

Pregledni rad

PREDNOSTI I MANE GENOMSKOG OCENJIVANJA PRIPLODNIH BIKOVA

Igor Prka*

Kratak sadržaj

Pomoću analize gena moguće je ranije saznati nešto više o genetskom nasleđu goveda. Analize koje se vrše usmerene su pre svega u pravcu određivanja proizvodnih osobina koje se prenose na potomstvo. Već sada, baza podataka obuhvata desetine hiljada grla i čini podatke dobijene na taj način veoma pouzdanima (oko 75%). Vrednost grla koja su genomski testirana dostižu vrednosti onih progeno testiranih. Pored ovih podataka koji se tiču proizvodnih osobina goveda, analizom genoma došlo se do informacija i o genetskim anomalijama koje se prenose pre svega preko semena priplodnih bikova. Analize se rade kod mladih životinja ali i kod starijih, kako bi se uporedili rezultati progenih rezultata potomaka.

Nakon izbora mladog teleta i određivanjem markera, sa oko dva meseca, te poređenjem s markerima referentne populacije, dobija se zadovoljavajuća pouzdana procena njegove priplodne vrednosti u tom uzrastu. Seme takvog bika počinje da se koristi sa 14 meseci, kada je testiranje već završeno. Pored većeg genetskog napretka, genomski selekcija omogućava i bolju kontrolu porekla i sprečavanje uzgoja u srodstvu, a najveća prednost genomski selekcije je u poboljšanju svojstava sa niskom heritabilnošću, kao što su dugovečnost, lakoća teljenja i plodnost. Praksa korišćenja mladih, genomski testiranih bikova se povećava u Evropi ali nosi i svoje rizike jer pouzdanost odgajivačkih vrednosti mladih bikova nije još na dovoljno visokom nivou da bi se bilo koji od njih masovno koristio bez ograničenja.

Poslednjih godina, pored opravdanog uvoza kvalitetnih bikova i semena iz drugih zemalja, došlo je i do uvoza prosečnih bikova koji ne osiguravaju očekivani genetski napredak u uzgoju, a broj testiranih bikova iz nacionalnog odgajivačkog programa sveden je na minimum. Navedeni faktori doveli su do velike opasnosti da će se „izgubiti geni“ koji predstavljaju nacionalno bogatstvo i koji u velikoj meri omogućavaju prilagođavanje gajenja u našem podneblju, te doprinose ukupnoj genetskoj raznolikosti.

Ključne reči: genomski selekcija, priplodni bik, veštačko osemenjavanje

* Centar za skladištenje i distribuciju semena za veštačko osemenjavanje Toplek, Belosavci, Republika Srbija / Center for storage and distribution of semen for artificial insemination Toplek, Belosavci, Republic of Serbia

Elektronska pošta korespondentnog autora / E-mail of Corresponding Author: igorprka@yahoo.com

DOI: 10.7251/VETJ1702203P

UDK 591.463.1:636.237

Review paper

ADVANTAGES AND DISADVANTAGES OF GENOMIC EVALUATION OF BREEDING BULLS

Igor Prka*

Abstract

Using analysis of genes it is possible to previously know more about the genetic heritage of cattle. The analyzes carried out are directed primarily towards determining the production characteristics that are transmitted to offsprings. Already, the database includes tens of thousands of animals and makes the data obtained in this way is very confident (about 75%). The value of animals that have tested genomic reach values of those who are progeny tested. In addition to these data concerning that the production traits of cattle, genome analysis came to the information and the genetic anomalies are transmitted primarily through semen of breeding bulls. Analyses are performed in young animals but also the elderly in order to compare the results of progeny results descendants.

After the selection of young calves and the determination of markers, within about two months, and by comparison with the reference population markers obtained satisfactory reliable estimate of its breeding value at that age. When semen of that breeding bull starts to be used for artificial insemination, with about 14 months age, a young animal was already tested. In addition to greater genetic progress, genomic selection allows better control of origin and prevention of breeding in relationship, but the biggest advantage of genomic selection is to improve the traits with the low heritability, such as longevity, easycalving and fertility. The practice of using young genomic tested bulls is increasing in Europe but carries its own risks, because the reliability of the breeding values of young bulls is not yet at a sufficiently high level to any of them massively used without restrictions.

Keywords: genomic selection, breeding bull, artificial insemination

UVOD / INTRODUCTION

Poslednjih godina, pored opravdanog

uvoza kvalitetnih bikova i semena iz drugih zemalja, došlo je i do uvoza prosečnih bikova koji ne osiguravaju

* Center for storage and distribution of semen for artificial insemination Toplek, Belosavci, Republic of Serbia

E-mail of Corresponding Author: igorprka@yahoo.com

I. Prka:

Prednosti i mane genomskog ocenjivanja priplodnih bikova

očekivani genetski napredak u uzgoju, a broj testiranih bikova iz nacionalnog odgajivačkog programa sveden je na minimum. Navedeni faktori doveli su do velike opasnosti da će se „izgubiti geni“ koji predstavljaju nacionalno bogatstvo i koji u velikoj meri omogućavaju prilagođavanje gajenja u našem podneblju, te doprinose ukupnoj genetskoj raznolikosti.

Selekcijom se ne stvaraju novi geni već se menja njihova učestalost, a cilj svake selekcije je povećanje frekvencije poželjnih, a smanjenje frekvencije nepoželjnih gena. Promene u frekvenciji gena dovode do promene genotipova, a posledica svega toga je i promena fenotipova populacije.

Brzi razvoj molekularne genetike omogućio je direktnu analizu genoma životinja, proučavanje strukture i funkcije gena, te tako doprineo boljem razumevanju delovanja nasledne osnove. Pružajući uvid u strukturu i funkciju genoma, oblikovane genske karte domaćih životinja i genetski markeri postaju oruđe delotvornije selekcije, unapređenja bitnih proizvodnih svojstava, eliminacije naslednih bolesti i veće pouzdanosti u selekcijskom radu. Primenom znanja iz molekularne genetike, omogućavaju se bolji rezultati u selekciji, naročito za svojstva koja se teško poboljšavaju korištenjem metoda konvencionalne (fenotipske) selekcije, i to svojstava niskog heritabiliteta ili svojstava čiji se fenotip teško meri (dugovečnost, otpornost na bolesti) ili merenje nije izvodljivo kod kandidata za selekciju (klanična svojstva).

Kako su veterinarima često ti koji pored samog veštačkog osemenjavanja krava farmerima preporučuju i seme bikova za korišćenje, postoji potreba za detaljnije tumačenje vrednovanja genomski testiranih mladih bikova, pre svega kod simentalске rase, kao najzastupljenije kod nas.

PROGENO TESTIRANJE PRIPLODNIH BIKOVA / PROGEN TESTING OF BREEDING BULLS

Selekcija po potomstvu temelji se na proizvodnim podacima potomaka životinje čiju odgajivačku vrednost nameravamo proceniti. Takav oblik selekcije naziva se još i progeni test. U progenom testu jedinka se ocenjuje na temelju proseka svoga potomstva. Taj prosek zavisi od nasledne osnove i uslova spoljašnje sredine, tj. proseka fenotipova potomaka (Uremović, 2002).

Što je veći broj potomaka, to je i tačnija ocena njihovog fenotipa. Potrebno je najmanje pet godina da bi se dobili rezultati. Selekcija po progenom testu ima i svoje nedostatke, a koji se sastoje u tome da se zbog dužeg generacijskog intervala podaci o odgajivačkoj vrednosti dobiju relativno kasno, a za donošenje selekcijskih odluka potrebne su informacije što je moguće ranije. Osim navedenih nedostataka tu su još i sporo i skupo testiranje priplodnih bikova, te je nemoguće brzo preusmeravanje odgajivačkih ciljeva. Ovaj dugotrajan i skup proces moguće je skratiti uvođenjem genomske selekcije. Već u

prvom mesecu života moguće je odrediti da li je tele nasledilo određene poželjne gene određivanjem genetskih markera (Calus, 2009).

GENOMSKA SELEKCIJA / GENOMIC SELECTION

Genomska selekcija podrazumeva korišćenje genetičkih informacija koje se mogu dobiti direktnom analizom genoma (DNK) životinje za raniji i bolji opis njene priplodne vrednosti (Veerkamp, 2009). Ovo je omogućeno dešifrovanjem genoma govečeta 2004. godine i razvijanjem postupaka njegove analize uz pomoć kojih se brzo i ekonomski povoljno može ispitati mnogo hiljada lokusa gena istovremeno, kao i utvrđivanjem velikog broja genetskih markera (Collard, 2005.)

Polimorfizam pojedinačnih nukleotida (Single Nucleotide Polymorphism – SNP) označava genomske markere, koji leže vrlo blizu gena ili direktno u njima. SNP su jednostavno markeri koji

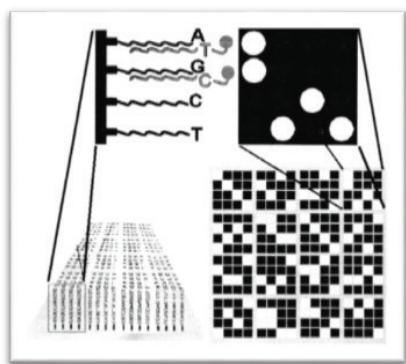
su pogodni za genotipizaciju (Falconer, 1996). Oni omogućuju veoma rano determinisanje osobina koje na primer tele nasleđuje od svojih roditelja. Na osnovu ovih informacija mogu se predvideti karakteristike nekog grla u njegovom ranom uzrastu, odmah po rođenju. Odgovarajućom statističkom analizom za sve SNP, ocenjuje se njihov odnos, odnosno njihov udeo u priplodnoj vrednosti. Genomska priplodna vrednost (gPV) jedne životinje je izračunata suma svih SNP efekata (Hayes, 2007).

Sam proces genotipizacije postavlja relativno visoke zahteve u pogledu kvaliteta DNK, mogu se koristiti uzorci semena, korena dlake, tkiva, ali se krvne probe smatraju pravim izborom (Weigel, 2010).

Firma Illumina iz San Dijega (SAD) prva je razvila i krajem 2007. ponudila čip za identifikaciju mesta gena u kome se nalazi preko 50.000 ravnomerno razvrstanih SNP genoma govečeta (Wiggans, 2011) (slika 1).

Veoma je značajno određivanje vrednosti svakog pojedinačnog markera. Ono se radi u odnosu na tzv. referentnu populaciju. Referentna populacija je grupa bikova sa sigurnim priplodnim vrednostima zasnovanim na podacima progenog testa (konvencionalna priplodna vrednost) i ispitanim DNK profilom. Ona čini potrebnu osnovu za izračunavanje pouzdanih genomskih efekata i genomskih priplodnih vrednosti (Scheffers, 2012).

Mlada grla na koja se odnose ova izračunavanja priplodnih vrednosti



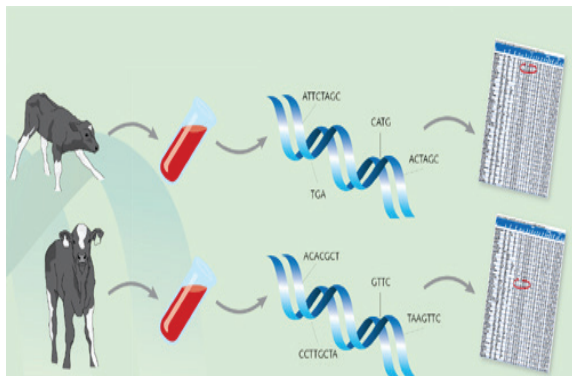
Slika 1. Šematski prikaz principa genotipizacije pomoću SNP čipa

označavaju se kao kandidati za selekciju. Kao uslov navodi se da referentna populacija treba da uključuje najmanje oko 2.000 bikova s preciznim indeksima za proizvodne i funkcionalne osobine (Sullivan, 2009). Kako mnoge selekcijske organizacije u Evropi sarađuju međusobno, stvorena je mogućnost da referentna populacija bude daleko brojnija od ovog standarda. Uz pomoć rezultata dobijenih analizom SNP izvode se obrasci ocene za proizvodne i funkcionalne osobine i iskazuju priplodne vrednosti mladih grla (Patry, 2011). Određivanjem efekata za svaki marker u odnosu na prosek i sabiranjem efekata svih markera za pojedina grla dobijaju se indeksi genomске селекције. Genomski testovi se mogu sprovoditi odmah po rođenju, ili čak i ranije ukoliko se može uzeti uzorak. (Cassell, 2010).

Genomska selekcija se u odgajivačkom programu koristi od 2008. god. U dosadašnjoj praksi testiranja bikova po potomstvu, da bi se garantovala njihova priplodna vrednost, bilo je potrebno da se ona bazira na najmanje 100 na mlečnost ispitanih kćeri. Ovaj sistem se potvrdio u prošlosti kao veoma dobar, s izuzetnim doprinosom u osobinama mlečnosti i eksterijera (Habier, 2009). U praksi doduše postoje dva faktora koja ograničavaju maksimalan genetski

napredak – preferencijalni tretman bikovskih majki i dug generacijski interval kod goveda. Genomska selekcija eliminiše oba ova ograničenja, jer se priplodna vrednost individua oba pola utvrđuje direktnom analizom genoma i to u najranijem uzrastu. I dok su u progenom testu pouzdani podaci o kvalitetu bika, u najboljem slučaju, na raspolaganju kada je on pet godina star, s genomskom selekcijom ovaj proces se znatno skraćuje (Avisé, 2004).

Pouzdanost priplodnih vrednosti od 99 odsto se postiže samo u progenom testu za bikove koji imaju dokazano veliki broj kćeri s proizvodnjom (Henderson, 1976). Rezerve mnogih proizvodjača mleka u Evropi prema novoj metodi selekcije otklonjene su kada je počelo objavljivanje poređenja indeksa priplodnih vrednosti bikova na bazi podataka o njihovim kćerima s njihovim čisto genomskim vrednostima utvrđenim ranije. To potvrđuje i stepen korišćenja genomskih mladih bikova u osemenjavanju krava u pojedinim zemljama. U 2014. god. u Nemačkoj je taj udeo bio 47 odsto, Francuskoj 49 odsto, Španiji 46 odsto, asocijaciji (Holandija/Flandrija) 42 i asocijaciji Viking (Danska, Finska, Švedska) čak 60 odsto (Fürst C., 2016).



Slika 2. Fenotipovi se prikupljaju i ocenjuju samostalno u svakoj zemlji, što za rezultat ima dobijanje procenjene odgajivačke vrednosti. Podaci se razmenjuju i kombinuju preko Interbull-a (organizacija koja je odgovorna za međunarodno genetsko vrednovanje bikova), pa se seme takvih bikova može slobodno prodavati po celom svetu (Wiggans, 2011).

Pored selekcije bikova, ova tehnologija se može koristiti i za selekciju krava za koje možemo proceniti odgajivačku vrednost na isti način i s istom tačnošću. U budućnosti, uspešnost progenog testiranja će se značajno povećati, jer će unapred biti poznato da li je mladi bik nasledio povoljan uzorak gena svojih roditelja i pre početka njegovog korištenja za priplod. Najznačajniji doprinos genotipiziranja tako mladih jedinki je značajno smanjenje generacijskog intervala (Rogers, 2008).

Stručnjaci u Centrima za veštačko osemenjavanje, koriste genomsku selekciju kao preliminarnu za mlade bikove. Iz velikog broja muške teladi oni na ovaj način mogu izabrati grupu potencijalnih bikova koji će se koristiti kao mladi očevi. Smanjenjem broja mladih bikova, smanjuje se trošak uzgoja (Meuwissen, 2001). Pored većeg genetskog napretka, genomski selekcija omogućava i bolju kontrolu porekla i sprečavanje uzgoja u srodstvu, a najveća prednost genomski selekcije je u poboljšanju svojstava sa niskom heritabilnošću kao što su dugovečnost, lakoća teljenja i plodnost. U poređenju s

klasičnim progenim testom, pouzdanost genomskog testa je manja za proizvodne i eksterijerne osobine (Habier, 2007).

Činjenica je da Srbija nema dovoljno veliku referentnu populaciju za razvoj sopstvene SNP jednačine, pa je stoga potrebno uključivanje u jedan od velikih sistema, na primer Nemačke i Austrije (DEU/AT sistem), odakle je i poreklom najveći broj priplodnih bikova simentalne rase kod nas.

Prateći šta se događa u DEU/AT sistemu uzgoja, posebno trendove nakon uvođenja genomski selekcije, može se zapaziti da se udeo korištenja mladih bikova povećao, posebno kod austrijskih odgajivača, gde neki od njih već prelaze 70%-tno korištenje genomski bikova. Ovakva praksa ima svoje prednosti, brži je genetski napredak, ali ima i rizika jer pouzdanost odgajivačkih vrednosti mladih bikova nije još na dovoljno visokom nivou da bi se bilo koji od njih masovno koristio bez ograničenja. Rizik se smanjuje korištenjem više bikova po manji broj doza sve do dobijanja prvih rezultata na kćerima u proizvodnji – progenih testova.

Na sledećih nekoliko konkretnih primera možemo videti koliko genomski testovi mogu „zavarati“, tj. koliko su pouzdani. Progeni testovi mogu biti lošiji ili bolji te, često mogu potpuno promeniti odluku o korišćenju nekog

bika. Posebno treba obratiti pažnju na brojke u zagradaama, % pouzdanosti, indeksi u genomskom razdoblju imaju pouzdanost <70%, a prvi progeni testovi dižu pouzdanost na 80–90%.

Tabela 1. HermannAT 000375872116, rođ. 14.11.2008., simentalac



mesec/godina	UPV	Mlečnost	Mleko	M.M.	Prot.	Per.	Mesnatost	Fitnes	Brzina muže
Decembar 2012	130 (69%)	124 (68%)	+912	+35	+27	105	104 (70%)	112 (68%)	115 (67%)
April 2013	129 (71%)	122 (68%)	+859	+33	+25	104	108 (91%)	112 (69%)	113 (68%)
Avgust 2013	130 (72%)	121 (69%)	+785	+31	+24	103	111 (97%)	115 (71%)	112 (69%)
Decembar 2013	126 (78%)	116 (78%)	+717	+21	+22	106	112 (98%)	116 (74%)	104 (82%)
April 2014	121 (89%)	111 (94%)	+563	+16	+14	110	112 (98%)	117 (79%)	88 (95%)

Hermann (Hades x Winnipeg) je austrijski bik koji je dosta korišten kao mladi genomski, ali progeni testovi se nisu pokazali dobri, došlo je do pada

indeksa mleka za čak 13 bodova, veliki pad odgajivačke vrednosti za količinu mleka a najviše mu je pala vrednost za brzinu muže sa odličnih 115 na loših 88.

Tabela 2. Helderberg, DE 000943975145, rođ. 30.03.2009, simentalac



mesec/godina	UPV	Mlečnost	Mleko	M.M.	Prot.	Per.	Mesnatost	Fitnes	Brzina muže
Decembar 2012	119 (67%)	115 (66%)	+444	+18	+20	108	100 (63%)	111 (66%)	100 (65%)
April 2013	117 (67%)	112 (66%)	+378	+13	+17	108	100 (63%)	112 (67%)	98 (65%)
Avgust 2013	116 (68%)	110 (67%)	+351	+ 9	+16	105	99 (63%)	115 (69%)	98 (66%)
Decembar 2013	123 (72%)	116 (69%)	+628	+16	+22	105	107 (94%)	113 (70%)	101 (69%)
April 2014	127 (80%)	127 (82%)	+1167	+39	+34	98	102 (94%)	104 (73%)	109 (83%)

Helderberg(Hades x Wal). Potpuno suprotno događalo se ovom bavarском Hermannovom bratu po ocu. Nije bio puno korišćen kao mladi genomski bik pa za sada ima 56 kćeri u početku laktacije

samo u Bavarskoj (u 51. stadu). Sve to donosi mu za sada pouzdanost malo iznad 80%, ali vidi se odličan trend rasta, posebno količine mleka i muže.

Tabela 3. Hochwurze, AT 000866230314, rođ.29.03.2008, simentalac

mesec/ godina	UPV	Mlečnost	Mleko	M.M.	Prot.	Per.	Mesnatost	Fitnes	Brzina muže
Decembar 2012	116 (72%)	110 (69%)	+366	+13	+12	104	98 (87%)	113 (70%)	105 (69%)
April 2013	115 (73%)	111 (72%)	+446	+15	+13	102	98 (88%)	111 (70%)	106 (73%)
Avgust 2013	119 (78%)	115 (78%)	+868	+17	+22	107	98 (88%)	111 (74%)	108 (82%)
Decembar 2013	126 (82%)	121 (85%)	+1119	+23	+31	114	98 (89%)	113 (75%)	108 (86%)
April 2014	127 (85%)	124 (88%)	+1235	+28	+34	115	97 (89%)	113 (77%)	104 (88%)

Primer bika koji je sa genomskom završetkom progenog testa dostigao 127, ocenom za ukupnu priplodnu vrednost kao i status bikovskog oca. bio na 115 u aprilu 2013.g. da bi sa

Tabela 4. Matogroso, DE 000942741459, rođ.08.05.2008. simentalac

mesec/godina	UPV	Mlečnost	Mleko	M.M.	Prot.	Per.	Mesnatost	Fitnes	Brzina muže
Decembar 2012	115 (72%)	113 (70%)	+436	+17	+17	96	98 (89%)	108 (69%)	104 (69%)
April 2013	123 (80%)	120 (83%)	+971	+20	+30	103	100 (91%)	111 (73%)	111 (83%)
Avgust 2013	128 (85%)	125 (89%)	+1198	+33	+36	106	100 (91%)	110 (76%)	112 (88%)
Decembar 2013	125 (87%)	123 (91%)	+1114	+29	+33	106	100 (91%)	108 (77%)	110 (90%)
April 2014	125 (87%)	123 (91%)	+1095	+27	+33	107	100 (91%)	108 (78%)	109 (90%)

Tabela 5. Mattawa, DE 000942900133, rođ. 27.03.2008. simentalac

mesec/godina	UPV	Mlečnost	Mleko	M.M.	Prot.	Per.	Mesnatost	Fitnes	Brzina muže
Decembar 2012	120 (71%)	126 (69%)	+921	+34	+33	103	84 (90%)	105 (69%)	112 (68%)
April 2013	115 (75%)	121 (75%)	+591	+26	+28	105	85 (92%)	103 (71%)	114 (75%)
Avgust 2013	108 (83%)	114 (86%)	+305	+21	+18	102	85 (92%)	101 (75%)	110 (87%)
Decembar 2013	103 (86%)	108 (89%)	+160	+16	+10	97	86 (92%)	101 (77%)	107 (88%)
April 2014	106 (87%)	110 (90%)	+113	+20	+12	99	86 (92%)	104 (77%)	107 (89%)

Među najvećim „razočarenjima“ brojni su Rau-ovi sinovi od kojih se puno očekivalo:

Tabela 6. **Rave**, AT000400484214, rođ. 26.02.2008. simentalac


mesec/godina	UPV	Mlečnost	Mleko	M.M.	Prot.	Per.	Mesnatost	Fitnes	Brzina muže
Decembar 2012	133 (73%)	127 (71%)	+1065	+34	+37	99	97 (94%)	123 (71%)	105 (71%)
April 2013	127 (79%)	121 (80%)	+747	+23	+31	96	97 (94%)	120 (75%)	105 (85%)
Avгust 2013	124 (87%)	117 (90%)	+629	+12	+26	95	97 (96%)	122 (78%)	102 (92%)
Decembar 2013	122 (89%)	116 (93%)	+637	+17	+24	101	96 (97%)	119 (80%)	103 (94%)
April 2014	120 (90%)	113 (94%)	+567	+12	+20	99	97 (98%)	119 (81%)	103 (94%)

Tabela 7. **Rooney**, AT 000400479514, rođ. 16.02.2008. simentalac


mesec/godina	UPV	Mlečnost	Mleko	M.M.	Prot.	Per.	Mesnatost	Fitnes	Brzina muže
Decembar 2012	120 (76%)	118 (76%)	+813	+19	+25	86	94 (92%)	114 (71%)	104 (79%)
April 2013	106 (83%)	106 (86%)	+82	+4	+9	89	93 (93%)	107(74%)	97 (89%)
Avгust 2013	103 (86%)	102 (90%)	0	0	+3	85	94 (93%)	107(77%)	95 (91%)
Decembar 2013	102 (87%)	100 (91%)	-18	-1	+1	82	93 (93%)	109 (78%)	96 (91%)
April 2014	101 (88%)	100 (91%)	-12	-2	0	79	93 (93%)	108 (79%)	96 (91%)

Pouzdanost genomskih testova za eksterijer prilično je niska, posebno za osobine nogu i papaka (ispod 60%) i zato je izuzetno važno ocenjivanje eksterijera kćeri bikova koje koristimo u osemenjavanju. Za to su nam neophodni specijalizovani ocenjivači koji bi dobro sarađivali sa farmerima i kontinuirano se međusobno usklađivali u ocenama, te stalno komunicirali sa ocenjivačima iz najjačih uzgoja (AT/DEU/CZ/IT). Njihove ocene i preporuke bi tada bile značajne.

GENETSKI DEFEKTI / GENETIC DEFECTS

Pored ovih podataka koji se tiču proizvodnih osobina goveda, analizom genoma došlo se do informacija i o genetskim anomalijama koje se prenose pre svega preko

semena priplodnih bikova. Analize se rade kod mladih životinja ali i kod starijih kako bi se uporedili rezultati progenih rezultata potomaka. Tako da ne treba da čudi otkrivanje genetskih anomalija i kod bikova za koje se smatralo da ih ne prenose na potomstvo. Odnosno, nije isključeno da će se u budućnosti lista bikova sa ovim negativnim podacima i proširiti. Najjednostavnija i najsigurnija taktika bi bila nadalje koristiti samo bikove slobodne od genetskih defekata, ali to je lakše reći nego sprovesti, jer dostupnost semena bikova nije svuda jednaka pa su pojedini farmeri prisiljeni koristiti i bikove nosioce (Gholap, 2014).

Genetski defekti još uvek ne pričinjavaju bitne ekonomske štete, ali ako bi se zanemarivalo i ignorisalo njihovo postojanje,

neminovno širenje u populaciji donelo bi sve veće štete. U razvijenim govedarstvima, bikovi nosioci se koriste kontrolisano i

ograničeno. Podaci koji se objavljuju o bikovima sadrže i podatke o genetskim anomalijama (A, BMS, P, TP, ZDL, DW, FH2).

Slika 3. Arachnomelia (A)



Slika 4. Patuljast rast (DW)



Slika 5. Fankoni Bikelov sindrom – usporen rast (FH2)



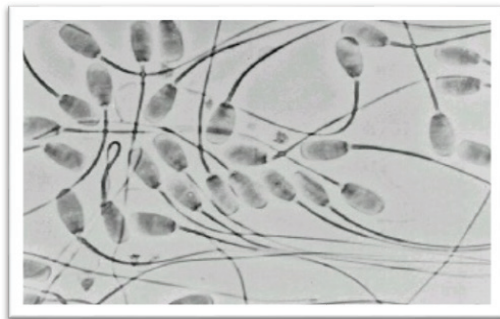
Slika 6. Sindrom nedostatka cinka (ZDL)



Slika 7. Trombopatija (TP), hemofilija



Slika 8. Subfertilnost bikova (BMS)



ZAKLJUČAK

Razvojem genomske selekcije, odnosno procene odgajivačke vrednosti goveda na osnovu genoma, otvorena je mogućnost da se mladi priplodni bikovi mogu koristiti u priplodu ranije nego što je to bilo konvencionalnim putem. Glavna je prednost genomske selekcije da se za životinju odmah po sprovedenoj genotipizaciji može izračunati genomska odgajivačka vrednost putem SNP jednačine. Pošto se životinje genotipiziraju pri rođenju, genomska selekcija omogućava smanjenje generacijskog intervala, značajno se smanjuju troškovi testiranja i dolazi do dodatnog povećanja genetskog napretka i selekcijskog inteziteta. Takođe, ovom metodom se kontroliše poreklo goveda, smanjuje mogućnost gajenja u srodstvu i stvara mogućnost otkrivanja genetskih defekata koji mogu prouzrokovati ekonomske štete. Genomski testovi mogu zavarati, jer progeni testovi mogu biti lošiji, te često potpuno promeniti odluku o korišćenju nekog bika.

LITERATURA / REFERENCES

1. Avise, J. C. (2004): *The hope, hype, and reality of genetic engineering*. Oxford University Press. New York, 135–138.
2. Calus, M. P. L. (2009): *Genomic breeding value prediction: methods and procedures*. Animal 4 (2), 157–164.
3. Cassell, B. (2010): *Genetic Improvement Using Young Sires With Genomic Evaluations*. Virginia Cooperative Extension, Publication 404-090, 1–8.
4. Collard, B. C. Y., Jahufer, M. Z. Z., Brouwer J. B., Pang, E. C. K. (2005): *An introduction to markers, quantitative trait loci (QTL) mapping and marker-assisted selection for crop improvement: The basic concepts*. Euphytica 142, 169–196.
5. Falconer, D.S., Mackay, T.F.C. (1996): *Introduction to Quantitative Genetics*. Fourth edition. Longman Group Ltd. 1529–1536.

6. Fürst Christian, (2016): *Vorstellung von nachkommen geprüften Stieren und genomischen Jungstieren*. Fleckvieh Austria Magazin 2/16. 24–29.
7. Gholap P.N., Kale D.S. and Sirothia A.R. (2014): *Genetic Diseases in Cattle: A Review*. Research Journal of Animal Veterinary and Fishery Sciences. vol 2/2, 24–33.
8. Habier, D., Fernando, R. L., Dekkers, J. C. M. (2007): *The Impact of Genetic Relationship Information on Genome-Assisted Breeding Values*. Genetics 177, 2389–2397.
9. Habier, D., Fernando, R. L., Dekkers, J. C. M. (2009): *Genomic Selection Using Low-Density Marker Panels*. Genetics 182, 343–353.
10. Hayes, B. (2007): *QTL Mapping, MAS, and Genomic Selection. A short-course*. Animal Breeding & Genetics Department of Animal Science. Iowa State University. 3–4, 66.
11. Henderson, C. R. (1976): *A simple method for computing the inverse of a numerator relationship matrix used in prediction of breeding values*. Biometrics 32–69. 32.
12. Meuwissen, T. H. E., Hayes, B. J., Goddard, M. E. (2001): *Prediction of Total Genetic Value Using Genome - Wide Dense Marker Maps*. Genetics 157, 1819–1829.
13. Patry, C., Ducrocq, V. (2011): *Accounting for genomic preselection in national BLUP evaluations in dairy cattle*. Genetics Selection Evolution, 43(30).
14. Rogers, G. W., Van Tassell, C. P., Van Raden, P. M., Wiggans, G. R. (2008): *Four ways genomic selection will change dairy cattle genetic improvement in the near future*. Progressive Dairyman Publishing. 366–383.
15. Schefers, J. M., Weigel, K. A. (2012): *Genomic selection in dairy cattle: Integration of DNA testing into breeding programs*. Animal Frontiers 2 (1), 4–9.
16. Sullivan, P. (2009): *Options for Combining Direct Genomic and Progeny-Test Results*. Genetic Evaluation Board Meeting, June 24, 2009.
17. Uremović, Z., Uremović, M., Pavić, V., Mioč, B., Mužić, S., Janječić, Z. (2002): *Stočarstvo*. Agronomski fakultet, Sveučilišta u Zagrebu, 55, 74.
18. Veerkamp, R., Calus, M. P. L. (2009): *Genomics revolution*. Veepromagazine 71, 4–6.
19. Weigel, K. (2010): *Understanding Genomics and Its Applications on a Commercial Dairy Farm*. High Plains Dairy Conference. Amarillo, Texas.
20. Wiggans, G. R., Vanraden, P. M., Cooper, T. A. (2011): *The genomic evaluation system in the United States: past, present, future*. Journal of Dairy Science 94(6), 3202–3211.

Rad primljen: 18.6.2017.

Rad prihvaćen: 21.10.2017.