna deviacija za to lastnost zelo majhna v primerjavi z ostalimi opisovanimi lastnostmi.

Graf 17: Genetski trendi po spolu za oceno zunanosti prvesnic – vime

Genetske spremembe za lastnosti vimena, ocenjevane pri prvesnicah, kažejo pozitiven genetski trend. To je razumljivo in skladno z relativno velikimi ekonomskimi težami za te lastnosti pri izračunu agregatnega genotipa. Nekoliko manjši genetski napredek kot pri večini lastnosti iz sklopa vime je dosežen pri lastnosti dno vimena. To je možno razložiti s tem, da ima vime, ki ima dno višje, v povprečju nekoliko manjšo kapaciteto – volumen, kar je omejitev pri prireji večje količine mleka. Podobno velja za lastnost globina vimena. Globina centralne vezi (nova definicija stare lastnosti centralna vez) ima majhen a pozitiven trend, ki je enak staro definirani lastnosti.

Graf 18: Genetski trendi po spolu za oceno zunanosti prvesnic – seski

Za lastnosti seskov veljajo podobne zakonitosti kot za lastnosti oblik. Za lastnost dolžina in debelina seskov kažejo genetske spremembe v smer krajših in tanjših seskov. Pri namestitvi seskov pa v smer namestitve seskov bolj skupaj.

Graf 19: Genetski trendi po spolu za plodnost

Pri lastnostih plodnosti lahko vidimo pozitiven trend pri starosti ob prvi telitvi in minimalne spremembe pri lastnosti doba med telitvama. V prvem primeru gre za genetsko spremembo v smeri zgodnejše obrejitve, ki ima za posledico prvo telitev ob nižji starosti. Doba med telitvama se genetsko v obravnavanem obdobju ni spremenila. To je dobro, saj smo zadržali genetski potencial za to lastnost plodnosti kljub negativni korelaciji z lastnostmi mlečnosti, ki odražajo pozitiven genetski trend.

Graf 20: Genetski trendi po spolu za fitnes

Za lastnosti v sklopu fitnes so pri BSW populaciji opazne majhne genetske spremembe. Pri lastnosti omišičenost je nakazan negativni trend, kar je pričakovano glede na intenzivno selekcijo na lastnosti mlečnosti v zadnjih dveh desetletjih.

Graf 21: [Genetski trendi po spolu za indekse](#)

Genetske spremembe za skupni selekcijski indeks ter indeksa telesnih lastnosti izkazujejo pozitiven trend. To pomeni, da se je BSW populacija v obravnavem obdobju pozitivno genetsko spremenila gledano skupno glede na rejske cilje. Napredka oz. genetskih sprememb za agregatni genotip za kombinirano prirejo v populaciji ni. To je razumljivo saj so te genetske spremembe ocenjevane na delu populacije, ki se uporablja za prirejo mleka. V tem delu populacije je tako pričakovano, da se selekcija izvaja na lastnosti povezane z gospodarnejšo prirejo mleka.

2.1.5 Parametri enačb mešanega modela za SIM populacijo

Kot smo že omenili, je pri vrednotenju genetskih sprememb pomembno poznati genetsko variabilnost in dednostni delež posamezne lastnosti. Preglednica 15 prikazuje navedene parametre za zadnji nacionalni izračun plemenskih vrednosti in število živali, ki so izpolnile kriterij za uradnost ocene.

Pri dvo- in več-lastnostnih modelih je potrebno upoštevati, da so med lastnostmi ocenjene tudi kovariance. Zaradi obsežnosti navajamo le standardne deviacije plemenskih vrednosti in dednostne deleže, ki so tudi eden od pomembnih omejitvenih dejavnikov, če govorimo o genetskem napredku.

Standardne deviacije so prikazane na skali, ki je enaka meritvam vključenim v napovedovanje plemenskih vrednosti. Dednostni delež pa predstavlja delež genetske variance glede na celotno variabilnost posamezne lastnosti.

Preglednica 15: [Parametri izračuna PV za SIM populacijo](#)

2.1.6 Genetske spremembe za SIM populacijo

Za potrebe izvajanja selekcijskega programa se za osemenjevanje uporablja tako seme bikov domače selekcije (biki rojeni v Sloveniji – SVN), kot seme tujih bikov za namen osemenjevanja elitnih krav (bikovskih mater) in oplemenjevanje populacije.

Spodnji grafikoni predstavljajo razlike v doseženem genetskem napredku skupaj ter glede na uporabo domačih in tujih bikov za lastnost količina mleka na kontrolni dan. Na prvi pogled zaznamo štiri ključne ugotovitve:

1. domači biki imajo konstantnejši genetski trend,
2. tuji biki v povprečju dosegajo nekoliko večje napovedi plemenskih vrednosti
3. število domačim bikov v osemenjevanju je bistveno večje od števila tujih bikov
4. tuji biki se uporabljajo v povprečju pri večji starosti, kot domači biki

S poznavanjem razmer je kritična presoja nekoliko drugačna:

1. Domači biki predstavljajo celotno populacijo bikov, odbranih tako za naravni pripust kot za osemenjevanje, torej gre za vse bike vključene v razmnoževanje in ne le pozitivno testirane bike.
2. Tuji biki so odbrani glede na visoke plemenske vrednosti, torej gre le za pozitivno testirane bike.

3. Glede na primerjavo s HOL in BSW populacijo vidimo, da je delež tujih bikov in še posebej število potomk po tujih bikih v primeru SIM populacije manjše. Tudi število bikov po posameznem letu rojstva je relativno konstantno.
4. Prikazana je le lastnost količina mleka, ki nima več dominantnega statusa v selekciji. Zelo pomembne so postale oz. postajajo lastnosti, ki se nanašajo na kakovost mleka in prirejo v življenski dobi, za razmere v delu Evrope kamor sodi tudi Slovenija pa postajajo vse pomembnejše tudi lastnosti, ki omogočajo prirejo mleka pretežno iz voluminozne krme.

Graf 22: Genetski trendi plemenskih bikov skupaj in ločeno po izvoru (SVN in tuji) za lastnost kg mleka/dan

Graf prikazuje tudi število bikov po letniku rojstva in povprečno število hčera po teh bikih. Zelo izrazit padec povprečnega števila hčera po biku je po letniku rojstva bika 2007, ob tem niha in se zmanjšuje tudi število bikov. Pri bikih rojenih od vključno leta 2011 dalje sta število bikov in povprečno število njihovih hčera podobna. Premajhno število kontroliranih hčera po biku vpliva, da se ocena plemenske vrednosti ne približa dejanski plemenski vrednosti oz., da je točnost take ocene majhna.

Graf 23: Genetski trendi po spolu za lastnosti mlečnosti – dnevna kontrola

Pri obravnavanem delu SIM populacije, ki je namenjen prireji mleka, je pričakovan velik genetski napredek pri lastnostih mlečnosti, saj imajo te lastnosti veliko ekonomsko težo pri izračunu agregatnega genotipa. V zadnjih desetih letnikih rojstva krav je opazen genetski napredek zlasti pri lastnostih količina mleka, beljakovin in maščob. Podobno seveda velja tudi za indeks beljakovin in maščob. Zaradi dolgoletnega pozitivnega genetskega trenda pri teh lastnostih je povprečje za vse mlajše letnike rojstva nad povprečjem populacije.

S povečevanjem ekonomskih tež pri lastnosti vsebnost beljakovin v primerjavi s vsebnostjo maščobe v začetku tega stoletja je možno razložiti tudi genetske spremembe za te dve lastnosti. Relativni pomen vsebnosti maščobe v razmerju do vsebnosti beljakovin se je zmanjšal iz 1:2 na 1:4. Tako je za vsebnost maščobe opazen rahel negativni trend, pri vsebnosti beljakovin pa je kljub negativni korelaciji s količino mleka ohranjen genetski potencial za to lastnost.

Graf 24: Genetski trendi po spolu za ocena zunanosti prvesnic – okvir

Pri SIM populaciji je v obravnavanem obdobju za vse lastnosti izražen rahel pozitiven genetski trend. To pomeni, da imajo živali iz generacije v generacijo genetski potencial za nekoliko večji okvir in posledično večjo konzumacijsko sposobnost, kar je tudi eden izmed rejskih ciljev.

Graf 25: Genetski trendi po spolu za oceno zunanosti prvesnic – oblika

Za lastnosti oblike je pri posameznih lastnostih selekcijski cilj zmanjšati variabilnost. Pri obravnavanih lastnostih pričakovano ni velikih sprememb med letniki rojstva.

Graf 26: Genetski trendi po spolu za oceno zunanosti prvesnic – noge

Podobno kot za lastnosti oblike, velja tudi za lastnosti nog. Pričakovano je, da so genetske spremembe minimalne, genetski trend pa ni izražen. V primeru SIM populacije opazimo pozitiven genetski trend le za parklje in biclje, kar pomeni, da imajo mlajše živali genetski potencial za višje parklje in nekoliko bolj strme (manj mehke) biclje. Ta razlika je na absolutni

skali relativno majhna, saj je genetska standardna deviacija za ti dve lastnosti zelo majhna v primerjavi z ostalimi opisovanimi lastnostmi.

Graf 27: Genetski trendi po spolu za oceno zunanosti prvesnic – vime

Genetske spremembe za lastnosti vimena, ocenjevane pri prvesnicah, kažejo pozitiven genetski trend. To je razumljivo in skladno z relativno velikimi ekonomskimi težami za te lastnosti pri izračunu agregatnega genotipa. Nekoliko manjši genetski napredek kot pri večini lastnosti iz sklopa vime je dosežen pri lastnosti globina vimena. To je možno razložiti s tem, da ima vime, ki je višje pripeto v povprečju nekoliko manjšo kapaciteto – volumen, kar je omejitev pri prireji večje količine mleka.

Graf 28: Genetski trendi po spolu za oceno zunanosti prvesnic – seski

Za lastnosti seskov veljajo podobne zakonitosti, kot za lastnosti oblik. Za lastnost dolžina seskov, kažejo genetske spremembe v smer nekoliko krajših seskov. Za ostale lastnosti ni zaznati sprememb v genetskih osnovah med letniki rojstva živali.

Graf 29: Genetski trendi po spolu za plodnost

Pri lastnostih plodnosti so genetske spremembe velike pri starosti ob prvi telitvi in majhne pri lastnosti doba med telitvama. Trend kaže na zgodnejše obrejitve in posledično prve telitve ob nižji starosti ter nekoliko krajši dobi med telitvama. To je dobro, saj smo zadržali oz. nekoliko izboljšali genetski potencial za to lastnost plodnosti, kljub negativni korelaciji z lastnostmi mlečnosti, ki odražajo pozitiven genetski trend.

Graf 30: Genetski trendi po spolu za fitness

Pri lastnostih v sklopu fitness so pri SIM populaciji za vse lastnosti opazne majne pozitivne spremembe. To je skladno s pričakovanji oz. rejskimi cilji, saj zadrževanje oz. rahlo povečevanje lastnosti fitnessa vzporedno s povečevanjem genetskega potenciala za lastnosti prireje mleka pomeni uspeh v selekciji.

Graf 31: Genetski trendi po spolu za indekse

Genetske spremembe za skupna selekcijska indeksa telesnih lastnosti in okvir izkazujejo pozitiven trend. To pomeni, da se je SIM populacija v obravnavem obdobju pozitivno genetsko spremenila; izboljšale so se telesne lastnosti in povečal okvir živali. Nekoliko manjši napredek je dosežen za kombiniran način prireje ob primerjavi s skupnim selekcijskim indeksom za prirejo mleka, kar je zelo dober rezultat, saj so te genetske spremembe ocenjevane na delu populacije, ki se uporablja za prirejo mleka. V tem delu populacije je pričakovano, da se selekcija izvaja na lastnosti povezane z gospodarnejšo prirejo mleka.

Graf 32: Genetski trendi po spolu za lastnosti prirast v direktnem testu

Za lastnost prirast v direktnem testu opazimo majhen trend genetskega napredka, kar je pozitivno glede na relativno močno selekcijo na lastnosti mlečnosti, ki so negativno povezane z lastnostmi prireje mesa.

2.2 Agregatni genotip, vključevanje novih lastnosti v selekcijsko delo, ocenjevanje genetskih vrednosti, ocena ekonomskih tež

Skupne selekcijske indekse se izračunava na podlagi razvite metodologije odstopanja posamezne ocene plemenske vrednosti od optimalne plemenske vrednosti pri vsaki lastnosti. Vsota standardiziranih odstopanj nato predstavlja Skupni selekcijski indeks. Agregatni genotip je izračunan za vse živali (bike in krave), ki nastopajo v postopkih napovedovanja plemenskih vrednosti. Ti rezultati so dostopni vsem republiškim službam na področju govedoreje in tudi rejcem za podpora pri izvajanju selekcije.

[Aktualna sestava Skupnih selekcijskih indeksov](#)

[Aktualni pregled lastnosti](#)

3 RAZVOJNO RAZISKOVALNE NALOGE

3.1 Genotipizacija - genomska selekcija

Z letom 2013 so postavljeni temelji za uvedbo rutinske genomske selekcije za RJ pasmo v Sloveniji. Konec leta 2013 je bil prvič – za iste lastnosti kot pri klasičnem izračunu Interbull-centra (MACE) – izveden tudi izračun genomskih plemenskih vrednosti (IB IG). Za te rezultate uporabljamo angleško kratico GEBV. Z letom 2020 je bil prvič izveden tudi rutinski mednarodni izračun genomskih plemenskih vrednosti za ČB pasmo.

Za vsak izračun se izdelata tudi napovedna enačba za izračun direktnih genomskih vrednosti (DGV), ki se uporablja za oceno takih plemenskih vrednosti živali, ki so genotipizirane in še niso vključene v izračun plemenskih vrednosti.

Letno se načrtuje tri redne in dva testna izračuna genomskih plemenskih vrednosti.

V genomskem izračunu (IB IG) sodeluje večje število živali kot v klasičnem mednarodnem izračunu (MACE) - [pregled števila bikov po letu rojstva, po državah in tipu izračuna \(MACE, IG\) za zadnji izračun](#).

To je razumljivo, saj v genomskem izračunu sodelujejo tudi mlajše živali. Delno pa je to tudi posledica prakse nekaterih držav, da pošiljajo rezultate le za izbrani del populacije bikov.

Pregled kaže na vse večji interes za genomsko selekcijo. Uporabniki so ugotovili, da je s tako kratkim generacijskim intervalom, kot ga ponuja genomska selekcija, ob hkratni relativno visoki točnosti plemenskih vrednosti (to omogoča metodologija v okviru InterGenomics-a), genetski napredek bistveno večji in bolj obvladljiv v smislu posameznih lastnosti. Nenazadnje pa do 10-krat večji nabor bikov znotraj letnika rojstva omogoča tudi učinkovito preprečevanje parjenja v sorodstvu ob bistveno večji intenzivnosti selekcije. V kombinaciji s selekcijo na monogenske značilnosti so možnosti za doseganje konkurenčne prednosti še bistveno večje.

Trend povečevanja zanimanja za genotipizacijo na nacionalni ravni se kaže pri BSW, HOL in SIM populacijah, kar povzema [pregled vseh serij genotipizacij živali](#), ki so bile izvedene v Sloveniji za vse populacije do sedaj ter [pregled števila genotipiziranih živali](#) po pasmi ter populaciji, letu genotipizacije, letu rojstva in spolu.

Za genotipizirane živali, ki se testirajo v okviru [BSW](#) (zaradi majhnega števila predvsem moških živali so korelacije zgolj informativne narave) in [HOL](#) ter [SIM](#) populacije poleg

napovedi genomskih plemenskih vrednoti prikazujemo še nekatere monogenske značilnosti. Slednje delimo v dve skupini in sicer na monogenske lastnosti in dedne napake. Število izvedenih genotipizacij za monogenske značilnosti je predstavljeno po populaciji, letu izvedene genotipizacije ter spolu. Kljub majhnemu povečanju števila genotipiziranih živali se je zelo povečalo število testov na monogenetske značilnosti. To je posledica razvoja tehnologije, ki vključuje v genotipizacijo s SNP-čipi vedno večje število monogenetskih značilnosti. Podrobneje predstavljamo [število genotipiziranih živali](#) in [monogenetskih značilnosti](#).

Katalogi genomskih PV in monogenetskih značilnosti za živali BSW, SIM in HOL populacije se nahajajo na povezavah:

[BSW](#)

[SIM](#)

[HOL](#)

V letu 2016 smo z vidika izdelave lastne referenčne populacije preverili vključitev ženskih živali v referenčno populacijo. V Sloveniji imamo namreč populacije premajhne, da bi lahko gradili referenčno populacijo le na bikih. Poleg tega zadnje raziskave kažejo, da je referenčna populacija, ki vključuje ženske živali bolj stabilna in pripomore k izboljšanju napovedne enačbe. Tako smo poleg genotipiziranih bikov, ki imajo klasične ocene plemenskih vrednosti, genotipizirali tudi manjše število prvesnic, ki že imajo ocenjene klasične plemenske vrednosti. Izkazalo se je, da so korelacijski koeficienti med spoloma primerljivi, še posebej pri lastnostih zunanosti. Nekoliko manjši so pri proizvodnih lastnostih. To lahko pojasnimo z dejstvom, da je pretežno število genotipiziranih krav še zelo mladih; gre za prvesnice, ki sodelujejo v napovedovanju plemenskih vrednosti za proizvodne lastnosti le s prvimi kontrolami v prvi laktaciji. To je bistveno manj podatkov kot pri bikih, ki imajo v povprečju podatke o potomkah za prvih pet laktaciji. Pri ocenah zunanosti pa so vključeni podatki izmerjeni le enkrat v življenju pri obeh kategorijah in torej ni razlik pri vrednotenju med spoloma, kot je to opazno pri proizvodnih lastnostih. Omenjena analiza kaže, da je smiselno graditi referenčno populacijo na ženskih živalih, kar bi pri trenutni ceni genotipizacije bila tudi najbolj racionalna izbira. Prikazujemo podrobnejše rezultate [analize](#).

3.2 Interbull

V skladu s [koledarjem](#) se v sodelovanju z Interbull-centrom letno pripravijo trije redni mednarodni izračuni.

Po vsakem rutinskem nacionalnem izračunu PV sledi priprava podatkov in pošiljanje le teh na Interbull-center za potrebe mednarodne primerjave (MACE). Pri vsakem izračunu se pošlje zapise o plemenskih vrednostih za HOL, BSW in SIM populacijo. Ti zapisi vključujejo plemenske vrednosti 27 fenotipskih lastnosti za HOL, 35 za BSW in 5 za SIM populacijo. Lastnosti so opredeljene v 5 sklopov: proizvodnja (kg mleka/maščobe/beljakovin v dnevni kontroli), konformacija (telesne lastnosti), zdravje vimena (somatske celice), dolgoživost in »workability« (iztok mleka).

Manjši delež bikov, ki so vključeni v IB MACE izračun predstavljajo biki, ki prispevajo k povezovanju med populacijami. Ti biki morajo zadostiti dodatnemu pogoju, da imajo dovolj zanesljive ocene plemenskih vrednosti skozi 4 zaporedna leta.

Po izračunu na Interbull-centru mednarodne primerjave bikov dobimo rezultate za vse tri slovenske populacije govedi. Od tega uradni rezultati, ki nastopajo na rang lestvicah, predstavljajo nekoliko manjši delež.

Na voljo je celoten [arhiv IB MACE](#) po sklopih lastnosti in po izračunih, kataloge bikov, vključenih v mednarodno primerjavo Interbull-centra, pa je mogoče pregledovati na [povezavi](#).

4 OBJAVA PODATKOV - Podatkovno skladišče (PS)

Vsi podatki o postopku ocenjevanja plemenskih vrednosti, metodah ter vsi vmesni in končni rezultati so organizirani kronološko v podatkovnem skladišču. Podatkovno skladišče je namenjeno predvsem strokovnjakom, ki se ukvarjajo s selekcijo. Na voljo so podatki izračunov plemenskih vrednosti zadnjih petih let. Poleg rezultatov napovedovanja plemenskih vrednosti je na voljo tudi metodika napovedovanja plemenskih vrednosti in razlage ter interpretacije rezultatov napovedovanja plemenskih vrednosti. Izdelane so številne aplikacije in orodja, ki uporabnikom omogočajo pregled, analizo podatkov in odločitve, ki so vezane na napovedovanje plemenskih vrednosti. S temi podatki lahko strokovne službe kvalitetneje izvajajo selekcijo in lahko pridobijo podatke za razlago rezultatov.

Dostop do [podatkovnega skladišča](#).

V letu 2016 je bila izdelana in stestirana aplikacija za učinkovito iskanje potencialnih kandidatov za genotipizacijo, ki se ažurira štirikrat letno, glede na domnevne potrebe pa je predvideno, da se bo z rutinsko uporabo genomske selekcije lahko ažurirala bolj pogosto. Ob zajetju podatkov so vključene živali stare do 450 dni.

Za SIM populacijo je za potrebe genomske selekcije izdelana dinamična aplikacija za pregled rezultatov. Kljub relativno skromnemu številu vključenih živali s slovenske strani, je zanimanje za kronološki pregled rezultatov po živalih dokaj velik.

Posodobljene in dopolnjene so bile številne aplikacije dostopne prek podatkovnega skladišča, s ciljem poenostavljenega dostopa za uporabnike, ki se pretežno ukvarjajo le s posamezno populacijo. Zato so tudi nekatere aplikacije iz splošnih razširjene na populacijske aplikacije. Razlog je vedno večja specializacija pasem, kar povzroča, da je spremljanje lastnosti med populacijami različno, posledično je tako tudi pri izračunih in interpretaciji rezultatov.

Spletna stran PS je razdeljena na informativni in aplikativni del, s področji:

- Novosti
- Izračun PV
- Analiza rezultatov

'Novosti' in 'Izračun PV' predstavljata informativni del PS.

Področje 'Novosti' prikazuje obvestila o aktualnih dopolnitvah podatkov (objava rezultatov novih rednih nacionalnih in mednarodnih izračunov, izračunov genomskih PV in povprečja staršev).

Na področju 'Izračun PV' uporabnik dostopa do rezultatov nacionalnih in mednarodnih izračunov PV v obliki rangov in uporabniških katalogov živali ločenih glede na izvorno poreklo in vrsto izračuna kot tudi ločeno po populacijah govedi. Na voljo so aplikacije za rangiranje živali znotraj izračuna (nacionalni/mednarodni), prednastavljene za lastnost Skupni selekcijski indeks ali z možnostjo izbora poljubne lastnosti, pasme/populacije, izračuna in tipa PV.

Uporabnik dostopa do koledarja izračunov in objav rezultatov, pregleda opravljenih genotipizacij in opisa ter rezultatov monogenskih testov. Na voljo je pregled vseh lastnosti vključenih v izračun PV z možnostjo primerjave med izračuni, pregled lastnosti vključenih v izračun PV ter nabor objav, povezanih z rejskim delom in selekcijo goveda.

Za lažji pregled so z namenom podpore pri odločanju v sodelovanju z uporabniki razviti t.i. 'Uporabniški katalogi'. Ti omogočajo pregled PV in monogenskih lastnosti po posamezni živali. Katalogi PV se delijo po izvoru izračuna, po populaciji ter tipu PV:

Nacionalni in mednarodni katalogi ter IB katalogi vsebujejo v zgornjem levem kotu možnost nastavitve parametrov kataloga in s tem možnost izbire prikaza kataloga po različnem tipu PV (posamično ali hkrati), medtem ko katalogi GPV in katalog IB IG prikazujejo GEBV in/ali DGV.

Katalog monogenskih lastnosti prednastavljeno izpisuje nabor vseh živali z znanim statusom monogenskih lastnosti. Omogoča tudi omejitvev izpisa nabora živali glede na izbrano lastnost, ob tem pa se na desni strani strani izpiše statistika te lastnosti (pogostost statusa prisotnosti/odsotnosti ali različnih genotipov v naboru živali). Katalog posamezne živali prikazuje ime monogenskih lastnosti in njihov status oz. genotip.

Področje 'Analiza rezultatov' predstavlja aplikativni del PS.

Zajema aplikaciji za prikaz genetskih trendov po posamezni lastnosti in primerjalno za dve lastnosti ter za oceno korelacij med dvema lastnostima z možnostjo izbora pasme/populacije, izračuna in tipa PV. Zajema tudi aplikacijo za izračun koeficienta sorodstva med izbranimi živalima do 10 generacij nazaj in prikaz deleža vpliva različnih SNP-jev na izbrano lastnost za živali vključene v IB IG BSW.