

# RAZVOJ STRATEGIJE ZA IMPLEMENTACIJU SELEKCIJE S OPTIMALNIM DOPRINOSIMA U FUNKCIJI GENETSKOG NAPRETKA I OČUVANJA GENETSKOG DIVERZITETA ZA SVOJSTVA MLIJEČNOSTI

Marija Špehar, Jelena Ramljak, Ante Kasap

---

## Sažetak

Unaprjeđenje stočarske proizvodnje s genetskog stajališta ima za cilj izabrati (selekcionirati) najbolje životinje za gospodarski značajna svojstva, te ih koristiti kao roditelje budućih generacija. Korištenjem genetski superiornijih životinja u rasplodu ostvaruje se genetski napredak populacije za željena svojstva i povećava profitabilnost uzgoja. Snažan selekcijski pritisak uglavnom rezultira selekcijskim napretkom populacije za željena svojstva. Međutim, intenzivno korištenje manjeg broja genetski superiornijih životinja neizbježno vodi i neželjenom povećanju inbridinga u populaciji koji povećanjem homozigotnosti genoma često vodi k inbriding depresiji nekih svojstava i pojavnosti nepoželjnih osobina pod utjecajem recesivnih alela. Svjesni 'sukoba' između povećanja genetskog napretka i smanjenja genetske raznolikosti u populacijama pod selekcijom, znanost i praksa radi na pronalasku učinkovitih strategija i rješenja za istovremeno ostvarivanje genetskog napretka i očuvanja genetske raznolikosti populacija. Optimalni doprinos selekcije (engl. Optimal Contribution Selection – OCS) je jedna takva strategija koja osigurava održivost uzgojnih programa balansirajući selekciju i održavanje genetske raznolikosti. Strategija se temelji na restriktivnom sparivanju genetski visoko srodnih jedinki gdje je cilj maksimizirati prosječnu uzgojnu vrijednost (UV) potomstva uz ograničavanje povećanja prosječne srodnosti populacije. Ovo je naročito važno kod relativno malih populacija izvornih pasmina koje predstavljaju nacionalno biološko blago. Pored genetskog unaprjeđenja i održanja postojeće genetske varijabilnosti, težnja može biti usmjerena i na revitalizaciju genoma izvornih pasmina s povijesnom introgresijom, te povećanje genetske varijabilnosti izvornih haplotipova. Simultano korištenje fenotipskih (proizvodnih), geneoloških (porijeklo) i genomskih (SNP markeri) informacija predstavlja snažan 'alat' pri postizanju spomenutih ciljeva u suvremenim uzgojnim programima. Implementacija ovakvog pristupa u selekciji naših izvornih pasmina, istarske i

paške ovce, trebala bi osigurati njihovu opstojnost u okviru postojeće ekološke niše uz konkurentnost u proizvodnji produktivnim inozemnim pasminama.

Hrvatska agencija za poljoprivredu i hranu (HAPIH) uključena je, zajedno s Ministarstvom poljoprivrede u provedbu istraživačkog projekta čiji su nositelji koautori ovog rada s Agronomskog fakulteta, Sveučilišta u Zagrebu pod nazivom 'Genomska karakterizacija, konzervacija i selekcija s optimalnim doprinosima kod hrvatskih mliječnih pasmina ovaca (OPTISHEEP)' kojim su obuhvaćene istarska i paška ovca. Projekt traje u periodu od 2020. do 2024. godine. Cilj ovog rada je predstaviti aktivnosti u provedbi ovog projekta, očekivane rezultate, kao i praktični doprinos u provedbi uzgojno-seleksijskog rada navedenih pasmina ovaca.

Genetsko vrednovanje i problematika povezana s BLUP metodologijom u ovčarstvu.

U uzgoju domaćih životinja, cilj selekcije je poboljšati fenotip životinje koristeći seleksijske metode. Fenotip je svaka izmjerena ili opažena vrijednost određenog svojstva. Što se tiče mliječnih pasmina ovaca i koza, fenotip je izmjerena dnevna količina, kemijski sastav mlijeka, broj somatskih stanica, veličina legla, a u postupku je i uvođenje ocjene vanjštine prvojanjki koja uključuje i linearnu ocjenu morfoloških svojstva vimena. Fenotipska vrijednost kao mjera ekspresije pojedinog svojstva uvjetovana je genetskim i negenetskim čimbenicima (hrana, dob životinje, godina i sezona janjenja, stado, način držanja, itd). Genetske učinke možemo podijeliti na aditivne, dominantne i epistatičke, a UV kao procijenjeni pokazatelj genetske vrijednosti jedinke za neko svojstvo, u većini slučajeva pa čak i u kontekstu genomske selekcije, predstavlja sumu aditivnih genskih učinaka. U današnjoj selekciji, UV se koriste kao glavni kriterij odabira životinja u stadu kako bi u slijedećoj generaciji potomaka dobili životinje s boljim proizvodnim rezultatima. Na području genetskog vrednovanja, HAPIH je nastavio aktivnosti procjene UV preuzete od bivše Hrvatske poljoprivredne agencije u ovčarstvu (paška, istarska i istočno-frizijska pasmina) i kozarstvu (alpina, sanska i srnasta pasmina) za svojstva mliječnosti (količina mlijeka, količina i sadržaj bjelančevina i mliječne masti) i za svojstvo broja somatskih stanica. Procjena UV se temelji na korištenju podataka dnevnih kontrola mliječnosti i informacija o porijeklu životinja. Znanja i iskustva na području procjene UV, kao i navedeni podaci koriste se u provedbi projekta. Za procjenu UV se danas kao standard upotrebljava BLUP statistička metoda (engl. Best Linear Unbiased Prediction – Najbolje Linearno Nepristrano Predviđanje). Ovom metodom se istovremeno koriste podaci (fenotipske vrijednosti), porijeklo i genetski parametri u statističkom modelu za analizirana svojstva, te se dobiju UV za sve životinje u određenoj populaciji. To znači da ako neka

životinja nema vlastitih mjerenja (recimo ovan za mliječnost), tada se njena UV procjenjuje koristeći mjerenja srodnika.

Treba upozoriti da UV predstavlja procijenjenu genetsku vrijednost životinje za neko svojstvo. Može se dogoditi da UV životinje nije u potpunosti sukladnosti s fenotipskom vrijednosti.

Primjerice, ako ovca s dobrom UV ne dobiva dovoljno hrane, tada će njezina mliječnost (fenotipska vrijednost) biti slaba unatoč dobrim genima.

Koristeći BLUP metodologiju omogućeno je 'razdvajanje fenotipa' na genetske i okolišne utjecaje. Uvažavajući utjecaj stada i druge okolišne utjecaje na fenotip, UV životinja uzgajanih u različitim stadima mogu se uspoređivati i rangirati sve dok su stada dovoljno genetski povezana. Genetska nepovezanost stada je niska u mnogim ovčarskim populacijama zbog nedostatka umjetne oplodnje (u.o.) i rijetke razmjene uzgojnih životinja između stada. Najpoznatiji modeli za rješavanje ovog pitanja u praksi su metode 'kruženja ovnova' i 'referentnih ovnova'. Unutar ovih shema, uzgajivači sa sličnim ciljevima rade zajedno koristeći u rasplodu zajedničke ovnove na jednom dijelu raspoloživih ovaca u stadi. Obje sheme su se pokazale učinkovitima za povećanje točnosti procjene UV, genetskog napretka i smanjenje stope uzgoja u srodstvu. Do sada je razvijeno nekoliko statističkih mjera za utvrđivanje stupnja genetske povezanosti stada i procjenu rizika usporedbe UV u sustavima zajedničkog genetskog vrednovanja kao što su indeks povezanosti, generalizirani koeficijent determinacije, prosječna varijacija greške predviđanja razlika u UV između životinja, varijanca procijenjenih razlika između učinaka stada, procjena povezanosti te kriteriji ulaska u skupinu povezanih stada. Nekoliko drugih mjera poput metode protoka gena, skretanja genetske varijabilnosti i varijance procijenjenih učinaka stada se također mogu koristiti kao dobri prediktori stupnja genetske povezanosti stada. Sve ove statistike imaju uglavnom isti cilj, a jedino se razlikuju po točnosti i jednostavnosti izračuna.

## Genomska selekcija i njene osobitosti u ovčarstvu

Genomska selekcija (GS) može se definirati kao oblik selekcije uz pomoć genetskih markera, gdje su markeri koji pokrivaju čitav genom u neravnoteži s lokusima za kvantitativna svojstva (engl. Quantitative Trait Loci – QTL). Najčešće korišteni genetski markeri u GS su pojedinačni polimorfizmi nukleotida ili popularno zvani 'snipovi' (engl. Single Nucleotide Polymorphisms – SNPs). Cilj GS je združiti sve poznate izvore informacija – fenotip, porijeklo i markere kako bi se dobila što veća točnost procijenjene UV i osigurao genetski napredak, kao i formiranje roditeljskih parova uz kontroliranje stupnja inbridinga. Metode GS mogu se u grubo

klasificirati kao metode koje se temelje na procjeni učinaka SNP markera i na metode koje se temelje na utvrđivanju 'genomskog' srodstva.

Kod prvih se učinci markera procjenjuju na dijelu populacije koji je genotipiziran i fenotipiziran, a zatim se za izračunavanje genomskih UV (engl. Genomically Enhanced Breeding Values – GEBVs) sumiraju procijenjeni učinci markera za date genotipove selekcijskih kandidata.

Kod drugih, GEBVs se predviđaju na isti način kao i tradicionalnim BLUP-om, ali s tzv. realiziranom matricom srodstva (engl. Numerator Relationship Matrix) konstruiranom temeljem genomskih podataka. Obzirom da je učincima genetskih markera moguće pojasniti samo jedan dio fenotipske varijabilnosti, te da je broj genotipiziranih jedinki u nekoj populaciji manji od broja jedinki za koje se želi procijeniti UV, najčešće se genomske informacije na različit način kombiniraju s procijenjenim aditivnim genetskim učincima na klasičan način (korištenjem genetskih veza jedinki temeljem informacije iz porijekla). To se može izvršiti u jednom ili više koraka. Do danas je razvijeno puno različitih pristupa GS, a zbog velikih razlika u 'postavkama' uzgojnih programa ne postoji optimalna strategija koja bi se mogla s istim uspjehom primijeniti na sve uzgojne programe. Zbog toga je jako važno razvijati vlastite resurse (materijalne i ljudske) u ovoj domeni jer uspjeh implementacije GS u nekoj populaciji može biti suboptimalan ako se 'prepisuju' inozemne prakse ne uvažavajući neke specifičnosti vlastitih populacija na kojima se vrši GS.

Ovčarstvo kao grana stočarstva značajno zaostaje po intenzitetu primjene GS za mliječnim govedarstvom gdje je najprije usvojena i primijenjena ova selekcijska metoda. Troškovi genotipizacije posljednjih godina su sve niži i izgledno je da će napretkom molekularnih genetskih tehnologija cijene u budućnosti i dalje padati. Ipak, troškovi genotipizacije još uvijek predstavljaju glavno ograničenje za široku primjenu GS u mnogim uzgojnim programima u ovčarstvu, te se selekcija temelji na rezultatima BLUP-a korištenjem fenotipa i srodstva jedinki u porijeklu. Unatoč dokazima da GS nudi brojne koristi po pitanju genetskog napretka u selekciji na svojstva od značaja u proizvodnji mlijeka, mesa i vune, njena primjena u ovčarstvu još uvijek je slabo zastupljena. Neke od glavnih prepreka za široko prihvaćanje GS u ovčarstvu su niži doprinos selekcijskom napretku, nepovoljnija struktura populacija (zahtjevi za većom referentnom populacijom) te slabiji interes uzgajivača za ulaganje u genotipizaciju jedinki koja je potrebna za uspostavu referentne populacije. Genetska varijabilnost kod ovaca je u pravilu veća u usporedbi s mliječnim govedom i to ne samo između, već i unutar pasmina. Budući da uspjeh GS izravno ovisi o neslučajnoj povezanosti (engl. Linkage Disequilibrium – LD)

između SNP-ova i lokusa za kvantitativna svojstva, veća referentna populacija je preduvjet za postizanje zadovoljavajućeg stupnja točnosti predviđanja UV.

Ipak, GS se smatra obećavajućom strategijom selekcije u sektoru mliječnog ovčarstva, osiguravajući raniji odabir većeg broja ovnova/ovaca za rasplod.

Tako se primjenom GS može poboljšati točnost UV za prinos mlijeka, sadržaj masti i broj somatskih stanica za mlade ovnove bez zapisa o potomstvu (progenog testa).

Tako je kod pasmine Lacaune utvrđeno povećanje točnosti između 0,10 i 0,20 za nekoliko mliječnih osobina uz znatno bolje rezultate testova potomstva ovnova predselekcioniranih temeljem GS u usporedbi s ovnovima odabranih klasičnim pristupom (preko prosjeka roditeljskih UV). Da bi GS bila smislena i održiva, potrebno je kontinuirano ulaganje u genotipizaciju i fenotipizaciju tj. u slučaju mliječnih pasmina ovaca provedbu kontrole mliječnosti. Kako bi se uzgajivačima ili nekoj drugoj uzgojnoj organizaciji pomoglo oko donošenja odluka o ulaganju u GS, potrebna je projekcija očekivanih benefita naspram predviđenih troškova ulaganja.

U uzgoju ovaca, SNP markeri se pored genomskog vrednovanja, također primjenjuju u provjeri roditeljstva obzirom da je pravilno evidentirano porijeklo osnova točne procjene UV. Na međunarodnoj razini SNP paneli za provjeru porijekla već se rutinski koriste u Australiji, Novom Zelandu i Sjevernoj Americi. Nadalje, uporaba SNP-ova našla je primjenu u karakterizaciji genetske raznolikosti kako bi se razvile strategije održivog korištenja pasmine. Tako su SNP-ovi postali koristan alat za istraživanje genetske raznolikosti povezane s poviješću populacije, u otkrivanju populacijske strukture i mapiranja genomskih regija koje su rezultat selekcije i adaptabilnosti populacija.

### **Kako riješiti potencijalne prepreke pri uvođenju genomske selekcije?**

Unatoč brojnim koristima GS, neka pitanja u sektoru ovčarstva trebaju biti detaljno analizirana prije prijelaza na ovaj novi i obećavajući pristup u uzgojno-selekcijском radu. Na primjer, treba ispitati može li se i kako riješiti problem slabije genetske povezanosti stada. Iako se na prvi pogled čini da GS rješava ovaj problem, to je vjerojatno samo djelomično točno. Naime, problem opstaje i pod okriljem GS, pa tako procijenjene UV mogu biti pristrane i netočne što rezultira ograničenim iskorištavanjem raspoloživog genetskog potencijala populacije. Formiranje referentne populacije (dijela populacije gdje se procjenjuju učinci SNP markera) je još jedno pitanje koje se nadovezuje na ovaj problem i problem uspjeha GS u

ovčarskim uzgojnim programima budući da nije lako odrediti koje su životinje optimalni kandidati za genotipizaciju za potrebe referentne populacije. Općenito se korisnim smatra obuhvaćanje što šire genotipske i fenotipske varijabilnosti populacije, ali i to je pod određenim okolnostima upitno i 'drži vodu' samo u povoljnoj strukturi populacije.

Svjesni ovih problema i prepreka, jedan dio navedenog istraživanja nastojat će odrediti u kojoj mjeri genomska informacija doprinosi točnosti UV u gradijentu genetske povezanosti stada u populaciji pri različitim strategijama formiranja referentne populacije. 'Dodana vrijednost' genomske informacije u procesu genetskog vrednovanja biti će ispitana korištenjem simulacija.

Testiranje uspješnosti različitih strategija unutar uzgojnih programa može biti skupo i dugotrajno pa simulacijske tehnike i pripadajuća programska rješenja predstavljaju relativno brzu i jeftinu alternativu za istraživanje ovakvih pitanja i problema. Simulacijske studije igraju važnu ulogu u istraživanjima fokusiranim na dizajn i optimizaciju uzgojnih programa kod domaćih životinja.

### **Strategija očuvanja genetske raznolikosti istarske i paške ovce.**

Suvremeni razvoj metoda molekularne genetike i dostupnost genomskih podataka u različitom obliku otvaraju prostor za provjeru porijekla kao i analize genetskih distanci. Spomenuti alati do sada nisu sustavno korišteni u populacijama ovaca u Republici Hrvatskoj (RH). Važnost očuvanja genetske raznolikosti ovih pasmina naglašena je činjenicom da se radi o pasminama koje se uzgajaju u ekstenzivnim do poluekstenzivnim uvjetima gdje je genetska varijabilnost populacije indirektna mjera njene adaptabilnosti u uvjetima postojeće ekološke niše. RH dugi niz godina ulaže u očuvanje izvornih i zaštićenih pasmina domaćih životinja kroz razne stručne programe i dodjele novčanih potpora za devet pasmina ovaca vodeći se mišlju da je najbolja strategija njihove zaštite očuvanje u izvornom okolišu (in situ) uz gospodarsko korištenje. Iako je u pojedinim slučajevima gospodarska opstojnost pasmine upitna, očuvanje genoma nekih pasmina je potrebno iz tradicijskih, kulturoloških i evolucijskih razloga. Očuvanje genoma danas živućih jedinki u RH u nadležnosti je Banke gena domaćih životinja (BAG) u koju se pohranjuje biološki materijal (ex-situ in-vitro strategija). Uspostava i rad BAG temelji se na zakonskoj legislativi Nacionalnog programa očuvanja izvornih i zaštićenih pasmina domaćih životinja u RH. Prikupljen biološki materijal kao nositelj DNK pored uloge u konzervaciji genoma ovih pasmina predstavlja bazu za genotipizaciju na razini čitavog genoma. Planirane aktivnosti vezane uz korištenje genomske informacije su potvrda roditeljstva na molekularnoj razini, utvrđivanje genetski predis-

poniranih defekata i osobina, te provedba GS. U iznimnim situacijama prikupljen biološki materijal može predstavljati važan i jedini resurs za povećanje biološke raznolikosti ili u najgorem slučaju revitalizacije izgubljenih alela. Istraživanje će rezultirati pronalaskom optimalnih jedinki za pohranjivanje njihovog repromaterijala sa stanovišta OCS-a i razvojem strategije za dugoročnu provedbu ove prakse.

Utvrđene koristi i uočene prepreke pri ostvarivanju spomenutih ciljeva u sklopu ovog istraživanja poslužiti će i kao okvirne smjernice za razvoj i implementaciju ovakvog pristupa kod drugih vrsta i pasmina domaćih životinja u RH, ali i drugdje.

### Ciljevi projekta

Selekcija na mliječnost važna je za gospodarsku održivost u populacijama istarske i paške ovce, a održanje genetske raznolikosti za njihovu plastičnost i adaptabilnost na možebitne okolišne promjene u budućnosti. Uvažavajući OCS principe, projekt će imati dvostruki značaj: 'ex situ in vitro' očuvanje optimalnog genoma koji predstavlja rezultat sinergijskog djelovanja čovjeka i prirode kroz povijest i 'in situ in vivo' očuvanje pasmina kroz selekcijski napredak za svojstva mliječnosti. Glavni ciljevi ovog projekta su: 1) utvrđivanje karakteristika populacija istarske i paške ovce temeljem fenotipa i podataka iz porijekla, 2) genotipizacija odabranih jedinki i utvrđivanje doprinosa genomske informacije na točnost procjene UV u populacijama istarske i paške ovce, 3) očuvanje 'optimalnog genoma' putem BAG prema načelima OCS-a, 4) utvrđivanje mogućnosti i načina provedbe selekcije s optimalnim doprinosima u populacijama istarske i paške ovce na svojstva mliječnosti. Pored ovih glavnih ciljeva, neki od specifičnih ciljeva su: a) procjena utjecaja uzgoja u srodstvu na svojstva mliječnosti (količina i kemijski sastav mlijeka), b) procjena genetske povezanosti stada u populacijama istarske i paške ovce (eng. connectedness), c) istraživanje doprinosa različitih struktura referentne populacije na točnost genomske procjene UV, d) kontrola i po potrebi korekcija porijekla po dostupnosti genomskih podataka, e) istraživanje pristupa selekcije s optimalnim doprinosima koristeći fenotipske podatke i podatke iz rodovnika, te fenotipske podatke i genomske informacije.

### Aktivnosti u provedbi projekta i očekivani rezultati

Kao što je već u više navrata spomenuto, projektom će se ispitati mogućnost primjene selekcije s optimalnim doprinosima (OCS) koja istovremeno maksimizira genetski napredak i minimalizira gubitak genetske varijabilnosti. U tu svrhu će se provesti detaljna analiza fenotipskih i genotipskih podataka. Od fenotipskih podataka analizirati će se podaci kontrola mliječnosti (količina i kemijski sastav mli-

jeka, broj somatskih stanica) i podaci o porijeklu. Navedeni podaci biti će osnova za procjenu genetskih parametara i predviđanje UV koristeći niz specijaliziranih programa (VCE-6, WOMBAT i BLUPf90), a nakon toga će se procijeniti i genetski trendovi za spomenuta svojstva. Utjecaj uzgoja u srodstvu na svojstva mliječnosti procijeniti će se korištenjem tzv. mješovitog animal modela s prethodno izračunatim koeficijentima uzgoja u srodstvu.

Genetska povezanost stada, kao indirektna mjera točnosti procjene UV BLUP metodologijom, izvršit će se metodama Genetic Drift Variance i Gene Flow.

Podaci o porijeklu poslužiti će i kao osnova za odabir selekcijskih kandidata za genotipizaciju. Cijela paleta programa (PEDIG, ENDOG, PopRep, CFC, OptiSel) će se koristiti za analizu porijekla i odabir kandidata s ciljem da se obuhvati što veći genetski varijabilitet populacije. Od odabranih kandidata će se uzeti uzorci biološkog materijala koji će se genotipizirati koristeći OvineSNP50 BeadChip. Nakon provedene genotipizacije, analizom genomskih podataka i primjenom optimizacijskih metoda će se omogućiti karakterizacija, očuvanje i optimizacija uzgoja istarske i paške ovce. Ujedno će uzorkovani materijal biti pohranjen u BAG. Prethodno opisani koraci generirati će čitav niz rezultata koji će determinirati mogućnost i način primjene OCS. Izučavanju doprinosa i načina primjene OCS u praksi, pristupiti će se temeljem informacije iz porijekla i genomske informacije nakon provedene genotipizacije korištenjem već razvijenih programskih paketa (SDPA, GenCont, EVA, TGRM, AlphaSim, OptiSel i napisanih funkcija u R programskom okruženju). Korištenjem simulacijskih tehnika generirati će se podaci temeljem kojih će biti utvrđen očekivani doprinos GS u populacijama različitog stupnja 1) genetske povezanosti stada, 2) različitih razina heritabilnosti svojstava, i 3) različitih strategija odabira jedinki za formiranje referentne populacije. Genomski podaci (haplotipovi bazne populacije i ostalih generacija, pozicije QTL i SNP-ovi), porijeklo, fenotipski podaci i prave UV biti će simulirane AlphaSim programom. Doprinos GS na točnost procjene UV nad klasičnom BLUP metodologijom izvršit će se izračunom i usporedbom korelacija između procijenjenih i pravih UV.

Već u prvoj godini projekta provedene su predviđene aktivnosti za 2020. godinu, a to su analiza podataka porijekla i odabir selekcijskih kandidata za genotipizaciju. Nakon provedene analize, pristupilo se uzimanju uzoraka biološkog materijala odabranih kandidata istarske i paške ovce. Ukupno su prikupljena 722 biološka uzorka istarske i 225 uzorka paške ovce koji su poslani u ovlaštenu laboratorij Weatherbys (Irska) gdje je u tijeku provedba genotipizacije koristeći OvineSNP50 BeadChip. Analizom podataka porijekla dobiveni su rezultati o efektivnoj veličini

populacije istarske ovce, inbridingu, generacijskom intervalu, prosječnom i maksimalnom broju poznatih kompletnih generacija jedinki u rodovniku (oba pretka poznata), broju ekvivalentnih kompletnih generacija, te indeksu kompletnosti porijekla (na osnovi 5 generacija). U tijeku je provedba analize porijekla za pašku ovcu. Isto tako se do kraja 2020. godine očekuju se rezultati genotipizacije, odnosno genotipovi ovaca/ovnova poslanih na genotipizaciju.



Slika 1a i b. Uzimanje uzoraka biološkog materijala u stadu istarske ovce

Različita struktura podataka u različitim populacijama, te odabir optimalnih statističkih analiza između provedenih istraživanja onemogućava generaliziranje uzgojno selekcijskog rada. Obzirom da se projekt temelji na analizi tzv. 'field' podataka, rezultati su podložni načinu statističke obrade, tj. znanju i iskustvu istraživača i sposobnosti da optimalno iskoriste dostupne informacije. Temeljem prethodnih iskustava na području obrade podataka, genetskog vrednovanja i provedenih studija očekuje se da će:

- 1) planski odabir jedinki za genotipizaciju temeljem analize porijekla osigurati što veći stupanj genomske varijabilnosti u genotipiziranim populacijama istarske i paške ovce
- 2) uzgoj u srodstvu imati negativan učinak na analizirana svojstva mliječnosti
- 3) genetska povezanost stada u analiziranim populacijama biti relativno niska, te da će protok gena biti dovoljno indikativan za odabir stada koja mogu biti dio zajedničkog genetskog vrednovanja unutar istraživanih pasmina
- 4) genomska informacija doprinijeti točnosti genetskog vrednovanja pojedinih kategorija jedinki
- 5) različite strategije formiranja referentne populacije imati različit doprinos točnosti UV, pri čemu će genotipiziranje jedinke s vlastitim fenotipovima biti informativnije od genotipiziranja jedinki s fenotipiziranim potomstvom

- 6) OCS biti primjenjiv u analiziranim populacijama temeljem oba pristupa (fenotipski podaci i porijeklo, te fenotipski podaci i genomske informacije), te da će razvijena strategija biti u funkciji genetskog napretka i očuvanja genetske raznolikosti
- 7) temeljem svih raspoloživih informacija (fenotip+porijeklo+SNP-ovi) biti uspješno utvrđeni 'optimalni' kandidati čiji će genom biti pohranjen u Banku gena domaćih životinja
- 8) se osigurati prijenos znanja do interesnih skupina i potencijalnih ulagača u selekcijski rad.

Provedba modernih uzgojnih programa osigurava kratkoročnu i dugoročnu održivost intenzivnom selekcijom i razumnim održavanjem genetske raznolikosti koja će u konačnici osigurati dostatnost u proizvodnji hrane (za prehranu ljudi i životinja) kao i vlakana posebice u okruženju koje se sve više mijenja. Uspjeh korištenja OCS metode uvelike je predodređen osobitostima populacija u kojima se primjenjuje koje se mogu znato razlikovati. Stoga će projektom biti dobivene iznimno važne spoznaje o primjenjivosti metoda uzgoja i očekivanim koristima u sub-optimalnim uvjetima po pitanju strukture populacije (slaba genetska povezanost stada). Istraživanje će ukazati na neke potencijalne probleme (npr. greške u porijeklu) i ponuditi konstruktivna rješenja istih. Očekuje se da će razvijene strategije rezultirati selekcijskim napretkom za svojstva mliječnosti čime će se povećati interes uzgajivača za ove pasmine i osigurati njihova dugoročna 'in vivo in situ' opstojnost. Projekt će također biti temelj uspješne 'ex situ in vitro' konzervacije 'optimalnog genoma'. Pored tradicionalne i kulturološke važnosti, ove pasmine imaju značajan ekonomski, a time i demografski značaj za stanovnike, pa je za očekivati da će projekt imati pozitivne učinke na sve navedene domene. Važno je naglasiti da će rezultati poslužiti i kao smjernice za provedbu selekcije uz očuvanje genetske raznolikosti kod drugih pasmina ovaca i vrsta domaćih životinja, kao i nekih programa uzgoja biljaka.

---

**Adresa autora:**

**Dr. sc. Marija Špehar**

Hrvatska agencija za poljoprivredu i hranu

Vinkovačka cesta 63c

31000 Osijek

E-mail: marija.spehar@hapih.hr

---