



Ali imamo možnosti za lastno genomsko selekcijo v slovenski populaciji rjavega goveda?

Uvod

Namen prispevka je predstavitev genomske selekcije in analiza možnosti njene vpeljave pri rjavem govedu v Sloveniji. Prispevek je razdeljen na štiri sklope:

1. Zgodovinski moment – Umestitev genomske selekcije ob bok predhodnim razvojnim mejnikom v selekciji goveda.
2. Osnove genomske selekcije – Osnovni koncepti potrebni za razumevanje genomske selekcije.
3. Uporaba genomske selekcije v rejškem programu.
4. Možnosti vpeljave lastne genomske selekcije pri rjavem govedu v Sloveniji.

Zgodovinski moment

Države z razvito govedorejo so v zadnjih desetih letih vpeljale nov način selekcije, ki temelji na uporabi genomskih informacij. Ta način selekcije poenostavljeno imenujemo genomski selekcija. Na tem mestu omenjamo samo poglobljeno prednost te metode, medtem ko je podrobnejši opis podan v naslednjem delu prispevka. Genomska selekcija omogoča odbire mladih živali, katerih prireja mleka ali mesa še ni bila izmerjena na osnovi bolj zanesljivih vrednosti. Vpeljava genomske selekcije je v govedorejsko razvitih državah znatno

spremenila rejske programe. Npr. v Franciji bike mlečnih pasem govedi ne odbirajo več na podlagi testa na potomkah, ampak izključno le na podlagi genomske informacije. Podobne spremembe se dogajajo tudi v drugih državah, kakor tudi pri drugih vrstah domačih živali (prašiči, perutnina, konji, ovce, koze ipd.).

Rjava pasma je prva pasma goveda v Sloveniji, pri kateri smo začeli z genomsko selekcijo. V letu 2013 smo pri tej pasmi prvič izvedli obračun genomskih plemenskih vrednosti, ki je bil vpeljan s pomočjo mednarodnega projekta InterGenomics. V tem projektu danes sodeluje sedem držav (Avstrija, Francija, Italija, Nemčija, Slovenija, Švica, Kanada in Združene države Amerike) in mednarodna organizacija za primerjavo bikov – Interbull. Rejci rjave pasme lahko od leta 2013 vključujejo svoje živali v ta obračun in poleg genomskih plemenskih vrednosti pridobijo še informacije o dednih boleznih oz. napakah ter o genotipu za kapa in beta kazein. V ta obračun so sedaj že redno vključeni tudi bikci iz načrtnih parjenj bikovskih mater z elitnimi bikci.

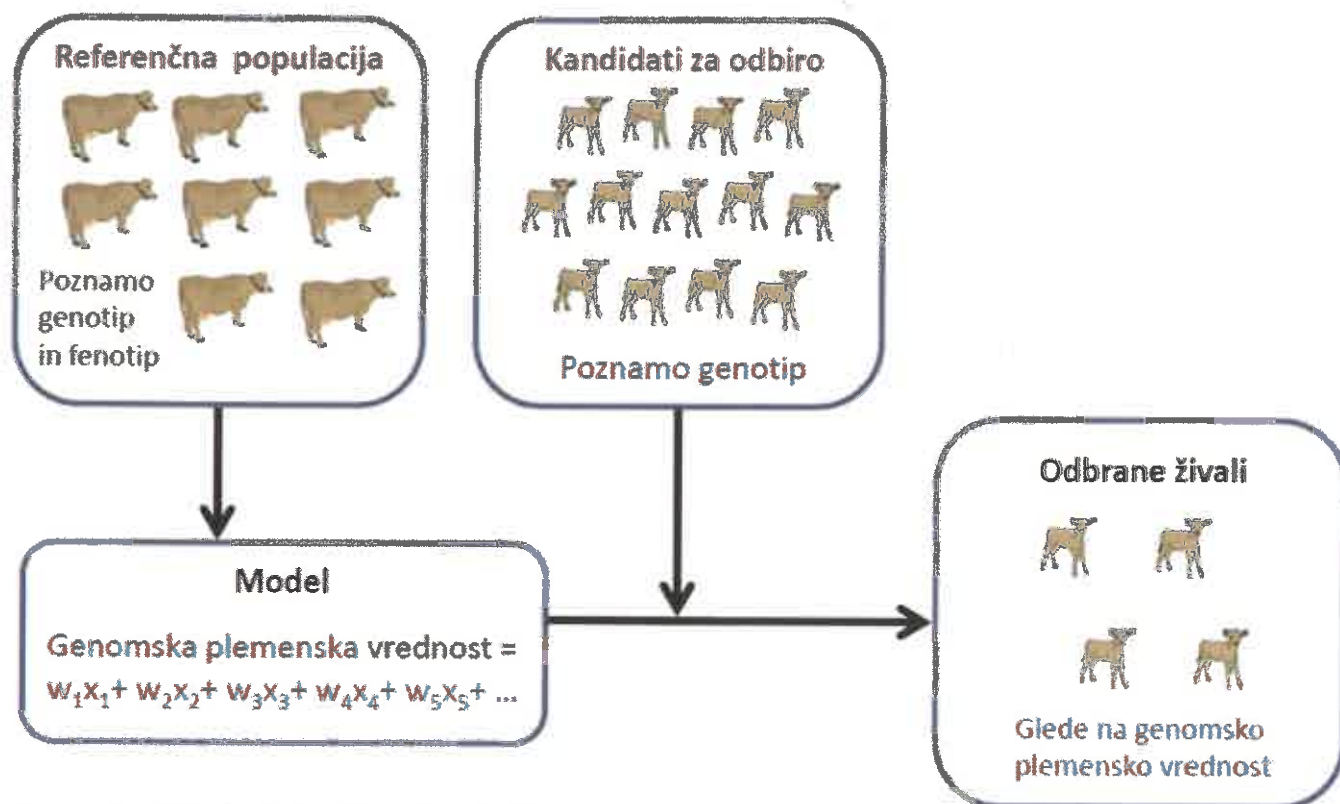
Teorija in praktični rezultati kažejo, da genomski selekcija pri mlečnem govedu omogoča dvakrat večji genetski napredek na leto. Takšne znatne spremembe na področju selekcije se običajno zgodijo le vsakih nekaj desetletij. Mednarodna selekcij-

ska stroka je soglasna, da je genomski selekcija tehnologija oziroma metoda, ki jo lahko postavimo ob bok drugim razvojnim mejnikom v selekciji. Pri govedu so ti mejniki: i) vzpostavitev rejskih knjig, ii) rutinsko spremljanje prireje (kontrola), iii) osemenje – progeneriranje in v) selekcija na podlagi ocenjenih plemenskih vrednosti – BLUP.

Osnove genomske selekcije

Genomska selekcija temelji na preprostem genetsko-statističnem konceptu (Slika 1). Celoten postopek lahko razdelimo na tri dele. Najprej moramo vzpostaviti tako imenovano referenčno populacijo fenotipiziranih in genotipiziranih živali. Te živali imajo zanesljive ocene plemenskih vrednosti in poznane genotipe. Vse podatke, ki so vezani na referenčne živali uporabimo za izračun napovedne enačbe. To enačbo nato uporabimo za napoved genomskih plemenskih vrednosti katerekoli genotipizirane živali (te živali imenujemo kandidati za odbiro), npr. novorojenega teleta, telice pred prodajo, mladega ali starega bika, celo zarodka pred vsaditvijo v nadomestno kravo.

Predstavljeni koncept omogoča zelo učinkovito selekcijo (preko napovedi



Slika 1: Poenostavljena genomska selekcijska shema

genomskih plemenskih vrednosti), kadar so izpolnjeni vsaj sledeči pogoji:

- **Referenčna populacija mora biti dovolj velika** (vsaj nekaj tisoč živali). Večja kot je referenčna populacija, večja bo točnost genomskih plemenskih vrednosti in posledično bo večji uspeh pri selekciji.
- **Genotipizacija mora zajeti čim večje število lokacij v genomu**, vsaj 30.000 za živali iz referenčne populacije in nekaj tisoč lokacij za kandidate. Tem lokacijam rečemo tudi označevalci/markerja, saj nam ne povedo nič o vlogi posameznih mest v genomu, ampak nam služijo samo kot »oznaka« za mesta v genomu. S temi označevalci »merimo« genetske razlike med živalmi. Trenutno cenovno najugodnejše to počnemo s t. i. »SNP čipi«. Cena genotipizacije je odvisna predvsem od števila označevalcev na čipu in števila živali, ki jih bomo genotipizirali. Npr. v primeru velikega števila naročil (npr. 20.000 živali letno) je možno izpogajati ceno ene genotipizacije z 1.000 označevalci okoli 10 EUR, medtem ko bo za 30.000 označevalcev potrebno odšteti okoli 30 EUR in za 60.000 označevalcev okoli 60 EUR. Potrebno je prišteti še ceno izolacije molekule DNK, stroške jemanja vzorca, poštnine in obdelave podatkov. Velja tudi izpostaviti, da je bolj pomembno genotipizirati več živali z manj označevalci kot manj živali z več označevalci.
- **Referenčna populacija mora čim bolj zajeti genetsko variabilnost v populaciji.** V kolikor referenčna populacija zajema samo nekaj družin, potem bodo napovedi točne samo za živali, ki izhajajo iz teh družin. Hkrati je zelo pomembno, da niso genotipizirane samo najboljše živali, saj s takšno referenčno populacijo ne bomo mogli natančno napovedati razlike med dobrimi in slabimi živalmi.
- **Živali, katerim plemensko vrednost bomo napovedali, morajo biti čim bolj sorodne živalim v referenčni populaciji.** Praktično to pomeni, da več kot imajo napovedane živali (kandidati) bližnjih sorodnikov v referenčni populaciji, bolj natančno jim bomo napovedali plemensko vrednost. V kolikor referenčno populacijo

sestavljajo biki, potem naj bi vsak kandidat ali kandidatka imela v referenčni populaciji očeta in materinega starega očeta. Točnosti napovedi z vsako naslednjo generacijo padajo. Iz tega sledi, da je nujno sproti obnavljati referenčno populacijo z novimi živalmi, ki so genotipizirane in fenotipizirane.

Uporaba genomske selekcije v rejskem programu

Selekcija govedi že nekaj desetletij temelji predvsem na uporabi bikov, ki so bili preizkušeni na potomcih. Takšen preizkus je zelo točen, a hkrati tudi zamuden. Na oceno plemenske vrednosti bika za mlečnost čakamo od 5 do 6 let, da dobimo informacije o mlečnosti njegovih hčera v več čredah. Večje kot je število hčera in čred, večja bo točnost plemenskih vrednosti. Običajno je točnost preizkusa na potomcih okoli 0,9 (korelacija med napovedano in pravo plemensko vrednostjo). Slednja točnost pomeni, da smo z zbranimi podatki na potomcih uspeli pojasniti



$0,9^2 \cdot 100 = 81\%$ genetske variabilnosti med živalmi.

Genomski preizkus ni tako točen kot preizkus na potomcih, a ga je možno izvesti praktično takoj po rojstvu. Kombinacija zadostnih točnosti in zgodnja odbira skupaj omogočata večji genetski napredek. Hitreje namreč povečujemo frekvenco dobrih genov v populaciji kot s klasično selekcijo. Pri mlečnem govedu je lahko napredek z genomsko selekcijo tudi dvakrat večji kot s klasično selekcijo. V populaciji rjavega goveda bi dvakrat večji genetski napredek v preteklih desetih letih danes omogočil 2,5 milijona EUR večji neto letni prihodek pri prireji mleka. Točnosti genomskih napovedi se običajno gibljejo med 0,5 in 0,8, s čimer zajamemo med $0,5^2 \cdot 100 = 25\%$ in $0,8^2 \cdot 100 = 64\%$ genetske variabilnosti v populaciji. Kako visoko točnost dosežemo, je odvisno od pogojev, ki smo jih nanizali v predhodnem delu. V kolikor bi odbirali bike samo na podlagi genomskih ocen, bi lahko v primerjavi s preizkusom na potomcih skrajšali generacijski interval s 5 let na 15 mesecev. Tako bi lahko namesto ene generacije klasične selekcije izvedli 3 generacije genomске selekcije. V kolikor se rejci odločijo tudi za genotipizacijo teličk, je možno doseči genetski napredek v nekoliko manjšem obsegu tudi po ženski strani.

Uporaba SNP čipov omogoča poleg napovedovanja genomskih plemenskih vrednosti tudi številne dodatne informacije, npr. genotip za kapa kazein (vpliva na sirjenje mleka), beta kazein (vpliva na presnovo pri ljudeh – tvorba beta kazomorfina 7), dvojno omišičenost, genetske napake in druge t. i. monogenetske lastnosti. Na osnovi SNP lahko izračunamo tudi genomsko oziroma realizirano stopnjo sorodstva za vsak par živali ter za vsako žival prav tako realiziran inbri- ding. Rejci lahko te informacije koristijo pri odbiri živali za obnovo lastne črede ali pri prodaji plemenskih živali. Vse to omogoča rejcem, da se odločijo za nišno selekcijo in s tem odpiranje novih tržnih niš pri prodaji plemen-

skih živali in prirejenega mleka ter mesa v Sloveniji in bližnji okolici.

Uspeh genomске selekcije je odvisen od zaupanja rejcev v napovedane genomске plemenske vrednosti in posledično osemenjevanja z genomsko testiranimi biki. Nekateri rejci namreč v upanju na zanesljive rezultate pri potomkah uporabljajo za osemenjevanje predvsem seme testiranih bikov z visoko točnostjo napovedanih plemenskih vrednosti. Ti rejci odklanjajo uporabo mladih bikov in posledično tudi osemenjevanje z genomsko testiranimi biki. Takšen pristop ni v skladu s trenutno veljavnim rejskim programom. Rajci s takim ravnanjem ne prispevajo k napredku pasme s testiranjem potomk mladih bikov v pogojih reje. Živali teh rejcev pa zaostajajo za genetskim napredkom populacije. Rejec, ki za osemenjevanje uporablja izključno mlade – genomsko testirane bike, je lahko 3 generacije pred rejcem, ki osemenuje izključno s semenom testiranih bikov. Prav tako bodo kandidati za odbiro predvsem potomci mladih genomsko testiranih bikov, saj le tako lahko zmanjšamo generacijski interval in povečamo genetski napredek populacije. Tveganje povezano z nekoliko manjšo točnostjo genomsko testiranih bikov, se lahko zmanjša tako, da rejci uporabijo večje število bikov kot so bili vajeni do sedaj.

Možnosti vpeljave genomске selekcije z lastnim obračunom genomskih plemenskih vrednosti pri rjavem govedu v Sloveniji

Padec cene genotipizacije v zadnjih letih je bistveno spremenil možnosti uvedbe genomске selekcije z lastnim obračunom genomskih plemenskih vrednosti v majhnih populacijah, kamor sodi tudi slovenska populacija rjave pasme. Rezultati Ciljnega Raziskovalnega Projekta pred petimi

leti so pokazali, da zaradi omejenega števila preizkušenih bikov v Sloveniji in visokih cen genotipizacije (150–200 EUR za 50.000 označevalcev), izgradnja lastne referenčne populacije ni bila mogoča. Priključitev mednarodnemu konzorciju je bila tako v tistem času edina prava možnost. Rjava pasma je imela pri tem tudi določeno mere sreče, saj se je ponudila možnost mednarodnega sodelovanja.

Pri ostalih pasmah govedi v Sloveniji te možnosti žal ni bilo. Danes padec cen genotipizacije ponuja možnost izgradnje referenčne populacije s kravami. V populaciji rjavega goveda bi za doseganje točnosti genomskih napovedi 0,6 pri proizvodnih lastnostih morali teoretično genotipizirati 7.000 krav s 50.000 označevalci. V primerjavi z referenčno populacijo bikov bi tako morali genotipizirati 3,5 krav za vsakega bika. V kolikor bi kombinirali bike in krave, bi lahko dosegli isto točnost s 500 biki in 5000 kravami. V primeru, da bi namesto 50.000 označevalcev uporabili 30.000 označevalcev, lahko pričakujemo padec točnosti genomskih plemenskih vrednosti s 0,60 na 0,58.

Lastna referenčna populacija omogoča številne prednosti. Predvsem omogoča selekcijo v domačem okolju po meri naših pogojev reje in tehnologije. Rezultat tega so živali, ki so prilagojene na pogoje v Sloveniji. Velike razlike med rejami v Sloveniji namreč zahtevajo živali, ki so zmožne dati dobre rezultate tako v slabših kot dobrih pogojih reje. Osemenjevanje s tujimi biki, ki imajo odlične rezultate v odličnih pogojih reje, namreč ne pomeni, da bodo potomke tega bika odlične tudi v razmerah povprečne slovenske reje ali v pogojih z omejenimi dejavniki. Poleg selekcijskega napredka genotipizacija omogoča tudi sledenje porekla proizvodom, predvsem mesa. To je še posebej pomembno za rjavo pasmo, ki je kombinirana pasma. Natančna določitev porekla omogoča zaščito lokalnih znamk v primeru, da so rejci dogovorjeni, da bodo vse živali pri določeni blagovni znamki genotipizirali. Genotipizacija večjega števila krav in bikov bi omo-



gočila tudi učinkovito preprečevanje parjenja v sorodstvu. To velja tudi za primere, ko rodovniški podatki niso popolni ali so v njih napake. Rejci bi se lahko odločili tudi za nišno selekcijo na t. i. monogenske lastnosti, kot sta npr. kapa in beta kazein. V takem primeru bi dosegali večji izplen pri sirjenju in/ali ponujali mleko ter mlečne izdelke posebne kakovosti. Gledano z vidika rejske organizacije bi bila to velika priložnost, da z izgradnjo lastne referenčne populacije ponudi genomsko selekcijo tudi za sosednje populacije. Nenazadnje bi uvedba genotipizacije v tako velikem obsegu slovensko populacijo rjave govede naredila zanimivo tudi za sodobne znanstvene analize in potencialna enakopravna sodelovanja v mednarodnem prostoru.

Kombinirana referenčna populacija bikov in krav omogoča cenovno učinkovito strategijo s pomočjo tehnike imputacije. To je možno doseči s kombinacijo genotipizacije bikov s SNP čipi večje gostote (npr. 50.000 označevalcev) in vseh krav v populaciji s SNP čipi manjše gostote (npr. 1.000 označevalcev). Zbrani podatki se nato uporabijo za določitev dela genoma, ki so krave podedovale od svojih staršev, medtem ko se manjkajoči označevalci vstavijo. Ta tehnika imputacije ni 100 % natančna, a omogoča znatno pocenitev genomske selekcije in s tem večji donos na vložena sredstva.

Sklepi

Genomska selekcija je razvojni mejnik v živinoreji. Praktični rezultati iz tujih populacij kažejo, da je genomska selekcija podvojila genetski napredek.

Genomska selekcija temelji na napovedi plemenskih vrednosti za genotipizirane živali. Napovedi temeljijo na referenčni populaciji, ki jo sestavljajo živali s fenotipskimi in genotipskimi podatki.

Genomska selekcija omogoča zanesljivo odbiro živali že ob rojstvu. Krajši generacijski interval omogoča, da v času 5 let izvedemo tri generacije odbire. Klasična selekcija omogoča samo eno generacijo odbire v istem času.

Padec cen genotipizacije omogoča, da tudi v majhnih populacijah sestavimo lastno referenčno populacijo. Ocenjujemo, da bi to dosegli z genotipizacijo 500 testiranih bikov in 5.000 krav.

Glede na vse dosedanje mejnike, ki so posegli na področje selekcije, lahko rečemo, da genomska selekcija daje najštevilnejše možnosti. Ob uporabi vseh informacij, ki jih ponuja, je poleg večjega genetskega napredka, le-tega moč bolj natančno voditi. Menimo, da bo kmalu možno iz teh informacij napovedati fenotip za posamezne pogoje reje. Torej bo mogoče odbrati živali, ki bodo optimalne npr. za vrhunski management v prireji mleka ali takšne, ki bodo najbolj gospodarne za prirejo mleka iz voluminozne krme. Ob tem je mogoče uporabiti podatke za nad-

zor parjenja v sorodstvu, izločanja živali z genetskimi pred dispozicijami za dedne bolezni ali nezaželene lastnosti in vse to pri mladih živali ali celo zarodkih. Vse to je pred nami, odločitev rejcev je, ali bomo s temi orodji v Sloveniji upravljali sami in imeli usodo slovenskih populacij goveda v lastnih rokah ali bomo le kupci na globalnem trgu.

Klemen Potočnik¹, Janez Jenko^{2,3},
Gregor Gorjanc^{1,3}

¹Oddelek za zootehniko,
Biotehniška fakulteta, Univerza
v Ljubljani

²Kmetijski inštitut Slovenije

³The Roslin Institute and Royal (Dick)
School of Veterinary Studies, The University of Edinburgh



BouMatic **BouMatic Robotics**

Hošnica 42 A, 2318 Laporje, Slovenija
d.o.o. Mob.: 041 / 656 325, 040 / 708 501



**Molzni robot MR-S1
do 70 krav**



**Dvojni molzni robot
MR-D1 do 110 krav**



**Avtomat za krmo
do 100 teličkov ALMA**



**Avtomat za krmo
do 40 teličkov PAULA**



**Mobilni avtomat
MILK SHUTTLE**





HETWIN
FÜTTERUNGSTECHNIK TIEROL



Stalleinrichtungen
FELDER



ETSCHIED
K



HUESKER
Engineering with Geosynthetics



KRAIBURG

www.robomar.si

Nudimo vam:

- Molzne robote **BoumaticRobotics** S1 in D1
- Čistilna sredstva za molzno opremo
- Molzišča različnih vrst in velikosti **Boumatic**
- Servis in montaža **NON-STOP**
- Hlevsko opremo **Felder**
- Protiveterne mreže in roloji **HUESKER**
- Hladilna tehnika za hlajenje mleka **ETSCHIED**
- Robotsko krmljenje živine **HETWIN**
- Avtomati za napajanje teličkov **URBAN**