

Analiza podrijetla majčinskih i terminalnih pasmina svinja u Hrvatskoj

Dubravko ŠKORPUT¹, Vedran KLIŠANIĆ², Željko MAHNET², Marija ŠPEHAR², Zoran LUKOVIĆ¹

¹Sveučilište u Zagrebu, Agronomski fakultet, Svetošimunska cesta 25, 10000 Zagreb, Hrvatska (e-mail: dskorput@agr.hr)

²Hrvatska poljoprivredna agencija, Ilica 101, 10000 Zagreb, Hrvatska

Sažetak

Cilj istraživanja bio je utvrditi pokazatelje genetske raznolikosti u populacijama pasmina svinja unutar nacionalnog uzgojnog programa za svinje u Hrvatskoj. Analizirani su populacijski pokazatelji na majčinskim pasminama landras i veliki jorkšir, te terminalnim pasminama durok i pietren. Efektivna veličina populacija bila je veća od 50 u svih analiziranih pasmina. Genetska raznolikost unutar majčinskih i terminalnih pasmina unutar hrvatskog uzgojnog programa za svinje je visoka te nema opasnosti od pojave inbreeding depresije. Dodatna pozornost treba se obratiti na kvalitetu i brojnost podataka u podrijetlu, kako bi se postigle što točnije procjene parametara genetske raznolikosti u pasmina svinja.

Ključne riječi: svinje, podrijetlo, genetska raznolikost

Uvod

Selekcija domaćih životinja na ekonomski važna svojstva rezultira akumuliranjem poželjnih gena, te dolazi do promjena frekvencija alela u populaciji. Posljedica intenzivne selekcije u populacijama svinja, neovisno o brojnosti populacije, smanjenje je genetske raznolikosti (Welsh i sur., 2010), što doprinosi povećanom riziku pojave inbreeding depresije. Pri tome smanjenje genetske raznolikosti pasmina svinja nije odlika samo ugroženih, brojčano malih populacija, već i plemenitih pasmina pod intenzivnom selekcijom. Suvremene metode intenzivne selekcije, poput najboljeg linearnog nepristranog predviđanja (Best linear unbiased prediction - BLUP) temelje se, osim na informacijama o fenotipskim svojstvima, i na informacijama o srodnici, čime raste vjerojatnost odabira srodnika za roditelje budućih generacija.

Procjena genetske raznolikosti populacija temelji se na analizama podrijetla, te primijeni informacija genetskih markera. Odabir metode procjene genetske raznolikosti populacije ovisi o strukturi podrijetla, pri čemu je kod podrijetla s dovoljnim brojem informacija visoka pouzdanost procjene genetske raznolikosti na temelju samog podrijetla. To je slučaj u komercijalnim uzgojnim programima koji koriste čiste pasmine svinja ili hibridne linije svinja. Prema Koeningu i Simianeru (2006), kod procjene koeficijenta uzgoja u srodstvu prema informacijama iz podrijetla, koeficijent uzgoja u srodstvu definira se kao vjerojatnost da su dva alela u jedinke identična po podrijetlu. U slučaju lošije strukture podrijetla te manjeg broja informacija, kombinacija izvora informacija iz podrijetla te informacija genetskih markera može poboljšati točnost informacija (Alvarez i sur., 2008).

Cilj rada bio je analizirati genetsku raznolikost korištenjem informacija o podrijetlu majčinskih i terminalnih pasmina svinja uključenih u nacionalni uzgojni program za svinje u Hrvatskoj.

Materijal i metode

Podatke o podrijetlu svinja majčinskih i terminalnih pasmina svinja uključenih u nacionalni uzgojni program za svinje iz razdoblja između 1998. i 2018. godine ustupila je Hrvatska poljoprivredna agencija. U istraživanje su uključene majčinske pasmine landras i veliki jorkšir te terminalne pasmine durok i pietren (Tablica 1).

Tablica 1. Struktura podrijetla za majčinske i terminalne pasmine

Pasmina	Broj jedinki	Broj začetnika
Landras	31 425	1 986
Veliki jorkšir	15 274	942
Durok	1 165	212
Pietren	5 158	414

Struktura podrijetla analizirana je primjenom CFC programskog paketa (Sargolzaei i sur., 2006). Kvaliteta i cjelovitost podrijetla utvrđena je korištenjem sljedećih parametara: prosječni najveći broj generacija praćenih unatrag (broj generacija između potomka i najdaljeg poznatog pretka), prosječan broj punih generacija (broj generacija između potomka i najdalje generacije u kojoj je poznati broj predaka 2^g , gdje je g broj generacija), te prosječan broj ekvivalentnih generacija (zbroj $(1/2)^n$, gdje je n broj generacija koji razdvaja životinju od svakog poznatog pretka). Prosječni koeficijent srodstva (F) (Gutiérrez i sur., 2005) za svaku jedinku definiran je kao vjerojatnost da slučajno odabrani alel iz populacije pripada toj životinji. Efektivna veličina populacije (N_e), definirana je kao broj jedinki potreban za ostvarenje trenutne razine uzgoja u srodstvu:

$$N_e = 1/(2 \Delta F) \text{ (Falconer and Mackay, 1996),}$$

gdje je ΔF stopa promjene koeficijenta uzgoja u srodstvu po generaciji izračunata koristeći ENDOG programski paket (Gutiérrez i Goyache, 2005). Također, struktura populacije opisana je efektivnim brojem začetnika (N_{ef}).

Rezultati i rasprava

Pokazatelji kakvoće i cjelovitosti podrijetla bili su najpovoljniji u pasmine landras. Posljedica je to velikog broja zapisa o podrijetlu životinja ove pasmine. Najmanji broj generacija u sva tri pokazatelja cjelovitosti podrijetla uočen je u pasmine durok, koja je ujedno i najmanje zastupljena pasmina u podrijetlu (Tablica 2).

Tablica 2. Kvaliteta i cjelovitost podrijetla majčinskih i terminalnih pasmina

Pasmina	Prosječni maksimalni broj generacija praćenih unatrag	Prosječan broj punih generacija	Prosječni broj ekvivalentnih generacija
Landras	4,33	1,10	10,02
Veliki jorkšir	3,35	0,88	1,63
Pietren	3,58	1,01	1,83
Durok	2,54	0,68	1,18

Točnost procjene koeficijenta uzgoja u srodstvu uglavnom ovisi o kvaliteti informacija iz podrijetla. Što je bolji uvid u pretke neke jedinke, to je preciznija procjena koeficijenta uzgoja u srodstvu, i posljedično drugih parametara poput efektivne veličine populacije (Welsh i sur., 2010). Nedovoljna cjelovitost podrijetla za posljedicu može imati podcijenjene vrijednosti koeficijenta uzgoja u srodstvu te precijenjene efektivne veličine populacije. Stoga se pri donošenju odluka u postupku očuvanja genetske raznolikosti posebna pozornost mora pridati što većoj cjelovitosti i točnosti podrijetla.

Rezultati analize podrijetla majčinskih i terminalnih pasmina prikazani su u Tablici 3. Najmanja efektivna veličina populacije uočena je u pasmine pietren, a najveća u pasmine veliki jorkšir. U odnosu na rezultate Krupe i sur. (2015), koji su analizirali genetsku raznolikost pasmina svinja uključenih u češki nacionalni uzgojni program, uočene su niže prosječne vrijednosti uzgoja u srodstvu. Također, u odnosu na isto istraživanje, prosječna srodnost u populaciji bila je slična za pasminu durok, dok je za ostale tri pasmine prosječna srodnost životinja u podrijetlu bila manja. Baumung i sur. (2002) u populacijama landrasa, velikog jorkšira i pietrena utvrdili su neznatno više koeficijente uzgoja u srodstvu u odnosu na iste pasmine uključeno u ovo istraživanje. Utvrđena efektivna veličina populacije za populaciju landrasa u Austriji bila je 181, a za pasminu pietren čak 415, što upućuje na veću genetsku raznolikost pasmina u odnosu na analiziranu populaciju landrasa i pietrena u Hrvatskoj. Također, u usporedivim populacijama

čistih pasmina u Češkoj i Austriji pokazatelji kakvoće i cjelovitosti podrijetla upućuju na veću dubinu podrijetla, što omogućava precizniju procjenu pokazatelja genetske raznolikosti populacija. Na dubinu podrijetla utječe stalan priljev podataka o životinjama iz uvoza, pri čemu uvozne životinje često sadrže manji broj podataka o precima nego životinje pod selekcijom u domaćoj populaciji.

Efektivan broj začetnika u odnosu na ukupan broj začetnika opisuje genetsku raznolikost populacije. Alderson (1991) je opisao proceduru izračuna vjerojatnosti podrijetla gena za selekcijske kandidate začetnika u porijeklu, pri čemu se biraju životinje s najvećim efektivnim brojem začetnika te se na taj način doprinosi očuvanju genetske raznolikosti. Najmanji efektivni broj začetnika imala je pasmina durok, dok je najveći bio u pasmine landras. Mali efektivni broj začetnika pokazatelj je prakse češće upotrebe pojedinih životinja te pokazatelj smanjene genetske varijabilnosti kao posljedice nejednakih genetskih doprinosa začetnika.

Tablica 3. Rezultati analize podrijetla majčinskih i terminalnih pasmina

	Landras	Veliki jorkšir	Pietrain	Duroc
F; $\%$	0,60	0,36	0,78	0,23
PS, $\%$	0,05	0,71	1,08	3,27
ΔF	0,56	0,50	0,96	0,40
N	89,84	144,25	52,06	123,92
N ^e	300,15	179,01	144,10	40,74

F^{tr} - prosječni koeficijent uzgoja u srodstvu; PS - prosječna srodnost; ΔF - stopa promjene uzgoja u srodstvu; N_e - efektivna veličina populacije; N_{ef} - efektivni broj začetnika

Prema preporukama Organizacije za poljoprivredu i hranu Ujedinjenih naroda (FAO, 2000), stopa promjene koeficijenta uzgoja u srodstvu ne bi trebala prelaziti 1%, a efektivna veličina populacije ne bi trebala biti manja od 50. U svih analiziranih pasmina, promjena stope uzgoja u srodstvu je manja od 1%, a efektivna veličina populacije veća je od preporučene, te se može smatrati da je genetska raznolikost u populacijama majčinskih i terminalnih pasmina u nacionalnom uzgojnom programu zadovoljavajuća. Uzroci visoke genetske raznolikosti unutar analiziranih populacija rezultat su sustavnog sparivanja životinja s ciljem izbjegavanja povećanja uzgoja u srodstvu. Također, odlika hrvatskog uzgojnog programa za svinje je visok uvoz genetskog materijala iz inozemstva (Škorput i sur., 2015), pri čemu dolazi do stalnog osvježavanja krvi. Očuvanje genetske varijabilnosti, osim izbjegavanja učinka inbreeding depresije, također predstavlja osnovu za provođenje selekcije na ekonomski važna svojstva. Također, intenzivna selekcija prema BLUP proceduri koja se provodi u nacionalnom uzgojnom programu za svinje nije negativno utjecala na smanjenje genetske varijabilnosti, primarno zbog stalnog uvoza sjemena nerasta i živih životinja iz inozemstva.

Zaključci

Genetska raznolikost unutar majčinskih i terminalnih pasmina unutar hrvatskog uzgojnog programa za svinje je zadovoljavajuća te nema opasnosti od pojave inbreeding depresije ni u jednoj od analiziranih pasmina. Posljedica je to uvoza sjemena nerasta i živih životinja iz inozemstva i stalnog osvježavanja krvi u populaciji. Ipak, posebna pozornost treba se posvetiti kvaliteti podataka u podrijetlu jer se u slučaju niske kvalitete podataka i male dubine podrijetla može doći do netočnih procjena parametara genetske raznolikosti u populaciji.

Literatura

- Alderson G.H.L. (1991). A system to maximize the maintenance of genetic variability in small populations. In Conservation of Domestic Livestock Alderson L., Bodo L. 8ur.), 18-19. Wallingford, UK: CAB International.
- Álvarez I., Rojo L.J., Gutiérrez P., Fernández I., Arranz J.J., Goyache F. (2008). Relationship between genealogical and microsatellite information characterizing losses of genetic variability: Empirical evidence from the rare Xalda sheep breed. *Livestock Science* 115:80-88.
- Baumung R., Wiiliam A., Ficher C., Sölkner J. (2002). Pedigree analysis of pigs breed in Austria. *Proceedings of 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*, August 19-23,

- 2002, Montpellier, France, Communication N° 03-20.
- Falconer D.S., Mackay T.F.C. (1996). *Introduction to Quantitative Genetics*. Longman, Essex, U.K., 4th edition.
- FAO (2000.): Secondary guidelines for development of national farm animal genetic resources management plans: Management of small populations at risk. UN Food and Agric. Org.
- Gutiérrez J.P., Goyache F. (2005). A note on ENDOG: a computer program for analysing pedigree information, *Journal of Animal. Breeding and Genetics* 122: 357–360.
- Koenig S., Simianer H. (2006). Approaches to the management of inbreeding and relationship in the German Holstein dairy cattle population. *Livestock. Science* 103:40-53.
- Krupa E., Žáková E., Krupová Z. (2015). Evaluation of inbreeding and genetic variability of five pig breeds in Czech Republic. *Asian Australasian journal of animal science* 28(1):25-36.
- Sargolzaei M., Iwaisaki H., Colleau J.J. (2006). CFC: A tool for monitoring genetic diversity. 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. Belo Horizonte, Brazil, August 13-18 2006, MinasCentro Convention Centre.
- Škorput D., Gorjanc G., Kasap A., Luković Z. (2015). Partition of genetic trends by origin in Landrace and Large-White pigs. *Animal* 9 (10):1605-1609.
- Welsh C.S., Stewart T.S., Schwab C., Blackburn H.D. (2014). Pedigree analysis of 5 swine breeds in the United States and the implications for genetic conservation. *Journal of Animal Science* 88:1610-1618.

Analysis of the pedigree of maternal and terminal pig breeds in Croatia

Abstract

The aim of the study was to determine genetic diversity parameters in pig breeds included in national pig breeding programme in Croatia. Data from Landrace and Large White as maternal, and Duroc and Pietrain as terminal breeds were analysed. The effective population size was higher than 50 in all analysed breeds. Genetic diversity within maternal and terminal breeds within Croatian national breeding programme is high and there is no danger of inbreeding depression occurrence. Additional attention should be set on quality and quantity of pedigree file records, in order to obtain more accurate measures of genetic variability of the populations.

Key words: pigs, pedigree, genetic diversity