

Ljubljana, 19. 3. 2018

Spoštovani,

priložene Vam pošiljamo podatke o monogenetskih lastnostih in genetskih plemenskih vrednostih za živali, ki so bile genotipizirane v okviru projekta Funkcionalna živila prihodnosti (F4F). Cilj projekta je genetsko izboljšati koagulacijske lastnosti mleka. Koagulacija mleka je ena izmed stopenj v postopku sirjenja, v kateri mleku dodamo sirilo - oblikujejo se sirna zrna in mleko se sesiri.

Živali vključene v projekt so bile pregledane za znane monogenetske napake in lastnosti, ki so prikazane v priloženi preglednici. Razlago posamezne napake oz. lastnosti najdete v prilogi 1.

Za živali so bile izračunane tudi genomske plemenske vrednosti, ki jih lahko najdete na spletni strani Podatkovnega skladišča Govedo Univerze v Ljubljani. Kratka **navodila** za dostop in **razlago** genomske selekcije najdete v prilogi 2.

Ob tem se vam še enkrat iskreno zahvaljujemo za sodelovanje v projektu! Nadejamo se, da bodo rezultati uporabni tako za raziskave, selekcijsko delo kot tudi neposredno za vas.

Tomaž Perpar  
Janez Jenko  
Jana Obšteter  
Jože Verbič

## PRILOGA 1

Podatki za monogenske lastnosti vključujejo:

- Weaver: imenovan tudi sindrom tkalca. Je genetska recesivna nevrološka motnja, ki se izraža kot napredujoče slabljenje obeh zadnjih okončin ter izguba koordinacije.
- Arahnomelija: imenovana tudi pajkova noga. Je genetska recesivna prirojena napaka okostja, ki se izraža v skaženosti glave, podaljšanih in stanjšanih kosti okončin in mišični atrofiji.
- SMA: spinalna mišična atrofija. Je genetska recesivna napredujoča motnja, ki se izraža kot atrofija mišic, napredujoča oslabelost sprednjih in zadnjih okončin ter nezmožnost vstajanja.
- ABCG2: alel A povečuje odstotek in količine mlečne maščobe in beljakovin ter zmanjšuje količino prirejenega mleka.
- Kapa-kazein: beljakovina v mleku, ki ima ključno vlogo pri koagulaciji mleka. Izmed genov, ki vplivajo na koagulacijske lastnosti mleka, ima gen za kapa-kazein največji učinek. Za koagulacijo je zaželen B alel kapa-kazeina, nezaželen pa alela A in še posebno E.

Genetske recesivne napake se izrazijo samo v primeru, ko potomec od **obeh staršev** pridobi okvarjeno kopijo gena in ima tako dve okvarjeni kopiji. Za preprečevanje pojava recesivnih bolezni tako ne smemo pariti osebkov, ki so sicer videti zdravi, vendar so **prenašalci** okvarjene kopije. V primeru parjenja prenašalcev namreč obstaja 25% verjetnost, da se bo na potomcu izrazila genetska motnja oz. napaka.



**Kaj je alel?** Alel je pojavna oblika gena.

**Kaj je monogenska napaka?** Je napaka, ki jo povzroči mutacija v enem genu. Mutirana oblika gena je okvarjena in velikokrat povzroči smrt živali.

## PRILOGA 2

### a) Navodila za dostop do genomskih plemenskih vrednosti

1) na spletnem naslovu <https://rodica.bf.uni-lj.si/> izberite spodnjo desno ikono:



2) Na spletni strani v okvirčku Novosti poiščite **2. Interbull obračun PV - AVG 2017 - uradni rezultati**:

Univerza v Ljubljani  
Biotehniška fakulteta  
Oddelek za zootehniko  
Katedra za znanosti o rejah živali

Podatkovno skladišče GC

Domov |  
Domov

**Novosti**

07.11.2017	Genomski izračun PV - DEU - SIM - november 2017	
03.11.2017	Genotipizacija BSW HOL LIM CHA - nove živali z DGV (BSW)	
26.10.2017	Genotipizacija BSW - nove živali z DGV	
25.10.2017	Genotipizacija BSW - nove živali z DGV	
04.10.2017	Genomski izračun PV - DEU - SIM - oktober 2017	
03.10.2017	Genotipizacija BSW - nove živali z DGV	
19.09.2017	Genotipizacija BSW - nove živali z DGV	
05.09.2017	Genomski izračun PV - DEU - SIM - september 2017	
09.08.2017	<b>2. Interbull obračun PV - AVG 2017 - uradni rezultati</b>	

1-9 **10-18** 19-27 28-3 37-45

Obračun PV

Termini Koledar

Podpor

RANC  
Nacio  
Nacio  
Medn  
KATA  
Vse ž  
Nacio  
Medn  
Geno  
Geno

Biki -

3) Kliknite na sivo obarvano povezavo:

Interbull obračun avgust 2017 (1708r)

Dobili smo nove plemenske vrednosti za obračun na Interbullu. Skupaj s tem smo dobili tudi nov Interonomics obračun t.j. nov obračun za genotipizirane živali.

Tokrat ni omembe vrednih sprememb pri izračunu. Poudarek velja skupini več kot 600 na novo genotipiziranih BSW krav iz projekta F4F. Tudi za njih smo dobili genomske PV.

4

Pregled

Išči  Država Vse Pasma živali Vse Spol Vse Serija 1076 Status Vse

Št. prikazanih 15 Go Reset

) Vnesite žival, za katero želite videti genomske plemenske vrednosti:

## b) Razlaga genomske selekcije

### KAJ JE SELEKCIJA?

Selekcija si prizadeva za genetski napredek populacije. Enačba za genetski napredek izgleda takole:

$$\text{letni genetski napredek } \Delta G = \frac{\text{intenzivnost selekcije } i \times \text{točnost } r \times \text{genetska variabilnost v populaciji } \sigma_A}{\text{generacijski interval } L}$$

Tu vidimo, da lahko genetski napredek povečamo, če:

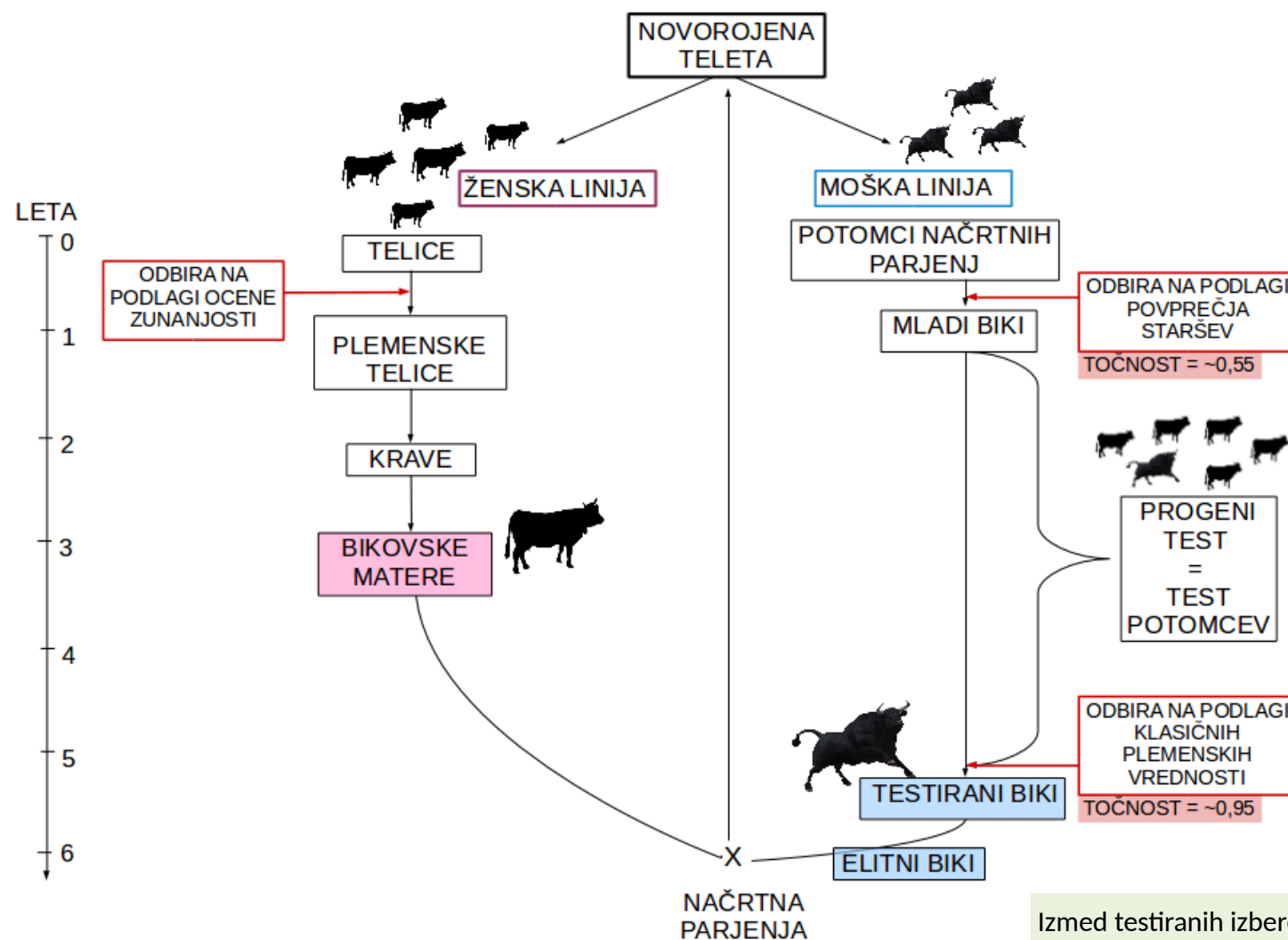
- 
- povečamo intenzivnost selekcije povečamo točnost napovedi plemenskih vrednosti
- skrajšamo generacijski interval (odbiramo mlajše živali).

Zakaj tega torej ne storimo? Če bi povečali intenzivnost selekcije in vsako leto uporabljali samo enega najboljšega bika, bi s tem občutno povečali sorodnost med osebki, kar pa ni zaželeno. Zakaj ne odbiramo mlajših živalih? Zato, ker mlade živali v klasični selekciji še nimajo informacij in so točnosti njihovih plemenskih vrednosti nizke.



**Od česa je odvisen genetski napredek?** Genetski napredek je odvisen od intenzivnosti in točnosti selekcije, genetske variabilnosti za lastnost v populaciji in generacijskega intervala. Povečamo ga lahko tako, da povečamo točnost oz. intenzivnost selekcije ali skrajšamo generacijski interval.

## KLASIČNA SELEKCIJSKA SHEMA



V klasični selekciji odбираmo živali v več stopnjah.

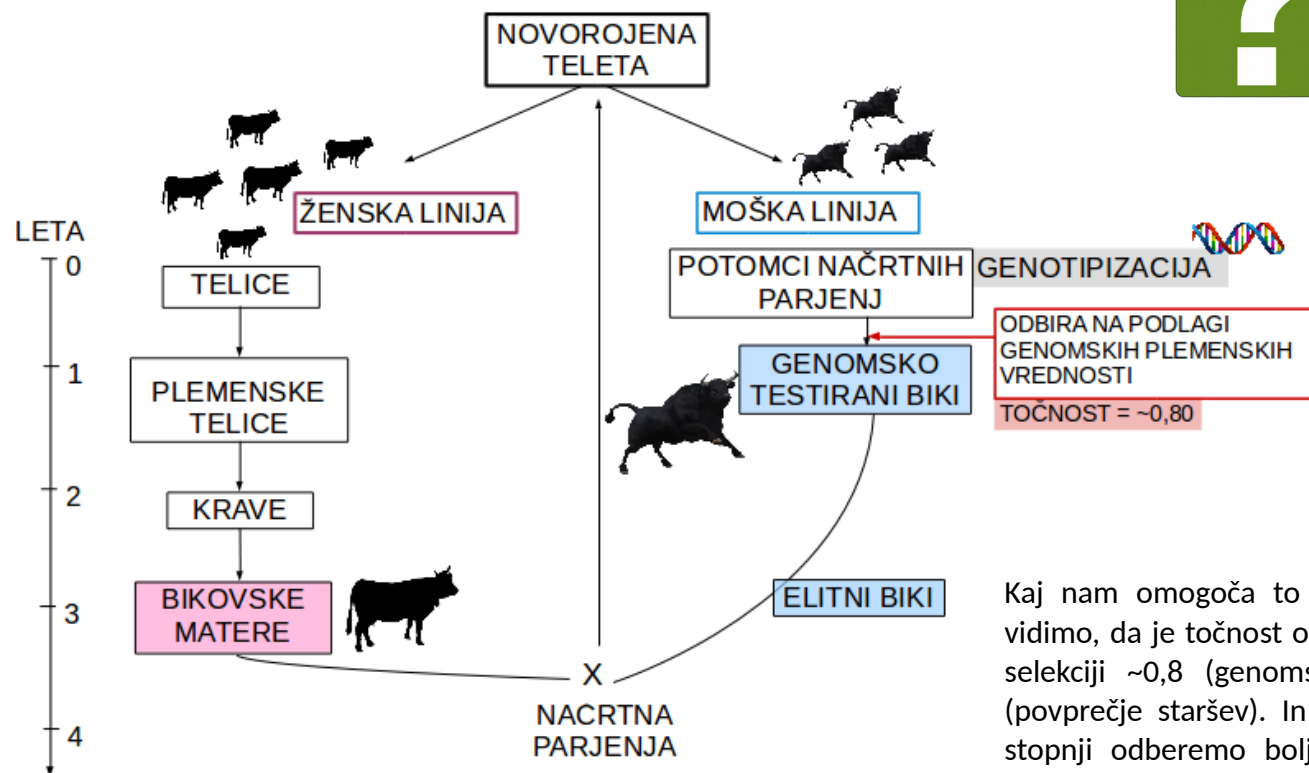
Izmed potomcev načrtnih parjenj na podlagi biološkega testa odberemo bikce za test na potomcih. Tem bikom pravimo mladi biki.

Z njihovim semenom osemenimo nekaj sto krav v populaciji. Potomcem iz teh osemenitev izmerimo telesne in proizvodne lastnosti. Tako izmerjene vrednosti izboljšajo točnost napovedi plemenskih vrednosti očetov.

Najboljše biki nato odberemo za uporabo v širši populaciji.

Izmed testiranih izberemo elitne biki, ki jih uporabimo za osemenjevanje bikovskih mater. Izmed potomcev teh načrtnih parjenj nato odberemo mlade biki.

Če uvedemo **genomsko selekcijo** po moški strani, shema izgleda takole:



**Zakaj genomsko selekcija prinaša večji napredek?** Uporaba genomskih informacij omogoča večjo točnost napovedi novorojenim živalim za katere še ne poznamo proizvodnih rezultatov. Zato lahko odbiro bikov za osemenje opravimo takoj ob rojstvu živali. Posledično se generacijski interval skrajša – generacije se obračajo hitreje.

Genomska selekcija nam omogoča zgodnejšo odbiro živali, in sicer takoj po genomskem testiranju (po genotipizaciji in napovedi genomskih plemenskih vrednosti). Te živali – genomsko testirani biki – so iste starosti kot mladi biki v klasični shemi.

Kaj nam omogoča to zgodnejši odbiro? Če pogledamo podrobneje, vidimo, da je točnost odbire na stopnji odbire mladih bikov v genomski selekciji ~0,8 (genomske PV), medtem, ko je v klasični le ~0,55 (povprečje staršev). In ta **večja točnost** nam omogoča, da že na tej stopnji odberemo boljše biki – s tem pa tudi občutno **skrajšamo generacijski interval**.

S simulacijo slovenske populacije rjave govedi smo ugotovili, da bi nam uporaba genomске selekcije po moški liniji in uporaba genomsko testiranih bikov prinesla 88 % večji genetski napredek kot klasična selekcija.

— Klasična  
— Genomska

