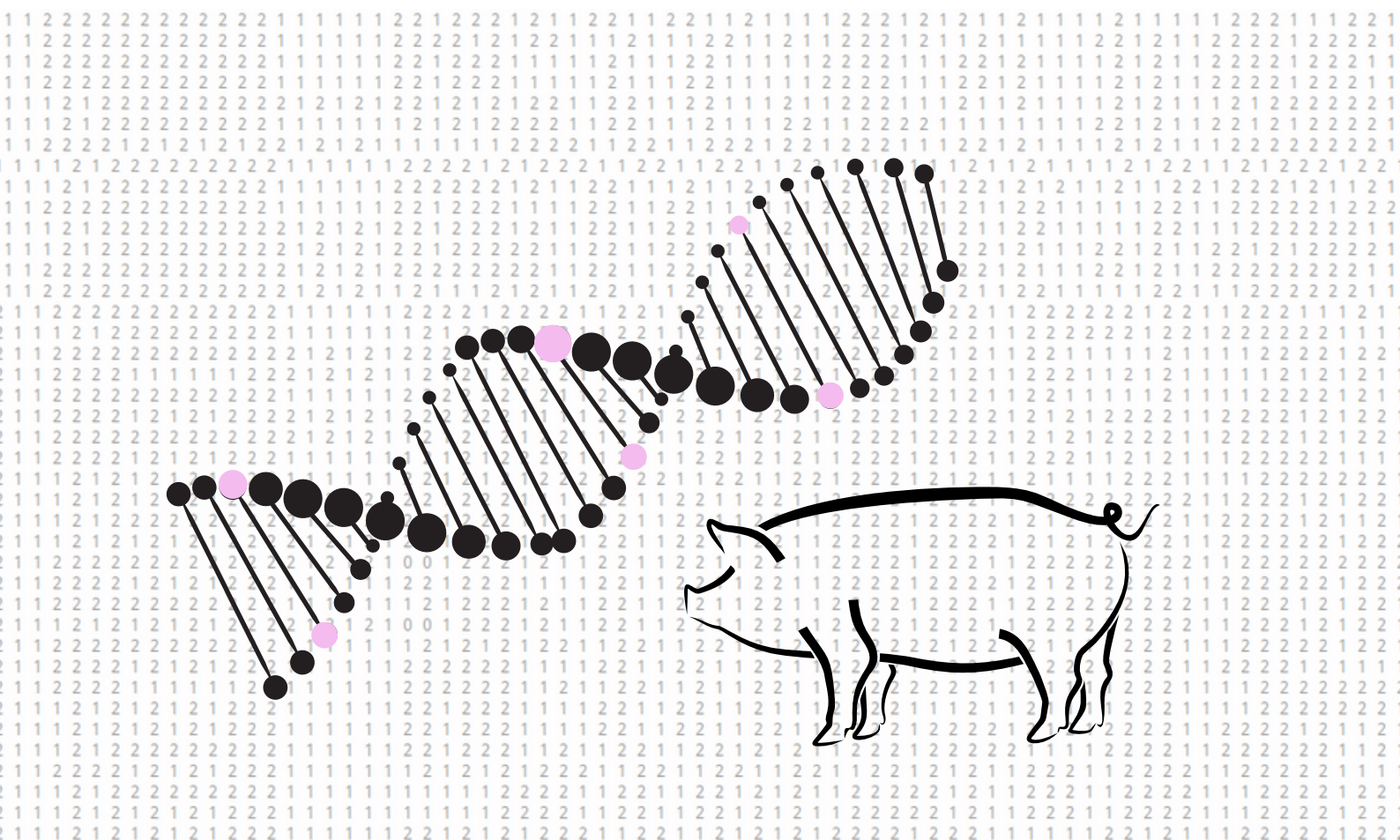


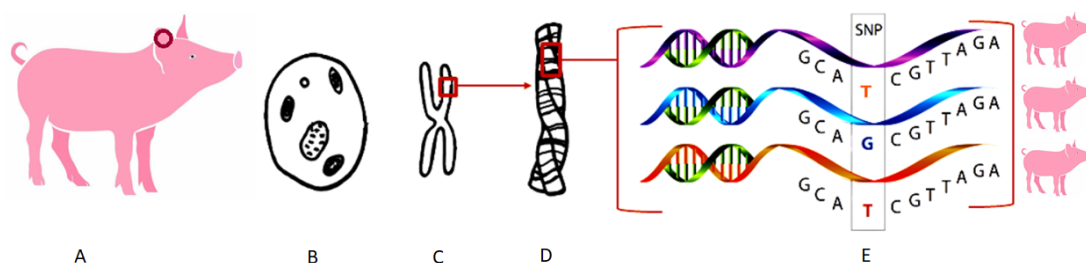
Uporaba genomskih informacij pri reji prašičev



8 Uporaba genotipizacije v prašičereji

Uporaba genomskih informacij sega v osemdeseta leta prejšnjega stoletja, v katerem je bil v živiloreji glavni poudarek na uporabi tehnologije za razvoj genskih testov, pri katerih s pomočjo označevalcev (markerjev) odkrivajo prisotnost dednih bolezni (npr. gen za sindrom maligne hipertermije pri prašičih) ali preverjajo starševstvo. Tako je bila informacija, pridobljena z genskim testom, med prvimi vključena pri selekcijskem delu v prašičereji. Vendar pa je bila uporaba rezultatov genskih testov vezana na izločanje nezaželenih alelov omejena, saj je majhno število lastnosti, na katere vpliva samo en gen z velikim učinkom. Na kvantitativne lastnosti vpliva ogromno genov z majhnim učinkom, ki se skupaj izrazijo v izmerjeni lastnosti, kar je raziskovalce spodbudilo k razvoju metod in tehnologije za uporabo velikega števila informacij, pridobljenih z genotipizacijo za genetsko vrednotenje živali. Cenovna dostopnost genotipizacije s SNP-mikromrežami nam omogoča vpogled na točno določena mesta v genomu osebkov in odpira široke možnosti uporabe genomskih podatkov v živiloreji, od preverjanja identitete in porekla, pasemske pripadnosti, iskanja genov z velikim učinkom, preverjanje izvora mesa, vse do genomske selekcije. V zadnjih 15 letih je bil glavni poudarek na razvijanju in izpopolnjevanju metod za napoved genomskih plemenskih vrednosti zlasti pri govedu. Sočasni napredek v metodologiji in nižjih stroških genotipizacije so nam omogočili genotipizacijo velikega števila živali in ustvarjanje tako imenovane referenčne populacije, ki je ključna pri vzpostavitvi genomske selekcije v populaciji. Genomski podatki se v prašičereji že uporabljajo in so dobrodošli pri nadgradnji dosedanjega dela. Ne smemo pozabiti, da genomski podatki lahko doprinesejo k boljšim rezultatom le v primeru, ko imamo kakovostne podatke o prirerji živali. Tako nam preveritev starševstva omogoča selekcijo s preverjanjem sorodstva med merjasci, svinjami in njunimi potomci. V manjših populacijah je za ohranjanje pasme potrebno načrtno parjenje, da se čimbolj izognemo parjenju v sorodstvu in ohranjamo genetsko raznovrstnost populacije. Načrtna parjenja pa so možna le s pravilnimi podatki o starševstvu, zato bomo nadaljevali z genotipizacijo in preveritvijo rodovnika. Iz genomskih podatkov lahko izračunamo tudi genomski koeficient sorodstva, ki bolj natančno opiše sorodstvo med osebki.

V Sloveniji pri prašičih genomske informacije uporabljamo pri iskanju genov z velikim učinkom, preverjanju porekla, potrjevanju pasemske pripadnosti in izvora mesa. Genomske podatke je mogoče uporabiti tudi pri napovedovanju plemenskih vrednosti, vendar to še ni v uporabi, saj moramo najprej osnovati referenčno populacijo z živalim, ki imajo znan genotip in rezultat prirere (fenotip).



Slika 22: Polimorfizem posameznih nukleotidov (SNP)

8.1 Informacije o genomu

Genetski material evkariontskih celic je shranjen v celičnem jedru v kromatinu, ki se med celično delitvijo zapakira v visoko organizirane strukture, imenovane kromosome (slika 22 C). Vsak kromosom je sestavljen iz dolge DNA molekule navite okrog specializiranih beljakovin. Deoksiribonukleinska kislina (DNA) je molekula, ki je nosilka genetske informacije v vseh živih organizmih in se nahaja v jedru celice (slika 22 B). Osnovna enota DNA je nukleotid, ki je sestavljen iz sladkorja (deoksiriboza), purinske in pirimidinske baze (adenin, citozin, gvanin in timin) in fosfatne skupine. Zaporedje nukleotidov določa genetske informacije. DNA je v obliki dvojne vijačnice, pri čemer se dve molekuli DNA ovijeta druga okrog druge (slika 22 D). Znotraj vijačnice se nahajajo dušikove baze in se medsebojno vežejo v tako imenovane bazne pare, pri katerih velja pravilo, da se adenin (A) se vedno veže s timinom (T) in citozin (C) z gvaninom (G). Na DNA ločimo kodirajoče in nekodirajoče odseke. Kodirajoči odseki so tisti, ki so odgovorni za procese, npr. za sintezo določene beljakovine. Sprememba v tem delu DNA ima največkrat usodne posledice, osebek lahko propade že pred rojstvom in napaka se ne prenaša z dedovanjem. Poleg mutacij, ki povzročajo dedne okvare ali celo smrt zarodka oz. živali, vsekakor pa negativno vplivajo na prirere, poznamo tudi pozitivne mutacije. Te mutacije so zaželene, saj prinašajo v populacijo neko



Slika 23: Klešče za vzorčenje tkiva živali (levo) in pravilno označen vzorec za genotipizacijo (desno)

prednost. Ena izmed takšnih je tudi mutacija v genu *GBP1*, ki povečuje odpornost prašičev proti prašičjem respiratornem sindromu, ki ob pojavu v reji povzroči velike gospodarske izgube. Spremembe na nekodirajočem delu DNA niso usodne, zato se v populaciji ohranijo in prenašajo na potomce. Tako so lahko nekodirajoči deli DNA zelo primerni za preverjanje porekla. Razlike torej izhajajo iz zaporedja baznih parov: neka žival ima na določenem mestu svoje DNA gvanin, druga timin (slika 22 E). Te naključne spremembe na določenih mestih na DNA, na katerih se med osebki pojavijo razlike v enem baznem paru, se prenašajo iz generacije v generacijo in dajejo osnovo za razlikovanje osebkov. Z razvojem in dostopnejšimi cenami genotipizacije nam ta danes omogoča vpogled v genom velikega števila živali. Dedni zapis prašičev sestavlja več kot tri milijarde baznih parov. Prašič imajo 18 parov avtosomskih kromosomov in par spolnih kromosomov. V vsakem paru je en kromosom podedovan od očeta in en od matere.

Genotipizacija s SNP-mikromrežami nam omogoča vpogled v genom osebkov na točno določenih mestih (slika 22 E), na katerih se določi nukleotid, število mest pa je odvisno od velikosti uporabljenega čipa. Kadar so na enem mestu možni različni nukleotidi, pravimo, da so ta mesta polimorfna. Na mestu, ki je nad oznako E na sliki 1, smo pri živalih našli dva različna nukleotida: gvanin (G) in timin (T). To mesto imenujemo polimorfizem posameznega nukleotida, znan tudi pod kratico SNP. Na vseh ostalih mestih na sliki 1 pa se nahajajo isti nukleotidi, zato se živali na preostalih mestih ne razlikujejo med seboj.

8.2 Pridobivanje vzorcev in genomskih informacij

Za genomske analize potrebujemo informacije o dednem zapisu živali, torej potrebujemo vzorec tkiva, iz katerega lahko pridobimo DNA. Pri prašičih je vzorec najenostavneje pridobiti iz uhlja (slika 22 A), za kar uporabimo posebne klešče za jemanje vzorcev (slika 23, levo). S kleščami odščipnemo košček tkiva uhlja, ki se avtomatsko shrani v vzorčno posodico s konzervansom. Pri odvzemu tkiva je žival potrebno identificirati z ušesno številko ter hkrati pravilno označiti vzorec tkiva (slika 23, desno), da ne pride do napak. V ta namen na poseben obrazec zapišemo ušesno številko živali in oznako vzorčne posodice, ki omogoča sledljivost vzorca tkiva vse od skladiščenja do laboratorija in na koncu ob prejemu rezultatov genotipizacije. Kot vzorec lahko služi tudi seme, mešički ščetin ali meso. Vzorce tkiva se pošlje v izbran genetski laboratorij, kjer izolirajo DNA živali in s posebno opremo ter SNP-mikromrežami določijo polimorfna mesta v genomu. Trenutno za genotipizacijo prašičev uporabljamo mikromreže, s katerih lahko preberemo 50.000 mest v genomu, pri pasmi krškopoljski prašič pa smo na začetku izbrali čip z 80.000 mesti. Z ustrezno programsko in računalniško opremo lahko iz genomskih podatkov izluščimo uporabne informacije, ki so nam v pomoč pri reji prašičev.

8.3 Uporaba genomskih podatkov v prašičereji

Genomski podatki so uporabni na različnih področjih, kot so ugotavljanje identifikacije, preverjanje porekla, genomska vrednotenje živali, odkrivanje genov z velikim učinkom, potrjevanje pasemske pripadnosti in sledenje mesnim izdelkom vse od „vil do vilic“. Genomske informacije so

nadgradnja in dodana vrednost do sedaj obstoječim informacijam oz. podatkom, ki jih tradicionalno spremljamo v reji prašičev. Pravzaprav so kakovostni fenotipski podatki v dobi genomike postali še bolj cenjeni in nujni za razumevanje in obdelovanje genomskih podatkov.

Sindrom maligne hipertermije (primer gena z velikim učinkom)

Na večino kvalitativnih lastnosti praviloma vpliva ogromno število genov, katerih se učinki seštevajo in se skupaj izrazijo v fenotipski vrednosti npr. število živorojenih pujskov, prirast, masa živali. Nekaj lastnosti pa je tudi monogenih npr. monogenske dedne bolezni, kar pomeni, da na njih vpliva samo en gen oz. nekaj genov z velikim učinkom.

V prašičereji je najbolj poznan RYR1 gen, ki je odgovoren za stresno preobčutljivost oziroma pojav avtosomne recesivne genske bolezni, znane pod imenom sindrom maligne hipertermije (SMH) oz. prašičji stresni sindrom. Sindrom maligne hipertermije povzroča gospodarske izgube v prašičereji, ki so posledica poginov živali in slabše kakovosti mesa. Pri prašičih, ki so občutljivi na stres, nastopi kot posledica telesne obremenitve vrsta simptomov, ki sega od mišičnega tremorja prek pospešenega dihanja, pospešenega srčnega utripa, naglega povišanja telesne temperature ($1^{\circ}\text{C}/5$ minut) do stopnjevanja otrdelosti mišic. Smrt nastopi navadno po sorazmerno kratkem času zaradi kolapsa in kardiogenega šoka. Simptome pri homozigotih, značilne za SMH, lahko induciramo tudi z inhaliranjem hlapnega narkotika halotan, zaradi tega je RYR1 gen bil prvotno znan kot "halotan gen". Mutacija na genu RYR1 je odgovorna za zamenjavo aminokisline arginin z cisteinom na kodonu 615 rianodinskega receptorja, ki kodira kalcijeve kanale in posledično vpliva na regulacijo sproščanja kalcijevih ionov v skeletnih mišicah. V recesivni homozigotni obliki (genotip PP) se spremeni protein kalcijevega kanala, ki vpliva na nenadzorovano sproščanje Ca^{2+} skozi membrano sarkoplazemskega retikuluma mišične celice, sledi mu intenzivno krčenje mišic, povišanje temperature (maligna hipertermija), pospešena glikoliza in hitro posmrtno znižanje pH vrednosti mesa. Omenjene spremembe vodijo k poslabšanju kakovosti mesa, saj pride do pojava bledega, mehkega in vodenega (BMV) mesa. Čeprav mutacija velja za recesivno, to drži le glede stresne preobčutljivosti, medtem pa tudi heterozigotne živali izražajo slabšo kakovost mesa, hkrati pa večjo mesnatost in bolje izkoriščajo krmo, zaradi česar se okvarjeni gen zelo razširil in se še vedno ohranja v populaciji (predvsem pri pasmah pietren in belgijski landras).

Prisotnost mutacije RYR1 se šteje kot neugodna pri predelavi v suho mesne izdelke, predvsem zaradi vpliva na slabo sposobnost zadrževanja vode in manjšo zamaščenost. Pri živalih genotipa NP je tudi zaznana večja električna prevodnost in izceja, kar pa kaže na več proste vode v mišicini in posledično večjo izgubo pri predelavi, hkrati pa se poveča možnost rasti mikroorganizmov. Mehkoba takšnega mesa je manjša, posledično pa meso nima okusa. Razlike se pojavljajo tudi v vsebnosti intramuskularne maščobe, ta je pri živalih z genotipom NN večja kot pri tistih, ki so prenašalci mutacije na genu RYR1 (genotip NP). Dominantni homozigoti (genotip NN) so zaradi odsotnosti alela P bolj odporni na stres. Enako velja za heterozigote NP, ki so prenašalci nezaželenega alela P. Po svetu so med pasmami največji delež živali, ki so odporne na stres (genotip NN), zaznali pri pasmah durok in hampšir. V slovenskih populacijah prašičev je največji delež alela P pri prašičih pasme pietren (18,9 %) ter pri slovenskem mesnatem landrasu (18,7 %). Alel P se pojavlja tudi pri krškopoljskem prašiču (16,8 %). Domneva se, da je bila v populacijo krškopoljskih prašičev mutacija na genu RYR1 vnesena kot posledica parjenj s sodobnimi pasmami.

Prašičji reproduktivni in respiratorni sindrom

Prašičji reproduktivni in respiratorni sindrom (PRRS) je še vedno velika grožnja prašičereji po vsem svetu, saj povzroča reprodukcijske motnje svinj kot tudi respiratorne motnje v kateri koli starostni kategoriji prašičev, kar vodi do pomembne gospodarske izgube. Geni, vpleteni v odpornost proti bolezni, so lahko poleg vakciniranja in izvajanja biovarnostnih ukrepov eden od načinov zaviranja širjenja PRRS. Med temi geni je gen GBP1, ki je odgovoren za učinkovito protivirusno delovanje in lahko zagotovi obrambo pred različnimi RNA virusi ter tudi odpornost prašičev na okužbo z virusom PRRS. Različek A pri zdravih prašičih povezujejo s povečanjem telesne mase, a je ob okužbi z virusom PRRS neugoden, ker je povezan z višjimi koncentracijami virusa v krvi in zmanjšanjem telesne mase. Ob okužbi je ugodnejši različek G, saj zmanjša koncentracijo PRRS virusa v krvi, spodbuja rast ter zmanjša izgubo prašičev in delež abortusov. Delež abortusov je pri svinjah z genotipom AA 2,6-krat večji kot pri svinjah z genotipom AG. Frekvenca različka A je najpogostejša pri sodobnih pasmah in hibridih zaradi selekcije na boljšo rast (v razponu od 70 % do 90 %). Frekvenca različice G je v primerjavi s sodobnimi genotipi višja pri avtohtoni pasmi krškopoljskega prašiča 13,9 %. To posredno podpira razlago, da je odpornost avtohtonih pasem večja v primerjavi s sodobnimi pasmami in hibridi. Najverjetnejši razlog za manjšo pogostost je ta, da ni selektivne prednosti različice G v odsotnosti virusa PRRS.

Gen VRTN

Gen VRTN (vertnin) se nahaja na kromosomu 7 in je pomemben pri razvoju vretenc in reber pri prašičih. Variacije v tem genu lahko vplivajo na število vretenc in s tem na morfologijo hrbtenice, kar posredno vpliva na velikost in dolžino trupa, nima pa negativnih učinkov na kakovost mesa. Posledično vpliva tudi na število seskov in s tem na maternalne lastnosti. Fenotipske spremembe v številu vretenc, reber in posledično številu seskov povezujejo tudi z insercijo 291 baznih parov dolgega odseka v prvem intronu gena VRTN in mutacijo A v C v promotorski regiji gena. Spremembi sta oddaljeni le 1,2 kb parov, zato sta v neravnotežju zaradi vezave. Pričakovano je, da se zato dedujeta skupaj. Znale imamo informacije za SNP rs709317845, ki privede do zamenjave A>C. Raziskovalci navajajo, da je alel C zaželen in imajo svinje z genotipom CC v povprečju en funkcionalni sesek več kot svinje genotipa AA.

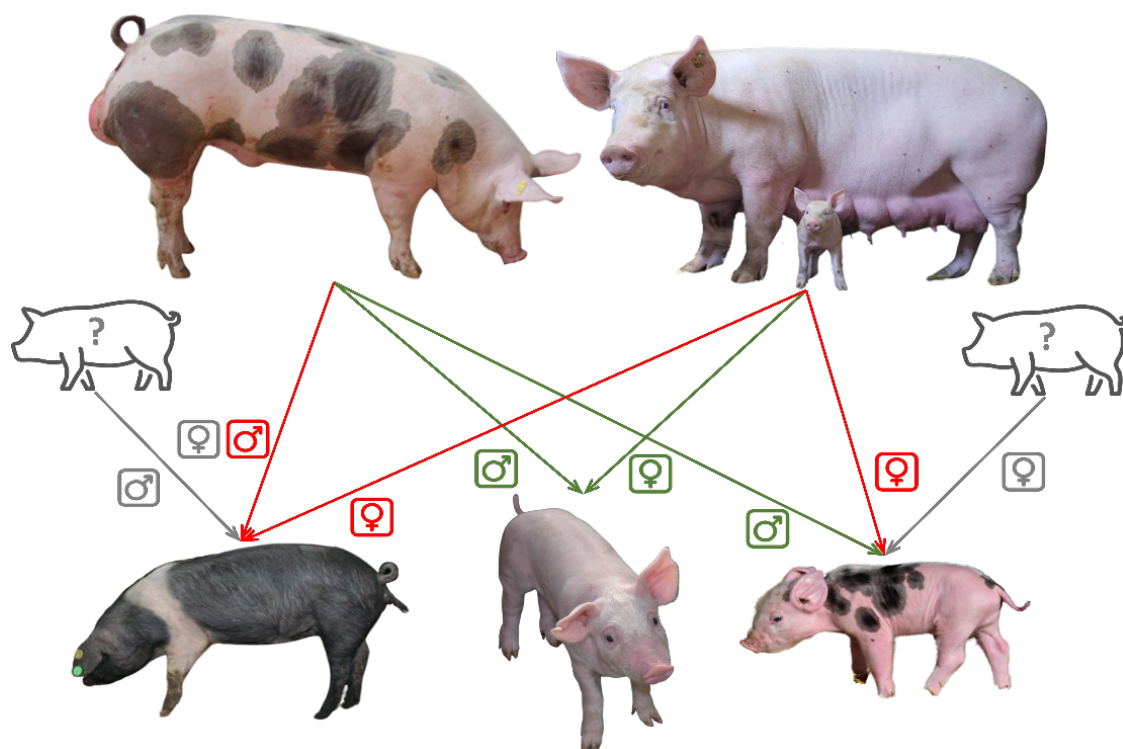
Preveritev porekla

Informacije o poreklu se uporabljajo na najrazličnejše namene, na primer pri vrednotenju in odbiru živali ter pri ohranjanju in vzdrževanju populacij. Sorodstvo med živalmi in s tem tudi staršema izražamo s koeficientom sorodstva. Če parimo svinjo in merjasca, ki sta v sorodu, dobimo inbridiranega potomca. Izračun koeficientov sorodstva praviloma opravimo na osnovi porekla iz rejske dokumentacije, torej na rodovniških podatkih. Majhne, razdrobljene in izolirane populacije vodijo do zmanjšane genetske pestrosti ter povečanega parjenja v sorodstvu in naključnega genetskega toka. Pri parjenju v ožjem sorodu se pogosteje pojavljajo negativne posledice inbridinga, ki se kažejo v zmanjšani vitalnosti, slabši preživetveni sposobnosti pujskov, lahko pa se v populaciji pojavijo dedne napake, ki se prenašajo z recesivnimi aleli in so lahko tudi usodne. Parjenje v sorodstvu ima za posledico fiksacijo nekaterih alelov. Sklad genov se lahko s parjenjem v sorodu osiromaši, kar zmanjšuje genetsko pestrost v populaciji in sposobnost prilagajanja na okoljske spremembe (prilagoditev na klimatske spremembe, odpornost proti boleznim). Pomembno je poudariti tudi, da manjša genetska variabilnost zmanjša možnost selekcije. Povečevanju inbridinga se ponekod, predvsem pa v majhnih zaprtih populacijah, ne moramo izogniti. Poskrbimo lahko, da se inbriding povečuje čim počasneje, kar lahko dosežemo z načrtno odbiro živali in z načrtnimi parjenji, za kar je potrebno, da dosledno vodimo in uporabljamo rejsko dokumentacijo.

Za večino analiz, ki jih lahko naredimo na genomskih podatkih, je potrebno poznati poreklo živali. Poreklo prašičev v slovenskih populacijah pridobimo iz dokumentacije, ki je shranjena v centralni podatkovni zbirki PiggyBank. Potrditev ter dodelitev starševstva je bistvenega pomena za nepristransko oceno dednih lastnosti, predvsem pri napovedi plemenskih vrednosti potencialnih plemenskih živali. Za preveritev porekla z uporabo genomskih informacij uporabljamo program AlphaAssign, ki temelji na verjetnosti, da določi očeta/mater za osebek iz seznama vseh potencialnih plemenskih genotipiziranih merjascev in svinj. Od leta 2022 poreklo preverjamo tudi v slovenskih populacijah prašičev. V prvem koraku preverimo starševstvo genotipiziranih živali, ki imajo genomske informacije za vsaj enega od staršev.

Ker so naše čistopasemske populacije majhne, poskušamo pri prašičih z zavrženim staršem poiskati pravega starša. Iskanje staršev se izvede s pomočjo vseh genotipiziranih plemenskih živali, med katere so vključeni tudi merjasci iz osemenjevalnih središč. Pri iskanju predvidevamo, da so lahko potencialni starši prašičev vse plemenske živali v rejskem programu in imajo znano vsaj eno gnezdo. Potencialni starši morajo biti starejši od potencialnih potomcev. Pri preverjanju porekla si pomagamo tudi z genomskim koeficientom sorodstva med prašiči, ki jih pridobimo s funkcijo genome v programu PLINK 1.9. Pričakovani koeficient sorodstva med posameznikom in njegovim staršem je 0,5. Za podrobnejšo analizo preverimo sorodnost tudi z ostalimi prašiči, pri čemer je genomski koeficient sorodstva bolj variabilen. S starim staršem se vrednosti večinoma nahajajo med 0,2 in 0,3. Koeficient sorodstva med brati in sestrami pa se giblje na intervalu med 0,4 in 0,6, v manjših deležih je ta razpon lahko še večji. Genomske koeficiente pod 0,03125 uvrščamo kot zanemarljive, saj so možne tudi napake ali pa je tuj genotip bil vnesen pred petimi generacijami. Za prašiče, ki smo jim uspeli določiti starše, preverimo skladnost najdene kombinacije svinje in merjasca z zapisi v podatkovni zbirki PiggyBank. Potencialnega starša, izbranega na osnovi genotipizacije, potrdimo samo, če se podatki smiselni. Novi starš je potrjen samo za genotipiziranega prašiča iz gnezda, ostali, negenotipizirani prašiči iz gnezda imajo neznanega starša. Rezultati preveritve porekla prikazujejo dosledno beleženje podatkov pri večini pasem. Za ohranjanje pasme je potrebno načrtno parjenje, da se čimbolj izognemo parjenju v sorodstvu in ohranjamo genetsko raznovrstnost populacije. Načrtna parjenja pa so možna le s pravilnimi podatki o starševstvu, zato bomo nadaljevali z genotipizacijo in preveritvijo rodovnika.

Potrjevanje pasemske pripadnosti



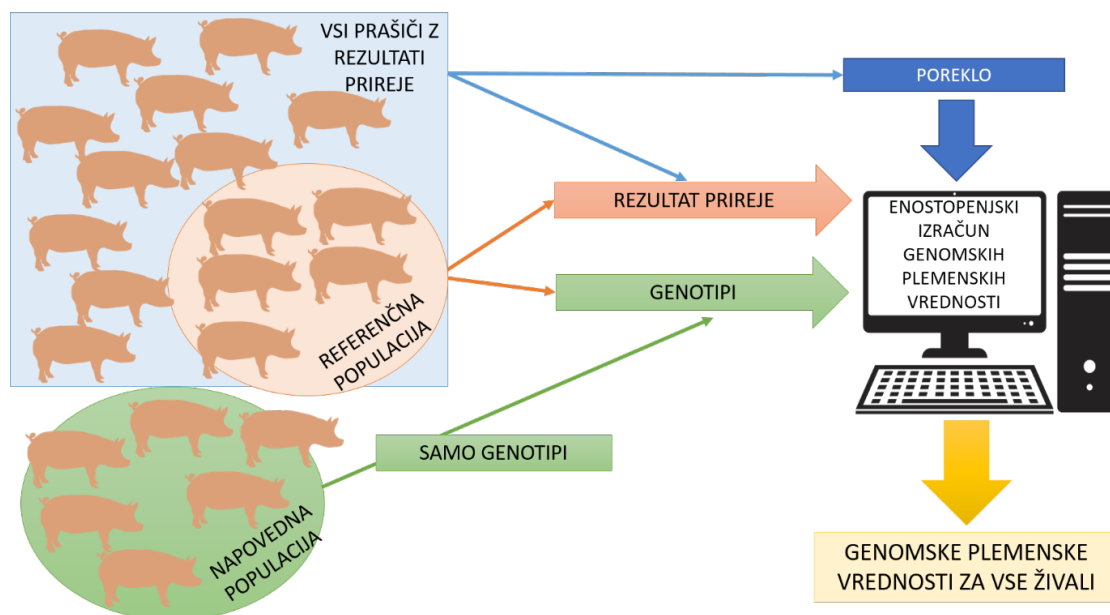
Slika 24: Shema preverjanja starševstva

K razvoju metod za potrjevanje pasemske pripadnosti in izvora mesa ter mesnih izdelkov z uporabo genomske informacije je pripomoglo vedno večje zanimanje kupca za lokalno pridelano meso. Sorazmerno se z večjim zanimanjem povečuje ponudba teh izdelkov z dodano vrednostjo npr. Mesnine krškopoljskega prašiča. Te mesne izdelke proizvaja vedno več proizvajalcev, ob tem pa lahko pride tudi do potvorb izvora mesa v teh izdelkih, saj imajo večjo vrednost, na drugi strani pa je tudi zavedanje potrošnikov o pomenu izvora mesa. Med populacijami prašičev ne obstajajo biološke prepreke, kar posledično pomeni, da lahko med pasmami prihaja do izmenjave genetskega materiala. Sam vnos tujih genov poveča genetsko variabilnost znotraj posamezne pasme, a se lahko na ta način izpodrinejo aleli, značilni za to pasmo. Ločitev sklada genov ni absolutna, kar dodatno otežuje identifikacijo pasme s specifičnimi označevalci na DNA. Razlikovanje genetskega materiala med pasmami je tako zaradi migracij oteženo, pri čemer prihaja do težav pri določanju pasemske značilnih označevalcev, ki bi jih lahko uporabili za sledljivost.

Za zagotavljanje sledljivosti prašičev je potrebno v celotni prehranski verigi ohraniti identifikacijo živali od rojstva do zakola, označbo mesa ali proizvodov živalskega izvora skozi različne korake predelave. Ker klasične metode sledljivosti niso popolnoma zanesljive, saj se lahko informacije o prašičih in dokumentacija izgubijo ali pa so napake storjene že v reji, ob zakolu ali po razkosanju, lahko pa prihaja tudi do zlorab in potvorb, se z razvojem genomske tehnologije vedno bolj uporabljajo molekularne metode za potrditev pasemske pripadnosti živali, mesa in mesnih izdelkov.

Za določitev pripadnosti posamezne živali k določeni pasmi s pomočjo molekularnogenetskih metod je možnih več pristopov, med katerimi sta poudarjena dva. Prvi pristop je t. i. deterministični oz. odločitveni pristop, v katerem se išče genetske označevalce, ki so pasemsko značilni. Išče se lahko alele, ki so fiksirani za posamezno pasmo. Drugi pristop temelji na verjetnosti. Pri teh metodah se ustvari zbirka podatkov oziroma referenčnih genomov, ki vsebuje informacije o alelih in njihove frekvence za posamezno pasmo. Določitev pasme posameznega prašiča se tako izvede po metodi verjetnosti, v kateri se primerjajo genomske informacije. Uporabnost SNP-ov je obetavna, saj so številni SNP-i informativni, sama določitev pa je cenejša.

Za preverjanje izvora mesa smo uporabili genomske informacije 34.396 SNP-jev od skupno 2106 vzorcev prašičev različnih pasem ter mesa in mesnih izdelkov, ki so bili deklarirani kot meso krškopoljskega prašiča ali drugih genotipov ter izvirajo od desetih ponudnikov. Informacije o rojstvih, pravitvah in pripustih smo pridobili iz podatkovne zbirke PiggyBank. Asociacijsko analizo celotnega genoma smo opravili s pomočjo programskega paketa PLINK 1.9. Preveritev pasemske pripadnosti vzorcev mesa in mesnih izdelkov izvajamo s pomočjo vseh genotipiziranih plemenskih živali, med katere so bili vključeni tudi merjasci iz osemenjevalnih središč. Mesnim



Slika 25: Potrebni podatki za enostopenjski izračun genomskih plemenskih vrednosti

izdelkom, sorodnim s plemenskimi prašiči, smo preverili skladnost z zapisi v rodovniški knjigi. Z uporabo funkcije genome v programu PLINK 1.9 smo v naslednjem koraku pridobili genomske koeficiente sorodstva. Po preveritvi pasemske pripadnosti mesa in mesnih izdelkov smo ugotovili, da pri nekaterih predelovalcih prihaja do potvorbe porekla prašičev, iz katerih predelujejo mesne izdelke. Sklepamo, da so nekateri izdelki iz prašičev, ki so bili v eni izmed predhodnih generacij križani s sodobnimi genotipi.

Genomska selekcija

Pri genomski selekciji poleg zbranih fenotipskih podatkov (npr. masa živali, debelina hrbtne slanine, velikost gnezda) in rodovnika, vključimo v izračun napovedi plemenskih vrednosti tudi genomske informacije. Prašičerejci so bili prvi, ki so uporabili molekularne metode pri svojem delu, in sicer s prej omenjenim RYR1 genom, ki povzroča sindrom maligne hipertermije. Vendar pa so takšne lastnosti, pri kateri lahko najdemo gen z večjim učinkom sorazmeroma redke. Meuwissen in sod. so v letu 2001 predstavili novo metodologijo za napoved plemenskih vrednosti (gPV) z uporabo velikega števila označevalcev (SNP). S to metodo ocenimo učinek vsakega posameznega označevalca, učinke seštejemo ter živalim genomsko napovemo plemensko vrednost. Metoda zahteva referenčno populacijo, za katero potrebujemo tako fenotipske kot genomske informacije. Prvi korak pri uvedbi genomske selekcije v populaciji je »izgradnja« referenčne populacije. Velikost referenčne populacije in genetske povezave (sorodstvenih vezi) med napovedno in referenčno populacijo sta ena izmed pomembnih dejavnikov, ki vplivajo na točnost genomske ocene plemenske vrednosti (Goddard in Hayes, 2009). Za izračun genomskih plemenskih vrednosti je trenutno najbolj v uporabi enostopenjski izračun (ssGBLUP), s katerim v enem koraku napovemo gPV (slika 4), ki združuje fenotipske in genomske podatke ter poreklo.

Selekcija pri prašičih temelji na selekcijski piramidi, ki populacijo deli na tri nivoje: nukleus, razmnoževalni in proizvodni nivo. V nukleusu, kjer redijo čistopasemske živali in se izvaja večina selekcije, pričakujemo največji genetski napredek, ki pa se z zamikom prenaša na nižje nivoje v piramidi. Podatke o prireji praviloma zbiramo na čistopasemskih živalih, katere so praviloma vzrejene v boljših pogojih in v dobro organiziranih rejah. Na spodnjem nivoju, pri tro- ali štiri-pasemskih pitancih, ne zbiramo podatkov prireje, kar zmanjšuje genetski napredek, saj nimamo dodatnih informacij za napoved plemenskih vrednosti. Tudi populacije čistopasemskih živali v prašičereji so manjše v primerjavi z govedorejo. To sta ena od glavnih razlogov, da nismo z genomsko selekcijo v prašičereji dosegli tolikšnega genetskega napredka kot pri govedu. Ravno zato so Lillehammer in sod. (2015) predlagali, da poleg genotipizacije črede v nukleusu izvajamo tudi genotipizacijo in zbiranje podatkov prireje na razmnoževalnem nivoju, to je ključ, da učinkovito povečamo referenčno populacijo.

Genomski podatki so dobrodošel vir novih informacij v reji prašičev. Sprva so jih uporabljali za iskanje nosilcev genetskih bolezni, a se je do danes njihova uporaba razširila na več področji: pre-

verjanja porekla, iskanja novih genov z velikim učinkom, potrjevanja pasemske pripadnosti, sledenja mesnim izdelkom, ter na področju genomske selekcije. Genomske informacije so uporabne le v primeru, ko imamo zbrane podatke prireje, zato je zmotno prepričanje, da lahko zaključimo z dosedanjim zbiranjem podatkov prireje in vodenjem rodovnikov. Da bi dobljene genomske informacije koristno uporabili, bi bilo dobro zbirati celo dodatne informacije in povečati točnost zabeleženih podatkov. V letu 2020 smo v Sloveniji začeli z genotipizacijo prašičev, obdelavo in analizo genomskih podatkov za preveritev porekla in iskanje genov z velikim učinkom. V bodoče si želimo ustvariti referenčno populacijo, ki je osnova za izvajanje genomske selekcije.