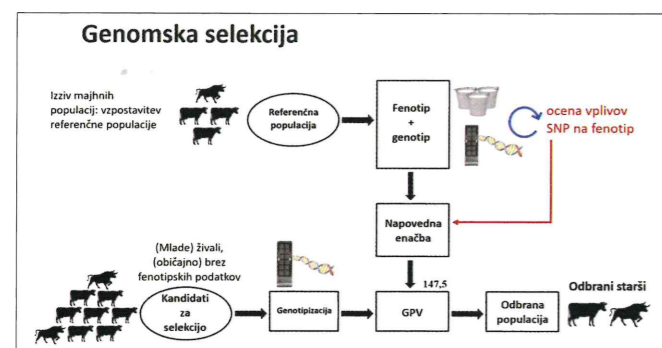


Možnosti uporabe genomske informacije v slovenskih populacijah govedi

Maja Jekler, mag. inž. zoot.
Barbara Luštrek, mag. inž. zoot.
izr. prof. dr. Klemen Potočnik
Oddelek za zootehniko, Biotehniška fakulteta, Univerza v Ljubljani

Oddelek za zootehniko Biotehniške fakultete Univerze v Ljubljani, v sodelovanju s Kmetijskim inštitutom Slovenije, sedmimi zavodi Kmetijske gozdarske zbornice Slovenije in osmimi slovenskimi kmetijskimi gospodarstvi izvaja projekt v okviru Evropskega partnerstva za inovacije (v nadaljevanju EIP). Projekt z nazivom »Uvedba nacionalnega genomskega obračuna plemenskih vrednosti s kombinirano referenčno populacijo za slovensko rjavo in črno-belo pasmo govedi« se bo zaključil novembra 2022.



Genomska selekcija

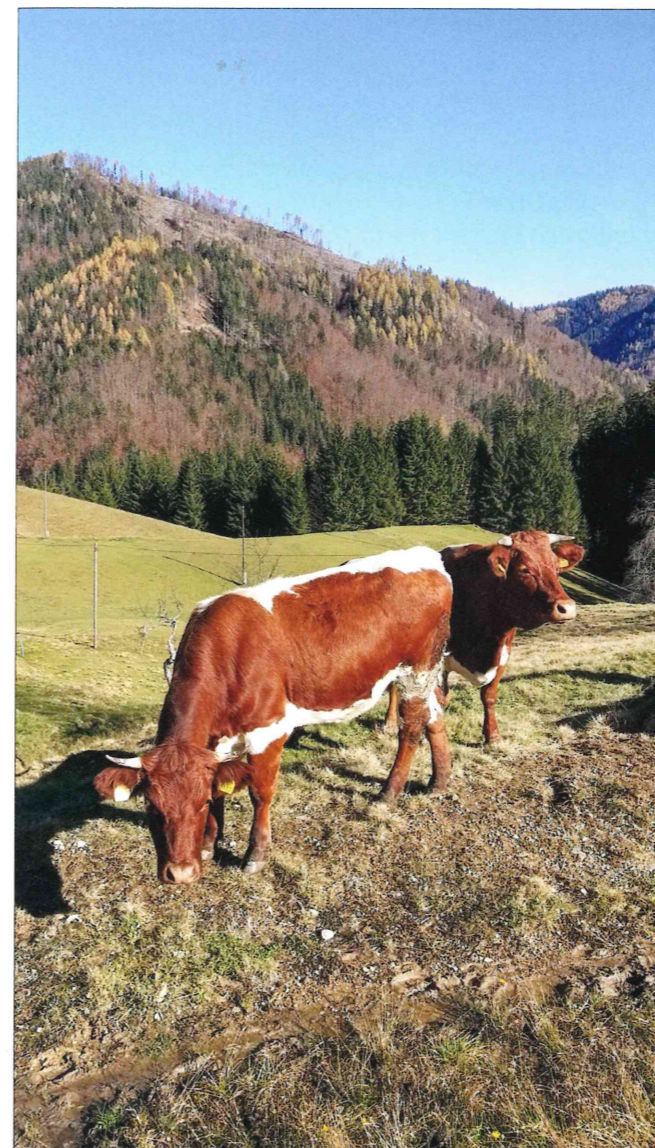
V Sloveniji še nimamo lastnega (nacionalnega) obračuna genomskih plemenskih vrednosti (GPV). Imamo rutinski nacionalni obračun plemenskih vrednosti, kjer plemenske vrednosti napovedujemo na osnovi podatkov, ki se zbirajo v okviru kontrole priraje (lastnosti mlečnosti, plodnosti, telesne lastnosti ...). S temi plemenskimi vrednostmi sodelujemo pri Interbull-u v mednarodni primerjavi bikov, posredno pa tudi v mednarodnem obračunu GPV za rjavo in črno-belo pasmo. Pri rjavi pasmi je mednarodni obračun GPV že uveljavljen, pri črno-beli pa je še v testni fazi. Osnova za vzpostavitev nacionalnega genomskega obračuna je vzpostavitev referenčne populacije. Do nedavnega je veljalo, da naj bi bila le-ta sestavljena iz tri do pet tisoč progeno testiranih bikov. Zaradi majhnosti populacije temu pogoju ne moremo zadostiti, saj pri mlečnem govedu v Sloveniji pri nobeni pasmi nimamo niti tisoč takih bikov. Tudi z vključevanjem tujih bikov, ki imajo potomce v naši populaciji, ni mogoče doseči zgoraj navedenega števila. Vse več raziskav pa potrjuje možnost vključevanja krav v referenčno populacijo. Pri tem je potrebno v referenčno populacijo vključiti vsaj enkrat večje število krav od števila progeno testiranih bikov, prav tako pa morajo imeti podatek o lastnem fenotipu in več potomcev v populaciji. Cikasto govedo je slovenska avtohtona kombinirana pasma s poudarkom na priraji mleka. Slovenska populacija cikastega goveda je trenutno še premalo številna za vzpostavitev lastne referenčne populacije. Vsekakor pa genomska selekcija poleg genomskega obračuna plemenskih vrednosti ponuja še dodatne možnosti, ki jih je mogoče izkoristiti za učinkovitejše upravljanje s populacijo. Te možnosti ponujajo t. i. monogenske lastnosti in koeficienti sorodstva ocenjeni na osnovi genomskih informacij, torej glede na funkcije genov.

Prva faza projekta je zajemala analizo aktualnih problemov na področju selekcije in potencialnih izzivov pri vpeljavi lastne genomske selekcije, prepoznane s strani vseh deležnikov. Določenih je okrog 5000 živali rjave in črno-bele pasme, ki imajo v nacionalnem obračunu plemenskih vrednosti zanesljive napovedi in dobro genetsko povezavo s populacijo rjave oz. črno-bele pasme govedi v Sloveniji. Biološki vzorci teh živali bodo poslani v genotipizacijo. Rezultati genotipizacije bodo skupaj s podatki iz nacionalnega obračuna plemenskih vrednosti uporabljeni za vzpostavitev nacionalnega genomskega obračuna plemenskih vrednosti za slovensko rjavo in črno-belo pasmo govedi.

Eden izmed ciljev projekta je vzpostavitev aplikacije za genotipizacijo, ki bo uporabna tudi za ostale pasme in vrste živali. V aplikaciji bo za govedo možno naročiti osnovne genotipizacije s komercialnim SNP čipom in/ali naročilo genotipizacije za specifične monogenske lastnosti. Monogenske lastnosti delimo na zaželene lastnosti in dedne napake. Te lastnosti so neposredno povezane s točkovnimi mutacijami na genomu in jih opredeljujemo kot kvalitativne lastnosti. V osnovno genotipizacijo je v sklopu projekta trenutno že brezplačno vključenih okrog 130 monogenskih lastnosti, dodatno pa je možno naročilo še desetih doplačljivih lastnosti, ki so



Odlično oblikovano vime pri kravi cikaste pasme (foto: Matjaž Hribar)



Pavšetovi ciki s Koroške (foto: Zvonko Pavše)

zanimive z vidika slovenskih populacij govedi. Poznavanje genotipa monogenskih lastnosti – dednih napak pri živalih pripomore k preprečevanju širjenja teh neželenih lastnosti po populaciji. Z genotipizacijo rejec pridobi informacijo, ali žival to dedno lastnost ima ali je nima ali pa jo prenaša. Nekatere prisotne dedne napake (npr. arahnomelija) so lahko prepoznavne, medtem ko drugih brez podatka o genotipu ni možno nedvoumno identificirati (npr. pljučna hipoplazija z anasarko). Pri parjenju živali, ki napako prenašata, se pričakuje, da bo ta napaka pri potomcih prisotna v 25 % primerih, 50 % potomcev bo prenašalcev in 25 % potomcev bo 'zdravih'. Z genotipizacijo preko aplikacije bo zagotovljeno tudi spremljanje biološkega vzorca od odvzema do analize v laboratoriju in prejema rezultatov. Rejec bo v času trajanja postopka lahko spremljal, kaj se dogaja z njegovimi vzorci, kje se nahajajo in v kolikšnem času lahko pričakuje rezultate.

V okviru projekta bo izdelana prav tako strategija t. i. nišne selekcije na primeru zaželene monogenske lastnosti beta kazeina (A2 mleko). Uživanje mleka, ki vsebuje A2 obliko beta kazeina, je glede na rezultate raziskave ugodnejše za zdravje ljudi. Pojav priporočil za njegovo uživanje je vse pogostejši. Potrošniki že povprašujejo po tem mleku, vendar v Sloveniji še nimamo postavljene selekcijske sheme za tako usmerjen tip priraje.



Cike pri Kolaričevih iz Stoperc (foto: Jože Kolarič)

Rejski cilj cikastega goveda je ohranjanje pasme v prvotnem tipu in preprečevanje parjenja v sorodstvu. Pri selekciji se pogosto spregleda dolgoročni pomen preprečevanja parjenja v sorodstvu. Za populacijo cikastega goveda bi bile informacije o koeficientih sorodstva med živalmi ocenjenih na osnovi genoma bistveno učinkovitejše, kot klasični koeficienti sorodstva, ki so ocenjeni na osnovi rodovnikov. Ocena slednjih namreč temelji na predpostavki, da sta živali, ki nimata skupnega prednika, popolnoma nesorodni. Ocena genomskih koeficientov sorodstva pa predstavlja delež enakega dednega zapisa. Torej delež identičnih genov ne glede na poreklo. Posledično je možno z uporabo koeficientov sorodstva ocenjenih na genomskih informacijah dolgoročno in učinkoviteje ohranjati genetsko raznolikost v populaciji, kot je bilo to možno do sedaj na osnovi rodovniških podatkov.

Zaključimo lahko, da je uporaba orodij, ki jih ponuja genomska selekcija učinkovita pri upravljanju pasem tudi, kadar so te tako majhne, da s poznanimi metodami še ni mogoče zgraditi referenčne populacije. Zlasti za majhne populacije je izrednega pomena, da se pri selekcijskih odločitvah upoštevajo informacije monogenskih lastnosti in ocene koeficientov sorodstva na osnovi genomskih informacij. S tem je možno preprečiti, da se v populacijo prenese prevelik delež nezaželenih genov in da se iz generacijo v generacijo ohranja pestrost genoma, ki ga poseduje taka pasma.



Portret Matkove krave (foto: Tamino Petelinšek)