



# Izvajanje genomske selekcije pri rjavi pasmi v Sloveniji

Cilj reje živali je nenehno iskanje in izboljševanje lastnosti, ki prinašajo rejcu večji ekonomski učinek. Pri iskanju boljših, zmogljivejših živali je več možnosti, ki so se skozi celotno obdobje vzreje živali dopolnjevale z novimi in novimi spoznanji v praksi. Na podlagi praktičnih izkušenj je človek dopolnil znanje tudi s teoretičnimi znanji iz različnih področij znanosti, ki jih skuša uporabiti pri rejih živali.

Najnovješja metoda seleksijskega dela v govedoreji je genomska selekcija, ki se je začela razvijati v začetku tega tisočletja. Genomska selekcija je postopek ugotavljanja genetskega potenciala živali. Tako lahko ugotovimo - napovemo genetski potencial mladih živali za lastnosti, ki jih seleкционiramo in želimo izboljšati (prireja mleka, mesa, učinkovitost izkoriščanja krme, odpornost proti boleznim, izboljšati plodnost) ter s tem še pospešiti intenzivnost selekcije. Na podlagi rezultatov lažje odberemo živali za nadaljnjo rejo. Genomska selekcija bo pripomogla tudi k večjemu učinku zmanjšanja izpustov emisij toplogrednih plinov, kar predstavlja tudi širši družbeni pomen in koristi.

Čeprav je genetski zapis goveda dešifriran in ga sestavlja 30 parov kromosomov oziroma približno 20.000 genov, je odločilnega pomena manjše število specifičnih genov za govedo s tako imenovanim velikim učinkom za lastnosti ki jih pri govedu zasledujemo – selektioniramo. Dedni ali genetski zapis se nahaja v DNK. Genetske razlike med živalmi so posledi-

ca razlike v zaporedju nukleotidov, ki sestavljajo strukturo DNA. Različne lokacije nukleotidov vzdolž genoma predstavljajo razlike med živalmi oziroma jih rangirajo po vrednosti med boljše in slabše. Lokacije nukleotidov določimo v laboratoriju iz biološkega materiala živali (dlaka, kri, nosna sluznica, seme...) s pomočjo SNP (single nucleotide polymorphism) markerjev – označevalcev.

- Relativno poceni metoda z relativno dobro natančnostjo napovedovanja direktno genomske PV

Podobno velja tudi pri ženskih linijah, ko lahko genotipiziramo teličke s podobno zanesljivostjo ocene DGPV, ko ni potrebno čakati na fenotipske rezultate za prirejo mleka, ampak lahko selekcijo – odbiro elitnih živali izvajamo že pri majhnih teličkah, takoj ko se rodijo.



SNP čip    SNP marker

## Zakaj je smiselno izvajati genomsko selekcijo pri mlečnem govedu?

- Bistveno se skrajša generacijski interval – za 3x
- Pri napovedi genomske PV dosežemo relativno dobro točnost;
- 0,6 do 0,7 za proizvodnje lastnosti
- 0,5 za lastnosti SSSC
- 0,5 za extier
- 0,5 za SSSC
- 0,45 za plodnost
- 0,3 za dolgoživost
- Genomsko selekcijo izvajamo za moške in ženske živali s podobno točnostjo

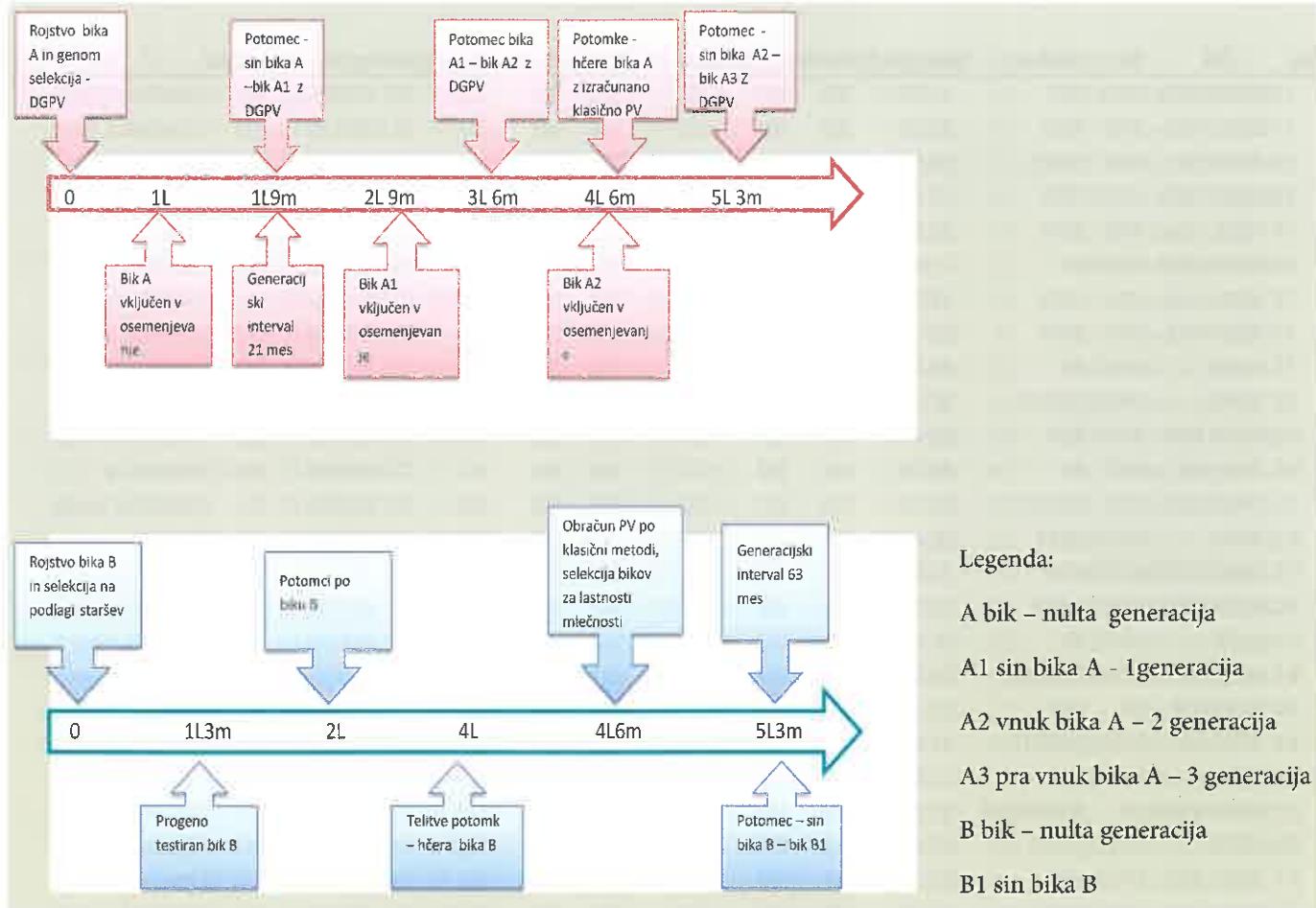
Z razvojem znanosti o razmnoževanju ahko spolno zrelim teličkam že pred enim letom starosti pridobimo jajčne celice, ki se jih oplodi in vitro. Vsekakor velja v prihodnje izkoristiti vse možnosti za večji napredek in večjo ekonomsko učinkovitost reje mlečnega goveda.

Poleg genomskega obračuna PV genotipiziranih živali, vzporedno iz istega vzorca, lahko pridobimo tudi podatke o dednem zapisu posamezne živali za kapa kazein, beta lakto globulin, beta kazein, A2 mleko. S temi podatki lahko rejci še bolj natančno in intenzivno izvajajo selekcijo v lastni čredi.

Poleg seleksijskih parametrov in beljakovinske zasnove za mleko se z istimi vzorci opravi tudi analiza na dedni zapis o boleznih, kot je pri RJ pasmi, Weaver sindrom, Arachnomelia, SMA, SDM ter BH2. Če ima žival v rodotniku očeta ali po materi strani prednika, ki je nosilec za brezrožnost, lahko naročimo tudi test na rogotost – brez rožnost.



Generacijski interval bikov pri genomske selekciji in klasični selekciji:



#### Pregled števila genotipiziranih živali iz Slovenije po letih in čipih.

Ime čipa	Gostota čipa K (1K=1000SNP)	L 2012	L 2013	L2014	L2015
Bovine SNP50k	54	57	36	75	59
Bovine SNP 6	9		4		
Bovine _GGP	77			31	
Bovine_GGP	20			6	
GGP_V3	26			43	60
GGP_V4	30				20
Skupaj		57	40	155	139

To je zelo zanimiv podatek za rejcce krav molznic, ki so v prosti rejji, saj vemo, da je odstranjevanje rogov zahuten in tudi relativno drag poseg pri živalih.

V referenčno populacijo smo leta 2009 iz Slovenije v skupno Intergenomics bazo vključili 191 plemenskih bikov iz OC Preska, s katerimi smo osemenjevali od leta 1996 do leta 2005.

V nadaljevanju so predstavljene plemenške vrednosti najboljše genomske in klasično testirane moške in ženske živali (obračun PV, september 2015).

Matija Rigler, Maja Sadar,  
Klemen Potočnik