

# PREDNOSTI GENOMSKE SELEKCIJE – PRIMJER SIMENTALSKE PASMINE GOVEDA U REPUBLICI HRVATSKOJ

**dr. sc. Marija Špehar**

Hrvatska agencija za poljoprivredu i hranu, Centar za stočarstvo  
marija.spehar@hapih.hr

**Josip Crnčić, struč.spec. ing. agr.**

Hrvatska agencija za poljoprivredu i hranu, Centar za stočarstvo  
josip.crnccic@hapih.hr

## Uvod

Genetsko unaprjeđenje kvantitativnih svojstava (mliječnost, mesnatost, svojstva vanjštine, dugovječnost, itd.) temelji se na fenotipskim podacima i porijeklu koji se koriste za procjenu uzgojne vrijednosti (UV). Kod mliječnih pasmina goveda, fenotipski se podaci prikupljaju kroz različite oblike kontrole proizvodnosti (mliječnost, plodnost, ocjena vanjštine, itd.) na kćerima koje su potomci testiranih bikova (očeva). Bikovi su četiri do šest godina stari kada se dobivaju prvi podaci o proizvodnji njihovih kćeri. Tada je točnost procijenjene UV 0,90 ili više. Bez progenog testiranja, kao izvora fenotipskih informacija za bikove, točnost procijenjene UV koristeći samo informacije iz porijekla (tzv. pedigre indeks – PI) iznosi oko 0,60. Tehnološki razvoj i otkrića na području molekularne genetike omogućili su korištenje nove generacije genetskih markera za procjenu UV. Dotični markeri, tzv. SNPs (engl. *Single Nucleotide Polymorphisms*) označavaju varijabilna mjesta u genomu veličine jednog nukleotidnog para koji se javljaju u frekvenciji većoj od 1%. Razvojem SNP čipova koji mogu istovremeno determinirati na desetke tisuća takvih polimorfni mjesta u genomu, omogućeno je uključivanje dodatnog izvora informacija u selekcijski rad. Ovaj vid selekcije, poznat pod nazivom genomska selekcija (GS), može se definirati kao oblik selekcije uz pomoć genetskih markera (SNP-ova) gdje su markeri koji pokrivaju čitav genom u neravnoteži s lokusima za kvantitativna svojstva (engl. *Quantitative Trait Loci – QTL*). GS je dovela do značajnih promjena na području uzgoja i genetskog vrednovanja goveda od prve implementacije 2009. godine. Doprinosi korištenja genomske informacije u selekciji i uzgoju se manifestiraju ubrzanim genetskim napretkom kroz smanjenje genetskog intervala (procjena genomske UV genotipizirane životinje odmah pri

rođenju) i veću točnost procjenjene UV (uslijed združivanja svih poznatih izvora informacija – fenotip, porijeklo i SNP-ovi). Također, korištenje SNP markera omogućava bolju kontrolu porijekla životinja i sprečavanje uzgoja u srodstvu. Svakako je potrebno naglasiti da GS ne zamjenjuje dosadašnje selekcijske metode nego ih nadopunjuje.

Vrlo brzo nakon prve implementacije GS u svijetu razmatrane su mogućnosti njenog uvođenja u govedarstvo Republike Hrvatske (RH), prvenstveno za simentalsku pasminu. Zahvaljujući suradnji na području harmonizacije uzgojnog programa za simentalsku pasminu između RH i države Bavarske kao i dobre suradnje Središnjeg saveza hrvatskih uzgajivača simentalskog goveda (H.U.SIM.) sa kolegama iz Njemačke i Austrije, pružila se mogućnost uključivanja hrvatske simentalske populacije u sustav genomskog vrednovanja Njemačke i Austrije (u daljnjem tekstu DE/AT) koji je uspostavljen u kolovozu 2011. godine kao nadogradnja već postojećeg zajedničkog genetskog vrednovanja. Ovaj postupak uključivanja je bio opravdan budući da je uzgoj simentalske pasmine u RH uvelike povezan s uzgojima u državi Bavarskoj i Austriji. Pored odabira bikovskih očeva i majki iz navedenih populacija, prisutan je i dugogodišnji uvoz steonih junica te sjemena bikova koji se koriste za umjetno osjemenjivanje (u.o.) na hrvatskoj populaciji krava. Genomsko vrednovanje za hrvatsku populaciju simentalske pasmine službeno je započelo u srpnju 2013. godine kada je između H.U.SIM.-a i bivše Hrvatske poljoprivredne agencije (HPA) s jedne i njemačkih odnosno austrijskih uzgajivačkih institucija s druge strane potpisan 'Ugovor o provedbi genomskog vrednovanja za simentalsku pasminu goveda' (u daljnjem tekst 'Ugovor'). Pored RH, u zajednički sustav genomskog vrednovanja DE/AT uključile su se i Češka, Slovenija, Slovačka, Italija i Mađarska obzirom da nemaju dovoljno veliku referentnu populaciju za vlastito genomsko vrednovanje.

Cilj ovog rada je bio opisati postupke uvođenja i provedbe GS kod simentalske pasmine goveda, te prikazati rezultate genomskog vrednovanja kao osnove bržeg genetskog napretka korištenjem mladih genomski testiranih bikova u sustavu u.o. i odabirom budućih bikovskih majki na osnovi procijenjenih genomskih UV.

### Postupci uvođenja i provedbe GS

Uključivanju hrvatske simentalske populacije u sustav GS DE/AT prethodio je 'Sporazum o primjeni genomske selekcije u uzgojnom programu goveda' potpisan 2012. godine na nacionalnoj razini kojim su određeni sudionici njegove provedbe i utvrđene njihove obveze. U provođenju aktivnosti GS uključeni su: H.U.SIM. (odabir kandidata namijenjenih testiranju i planiranje korištenja genomski testiranih

bikova), bivša HPA tj. pravni slijednik HAPIH (selekcija kandidata, priprema porijekla kandidata za testiranje, ažuriranje matične knjige, analiza i objava rezultata genomskih UV), centri za u.o. i to: Centar za umjetno osjemenjivanje Varaždin, Centar za unapređenje stočarstva Osijek, Centar za reprodukciju u stočarstvu Križevci, te centri za distribuciju sjemena Repro Vet i Nova Genetik (odabir kandidata namijenjenih testiranju, uzimanje i doprema uzoraka biološkog materijala do laboratorija, kupnja i držanje genomski testiranih bikova, te sufinanciranje samog postupka genotipizacije muških kandidata). Prvi korak u provođenju postupaka GS je odabir teladi za genotipizaciju koji se provodi u suradnji uzgajivačkog odbora H.U.SIM-a, HAPIH-a i centara za u.o. i distribuciju sjemena. Prilikom potpisivanja 'Ugovora' dogovoreno je da se godišnje genotipizira oko 150 teladi iz hrvatske populacije simentalnog goveda. Od 2019. godine genotipiziraju se i majke teladi.

Životinje za genotipizaciju odabrane su koristeći sljedeće kriterije: a) potomci interesantnih genomski i progno testiranih bikova/očeva; b) porijeklo odabranih životinja uzimajući u obzir interesantne linije očeva i majki; i c) majka teladi mora imati ocjenjenu vanjštinu s natprosječnim vrijednostima glavnih osobina kao i natprosječne proizvodne osobine.

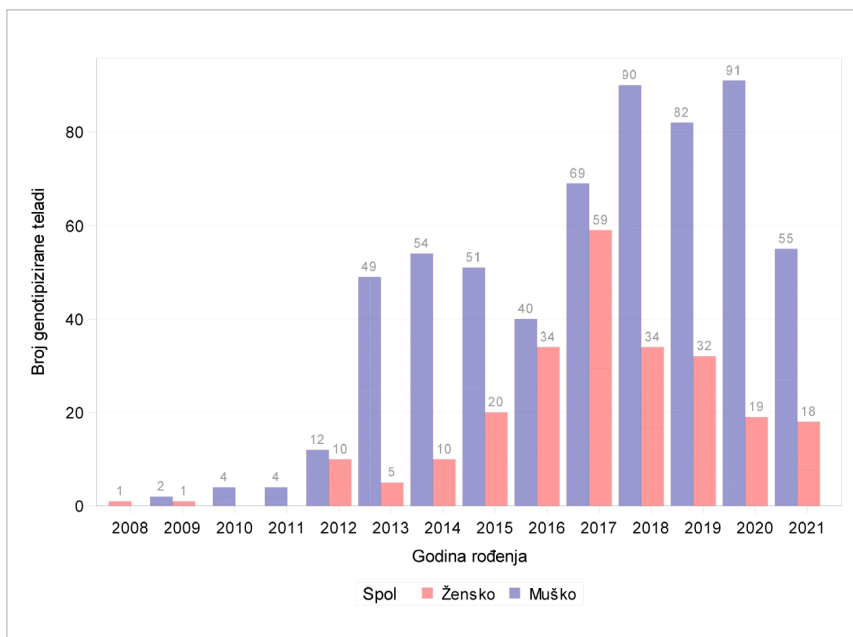
Nakon što se na uzgajivačkom odboru H.U.SIM-a definira konačni prijedlog kandidata za genotipizaciju, djelatnici H.U.SIM-a izrađuju naloge za genotipizaciju putem online portala LKV organizacije (Landeskuratorium der Erzeugerringe für tierische Veredelung in Bayern) koja je odgovorna za kontrolu proizvodnosti države Bavorske. Sljedeći je korak uzimanje uzoraka biološkog materijala životinja (ušno tkivo) za genotipizaciju koje na terenu provode predstavnici Centra za u.o. Varaždin i djelatnici HAPIH-a nakon preuzimanja naloga za genotipizaciju kandidata i epruveta s barkodom. Uzorci biološkog materijala šalju se prema ovlaštenom laboratoriju, a to je GeneControl u Grubu u kojem se provodi genotipizacija koristeći Illumina BovineSNP50K BeadChip®. Od početka do danas korištene su tri verzije čipa: verzija 1 (54001 SNP-ova), verzija 2 (54609 SNP-ova) i verzija 3 (43376 SNP-ova). Svakako je bitno napomenuti da se je cijena genotipizacije drastično smanjila od početnih 100€ (2013. godina) na 27€ (2022. godina).

### Broj genotipiziranih životinja

Slijedeći navedene kriterije, ukupno je 874 životinja odabrano, genotipizirano i uključeno u genomsko vrednovanje DE/AT, dok su za njih 839 (597 muških i 242 ženskih životinja) dobiveni rezultati genomskog vrednovanja do ožujka 2022. godine. Genotipizirane životinje (muška i ženska telad te njihove majke) bile su rođene u razdoblju od 2008. do 2021. godine. Počevši od 2013. godine kao prve

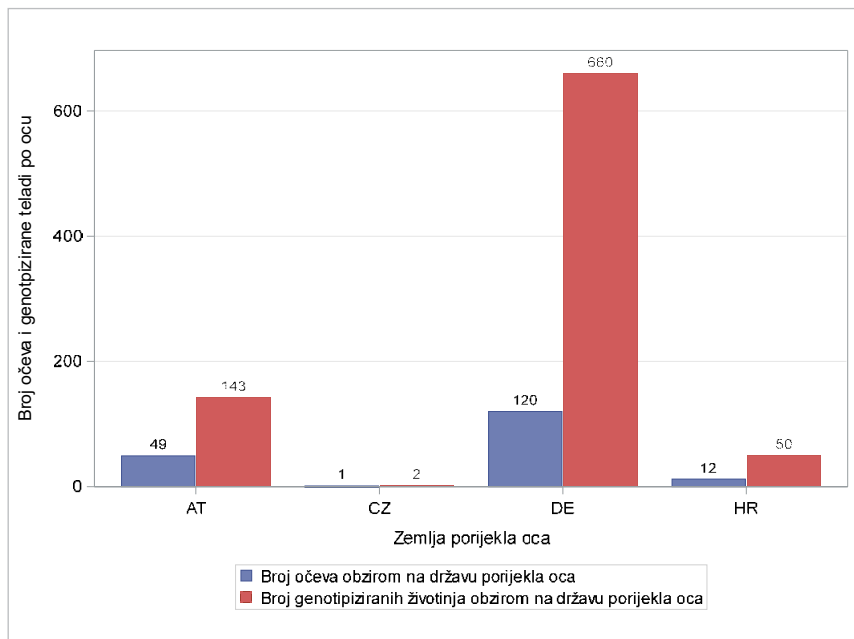
godine provođenja genomske selekcije u RH, broj genotipiziranih životinja se povećavao u narednim godinama (grafikon 1). Međutim, ovaj broj još uvijek je manji od očekivanih 150 genotipiziranih životinja po godini. Najvažniji razlozi za to su premali broj uzgajivača uključenih u provedbu genomske selekcije. Iz slike 1. je vidljivo da prevladava muška telad (71%) obzirom da se želi osigurati dovoljan broj mladih bikova koji će biti korišteni za u.o. populacije simentalških krava u RH s ciljem postizanja genetskog napretka.

**Grafikon 1.** Broj genotipiziranih životinja po godini i spolu



Genotipizirane životinje potomci su 182 bika (grafikon 2). Pri odabiru životinja za genotipizaciju napravljena je predselekcija prema prethodno navedenim kriterijima, uslijed čega su odabrane životinje tj. njih 660 bile potomci 120 bikova njemačkog (DE), a njih 143 je potjecalo od 49 bikova austrijskog porijekla (AT). Navedeni bikovi se koriste kao bikovski očevi u populaciji krava simentalške pasmine u RH ili su temeljem konvencionalnih UV za selekcijski indeks među najbolje rangiranim bikovima u DE/AT sustavu. Među očevima 50 teladi je i 12 bikova hrvatskog porijekla (HR), te jedan bik češkog porijekla.

**Grafikon 2.** Broj bikova po državi porijekla i broj genotipizirane teladi po državi porijekla oca



Majke odabrane teladi bile su uglavnom hrvatskog porijekla (njih 542), dok su majke preostale genotipizirane teladi bile kupljene u Njemačkoj ili Austriji (njih 145) te su u RH dopremljene kao visokobređe junice. Od ukupnog broja majki, njih 198 je bilo genotipizirano (168, hrvatskog 19 austrijskog i 11 njemačkog porijekla).

Odabrana telad uzgojena je kod 110 uzgajivača. Ukupno je 31 (28%) uzgajivač genotipizirao pet i više životinja sa svog gospodarstva, dok preostalih 79 uzgajivača ima manje od pet genotipiziranih životinja. Uzgojno područje simentalke pasmine je središnji i sjeverozapadni dio RH. Najveći broj genotipizirane teladi (više od 80%) je iz uzgojnog područja Zagrebačke, Bjelovarsko-bilogorske i Koprivničko-križevačke županije koje su ujedno najvažnije uzgojno područje ove pasmine.

U državi Bavarskoj su, do uspostave sustava genomskog testiranja DE/AT u koložu 2011. godine, bili genotipizirani svi progno testirani bikovi (njih oko 9.300), a ujedno su pristupili i genotipizaciji teladi čiji se broj povećavao pri svakom mjesečnom izračunu genomskih UV. U periodu od studenog 2012. do listopada 2013. je bilo genotipizirano oko 5.300 teladi, dok je broj genotipizirane teladi u 2016.

godini bio oko 11.200 (Luntz, 2016; osobna komunikacija). U Austriji se je u periodu od 2012. do 2016. godišnje genotipiziralo oko 1.200 muške teladi. Zahvaljujući projektima i padu cijene genotipizacije pristupilo se i genotipizaciji ženskog dijela populacije, pa je tako u Austriji od 2018. do danas genotipizirano 40.500 ženskih životinja svih kategorija, a u državi Bavarskoj od 2019. do danas njih oko 100.000 (Emmerling, 2021; prezentacija poodom uvođenja nove metodologije genomskog vrednovanja). Upravo je pad cijene genotipizacije doveo do masovnog porasta broja genotipiziranih životinja uključenih u sustav genomskog vrednovanja DE/AT. Taj je broj u periodu od kolovoza 2018. do srpnja 2019. godine genotipizirano 48.232 životinja, od kolovoza 2019. do srpnja 2020. godine njih 91.126, odnosno od kolovoza 2020. do srpnja 2021. 88.998 životinja (Emmerling, 2021).

### Provođenje genomskog vrednovanja

Genomsko vrednovanje u DE/AT sustavu organizirano je kroz tri institucije u kojima se genomski procjena provodi po skupinama svojstava: Institut u Grubu – svojstva mliječnosti, broj somatskih stanica, protok mlijeka i svojstva vanjštine; Institut u Stuttgartu – svojstva mesnatosti; i Zuchtdata u Beču – funkcionalna svojstva (dugovječnost, lakoća teljenja i prenatalna uginuća teladi, plodnost i ukupan selekcijski indeks). Nakon provedene genotipizacije u GeneControl laboratoriju, genotipovi se prosljeđuju u Institut u Grubu gdje se provodi analiza kvalitete SNP genotipova. Isto tako se vrši direktna usporedba genotipova srodnih životinja (roditelj – potomak, djed – potomci i srodnost unutar porodice po očevoj i majčinoj liniji) i izračun koeficijenta srodnosti koristeći genomsku matricu srodstva. U slučaju neslaganja (genetskog konflikta), u porijeklu životinje se briše postojeći otac i predlaže novi temeljem informacija iz genomске matrice srodstva po unaprijed definiranom protokolu. Predloženi otac se potvrđuje na temelju procedura provjere porijekla prema ICAR smjernicama kako bi se ažurirao pravi otac životinje u bazi podataka.

Dobiveni genotipovi životinja osnova su za genomsko vrednovanje tj. izračun genomске UV i pedigree indeksa (PI) za svaku genotipiziranu životinju. Do travnja 2021. godine, genomsko vrednovanje provodilo se je koristeći tzv. pristup u dva koraka (engl. *two-step approach*) koristeći genomsku matricu srodstva (G-BLUP). Kod ove metode se učinci markera procjenjuju na dijelu populacije koji je genotipiziran i fenotipiziran, a zatim se za izračunavanje direktne genomске vrijednosti (DGV) sumiraju procijenjeni učinci markera za date genotipove selekcijskih kandidata. U drugom koraku DGV se povezuje sa konvencionalnom UV roditelja ili sa PI u genomsku UV (engl. *Genomically Enhanced Breeding Values*). Genomsko vrednovanje se provodilo za ukupno 44 svojstva.

Od travnja 2021. godine genomsko vrednovanje se provodi po tzv. metodologiji procjene genomskih UV u jednom koraku (engl. *single-step approach*; Emmerling, 2021) pri čemu se simultano koriste fenotipski podaci, genomski informacija (SNPs) i porijeklo. Razvoju ove metodologije prethodila je uspostava projekta u trajanju od tri godine financiranog od strane države Bavarske, uzgojnih udruženja i centara za u.o. koji uključuje dva modula. Modul I je tzv. genotipizacija u stadi- ma – modulom je obuhvaćeno 286 stada u kojima će se genotipizirati sva ženska grla od kategorije teladi do krava u prvoj laktaciji kojima će biti ocjenjena svojstva vanjštine i prikupiti će se podaci o svojstvima zdravlja. Cilj ovog modula je da se dobiju informacije o svojstvima krava u prvoj laktaciji koje su kćeri mladih bikova. Modul II je tzv. genotipizacija temeljena na bikovima – obuhvaća genotipizaciju krava u laktaciji koje imaju fenotipske podatke za mliječnost, fitness i vanjštinu, a njihovi genotipovi će omogućiti opis svih haplotipova prisutnih u populaciji. Cilj ovog modula je da se za mlade bikove koji su vlasništvo centara za u.o. u državi Bavarskoj dobije 50 genotipizanih kćeri za pouzdanu procjenu genomski UV. Upravo su genotipizacijom 34.000 kćeri sa fenotipskim podacima iz modula II stvoreni preduvjeti za uspostavu tzv. *single-step* genomskog vrednovanja jer se drastično povećao broj životinja sa genotipom i fenotipom čime je omogućena bolja povezanost genotip-fenotip i veća točnost procijenjene genomski UV. Umjesto potrebe za razvijanje SNP jednadžbe (procjena učinaka markera na svojstvo) na dijelu populacije (u većini slučajeva na progenu testiranim bikovima), *single-step* metodologijom se pri procjeni UV istovremeno koriste svi raspoloživi fenotipovi, genotipovi (sve kategorije genotipiziranih jedinki koje su povezane sa proizvodnim podacima) kao i podaci o očekivanom stupnju srodstva iz rodovnika. Metoda se temelji na korištenju tzv. realizirane matrice srodstva (H matrica) koja kombinira genomski informaciju i podatke iz rodovnika pri definiranju međusobnog srodstva jedinki.

Metodologija je primijenjena za sva svojstva uključenih u genomski vrednovanje, a dodatno je razvijen model genomskog vrednovanja za tri nova svojstva koja se odnose na zdravlje životinja (mastitis, ciste, poremećaj plodnosti). Ujedno su unaprijeđeni modeli genomskog vrednovanja svojstava dugovječnosti, mesnatosti i plodnosti. U fazi razvoja je *single-step* model za genomski vrednovanje laktacijske perzistencije, metaboličke poremećaje (ketoza) i ponašanje pri mužnji. Promjena metodologije je dovela i do značajnih promjena u procijenjenim genomskim UV između ove i prethodno korištene metodologije. Promjene su manje vidljive za kćeri progenu testiranih bikova, a izraženije za genotipizirane životinje bez vlastitog fenotipa. Naime, *single-step* metodologija genomskog vrednovanja je iznimno osjetljiva na pogrešne i nepotpune informacije porijekla. Stoga da bi

genomska UV bila valjana i pouzdana potrebni su slijedeći preuvjeti: a) genotipizirani otac i majka; i/ili b) genotipizirani otac i majčin otac. Koristeći genotipove iz ovih stavki se može provesti provjera porijekla. Ako za bilo koju od ove dvije stavke postoji neslaganje tj. genetski konflikt, potrebno je korigirati porijeklo jer u protivnom neće doći do objave genomske UV. Pored porijekla, za valjanu i pouzdanu genomsku UV potrebna je povezanost životinje koja je genotipizirana s fenotipskim podacima u sustavu DE/AT kroz slijedeće kriterije: a) kandidat je rođen unutar DE/AT sustava; b) otac i majčin otac su progeno testirani u DE/AT sustavu; i c) očev i majčin otac su progeno testirani u DE/AT sustavu. Ako nije ispunjen niti jedan od navedenih kriterija genomska UV ne može biti procjenjena odnosno publicirana. Iz tog razloga je nužna pravovremena dostava svih raspoloživih informacija porijekla za sve kandidate iz hrvatske populacije prilikom slanja bioloških uzoraka. Objava rezultata genomskih UV odvija se prema unaprijed utvrđenom godišnjem rasporedu objavljenom na web stranici LKV (<https://lkv-online.bayern.de/genomic/>) svakih tri do četiri tjedna za nove kandidate tj. tri puta godišnje (travanj, kolovoz, prosinac) za kalibracijski izračun. Rezultati genomskog vrednovanja za životinje iz hrvatskog uzgoja se preuzimanju iz baze LKV, te se analiziraju i objavljuju na web stranici HAPIH-a ([https://www.hapih.hr/cs/aplikacije/vrednovanje/web/cattle/\\_int/dea/\\_main\\_gen\\_2022.html](https://www.hapih.hr/cs/aplikacije/vrednovanje/web/cattle/_int/dea/_main_gen_2022.html)).

### Distribucija genomske UV za glavne skupine svojstava

Distribucija genomske UV za glavne skupne svojstava: dnevni indeks mliječnosti, indeks mesnatosti, fitnes i selekcijski indeks prikazana je na grafikonu 3. Obzirom da je već u prvom koraku pri odabiru teladi napravljena predselekcija, distribucija genomske UV je pomaknuta udesno u krivulji normalne distribucije (prosjek je 100, a jedna standardna devijacija je 12 bodova).

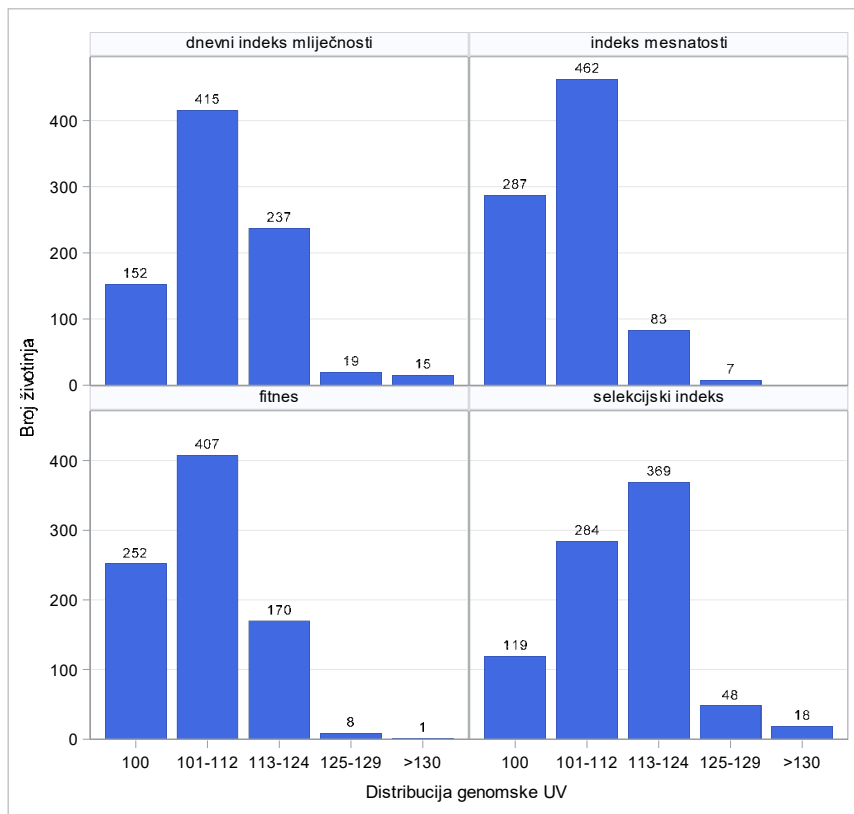
Distribucija genomske UV ukazuje na slični udio životinja koje odstupaju jednu i dvije standardne devijacije od prosjeka za navedene grupe svojstava. Kao što se moglo i očekivati, najmanji udio životinja pripada razredu koji obuhvaća životinje koje su za više od dvije standardne devijacije bolje od prosjeka populacije.

### Genetski defekti i osobine praćeni u sustavu genomskog testiranja i provjera porijekla

Pored izračuna genomske UV, nakon provedene genotipizacije dobivaju se i informacije o genetskim defektima koji se ispoljavaju kao poremećaji ili abnormalnosti nastale zbog mutacija u genomu. Genetski defekti koji su praćeni u sustavu genomskog testiranja DE/AT su: smanjena plodnost bikova, patuljasti rast tela-



**Grafikon 3.** Distribucija broja životinja po razredima genomske UV za glavne skupine svojstava



di, trombopatija – poremećaj zgrušavanja krvi, haplotip simentalnog goveda 2 (FH2), sindrom sličan nedostatku cinka, haplotip simentalnog goveda 4 (FH4), haplotip simentalnog goveda 5 (FH5) i arahnomelija. Svi navedeni defekti spadaju u skupinu monogenetskih autosomalnih recesivnih defekata, što znači da su posljedica jednog mutiranog gena. Mogući rezultati testiranja na genetske defekte su slijedeći: oznaka (– –) označava da je životinja recesivni homozigot tj. ima evidentiran neki od navedenih defekata i ispoljavaju se simptomi defekta. Ako je životinja heterozigot tj. nosi oznaku + – životinja neće imati simptome, ali će biti nositelj genetskog defekta. Životinja koja nosi oznaku ++ je zdrava i ne ispoljava genetski defekt i nije nositelj istog. Pored genetskih defekata, određuju se i varijante genetskih odlika bezročnosti, kapa i beta kazeina. Genotip za bezročnost se

određuje gen (marker) testom, a mogući genotipovi su PP, Pp i pp. Životinje koje su rogate označavaju se oznakom pp\*. Istim testom utvrđuju se i genotipovi kapa (AA, AB i BB) i beta kazeina (A1A1, A1A2, A2A2) genotipiziranih životinja. Genotip BB kapa kazeina se povezuje s povećanom mliječnošću i smatra se najpoželjnijim za proizvodnju sira. Poželjna varijanta beta kazeina je A2A2 koja je pogodna za konzumaciju kod osoba s intolerancijom na laktozu.

### Kriteriji odabira genotipiziranih životinja

Da bi genotipizirano muško tele nakon postizanja spolne zrelosti bilo odabrano za korištenje putem u.o., mora nakon dobivanja prvih rezultata genomskih UV zadovoljiti kriterije definirane Uzgojnim programom simentalke pasmine: genomski UV za SI treba iznositi minimalno 130 uz pouzdanost procjene od  $>0,50$ , dok genomski UV za svojstva vanjštine mora iznositi za okvir  $\geq 106$ , mišićavost  $\geq 100$ , noge  $\geq 112$  i vime  $\geq 112$ . Ujedno životinja ne smije biti nositelj niti ispoljavati genetske defekte. Izuzetak su slučajevi kada je telad zanimljivog porijekla (dolaze iz slabo zastupljenih linija) ili su potomci krava sa iznadprosječnim proizvodnim osobinama. U tom slučaju genomski UV za SI i svojstva vanjštine može biti za tri do četiri točke niža od 130. Tele može biti odabrano i ako je nositelj genetskog defekta jedino ako se koristi pri ciljanom sparivanju u ograničenom broju doza sjemena. Temeljem navedenih kriterija, trinaest mladih bikova je preuzeto u centre za u.o.. Od navedenog broja bikova njih šest se osim u Hrvatskoj koriste i na međunarodnoj razini u Njemačkoj (Bavarska), Francuskoj, Češkoj, Srbiji, Kosovu i Turskoj (tablica 1). Četiri bika se koriste u samom središtu simentalskog uzgoja (država Bavarska), od kojih je jedan bik (Mozilla) odabran za bikovskog oca.

Međutim, obzirom da postoji tendencija promjene genomске UV pri svakom kvartalnom izračunu genomskih UV, odabrane životinje su u datom izračunu zadovoljile postavljene kriterije. Do promjene genomskih UV dolazi uslijed tzv. kalibracije sustava genomskog vrednovanja koji se provodi nakon izračuna konvencionalnih UV tri puta godišnje. Kalibracija sustava genomskog vrednovanja provodi se na način da se formira validacijska dobna skupina životinja za koje se izostavlja fenotip u sustavu genomskog vrednovanja. Kao rezultat visokog selekcijskog intenziteta, omjer mladih bikova preuzetih u centre za u.o. i ukupnog broja genotipiziranih životinja u RH iznosi 1:35 što se uvelike poklapa s omjerom u ostalim državama gdje se provodi genomski selekcija. Zahvaljujući provedbi genomске selekcije, RH je nakon dugog vremenskog perioda postala država koja je od kompletnog uvoza sjemena počela koristiti vlastite mlade genomski testirane bikove za u.o. krava simentalke populacije. Ti bikovi imaju usporedive testove sa bikovima iz najjačih simentalških uzgoja te su konkurentni istima. To potvrđuje činjenica da

**Tablica 1.** Prodani broj doza sjemena hrvatskih bikova u periodu od 2014. do 2021. godine

Ime bika	Rodoslovlje	Uzgajivač	Centar za reprodukciju / distribuciju sjemena	Hrvatsko tržište br. doza	Izvoz br. doza	Ukupno doza
Walbaso	Waldbrand x Resolut	Đurđica Baršić	CUO Varaždin	8593	0	8593
Zondar	GS Zocker x Mandela	Ivan Imbrišić	CUS Osijek	9223	23449	32672
Record*	Raufbold x GS Rau	Igor Mihaljević	CRSH Križevci	3000		3000
Wamures	Waldbrand x Resolut	Zlatko Mužinić	CUO Varaždin	13319	600	13919
Mozilla*	Manigo x Wille	Damir Horvatić	CUO Varaždin	25533	5000	30533
Vigor	Reumut x Zauber	Igor Mihaljević	CUS Osijek	2633		2633
Hevin Bb	Hutera x Imposium	Emina Burek	CUO Varaždin	10019		10019
Masiv Pp	Mahango Pp x Vulcano	Željko Sikora	CUO Varaždin	12755	12620	25375
Wings	Walk x GS Worldwide	Danijel Horvatić	Nova Genetik	6000	14000	20000
Wowero	Wobler x Wendlinger	Predrag Panić	CUO Varaždin	9596	3007	12603
Royman	Royal x Manigo	Miroslav Šobak	CUO Varaždin	4275	833	5108
Hitbull	Hurly x Herzschnag	Josip Mužinić	CUO Varaždin	11071	1004	12075
<b>Ukupno:</b>				<b>116017</b>	<b>60513</b>	<b>176530</b>

\* bikovi čiji je broj doza procijenjen na osnovu broja potomaka

se šest njih koristi u drugim uzgojima. Ovime je omogućeno dobivanje rezultata progenog testiranja u više država. Osobito je važno dobivanje progenih testova iz država koje imaju zajednički sustav izračuna UV kao što su Njemačka, Austrija i Češka što naš uzgoj čini konkurentnijim na domaćem kao i stranom tržištu.

Osim brojnih prednosti koje nudi genomska selekcija, ipak su prisutne stanovište prepreke koje onemogućavaju njezinu uspješnu provedbu. Iako je provođenje genomskog vrednovanja uvelike vratilo vjeru uzgajivača u nacionalni uzgojni program, još uvijek je mali broj onih koji su se aktivno uključili u njegovo provođenje. Isto tako je premali broj bikova i bikovskih očeva s visokim UV koji se koriste putem u.o., te je posljedično mali broj njihovih potomaka prihvatljivih za genotipizaciju. Također treba napomenuti da se u nas već duže vrijeme ne provodi embrio-transfer što otežava dobivanje većeg broja genetski vrijednih potencijalnih kandidata za genotipizaciju. Iako se cijena genotipizacije snižava, cijena provedbe genomske selekcije u većem obimu je još uvijek visoka i zahtjeva veći ljudski angažman.

## Zaključak

Sveukupno 13 mladih genomski testiranih simentalških bikova je nakon provedene genotipizacije i genomskog vrednovanja odabrano temeljem zadanih kriterija i preuzeto u centre za u.o. te se njihovo sjeme koristi za osjemenjivanje krava simentalške populacije u RH i drugih država. Na taj način je provođenje genomske selekcije uzgajivačima omogućilo korištenje sjemena mladih bikova iz nacionalnog uzgojnog programa koji su konkurentni stranima, a cijena njihovog sjemena je prihvatljiva i dostupna u dovoljnoj količini. Na nacionalnoj razini, RH je od države koja skoro isključivo koristila sjeme iz uvoza započela sa značajnijim korištenjem sjemena domaćih bikova iz programa genomske selekcije te je postala i izvoznica. Sjeme šest genomski testiranih bikova se koristi na međunarodnoj razini u Njemačkoj (Bavarska), Francuskoj, Češkoj, Srbiji, Kosovu i Turskoj od kojih je jedan bik (Mozilla) odabran za bikovskog oca u državi Bavarskoj. Kako bi povećali broj genotipiziranih grla i broj farmi koje sudjeluju u programu genotipizacije, a time i broj bikova koji će biti korišteni za u.o. potrebno je značajnije povećati financijska sredstva kao i ljudski angažman u traženju potencijalnih farmi odnosno kandidata. Također je potrebno nanovo vratiti tehniku embrio-transfera u provedbu uzgojnog programa kao značajnu podršku razvoju genotipizacije.