



UNIVERZA V LJUBLJANI
BIOTEHNIŠKA FAKULTETA
ODDELEK ZA ZOOTEHNIKO

Stanje sindroma maligne hipertermije (MHS) v populaciji krškopoljskega prašiča

Avtorji:

Suzana KRHLANKO, univ. dipl. inž. zoot.

prof. dr. Milena KOVAČ

doc. dr. Špela MALOVRH

Irena ULE

Karmen LOŽAR, dipl. inž. zoot.

Lana FORTUNA, univ. dipl. inž. zoot.

Meta MARUŠIČ

Stanka PAVLIN

Domžale, 2020

Kazalo

1	Uvod	4
2	Material in metode	7
3	Rezultati analiz genotipizacij	9
3.1	Frekvence genotipov in alel po spolih	10
3.2	Frekvence genotipov in alel po kmetijah	11
3.2.1	Kmetije s statusom reje krškopoljskega prašiča	12
3.2.2	Vzrejna središča krškopoljskega prašiča	13
3.2.3	Pilotne kmetije	15
3.2.4	Ostale reje KP, ki so odstopile od rejskega programa oz. ne pošiljajo podatkov o staležu	15
3.3	Frekvence genotipov in alel po starših prašičev z odvzetimi vzorci	16
3.3.1	Frekvence genotipov in alel potomcev po očetih	17
3.4	Prašiči z recesivnim genotipom PP	20
4	Diskusija	21
5	Zaključki	23

Slike

1	Porazdelitev deleža mutirane alela P med starši prašičev z vzetimi vzorci po letih rojstva	17
2	Porazdelitev števila odvzetih vzorcev od vseh živali in od vseh plemenskih živali glede na leto odvzema	17

Tabele

1	Prikaz kandidatnih genov za lastnosti kakovosti mesa	5
2	Število in delež vzorcev zbranih za določitev <i>RYRI</i> gena	7
3	Število vseh razpoložljivih vzorcev za genotipizacijo krškopoljskih prašičev, odvzetih za namen EIP projekta	8
4	Število vseh razpoložljivih vzorcev za genotipizacijo krškopoljskih prašičev	8
5	Število in delež analiziranih vzorcev porazdeljeno glede na spol	9
6	Frekvence genotipov po izvorih vzorcev z rezultati H-W testa	10
7	Frekvence genotipov po spolih z rezultati H-W testa	11
8	Velikost in statusi rej z analiziranimi vzorci	11
9	Rezultati rej s statusom reje krškopoljskega prašiča z več kot petimi plemenskimi svinjami	12
10	Rezultati rej s statusom reje krškopoljskega prašiča z manj kot petimi plemenskimi svinjami	12
11	Rezultati rej s statusom reje KP brez zabeležene prasiatve v zadnjem letu	13
12	Rezultati vzrejnih središč	14
13	Rezultati genotipizacije vzorcev iz pilotnega projekta za pilotne kmetije	15
14	Rezultati rej KP, ki ne pošiljajo podatkov	16
15	Frekvence genotipov po starših	16
16	Živeči merjasci z znanim genotipom za gen <i>RYRI</i>	18
17	Živeči merjasci brez znanega genotipa za gen <i>RYRI</i>	19
18	Izločeni merjasci z znanim genotipom za gen <i>RYRI</i>	20
19	Seznam živali z genotipom PP	21
20	Izbira živali za plemenski podmladek na podlagi načrtnega parjenja	22

1 Uvod

Krškopoljski prašič je ena izmed avtohtonih pasem na slovenskih tleh in edina avtohtona med pasmami slovenskih prašičev. Za prašiče je značilna črna barva z enakomerno širokim belim pasom, ki sega preko pleč in sprednjih nog ter ne sme biti večja od širine pleč (Kastelic in sod., 2019). Pri rekonstrukciji pasme se ohranja pasemski standard, zato je obarvanost plašča v veliki meri upoštevana ob izbiri plemenskih živali krškopoljske pasme. V drugi fazi rekonstrukcije se upošteva tudi proizvodne lastnosti živali (Malovrh in sod., 2015). Za plemenske svinje želimo, da imajo dobro razvito vime, s čimer bodo lahko zagotovile optimalen razvoj pujskov, ob tem pa se odbira tudi živali z mirnejšim temperamentom. Mirnost je pri prašičih krškopoljske pasme zaželjena, saj je med rejami veliko takšnih, ki imajo živali v izpustih, pri čemer je do mirnih živali lažje dostopati (Kastelic in sod., 2019).

Dobra prilagodljivosti na skromne razmere in krmo je ena izmed razlogov za večje zanimanje po reji prašičev krškopoljske pasme. Ob tem pa k zanimanju za rejo pripomore ugodna zamaščenost in kakovostna maščoba, zaradi katerih jih pogosto uporabljamo v predelavi. Za pasmo je prav tako značilna večja vsebnost mišične maščobe, ki mesu daje sočnost, mehko in bogato aromo (Žemva in sod., 2015). Planinc in sod. (2011) so pri svinjkah zabeležili 41.7 % delež mesa, ta delež pa je pri kastratih dosegal za 5.2 odstotnih točk manjšo oceno. Ti rezultati so primerljivi z rezultati Kovač in sod. (2015), ki pa so pri prašičih težjih kategorij izračunali v povprečju nižjo mesnatost. V primerjavi s komercialnimi pitanci imajo prašiči krškopoljske pasme manjšo električno prevodnost in posledično manjšo vsebnost proste vode v mesu. Zaznan je bil tudi večji pH v mišici takoj po zakolu. Meso krškopoljskih prašičev je bilo v primerjavi s komercialnimi pitanci temnejše in bolj rdeče (Žemva in sod., 2015).

Zahteva po izboljšanju klavne kakovosti je v prašičereji velika, saj bi pri sodobnih pasmah hoteli imeti višjo mesnatost, a bi ob tem ohranili pomembne lastnosti kakovosti mesa, ki so pomembne v mesni industriji za predelavo, kot tudi med potrošniki. Na kakovost prašičjega mesa vpliva različno število dejavnikov, med njimi prevladujejo različni genetski vplivi, tehnologija reje, spol, starost ter postopki z živali pred in po zakolu (Oliván in sod., 2018). Za kakovost mesa pri prašičih je znanih veliko kandidatnih genov, ki so zabeleženi v podatkovni zbirki QTLdb (40. izdaja, Hu in sod., 2019). Kandidatni geni za lastnosti kakovosti mesa se nahajajo po celotnem prašičjem genomu, nekateri izmed njih so prikazani v tabeli 1. Otto in sod. (2007) so v svoji raziskavi pri sodobnih pasmah ugotovili, da imajo določeni markerji vpliv na specifične lastnosti kakovosti mesa. Kandidatna gena *MC4R* in *HMGAI* imata značilen vpliv na večjo izcejo mesa, medtem ko geni *LDHA*, *CAST* in *ATP2A1* vplivajo na hitrejši padec pH ob zakolu. Kandidatni gen *MC4R* prav tako vpliva na barvo mesa, pri čemer je ob prisotnosti mutacije meso temnejše. Na različne ocene barve mesa pa imajo vpliv tudi kandidatni geni *LDHA*, *GLUT4*, *HMGAI* in *CAST*. Pri več sodobnih pasmah prašičev so Kim in sod. (2000) opazili, da je mutacija na kandidatnem genu *MC4R* povezana tudi z manjšo debelino hrbtna slanina. Prašiči so slabše priraščali, prav tako pa je bila slabša konverzija krme. Rybarczyk in sod. (2010) so za lokus *MYOG* zaznali značilen vpliv na vsebnost vode v mišicah, ki so jo povezali z večjo mesnatostjo. Pri pasmi hampšhir so LeRoy in sod. (1990) opazili, da prihaja do mutacij na kandidatnem genu *RN*, ki vpliva na tehnološke kakovosti in senzorične kakovosti mesa. Pri prenašalcih nezaželenega alela *RN* gena so Lundström in sod. (1996) pri križancih s pasmo hampšhir zaznali večje zmanjšanje pH vrednosti mesa, meso je imelo slabšo sposobnost zadrževanja vode, ki je posledično vplivala na večjo izcejo med kuhanjem.

V izražanju nekaterih kandidatnih genov prihaja do razlik, a so te bolj posledica izvora posamezne pasme kot pa intenzivnejše selekcije na prirejo. Najpogostejša in tudi najbolj razširjena, je genetska mutacija na genu *RYRI*. Ta gen je odgovoren za stresno preobčutljivost oziroma za pojav avtosomne recesivne genske bolezni, znane pod imenom sindrom maligne hipertermije (MHS), poznan tudi kot prašičji stresni sindrom (PSS). Dominantni homozigoti (genotip NN) so zaradi odsotnosti alela P bolj odporni na stres. Enako velja za heterozigote (NP), ki so

Tabela 1: Prikaz kandidatnih genov za lastnosti kakovosti mesa

Lastnost kakovosti mesa	Kandidatni gen	Krom.	Učinek ob prisotnosti mutacije	Pasma/križanci	Vir
pH vrednost	<i>RN (PRKAG3)</i>	15	hitrejši padec pH po zakolu	križanci s hempšhir	Lundström in sod. (1996)
	<i>RYRI</i>	6	hitrejši padec pH po zakolu	1244	Oliván in sod. (2018)
	<i>MYOD1</i>	2	zmanjšanje	22	Han in sod. (2012)
	<i>LDHA,</i>	2	hitrejši padec pH po zakolu	21x44,	Otto in sod. (2007)
	<i>CAST</i>	2		21x(leicoma)x44,	
	<i>ATP2A1</i>	3		(22x11x33)x44	
Barva	<i>RYRI</i>	6	slabša ocena (svetlejšo meso)		Leach in sod. (1996)
	<i>MC4R</i>	1	temnejše meso		Otto in sod. (2007)
	<i>LDHA</i>	2			
	<i>GLUT4</i>	12			
	<i>HMGA1</i>	7			
	<i>CAST</i>	2			
Električna prevodnost	<i>RYRI</i>	6	večja	1244	Oliván in sod. (2018)
Izceja	<i>RN</i>	15	večja		Lundström in sod. (1996)
	<i>MYOD1</i>	2	večja	22	Han in sod. (2012)
	<i>MC4R</i>	1	večja		Otto in sod. (2007)
	<i>HMGA1</i>	7			
	<i>RYRI</i>	6	večja	1244, 1245, 12(33xhempšhir)	Škrlep in sod. (2010)
Vodenost (delež izgubljene vode)	<i>H-FABP</i>	6	prenašalci imajo manjšo izgubo	22	Han in sod. (2012)
Vsebnost vode v mišici x mesnatost	<i>MYOG</i>	2	↑mesnatost = ↑vode	križanci 21x44	Rybarczyk in sod. (2010)
Vsebnost intramuskularne maščobe, marmoriranost	<i>H-FABP (FABP3)</i>	6	povečanje	22	Han in sod. (2012)
	<i>ATP2A1</i>	3	zmanjšanje		Otto in sod. (2007)
	<i>RYRI</i>	6			
	<i>MAOA</i>	X	zmanjšanje, povečanje	22 x meishan	Terenina in sod. (2013)
	<i>DRD3</i>	13			
Delež pustega mesa	<i>RYRI</i>	6	bolj pusto	zlotnicka bela in zlotnicka pikasta 1244, 1245, 12(33xhempšhir)	Nienartowicz-Zdrojewska in sod. (2017) Škrlep in sod. (2010)
Kislost mesa	<i>RN</i>	15	večja	12xHempšhir	Lundström in sod. (1998)
Debelina hrbtno slanine	<i>MC4R</i>	1	zmanjšanje		Kim in sod. (2000)

prenašalci nezaželenega alela P. Živali, ki so recesivne na gensko mutacijo (genotip PP), so občutljive na stres in v stresnih situacijah kažejo znake značilne za PSS, ki so nenadni in lahko privedejo tudi do smrti. Za obolele živali je značilno hitro dihanje z odprtim gobcem, rdeče obarvana koža, tresenje, povečanja telesna temperatura in napetost mišic. Znaki so pri sesnih pujskih težje opaženi, pri večjih kategorijah so lahko sproženi z ravnanjem s prašiči, transportom (Lahucky in sod., 1997).

Znano je, da je do širjenja mutacije na genu *RYRI* prišlo kot posledica selekcije na večji delež mesa, zato so zanjo bolj dovtetne mesne pasme kot sta nemški landras in pietren, pri katerih je tudi zaznana večja pogostost nezaželenega alela P (Balatsky in sod., 2015). O'Brien in Ball (1999) navajata, da je intenzivna selekcija na večjo mesnatost in posledično manjši delež maščobnega tkiva, vplivala na pojav dvojne omišičenosti ter slabše kakovosti mesa s pojavom bledega, mehkega in vodenega mesa (BMV). Do teh sprememb v lastnostih kakovosti mesa pride zaradi zamenjave aminokislina citozin v timin na kodonu 615 rianodinskega receptorja, ki kodira kalcijeve kanale in posledično vpliva na regulacijo sproščanja kalcijevih ionov v skeletnih mišicah. V homozigotni obliki (PP) se spremeni protein kalcijevega kanala, ki vpliva na nekontrolirano zapiranje in posledično nekontrolirano sproščanje kalcijevih ionov. Mutacija se tako izkaže v stresni preobčutljivosti, ki po zakolu povzroči hitri padec pH vrednost mesa in tako pride do pojava BMV mesa (Lefaucheur, 2001). Houde in sod. (1993) so med različnimi pasmami največji delež živali, ki so odporne na stres (genotip NN), zaznali pri pasmi durok in hempšhir.

Med vsemi je v povezavi s prisotnostjo mutacije *RYRI* najbolj značilen izrazit padec pH v 45 minutah po zakolu (Otto in sod., 2007). V poskusih, ki so bili izvedeni pri komercialno pitanih prašičih križancih (nam primerljivega genotipa 1244), so Oliván in sod. (2018) ugotovili, da prihaja do razlik v tehnoloških kakovostih mesa tako med spoli kot genotipi. Samice že v 45 minutah po zakolu dosegajo nižje pH vrednosti mišičnine kot vse moške živali. Ta padec pH vrednosti je pomemben z vidika nastanka pojava BMV, kar pa si v predelavi mesa ne želimo. Hitrejši padec pH mišičnine takoj po zakolu je značilen tudi za prašiče, ki so prenašalci nezaželenega alela *RYRI* gena (genotip NP). V končnih pH vrednostih pa med genotipi ne prihaja do razlik.

Pri živalih genotipa NP je zaznana večja električno prevodnost in izceja. Povečanje teh lastnosti pa nakazuje na več proste vode v mišičnini, kar predstavlja večjo izgubo pri predelavi, poveča pa se tudi možnost rasti mikroorganizmov. V povezavi z izcejo Huff-Lonergan in sod. (2002) navajajo, da je mehkooba takšnega mesa manjša, posledično pa meso nima okusa. Razlike se pojavljajo tudi v vsebnosti intramuskularne maščobe, ta je pri živalih, ki so dominantni homozigoti, večja kot pri tistih, ki so prenašalci mutacije na genu *RYRI* (Otto in sod., 2007).

V povezavi s kakovostjo mesa nas bi zanimalo tudi, ali ima mutacija vpliv na lastnosti priraje. Nienartowicz-Zdrojewska in sod. (2017) so pri dveh poljskih avtohtonih pasmah zlotnicka bela in zlotnicka pikasta ugotovili, da mutacija na *RYRI* genu ne vpliva na dnevni prirast. Za genotip NP je prav tako značilna boljša konverzija krme, ob zakolu pa imajo takšne živali večji delež mesa (Leach in sod., 1996).

Domneva se, da je bila v populaciji krškopoljskih prašičev mutacija na *RYRI* genu vnesena kot posledica oplemenjevanja s tujimi pasmami (Šalehar in sod., 1998), med katerimi so prevladovali angleški berkšhir, cornwall in hempšhir. Za povečanje mesnatosti se je prašiče krškopoljske pasme parilo tudi z mesnimi pasmami nemška landras in pietren (Kastelic, 2008). Povezavo med prisotnostjo mutacije in klavnimi lastnostmi ter kakovostjo mesa pri krškopoljskem prašiču in križancih z modernimi pasmami so opazovali že Čandek-Potokar in sod. (2003), ki so med svojimi analiziranimi vzorci krškopoljskih prašičev zaznali velik delež heterozigotov. V povezavi s prisotnostjo nezaželenega alela je bil pri čistopasemski prašičih krškopoljske pasme zaznan nižji pH mesa v prvi uri po zakolu, kot je značilno pri ostalih pasmah. Takšen padec pH je vplival na mehkooba mesa, kljub večji vsebnosti intramuskularne maščobe, ki je značilna za pasmo.

Namen prvega dela raziskave je proučiti stanje prisotnosti mutacije na genu *RYRI* v populaciji krškopoljskega prašiča. Na podlagi dobljenih rezultatov, stanja mutacije v populaciji in lastnosti kakovosti mesa, bomo v drugem delu razvili alternativno metodo odbire plemenskega podmladka, izločanja in priporočena parjenja.

2 Material in metode

V analizo smo vključili 807 analiziranih vzorcev (tabela 2) od skupno 1118 odvzetih vzorcev prašičev krškopoljske pasme, iz rej vključenih v kontrolo prireje, ki jim je bil določen *RYRI* gen. Zbrane imamo podatke o genotipih iz treh virov, saj smo v analizo vključili že znane informacije o genotipih. Prvi vir podatkov smo pridobili iz Kmetijskega inštituta Slovenije (KIS), ki so v sklopu projekta Treasure odvzeli 48 vzorcev. Izmed teh je bilo 45 uspešno analiziranih, kar predstavlja 93.8 % vseh vzorcev vključenih v analizo. Drugi vir je zbirka podatkov. Takšnih vzorcev je 256 in imajo znane genotipe, ki so rezultati genskega testa na sindrom maligne hipertermije na prašičih krškopoljske pasme, ki je bila izvedena na Oddelku za zootehniko, Biotehniška fakulteta.

Tabela 2: Število in delež vzorcev zbranih za določitev *RYRI* gena

Vir genotipizacije	Vir vzorcev	Štev. odvzetih vzorcev	ANALIZA			
			Neuspešna		Uspešna	
			Štev.	%	Štev.	%
KIS	KIS	48	3	6.3	45	93.8
Zbirka podatkov	Enota	256	0	0.0	256	100
EIP 2019	Enota, KGZ Novo Mesto	633	11	1.7	467	73.8
	KIS	181	55	30.4	39	21.5
Skupaj		1118	69	6.2	807	72.2

Kot tretji vir smo vključili vzorce odvzete v sklopu projekta EIP, v okviru katerega smo do sedaj odvzeli 814 vzorcev (tabela 2). Vzorce, ki so bili odvzeti z rovašem smo razpolovili in jih zaradi podvojitve podatkov nismo vključili v analizo. Teh vzorcev je 22 in smo jih ohranili v zbirki odvzetih vzorcev, tako je skupno razpoložljivih vzorcev odvzetih v sklopu projekta EIP 836 (tabela 3). Od vseh odvzetih vzorcev smo 181 vzorcev dobili iz Kmetijskega inštituta Slovenije (KIS). Ostalih 633 vzorcev v različnih rejah odvzeli strokovni delavci Enote za prašičerejo in Kmetijsko gozdarskega zavoda Novo Mesto. Do sedaj smo genotipizacijo opravili pri 572 vzorcih oz. 70.3 % vseh vzorcev. Uspešno analiziranih vzorcev je bilo 467, kar predstavlja 73.8 % vseh odvzetih vzorcev. V analizo smo prav tako poslali 66 vzorcev, ki pa jih, kot so sporočili iz laboratorija Neogen, zaradi slabe kakovosti ni bilo mogoče uspešno genotipizirati. Neuspeli vzorci predstavljajo 7,6 % vseh vzorcev. Delež neuspešnih vzorcev je večji (80.9 %) pri tistih, ki smo jih dobili iz KIS in smo jih poslali genotipizirati v sklopu tekočega projekta. Ker so vzorci, ki smo jih dobili iz KIS, vzeti pri živalih z izmerjenimi lastnostmi kakovosti mesa, bomo v analizo poslali doma pripravljeno DNA.

Vzorce, ki jih smo jih vključili v analizo, smo v sklopu tekočega projekta zbrali na 75 rejah (tabela 3). Velik delež rej (78.6 %), od katerih smo pridobili vzorce, redi največ pet plemenskih svinj. Prav tako smo vzorce vzeli pri osmih rejah, ki imajo v čredi od šest do deset plemenskih svinj, ter pri petih, ki imajo do 20 plemenskih svinj. Delež rej, ki imajo več kot 20 plemenskih svinj v čredi je le 4.0 %, vendar iz teh izvira kar četrtina vseh zbranih vzorcev. Prevladujejo vzorci, ki so odvzeti na prašičih starejših od 100 dni, skupno je le teh 46.7 %. Velik delež odvzetih vzorcev imamo tudi od starih svinj, ki jih je skupno 262 in predstavljajo 31.3 % vseh vzorcev.

Tabela 3: Število vseh razpoložljivih vzorcev za genotipizacijo krškopoljskih prašičev, odvzetih za namen EIP projekta

Velikost črede	Štev. čred	Razpoložljivi vzorci							
		merjasci		stare svinje		prašiči >100 dni		prašiči ≤100 dni	
		štev.	%	štev.	%	štev.	%	štev.	%
≤ 5	59	22	6.2	90	25.3	180	50.6	64	18.0
6 - 10	8	3	3.2	40	43.0	28	30.1	22	23.7
11 - 20	5	10	5.7	65	37.4	66	37.9	33	19.0
> 20	3	4	1.9	67	31.5	116	54.5	26	12.2
Skupaj	75	39	4.7	262	31.3	390	46.7	145	17.3

V kontroli prireje sodeluje 80 rej krškopoljskega prašiča, vzrejnih središč je 40. Razpoložljivih vzorcev, ki so bili vzeti za namen ugotovitve sorodstva ali določitve genotipa za *RYRI* gen, imamo skupna 1626 in izhajajo iz 129 rej (tabela 4). Kar 84.4 % rej v kontroli redi največ pet plemenskih svinj v čredi, delež plemenskih svinj v teh čredah pa znaša 48.6 % celotne populacije plemenskih svinj. V manjših rejah je prav tako velik delež razpoložljivih vzorcev od plemenskih merjascev, ki jih je skupno 79 in predstavljajo kar 68.7 % celotne populacije merjascev. Polovica razpoložljivih vzorcev predstavljajo vzorci prašičev, ki nimajo znanega dogodka. Izmed teh je 648 vzorcev, ki so bili odvzeti na živalih, ki so bile starejše od 100 dni.

Tabela 4: Število vseh razpoložljivih vzorcev za genotipizacijo krškopoljskih prašičev

Velikost črede	Štev. čred	Razpoložljivi vzorci							
		merjasci		stare svinje		prašiči >100 dni		prašiči ≤100 dni	
		štev.	%	štev.	%	štev.	%	štev.	%
≤ 5	109	79	10.2	303	39.3	295	38.3	94	12.2
6 - 10	12	12	5.9	101	49.8	63	31.0	27	13.3
11 - 20	4	12	6.3	73	38.0	79	41.1	28	14.6
> 20	4	12	1.5	166	36.1	211	45.9	71	15.4
Skupaj	129	115	7.1	643	39.5	648	39.9	220	13.4

Največji delež analiziranih vzorcev (95.1 %, tabela 5) imamo pri kategoriji plemenskih merjascev. V to kategorijo smo vključili vse vzorce merjascev, za katere imamo podatke o vsaj enem uspešnem pripustu. Skupno imamo 81 vzorcev te kategorije, pri enem izmed teh pa genotipizacija ni uspela. V kategorijo plemenskih svinj smo vključili vse stare svinje, za katere imamo podatke o vsaj eni prasiatvi. Vzorce te kategorije smo odvzeli 353 živalim, kar predstavlja 31.6 % vseh odvzetih vzorcev. Pri osmih vzorcih genotipizacija ni bila uspešna. Delež analiziranih vzorcev v tej kategoriji je 74.6 %.

Vzorce smo odvzeli tudi na živalih ostalih kategorij, ki smo jih razdelili po spolu in glede na starost ob odvzemu. V to skupino vzorcev prištevamo tekače, pitance in tudi plemenski podmladek. Največ vzorcev (504, tabela 5) smo odvzeli pri živalih, ki so bile ob odvzemu starejše od 100 dni. Med temi smo 245 vzorcev odvzeli pri samcih. Pri 39 vzorcih te kategorije, kar predstavlja 15.9 %, analiza ni uspela. Uspešno analiziranih pa je bilo 133 vzorcev, kar predstavlja 54.3 % vseh vzorcev. Odvzeli smo prav tako 259 vzorcev samic, ki so bile starejše od 100 dni. Med temi vzorci je bilo uspešno analiziranih 70.7 %. V kategoriji mlajših živali od 100 dni smo odvzeli skupno 147 vzorcev, pri vsakem spolu polovico. Delež analiziranih vzorcev je med samci te kategorije 87.1 %, med samicami pa 94.8 %. Med odvzetimi vzorci imamo tudi 33, ki jim ne moramo pripisati spola. Teh vzorcev je bilo uspešno analiziranih 15.

Tabela 5: Število in delež analiziranih vzorcev porazdeljeno glede na spol

Kategorija	Štev. odvzetih vzorcev	ANALIZA			
		Neuspešna		Uspešna	
		štev.	%	štev.	%
Plemenski merjasci	81	1	1.2	77	95.1
Plemenske svinje	353	8	2.3	265	75.1
M. prašiči >100 dni	245	39	15.9	133	54.3
Ž. prašiči >100 dni	259	20	7.7	183	70.7
M. prašiči ≤100 dni	70	0	0.0	61	87.1
Ž. prašiči ≤100 dni	77	0	0.0	73	94.8
Neznani spol	33	0	0.0	15	45.5
Skupaj	1118	68	6.1	807	72.2

Informacije o poreklu smo pridobili iz podatkovne zbirke PiggyBank (Drobnič in sod., 1994). Preverili smo, ali so populacije različnih kategorij v Hardy-Weinbergovem ravnotežju. Za oceno odstopanja od Hardy-Weinbergov ravnotežja (H-W) smo uporabili χ^2 - test v proceduri FREQ statističnega programa SAS Inst. Inc., 2012. Kot pričakovano frekvenco za izračun p-vrednosti smo uporabili pričakovane deleže genotipov za celotno analizirano populacijo. Uporabili smo deleže 65.13 % za genotip NN, 31.31 % genotipa NP in 3.76 % genotipa PP.

3 Rezultati analiz genotipizacij

Izmed 807 uspešno analiziranih vzorcev je 511 dominantnih homozigotov (genotip NN), ki nimajo prisotne mutirane alele in so odporni na stres (tabela 6). Heterozigotov (genotip NP) je bilo 280, kar predstavlja 34.7 % vseh vzorcev vključenih v analizo. Izmed vseh analiziranih je bilo 16 recesivnih homozigotov (genotip PP), ki predstavljajo le 2.0 % vseh analiziranih vzorcev. Delež alela P je skupno 19.3 %.

Velik delež vzorcev (62.7 %, tabela 6), predstavljajo vzorci odvzeti v sklopu projekta EIP. Med temi vzorci prevladujejo dominantni homozigoti, ki jih je skupno 63.6 %. Med vzorci, ki jih je odvzel KIS, je takšnih živali 51.3 %. Med ostalimi vzorci vzeti v sklopu projekta EIP pa je delež dominantnih homozigotov 64.7 %. Na račun večjega deleža živali dovzetnih na stres je delež heterozigotov oz. prenašalcev mutacije na genu *RYRI* pri vzorcih iz KIS večji (48.7 %). Med ostalimi vzorci pa je ta delež 33.6 %. Osem vzorcev, vzeti v sklopu projekta EIP je imelo na obeh alelih gena *RYRI* prisotno mutacijo. Zaradi večjega deleža dominantnih homozigotov med temi vzorci prevladuje delež zaželenega alela N, ki zavzema 81.5 %. Delež alela P je med vzorci iz KIS-a 24.4 %, ker med njimi večje število heterozigotov, ki so prenašalci te mutacije.

Med vzorci, katerih podatke o genotipih smo dobili iz KIS, kot tudi med tistimi, ki so v zbirki podatkov, so prav tako prevladovali dominantni homozigoti (tabela 6). Med vzorci iz zbirke je bilo šest recesivnih homozigotov, ki imajo prisotno mutacijo na obeh alelah gena *RYRI*. Delež recesivnega alela je zaradi večjega števila genotipov NN in NP ter večjega števila vzorcev, manjši kot v populaciji živali, katere vir genotipizacije je KIS. Delež alela P tako predstavlja 19.7 % celotne populacije, katere podatke genotipizacije smo dobili iz zbirke.

Tabela 6: Frekvence genotipov po izvori vzorcev z rezultati H-W testa

Vir genotip.	NN		NP		PP		Uspešne A.		Frekvence alela		
	štev.	%	štev.	%	štev.	%	štev.	%	N	P	p-vred.
KIS	28	62.2	15	33.3	2	4.4	45	93.8	78.9	21.1	1.0000
Zbirka pod.	161	62.9	89	34.8	6	2.3	256	100	80.3	19.7	0.2804
EIP 2019	302	64.7	157	33.6	8	1.7	467	73.8	81.5	18.5	0.0491
	20	51.3	19	48.7	0	0.0	39	21.5	75.6	24.4	
Skupaj	511	63.3	280	34.7	16	2.0	807	72.2	80.7	19.3	0.0062

Glede na rezultate lahko vidimo, da je 63.3 % populacije krškopoljskih prašičev odporne na stres oz. nima mutacije na genu *RYRI*. V populaciji se pogosto (v tretjini primerov) pojavijo živali z genotipom NP, ki so prenašalci mutacije. Skupna populacija ni v H-W ravnotežju, saj nam p-vrednost (0.0062) nakazuje, da opažene frekvence odstopajo od pričakovanih. Enako lahko rečemo tudi za populacijo vzorcev, ki so bili odvzeti v sklopu projekta EIP ($p=0.0491$). Da je populacija analiziranih vzorcev v H-W ravnotežju lahko opazimo pri analiziranih vzorcih iz zbirke podatkov ($p=0.2804$) in pri analizi opravljeni na KIS ($p=1.0000$).

3.1 Frekvence genotipov in alel po spolih

V populaciji plemenskih svinj je 58.9 % živali z genotipom NN (tabela 7) in 39.2 % živali, ki so prenašalci mutacije na genu *RYRI*. V populaciji je prisotnih tudi pet svinj, ki imajo obe aleli mutirani. Te skupno predstavljajo le 1.5 % vzorcev vključenih v analizo. Izmed vseh analiziranih vzorcev je zaradi štirih živali, ki imajo prisotni mutaciji na obeh alelah, delež nezaželenega alela P večji in se v populaciji pojavlja z 21.6 %.

Ena od živali z mutacijo na obeh alelah je tudi v kategoriji plemenskih merjascev in predstavlja 1.3 % vseh vzorcev plemenskih merjascev, vključenih v analizo (tabela 7). Izmed 77 analiziranih vzorcev plemenskih merjascev je 35.1 % heterozigotnih živali, ki prenašajo nezaželen alel P (genotip NP). Večji delež plemenskih merjascev v populaciji je dominantnih homozigotov (genotip NN) in predstavljajo 63.6 % vzorcev vključenih v analizo. Delež alela P je na račun večjega števila dominantnih homozigotov in heterozigotov manjši kot v celotni populaciji in predstavlja 18.8 % v populaciji merjascev. Na podlagi izračunane p-vrednosti za populacijo plemenskih merjascev sklepamo, da je populacija le-teh v HW ravnotežju.

Med prašiči, starejšimi od 100 dni, prevladujejo živali, ki so dominantni homozigoti (tabela 7). V tej kategoriji starejših prašičev je med moškimi živalmi 70.7 % dominantnih homozigotov in 28.6 % heterozigotov. Eden od prašičev v tej kategoriji je recesiven homozigot. Delež alela P je 15.0 %, zaradi velikega deleža dominantnih homozigotov. Med ženskimi živalmi starejše kategorije je prav tako veliko dominantnih homozigotov (68.3 %). Skoraj tretjina živali je heterozigotnih, ena od živali pa ima oba alela *RYRI* gena mutirana. V kategoriji mlajših prašičev, ki so stari do 100 dni je med samci 67.3 % dominantnih homozigotov, 31.1 % pa je živali, ki prenašajo nezaželen alel P. Prav tako je ena žival v tej kategoriji recesivni homozigot, ki predstavlja 1.6 % vzorcev vključenih v analizo. Med samicami mlajše kategorije je 53.4 % živali z genotipom NN, dve petini živali je prenašalcev mutacije na genu *RYRI*. Pri petih živalih pa je mutacija prisotna na obeh alelih in predstavljajo 6.8 % vseh vzorcev vključenih v analizo. Zaradi večjega deleža recesivnih homozigotov in prenašalcev mutacije je delež nezaželenega alela P 26.7 %. Dve živali z genotipom PP sta tudi v kategoriji, za katero nimamo znanega podatka o spolu. Dve petini živali, ki nimajo znanega podatka, so heterozigoti. Dominantnih homozigotov z neznanim spolom je 46.7 %.

Na podlagi izračunanih p-vrednosti sklepamo, da so populacije različnih kategorij v H-W ravnotežju ($p > 0.05$). To pa ne velja za populacijo plemenskih svinj, ki na podlagi testa ni v H-W ravnotežju ($p = 0.0161$).

Tabela 7: Frekvence genotipov po spolih z rezultati H-W testa

Kategorija	NN		NP		PP		Uspešne A.		Frekvenca alela		p-vred.
	štev.	%	štev.	%	štev.	%	štev.	%	N	P	
Plemenski merjasci	49	63.6	27	35.1	1	1.3	77	95.1	81.2	18.8	0.5114
Plemenske svinje	156	58.9	104	39.2	5	1.9	265	75.1	78.5	21.5	0.0161
M. prašiči >100 dni	94	70.7	38	28.6	1	0.8	133	54.3	85.0	15.0	0.1555
Ž. prašiči >100 dni	125	68.3	57	31.1	1	0.5	183	70.7	83.9	16.1	0.1013
M. prašiči ≤100 dni	41	67.2	19	31.1	1	1.6	61	87.1	82.8	17.2	0.6795
Ž. prašiči ≤100 dni	39	53.4	29	39.7	5	6.8	73	94.8	73.3	26.7	0.1013
Neznani podatki	7	46.7	6	40.0	2	13.3	15	45.5	66.7	33.3	0.0870
Skupaj	511	63.3	280	34.7	16	2.0	807	72.2	80.7	19.3	0.0062

3.2 Frekvence genotipov in alel po kmetijah

Vzorci imamo vzete od skupno 92 rej krškopoljskega prašiča (tabela 8), ki smo jih razdelili v tri skupine glede na status reje. V prvi skupini smo analizirali vzorce odvzete v rejah, ki imajo status reje krškopoljskega prašiča in so namenjene pitanju prašičev. Druga skupina so vzrejna središča krškopoljskega prašiča. V tretjo skupino pa smo vključili reje, ki sodelujejo v pilotnem projektu. Razdelili smo jih prav tako glede na število plemenskih svinj v čredi, ki smo ga pridobili s pregledom podatkov, ob čemer smo upoštevali, da te plemenske svinje so imele v tekočem letu zabeleženo vsaj eno prasitev in v tem letu niso bile izločene. Od teh imamo v projekt vključenih 5 pilotnih kmetij, od katerih ima ena v tekočem letu manj kot štiri plemenske svinje vključenih v čredo, dve kmetiji ima do devet plemenskih svinj vključenih v čredo. Dve kmetiji, ki sta vključeni v projekt, sta imeli v tekočem letu v čredo vključenih več kot deset plemenskih svinj. Vzorce imamo odvzete in analizirane tudi na 31 vzrejnih središčih. Vzrejna središča tvorijo jedro plemenske črede. Med vzrejnimi središči je 14 rej, ki imajo v čredi manj kot štiri plemenske svinje. Enajst vzrejnih središč ima med štiri in devet plemenskih svinj, vključenih v čredo, ostalih pet pa ima v tekočem letu v čredi do 20 plemenskih svinj.

Veliko imamo tudi rej (56, tabela 8), ki imajo status reje krškopoljskih prašičev in imajo pitovni nivo. To so reje od katerih ni priporočljivo kupovanje plemenskega podmladka. Od 25-tih rej te skupini nimamo podatka o številu plemenskih svinj v tekočem letu, saj so te reje že prenehale z rejo ali niso več vključene v kontrolo podatkov ali pa pošiljajo podatke a nimajo trenutno nobene plemenske svinje. V 28 rejah imajo manj kot štiri svinje, pri dveh pa do deset. Ena od rej v tej skupini s statusom reje KP ima v tekočem letu več kot 10 plemenskih svinj vključenih v čredo.

Tabela 8: Velikost in statusi rej z analiziranimi vzorci

Število plemenskih svinj ni znanega podatka	SKUPINE REJ			Skupaj
	Ostale reje s statusom reje KP	Vzrejna središča	Pilotna reja	
< 4	25	1	0	26
4 - 9	28	14	1	43
10 - 20	2	11	2	15
> 20	1	5	2	8
Skupaj	0	0	0	0
	56	31	5	92

3.2.1 Kmetije s statusom reje krškopoljskega prašiča

Med rejami s statusom reje prašičev krškopoljske pasme so tri reje, ki imajo več kot pet plemenskih svinj (tabela 9). Največja izmed teh rej s 15 plemenskimi svinjami v čredi, ima tudi veliko število odvzetih vzorcev (55). Med analiziranimi vzorci iz te reje je največ živali z genotipoma NN in NP. Ena od živali v tej reji je genotipa PP. Delež alela P je 22.6 %. Izračunana p-vrednost (0.6693) nam pove, da je populacija živali te reje v H-W ravnotežju. V rejah preostalih dveh rejah je bilo odvzetih skupno le 28.6 % vseh vzorcev iz te skupine. Med analiziranimi vzorci v reji 31735 prevladuje genotip NN z 70.0 %. Preostali vzorci pa so genotipa NP. Delež zaželenega alela N je tako 85.0 %. V reji 37204 so bili uspešno analizirani le 3 vzorci, med katerimi je eden genotipa NN, ostala pa sta NP. Za to skupino rej, ki imajo več kot pet plemenskih svinj je značilno da ne odstopajo od H-W ravnotežja ($p=0.6203$).

Tabela 9: Rezultati rej s statusom reje krškopoljskega prašiča z več kot petimi plemenskimi svinjami

Reja	Vel. črede	Štev. vzor.	NN		NP		PP		Uspešne A.		% alele		p-vred.
			štev.	%	štev.	%	štev.	%	štev.	%	N	P	
32626	15	55	18	58.1	12	38.7	1	3.2	31	56.4	77.4	22.6	0.6693
31735	7	17	7	70.0	3	30.0	0	0.0	10	58.8	85.0	15.0	
37204	6	5	1	33.3	2	66.7	0	0.0	3	60.0	66.7	33.3	
Skupaj		77	26	59.1	17	38.6	1	2.3	44	57.1	78.4	21.6	0.6203

Med ostalimi rejami s statusom reje krškopoljskega prašiča, ki imajo trenutno manj kot pet plemenskih svinj v čredi, prevladuje genotip NN (76.6 %, tabela 10). Med temi rejami, v katerih je bilo odvzetih več vzorcev, je največji delež analiziranih vzorcev v reji 41035, najmanjši pa iz reje 32142. V reji 41035 je med vzorci večji delež (58.3 %) živali, ki prenašajo nezaželen alel P. Delež alela P je zaradi večje prisotnosti genotipa NP v tej reji 29.2 %. V reji 32298 je med analiziranimi vzorci tudi eden, ki ima mutacijo na obeh alelih na genu *RYRI*. Izračunana p-vrednost (0.1481) nam pove, da so frekvence genotipov iz te skupine rej v H-W ravnotežju.

Tabela 10: Rezultati rej s statusom reje krškopoljskega prašiča z manj kot petimi plemenskimi svinjami

Reja	Vel. črede	Štev. vzor.	NN		NP		PP		Uspešne A.		% alele		p-vred.
			štev.	%	štev.	%	štev.	%	štev.	%	N	P	
32142	1	16	3	100	0	0.0	0	0.0	3	18.8	100	0.0	
41035	2	13	5	41.7	7	58.3	0	0.0	12	92.3	70.8	29.2	
32021	2	8	6	100	0	0.0	0	0.0	6	75.0	100	0.0	
32298	1	8	2	40.0	2	40.0	1	20.0	5	62.5	60.0	40.0	0.1283
33494	2	7	5	71.4	2	28.6	0	0.0	7	100	85.7	14.3	
37100	1	7	2	100	0	0.0	0	0.0	2	28.6	100	0.0	
32834	3	7	1	100	0	0.0	0	0.0	1	14.3	100	0.0	
37063	1	6	2	100	0	0.0	0	0.0	2	33.3	100	0.0	
32776	1	5	1	100	0	0.0	0	0.0	1	20.0	100	0.0	
40089	1	4	2	100	0	0.0	0	0.0	2	50.0	100	0.0	
33531	2	4	3	100	0	0.0	0	0.0	3	75.0	100	0.0	
31509	1	4	4	100	0	0.0	0	0.0	4	100	100	0.0	
41838	2	4	1	33.3	2	66.7	0	0.0	3	75.0	66.7	33.3	
40374	1	4	1	50.0	1	50.0	0	0.0	2	50.0	75.0	25.0	
40286	2	4	1	100	0	0.0	0	0.0	1	25.0	100	0.0	
33637	3	3	3	100	0	0.0	0	0.0	3	100	100	0.0	
35111	1	3	1	100	0	0.0	0	0.0	1	33.3	100	0.0	
37170	1	3	1	100	0	0.0	0	0.0	1	33.3	100	0.0	
32428	1	3	2	100	0	0.0	0	0.0	2	66.7	100	0.0	
37201	1	3	2	100	0	0.0	0	0.0	2	66.7	100	0.0	
41771	1	2	1	100	0	0.0	0	0.0	1	50.0	100	0.0	
Skupaj		118	49	76.6	14	21.9	1	1.6	64	54.2	87.5	12.5	0.1481

Med rejami, ki v zadnjem letu nimajo zabeležene prasiatve, je bilo uspešno analiziranih 26 vzorcev (tabela 11). Med temi vzorci je 69.2 % živali, ki so odporne na stres, in 26.9 % živali, ki prenašajo alel P. Ena izmed živali ima na obeh alelih prisotno mutacijo. V tej skupini rej je frekvenca zaželenega alela N 82.7 % in mutiranega alela P 17.3 %. Izračunana p-vrednost (0.9263) nam pove, da je populacija živali iz te skupine rej v H-W ravnotežju.

Tabela 11: Rezultati rej s statusom reje KP brez zabeležene prasiatve v zadnjem letu

Reja	Vel. črede	Štev. vzor.	NN		NP		PP		Uspešne A.		% alele		p-vred.
			štev.	%	štev.	%	štev.	%	štev.	%	N	P	
35140		9	6	66.7	3	33.3	0	0.0	9	100	83.3	16.7	
33396		6	5	83.3	1	16.7	0	0.0	6	100	91.7	8.3	
30173		5	1	25.0	3	75.0	0	0.0	4	80.0	62.5	37.5	
41337		4	3	100	0	0.0	0	0.0	3	75.0	100	0.0	
33710		3	1	100	0	0.0	0	0.0	1	33.3	100	0.0	
33303		3	1	50.0	0	0.0	1	50.0	2	66.7	50.0	50.0	
32713		1	1	100	0	0.0	0	0.0	1	100	100	0.0	
Skupaj		31	18	69.2	7	26.9	1	3.8	26	83.9	82.7	17.3	0.9263

3.2.2 Vzrejna središča krškopoljskega prašiča

Podatke o analiziranih vzorcih živali iz vzrejnih središč imamo iz 32 rej (tabela 12). Iz vzrejnih središč je do sedaj bilo skupno odvzetih 523 vzorcev, od teh je 82.0 % bilo uspešno genotipiziranih. Med vzrejnimi središči, ki imajo v tekočem letu več kot 10 starih svinj v reji, z 182 odvzetimi vzorci prevladuje reja 32031. V tej reji je veliko število živali (93) z genotipom NN, a te predstavljajo le 60.4 % vseh analiziranih vzorcev iz te reje. Med analiziranimi je bilo tudi veliko živali z genotipom NP (37.0 %), pri štirih živalih je mutiran alel prisoten na obeh lokusih. Veliko število genotipov NN in NP vpliva na 78.9 % delež alela N v tej populaciji. Izračunana p-vrednost (0.2611) pa nam napove, da je ta skupina prašičev v reji 32031 v H-W ravnotežju. V reji 40962 je 20 živali genotipa NN in deset živali genotipa NP, skupno je v tej populaciji prisotne 83.3 % zaželenega alela N in 16.7 % nezaželenega alela P. Reja 33564 ima prisotnih večji delež živali z genotipom NP, ki predstavljajo 57.1 % njihovih analiziranih vzorcev. Živali, ki so dominantni homozigoti genotipa NN je v tej reji 11. Prisotno pa imajo tudi eno žival, ki je občutljiva na stres. Zaradi velikega števila genotipa NP in prisotnega genotipa PP je v tej reji napram ostalim, delež alela P večji, 32.1 %. Med večjimi rejami je od reje 37096 in 41825 bilo vzeti manj kot 20 vzorcev. Na teh dveh rejah pa prevladuje genotip NN. V reji 37096 je izmed vseh analiziranih 77.8 % živali z genotipom NN in 22.2 % živali z genotipom NP. V teh dveh rejah ni prisotnih genotipov PP, zato je tudi delež alela P manjši.

V skupini vzrejnih središč, ki imajo večje število plemenskih svinj v čredi, je 133 živali (tabela 12), ki so bolj odporne na stres in ne prenašajo mutacije. Te živali predstavljajo 59.6 % vseh analiziranih vzorcev. Prenašalcev nezaželenega alela P je 85 in predstavljajo 38.1 %. Čeprav manjši, vendar zaskrbljujoč, je delež genotipa PP, ki v celotni populaciji analiziranih vzorcev predstavlja le 2.2 %. Skupno je tako delež zaželenega alela N 78.7 %, frekvenca nezaželenega alela P pa je v populaciji 21.3 %. Za populacijo živali iz vzrejnih središč na podlagi p-vrednosti vidimo, da je populacija v H-W ravnotežju.

V rejah, ki spadajo v skupino od štiri do devet plemenskih svinj v tekočem letu, je največ vzorcev odvzetih v reji 40394, ki ima trenutno osem plemenskih svinj (tabela 12). V tej reji prevladuje genotip NN, ki predstavlja 82.9 % vseh analiziranih vzorcev iz te reje. Med živalmi na tej kmetiji je pri šestih živalih prisotna mutacija na enem alelu. Kljub prisotnosti živali, ki prenašajo mutacijo, je frekvenca zaželenega alela v tej reji 91.4 %, alela P pa le 8.6 %. V reji 41132 je pri petnajstih analiziranih vzorcih odsotna mutacija na genu *RYRI*. Enako drži tudi za rejo 32532, ki ima pri vseh 13 analiziranih vzorcih odsotno mutacijo na genu alelo *RYRI*. V reji 32504, se od 73.3 % živali, ki

so genotipa NN, pojavijo tudi štiri, ki prenašajo mutirano alelo. Med vsemi genotipiziranimi vzorci v reji 33374 je polovica vzorcev dominantnih homozigotov, ostala polovica pa je heterozigotov oz. živali, ki prenašajo nezaželen alel P.

Tabela 12: Rezultati vzrejnih središč

Reja	Vel. črede	Štev. vzor.	NN		NP		PP		Uspešne A.		% alele		p-vred.
			štev.	%	štev.	%	štev.	%	štev.	%	N	P	
32031	20	182	93	60.4	57	37.0	4	2.6	154	84.6	78.9	21.1	0.2611
40962	12	33	20	66.7	10	33.3	0	0.0	30	90.9	83.3	16.7	
33564	12	29	11	39.3	16	57.1	1	3.6	28	96.6	67.9	32.1	0.0120
37096	10	19	7	77.8	2	22.2	0	0.0	9	47.4	88.9	11.1	
41825	14	6	2	100	0	0.0	0	0.0	2	33.3	100	0.0	
Skupaj	≥10	269	133	59.6	85	38.1	5	2.2	223	82.9	78.7	21.3	0.0868
40394	8	44	29	82.9	6	17.1	0	0.0	35	79.6	91.4	8.6	
41132	6	23	15	100	0	0.0	0	0.0	15	65.2	100	0.0	
32504	6	23	11	73.3	4	26.7	0	0.0	15	65.2	86.7	13.3	
32532	6	16	13	100	0	0.0	0	0.0	13	81.3	100	0.0	
33374	4	14	6	50.0	6	50.0	0	0.0	12	85.7	75.0	25.0	
32248	4	14	10	83.3	2	16.7	0	0.0	12	85.7	91.7	8.3	
33610	5	14	9	64.3	5	35.7	0	0.0	14	100	82.1	17.9	
33711	6	9	7	77.8	2	22.2	0	0.0	9	100	88.9	11.1	
33745	4	7	2	28.6	5	71.4	0	0.0	7	100	64.3	35.7	
33183	4	1	1	100	0	0.0	0	0.0	1	100	100	0.0	
Skupaj	4 - 9	165	103	77.4	30	22.6	0	0.0	133	80.6	88.7	11.3	
41789	1	17	1	7.7	10	76.9	2	15.4	13	76.5	46.2	53.9	<0.0001
37046	3	15	8	61.5	5	38.5	0	0.0	13	86.7	80.8	19.2	
32204	2	12	6	66.7	3	33.3	0	0.0	9	75	83.3	16.7	
32692	3	10	5	71.4	2	28.6	0	0.0	7	70	85.7	14.3	
31433	2	9	5	71.4	2	28.6	0	0.0	7	77.8	85.7	14.3	
33315	1	5	2	40.0	3	60.0	0	0.0	5	100	70.0	30.0	
34060	3	4	3	75.0	1	25.0	0	0.0	4	100	87.5	12.5	
33512	2	3	3	100	0	0.0	0	0.0	3	100	100	0.0	
41450	3	3	1	50.0	1	50.0	0	0.0	2	66.7	75.0	25.0	
33618	1	3	1	33.3	2	66.7	0	0.0	3	100	66.7	33.3	
32126	2	3	1	33.3	2	66.7	0	0.0	3	100	66.7	33.3	
30468	3	2	0	0.0	1	100	0	0.0	1	50	50.0	50.0	
32750	2	2	1	50.0	1	50.0	0	0.0	2	100	75.0	25.0	
32361	3	1	0	0.0	1	100	0	0.0	1	100	50.0	50.0	
Skupaj	< 4	89	37	50.7	34	46.6	2	2.7	73	82.0	74.0	26.0	0.0227
Skupaj vse reje		524	273	63.5	150	34.9	7	1.6	430	82.1	80.9	19.1	0.0656

V manjših vzrejnih središčih, ki imajo v tekočem letu do tri plemenske svinje, je bilo največ vzorcev (17, tabela 12) odvzetih v reji 41789, v kateri se genotip NP pojavlja pri 76.9 % živalih. V tej reji sta prisotni tudi dve živali, ki sta občutljivi na stres in skupno predstavljata 15.4 % vseh analiziranih vzorcev. Ena izmed živali v tej reji ima genotip NN. Delež alela P je, zaradi prisotnost večjega števila genotipa NP in PP, večji od deleža zaželenega alela N. V ostalih rejah živali z genotipom PP niso prisotne. V rejah 37046, 32204, 32692 in 31433, kjer smo odvzeli večje število vzorcev kot pri ostalih, prevladuje genotip NN. Delež živali z genotipom NP je v teh rejah med 28.6 % in 38.5 %. Delež alela N je tako v teh štirih rejah večji od 80.0 %.

V manjših vzrejnih središčih ima polovica vseh analiziranih vzorcev genotip NN (tabela 12). Velik je tudi delež živali z genotipom NP, ki predstavlja 46.6 % vseh vzorcev. V tej skupini sta v eni izmed rej prisotni dve

živali, ki sta občutljivi na stres in predstavljata 2.7 % vseh analiziranih vzorcev. Zaradi velikega števila genotipa NP je delež zaželenega alela N v populaciji prašičev iz te skupine 74.0 %, delež alela z mutacijo pa 26.0 %, kar je večje kot v ostalih skupinah vzrejnih središč.

3.2.3 Pilotne kmetije

V pilotni projekt je vključenih pet rej (tabela 13). Na pilotnih rejah se je v okviru projekta EIP odvzelo 189 vzorcev, skupno pa je bilo odvzetih 191. Uspešno analiziranih je bilo 134, kar predstavlja 70.2 % vseh vzorcev. Prevladujeta genotipa NN in NP, genotip PP pa je prisoten pri štirih živalih, tri na kmetiji 32399 in ena na 33354.

Največ vzorcev smo odvzeli v reji 35099, in sicer 89 (tabela 13). Od teh pa je bila polovica vzorcev uspešno analizirana. V tej reji prevladuje s 77.3 % alela N, na račun velikega deleža genotipov NP in NN in odsotnosti recesivnega genotipa PP. Genotipa NN in NP v tej reji zastopata vsak dobro polovico vseh vzorcev. V reji 33354 je bilo izmed 47 vzorcev uspešno genotipiziranih 40, kar predstavlja 85.1 %. V tej reji prav tako prevladujejo živali z genotipi NP in NN. Pri čemer je več živali, ki so heterozigoti in skupno predstavljajo 57.5 % vseh vzorcev. Iz te reje je prav tako je ena žival, ki je občutljiva na stres in predstavlja 2.5 % vseh analiziranih vzorcev. Delež alela z mutacijo v tej reji je 31.3 %. Na podlagi izračunane p-vrednosti (0.0017) pa sklepamo, da populacija živali te reje ni H-W ravnotežju. Med analiziranimi vzorci iz reje 32399 je 43.3 % dominantnih homozigotov in dobra polovica živali, ki prenašajo alel P. Izmed vseh živali so v tej reji prav tako prisotne tri živali, ki so občutljive na stres in predstavljajo 10.0 % vseh analiziranih vzorcev. Pri reji 34034 so med 77.3 % uspešnimi analizami prisotni le dominantni homozigoti NN, imeli pa smo le en neuspešno analiziran vzorec. Glede na to, da so vse živali genotipa NN, je v tej reji frekvenca alela N 100 %. Iz reje 32797 imamo le pet vzorcev, med katerimi so vsi izmed uspešno analiziranih genotipa NN. Populacija živali, katerih vzorci so bili vzeti v pilotnih rejah, ni v H-W ravnotežju, saj p-vrednost (0.0243) nakazuje, da prihaja do razlik med opazovanimi in pričakovanimi frekvencami.

Tabela 13: Rezultati genotipizacije vzorcev iz pilotnega projekta za pilotne kmetije

Rejec	Vel. črede	Štev. vzor.	NN		NP		PP		Uspešne A.		% alele		p-vred.
			štev.	%	štev.	%	štev.	%	štev.	%	N	P	
35099	14	89	24	54.5	20	45.5	0	0.0	44	49.4	77.3	22.7	
33354	17	47	16	40.0	23	57.5	1	2.5	40	85.1	68.8	31.3	0.0017
32399	6	30	13	43.3	14	46.7	3	10.0	30	100	66.7	33.3	0.0230
34034	4	21	16	100	0	0.0	0	0.0	16	76.2	100	0.0	
32797	1	4	4	100	0	0.0	0	0.0	4	100	100	0.0	
Skupaj		191	73	54.5	57	42.5	4	3.0	134	70.2	75.7	24.3	0.0243

3.2.4 Ostale reje KP, ki so odstopile od rejskega programa oz. ne pošiljajo podatkov o staležu

Med rejami, ki so odstopile od rejskega programa ali zanje ne poznamo njihovega staleža živali, je med 106 vzorci vključenimi v analizo (tabela 14) dveh tretjini živali, ki so dominantnih homozigoti genotipa NN. Ostala tretjina vseh vzorcev vključenih v analizo je prenašalcev mutacije na genu *RYRI*. V teh rejah je ena izmed živali recesivni homozigot genotipa PP, a lahko zanj predvidemo, da je bila že izločena iz reje, saj je te reje ne pošiljajo več podatkov, vzorci v tej skupini pa so bili odvzeti v sklopu zbiranja podatkov na Enoti za prašičerejo ali pa jih je odvzel KIS v sklopu projekta Treasure.

Tabela 14: Rezultati rej KP, ki ne pošiljajo podatkov

Rejec	Status	Štev. vzor.	NN		NP		PP		Uspešne A.		% alele	
			štev.	%	štev.	%	štev.	%	štev.	%	N	P
41019		30	17	56.7	13	43.3	0	0.0	30	100	78.3	21.7
35078		23	22	95.7	1	4.3	0	0.0	23	100	97.8	2.2
32048		16	13	81.3	2	12.5	1	6.3	16	100	87.5	12.5
32004		14	1	50.0	1	50.0	0	0.0	2	14.3	75.0	25.0
32049		12	11	91.7	1	8.3	0	0.0	12	100	95.8	4.2
33395		8	1	16.7	5	83.3	0	0.0	6	75.0	58.3	41.7
33507		4	0	0.0	2	100	0	0.0	2	50.0	50.0	50.0
33130		4	0	0.0	4	100	0	0.0	4	100	50.0	50.0
33292		4	2	100	0	0.0	0	0.0	2	50.0	100	0.0
33358		3	0	0.0	2	100	0	0.0	2	66.7	50.0	50.0
33306		1	1	100	0	0.0	0	0.0	1	100	100	0.0
37048		1	0	0.0	1	100	0	0.0	1	100	50.0	50.0
32088	VS*	1	0	0.0	1	100	0	0.0	1	100	50.0	50.0
37103		1	1	100	0	0.0	0	0.0	1	100	100	0.0
32119		1	0	0.0	1	100	0	0.0	1	100	50.0	50.0
32423		1	1	100	0	0.0	0	0.0	1	100	100	0.0
32492		1	0	0.0	1	100	0	0.0	1	100	50.0	50.0
Skupaj		125	70	66.0	35	33.0	1	0.9	106	84.8	82.5	17.5

*VS - vzrejno središče

3.3 Frekvence genotipov in alel po starših prašičev z odvzetimi vzorci

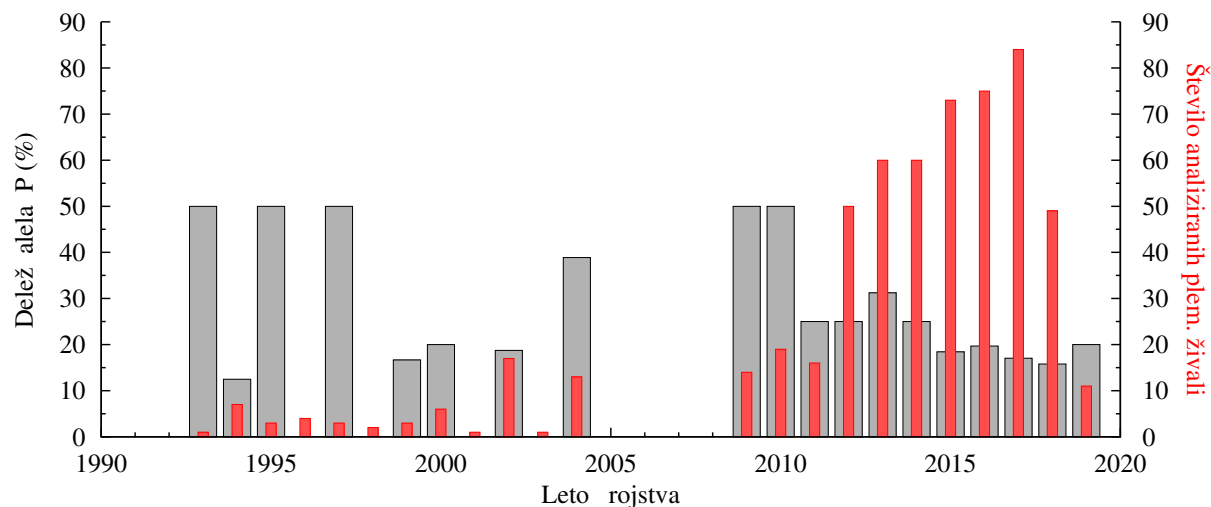
Vseh merjascev, ki so očetje prašičev z odvzetimi vzorci, je skupno 164 (tabela 15). Od teh merjascev je 44 živečih, ostali so bili izločeni ali pa v zadnjem letu niso imeli zabeleženega pripusta. Nekaj manj kot dve tretjine živečih merjascev je dominantnih homozigotov genotipa NN, ostala tretjina pa je prenašalcev mutacije na genu *RYRI*. Med živečimi merjasci ni nobenega, ki bi bil recesiven homozigot genotipa PP. Delež mutirane alele je tako med temi merjasci 17.2 %. Med izločenimi merjasci je 27 takšnih, ki imajo znan genotip. Merjascev z genotipom NN je bilo 16 oziroma 59.3 % vseh vzorcev te skupine, ki so bili vključeni v analizo. Pri desetih merjascih je bilo zaznано, da so prenašalci nezaželenega alela (genotip NP). En merjasec je bil genotipa PP in predstavlja 3.7 % vseh vzorcev izločenih merjascev vključenih v analizo. Delež alela P je v tej populaciji analiziranih izločenih merjascev 22.2 %.

Tabela 15: Frekvence genotipov po starših

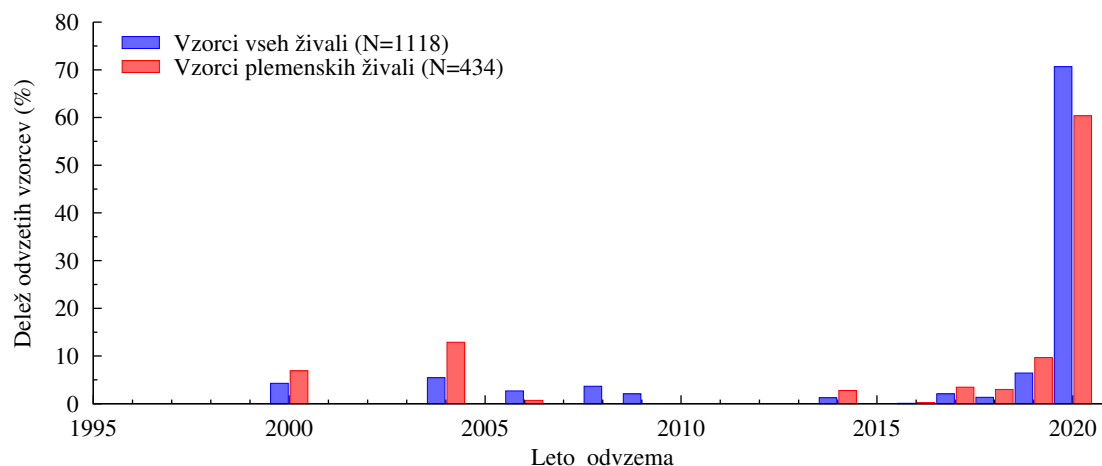
	Štev. živali	Štev. vzor.	NN		NP		PP		Uspešne A.		% alele		
			štev.	%	štev.	%	štev.	%	štev.	%	N	P	
Pl. merjasci	živi	44	32	21	65.6	11	34.4	0	0.0	32	100	82.8	17.2
	izločeni	120	27	16	59.3	10	37.0	1	3.7	27	100	77.8	22.2
Pl. svinje	živi	59	51	10	58.8	7	41.2	0	0.0	17	33.3	79.4	20.6
	izločeni	396	142	69	55.2	54	43.2	2	1.6	125	88.0	76.8	23.2
		619	252	116	57.7	82	40.8	3	1.5	201	79.8	78.1	21.9

Svinj, ki so matere prašičev vključenih v analizo in imamo od njih odvzete vzorce, je skupaj 455 (tabela 15). Svinj, ki še niso bile izločene je skupno 59, pri 51 od teh pa imamo odvzete vzorce. Med živečimi svinjami je deset takšnih, ki so genotipa NN, ter sedem, ki so prenašalke mutacije na genu *RYRI*. Delež alela P med vzorci živih svinj, ki so bili vključeni v analizo, je 20.6 %. Svinj, ki so bile že izločene je 396, od teh je bil pri 142 odvzet vzorec. Med vzorci vključeni v analizo je 55.3 % živali, ki so genotipa NN in 43.2 % živali, ki so prenašalci

nezaželenega alela P. Med izločenimi svinjami, ki so matere živali z odvzetimi vzorci, sta tudi dve z genotipom PP. Delež alela P je med temi živalmi 23.2 %.



Slika 1: Porazdelitev deleža mutirane alela P med starši prašičev z vzetiimi vzorci po letih rojstva



Slika 2: Porazdelitev števila odvzetih vzorcev od vseh živali in od vseh plemenskih živali glede na leto odvzema

Frekvenca alela P med starši glede na leto rojstva niha. Kot je prikazano na sliki 1, je največ vzorcev bilo odvzetih na starših, ki so se rodili med leti 2010 in 2020. Določitev deleža alela med starši je tako bolj zanesljiva v primerjavi s starejšimi živalmi, ki so bili rojeni pred letom 2005. V sklopu projekta EIP smo v zadnjem letu na starših odvzeli veliko vzorcev (slika 2). Med leti 1993 in 2005 je število analiziranih živali manjše. Pri majhnem številu analiziranih vzorcev so možna večja nihanja. Delež nezaželenega alela P tako med temi leti močno niha. V zadnjih desetih letih lahko opazimo, da prihaja do postopnega padca deleža nezaželenega alela P, ki se giblje med 15 in 30 %. Ta vrednost nam nakazuje, da je med starši delež alela P še vedno sorazmerno prisoten.

3.3.1 Frekvence genotipov in alel potomcev po očetih

Za 32 živečih merjascev imamo znane genotipe (tabela 16), med katerimi je 21 takšnih, ki so dominantni homozigoti NN. Ostalih enajst merjascev je heterozigotov, ki prenašajo mutacijo na genu *RYRI*. Med potomci živečih

merjascev prevladujejo dominantni homozigoti. Potomci tega genotipa predstavljajo 68.7 % vseh vzorcev vključenih v analizo. Heterozigotov, ki prenašajo alel P, je med potomci 28.3 %. Pri sedmih potomcih pa smo ugotovili, da so recesivni homozigoti genotipa PP. Te živali sicer predstavljajo le 3.0 % vseh analiziranih vzorcev, vendar jih v rejah ne želimo.

Tabela 16: Živeči merjasci z znanim genotipom za gen *RYRI*

Rejec	Merjasec	Dt. rojstva	MHS	Štev. vzor	Podatki genotipizacije na potomcih							
					NN		NP		PP		Uspešne A.	
					štev.	%	štev.	%	štev.	%	štev.	%
40394	88-1199-14	20.09.2017	NN	29	25	86.2	4	13.8	0	0.0	29	100
32626	88-920-63	20.10.2017	NP	26	8	57.1	5	35.7	1	7.1	14	53.9
33354	88-552-92	15.07.2017	NN	21	8	50.0	8	50.0	0	0.0	16	76.2
32031	88-917-30	02.04.2018	NP	20	11	55.0	9	45.0	0	0.0	20	100
35099	88-817-27	12.09.2016	NN	20	9	100	0	0.0	0	0.0	9	45.0
33374	88-1004-20	04.03.2017	NN	14	10	76.9	3	23.1	0	0.0	13	92.9
32248	88-1100-4	16.08.2016	NN	14	13	92.9	1	7.1	0	0.0	14	100
40962	88-581-99	21.05.2016	NN	13	10	76.9	3	23.1	0	0.0	13	100
33610	88-456-82	17.05.2015	NP	11	6	54.6	5	45.5	0	0.0	11	100
32504	88-1544-5	06.11.2018	NN	11	8	72.7	3	27.3	0	0.0	11	100
41789	88-1322-30	13.01.2019	NP	10	1	10.0	7	70.0	2	20.0	10	100
32776	88-1167-20	26.12.2017	NP	9	2	40.0	3	60.0	0	0.0	5	55.6
32399	88-1278-14	15.12.2017	NP	9	3	33.3	3	33.3	3	33.3	9	100
32204	88-886-12	17.12.2015	NP	8	4	57.1	3	42.9	0	0.0	7	87.5
34034	88-966-35	15.11.2017	NN	8	4	100	0	0.0	0	0.0	4	50.0
31735	88-1483-13	26.12.2018	NP	8	2	50.0	2	50.0	0	0.0	4	50.0
37046	88-1075-40	01.05.2018	NN	8	5	62.5	3	37.5	0	0.0	8	100
32031	88-815-92	23.05.2018	NN	8	0	0.0	0	0.0	0	0.0	0	0.0
32692	88-1262-1	19.04.2017	NN	7	5	83.3	1	16.7	0	0.0	6	85.7
32532	88-1408-3	18.01.2018	NN	7	7	100	0	0.0	0	0.0	7	100
37096	88-1286-20	24.07.2018	NN	5	3	100	0	0.0	0	0.0	3	60.0
33494	88-955-37	23.01.2017	NP	5	5	100	0	0.0	0	0.0	5	100
33637	88-1167-37	31.05.2018	NN	5	0	0.0	0	0.0	0	0.0	0	0.0
32834	88-1286-19	24.07.2018	NN	3	0	0.0	0	0.0	0	0.0	0	0.0
34060	88-577-62	01.07.2015	NN	3	3	100	0	0.0	0	0.0	3	100
37100	88-678-40	18.03.2016	NN	2	0	0.0	0	0.0	0	0.0	0	0.0
32298	88-NEOZNACEN		NP	2	0	0.0	1	50.0	1	50.0	2	100
32142	88-1008-52	27.05.2019	NN	2	2	100	0	0.0	0	0.0	2	100
40394	88-1581-6	23.01.2019	NN	2	2	100	0	0.0	0	0.0	2	100
40089	88-1501-3	20.09.2018	NN	2	1	100	0	0.0	0	0.0	1	50.0
37046	88-1070-38	14.12.2017	NP	1	0	0.0	1	100	0	0.0	1	100
32713	88-1148-25	30.08.2017	NN	1	1	100	0	0.0	0	0.0	1	100
Skupaj				294	158	68.7	65	28.3	7	3.0	230	78.2

Med živečimi merjasci, ki so starši živali z analiziranimi vzorci, je skupno 12 (tabela 17), ki nimajo znanega genotipa za gen *RYRI*. Skupaj smo od teh merjascev analizirali 43 vzorcev na njihovih potomcih. Med potomci je 60.5 % dominantnih homozigotov genotipa NN, preostali delež pa zasedajo prenašalci mutacije na genu *RYRI*. Potomcev, ki bi bili genotipa PP in posledično občutljivi na stres, med vzorci teh merjascev ni. Na podlagi frekvenc genotipov te skupine lahko predpostavimo, da je delež nezaželenega alela med potomci 19.8 %.

Tabela 17: Živeči merjasci brez znanega genotipa za gen *RYRI*

Rejec	Merjasec	Dt. rojstva	Štev. vzor	Podatki genotipizacije na potomcih							
				NN		NP		PP		Uspešne A.	
				štev.	%	štev.	%	štev.	%	štev.	%
35099	88-603-44	27.07.2014	26	9	60.0	6	40.0	0	0.0	15	57.7
32142	88-899-14	03.01.2016	15	0	0.0	0	0.0	0	0.0	0	0.0
41132	88-1286-6	15.07.2017	10	6	100	0	0.0	0	0.0	6	60.0
35103	88-498-108	28.11.2015	9	3	60.0	2	40.0	0	0.0	5	55.6
33745	88-1081-14	05.04.2017	7	1	20.0	4	80.0	0	0.0	5	71.4
35111	88-577-68	21.12.2015	4	3	100	0	0.0	0	0.0	3	75.0
31433	88-966-40	15.11.2017	4	0	0.0	2	100	0	0.0	2	50.0
41337	88-740-36	21.05.2015	3	2	100	0	0.0	0	0.0	2	66.7
40397	88-557-50	22.06.2016	2	0	0.0	1	100	0	0.0	1	50.0
33618	88-1419-2	11.05.2018	2	1	50.0	1	50.0	0	0.0	2	100
30468	88-702-59	04.03.2016	1	0	0.0	1	100	0	0.0	1	100
30173	88-690-47	18.07.2015	1	1	100	0	0.0	0	0.0	1	100
Skupaj			84	26	60.5	17	39.5	0	0.0	43	51.2

Merjascev, ki so bili izločeni, a imamo zanje podatke o genotipih potomcev, je skupno 120. Izmed teh imamo pri 26-tih znan genotip (tabela 18), pri enem je bila genotipizacija neuspešna. Med temi merjasci prevladujejo takšni dominantni homozigoti (genotip NN). Teh je skupno 16. Deset merjascev je bilo prenašalcev nezaželenega alela, eden pa je imel oba alela mutirana (genotip PP). Merjasec s prisotno mutacijo ima pri enem od potomcev analiziran vzorec, ki je genotipa NP. Merjasca z genotipom PP so po ugotovljenem genotipu izločili iz reje. Merjascev brez znanega genotipa, ki so starši prašičev v analizi in so bili izločeni je 94 (priloga B in C).

Opazili smo, da prihaja do neskladja v genotipih med očetom in potomci. Pri merjascu 88-1199-33 (tabela 18), ki je genotipa NN, je bil eden izmed potomcev genotipa PP. Takšna kombinacija ni možna, saj ob parjenju vsak izmed staršev prispeva en alel. Četudi bi bila svinja, katera je bila parjena s tem merjascem, recesiven homozigot, bi bili potomci lahko le prenašalci.

Tabela 18: Izločeni merjasci z znanim genotipom za gen *RYRI*

Rejec	Merjasec	Dt. rojstva	MHS	Štev. vzor	Podatki genotipizacije na potomcih							
					NN		NP		PP		Uspešne A.	
					štev.	%	štev.	%	štev.	%	štev.	%
32031	88-626-0		NP	27	13	48.2	13	48.2	1	3.7	27	100
34034	88-712-27	11.07.2015	NN	20	18	100	0	0.0	0	0.0	18	90.0
32399	88-98-31	02.10.2004	NN	15	7	46.7	8	53.3	0	0.0	15	100
32031	88-879-34	27.03.2017	NN	11	1	100	0	0.0	0	0.0	1	9.1
30468	88-258-72	21.12.2009	*	10	7	70.0	3	30.0	0	0.0	10	100
33564	^a 88-1199-33	24.02.2018	NN	10	2	20.0	7	70.0	1	10.0	10	100
33564	88-461-81	13.01.2015	NN	9	3	50.0	3	50.0	0	0.0	6	66.7
40962	88-589-11	13.05.2013	NP	9	4	44.4	5	55.6	0	0.0	9	100
32031	88-630-0	25.03.2002	NP	9	3	33.3	6	66.7	0	0.0	9	100
32504	88-726-16	15.07.2015	NN	8	2	100	0	0.0	0	0.0	2	25.0
37096	88-714-58	28.06.2016	NN	8	0	0.0	0	0.0	0	0.0	0	0.0
32031	88-628-0		NN	7	5	71.4	2	28.6	0	0.0	7	100
32399	88-132-10	29.03.2003	NN	6	4	66.7	2	33.3	0	0.0	6	100
33711	88-690-72	27.05.2016	NP	6	5	83.3	1	16.7	0	0.0	6	100
33130	88-932-23	16.07.2016	NP	5	0	0.0	2	100	0	0.0	2	40.0
32048	09-31650-12	29.04.2002	NN	5	5	100	0	0.0	0	0.0	5	100
32031	09-31653-1	29.07.2002	NN	5	2	40.0	3	60.0	0	0.0	5	100
41035	88-613-44	18.12.2016	NP	5	2	40.0	3	60.0	0	0.0	5	100
32532	88-868-19	08.06.2015	NN	4	2	100	0	0.0	0	0.0	2	50.0
32048	88-66-2	15.02.2000	NN	3	3	100	0	0.0	0	0.0	3	100
32492	88-535-26	02.01.2013	NP	3	0	0.0	2	100	0	0.0	2	66.7
32750	88-767-43	29.10.2015	NP	3	3	100	0	0.0	0	0.0	3	100
32049	09-31651-14	20.04.2002	NN	1	1	100	0	0.0	0	0.0	1	100
32776	88-549-9	07.08.2012	NN	1	1	100	0	0.0	0	0.0	1	100
32126	88-517-18	05.07.2012	NN	1	0	0.0	1	100	0	0.0	1	100
32031	88-627-0		PP	1	0	0.0	1	100	0	0.0	1	100
33315	88-829-40	23.04.2016	NP	1	1	100	0	0.0	0	0.0	1	100
32048	88-39-42	01.02.1999	NP	1	0	0.0	1	100	0	0.0	1	100
Skupaj				194	94	59.1	63	39.6	2	1.3	159	82.0

* genotipizacija vzorca te živali ni uspela

^a žival z neskladnimi potomci

3.4 Prašiči z recesivnim genotipom PP

V analizi imamo 16 živali z genotipom PP (tabela 19). Med živalmi, ki imajo na obeh alelih prisotno mutacijo, je šest plemenskih živali. Od tega je pet plemenskih svinj, ki so imele vsaj eno gnezdo. Tri plemenske svinje so že izločene. Na podlagi razlike med datumom izločitve in rojstva vidimo, da so bile izločene pri povprečni starosti 5.7 let. Dve od teh svinj sta imeli vsaka po deset gnezd, medtem ko je tretja bila izločena po šestem gnezdu. Med živečimi plemenskimi svinjami sta tudi dve svinji, ki sta genotipa PP in sta imeli vsaka po eno gnezdo.

Tabela 19: Seznam živali z genotipom PP

Reja	ID živali	Spol	Kategorija	Dt. rojstva	Dt. izločitve	Št. gnezd	Genotip
32399	88-1216-20	Ž	plem. podmladek / pitanka	03.05.2020			PP
32399	88-1216-16	Ž	plem. podmladek / pitanka	03.05.2020			PP
41789	88-1588-24	Ž	plem. podmladek / pitanka	24.12.2019			PP
41789	88-1712-10	Ž	plem. podmladek / pitanka	12.12.2019			PP
33564	88-813-94	Ž	plem. podmladek / pitanka	29.11.2019			PP
32399	88-1208-19	Ž	plem. svinja	10.08.2019		1	PP
32626	88-1031-55	Ž	plem. svinja	25.04.2019		1	PP
33354	88-1174-24	M/K	pitaneč	08.08.2018			PP
33303	88-446-93	Ž	pitanka	18.05.2014			PP
32031	09-31689-12	Ž	plem. svinja	26.07.2002	31.07.2009	10	PP
32031	88-33-101	M/K	pitaneč	20.02.2000	08.05.2000		PP
32048	88-25-32	Ž	plem. svinja	18.07.1997	10.01.2002	6	PP
32031	88-26-40	Ž	plem. svinja	09.06.1997	14.02.2003	10	PP
32298	88-CRNI	neznano					PP
32031	88-627-0	M	plem. merjasec		01.09.2001		PP
	88-639-16	neznano					PP

4 Diskusija

Med vzorci, ki smo jih vključili v analizo, je dve tretjini živali dominantnih homozigotov, kljub temu se je v populaciji malo več kot tretjina prenašalcev mutacije na genu *RYRI*. Medtem so Čandek-Potokar in sod. (2003) v populaciji krškopoljskih prašičev zaznali večji delež živali z genotipom NP. Razlike, ki so v frekvencah genotipov, lahko pripišemo tudi manjšemu številu analiziranih živali v njihovi raziskavi. Prav tako smo mi v analizo vključili vzorce iz različnih rej po Sloveniji. Delež alela P je za avtohtono pasmo velik. Muñoz in sod. (2018) so v pregledu mutacij kandidatnih genov, ki vplivajo na produktivne lastnosti avtohtonih evropskih pasem ugotovili, da je delež mutiranega alela *RYRI* gena v primerjavi z ostalimi avtohtonimi pasmami pri krškopoljskem prašiču največji. Prisotnost mutacije v naši avtohtoni pasmi pa so Šalehar in sod. (1998) ter Kastelic (2008) pripisali oplemenjevanju s tujimi pasmami.

S pregledom stanja med vzrejnimi središči smo želeli ugotoviti, kakšno je stanje MHS v populaciji plemenskih živali, saj te reje tvorijo jedro plemenske črede. Med večjimi vzrejnimi središči, ki imajo več kot 10 plemenskih svinj, delež dominantnih homozigotov (genotip NN) predstavlja tri petine vzorcev teh vzrejnih središč vključenih v analizo. V ostalih skupinah so frekvence genotipov večje, med najmanjšimi vzrejnimi središči pa je le polovica živali dominantnih homozigotov. Med vsemi vzrejnimi središči prenašalci nezaželenega alela predstavljajo dobro tretjino vseh žival, ki so bile vključene v analizo. Houde in sod. (1993) navajajo, da je uvedba genskega testa in spremljanje prisotnosti mutacije v čistopasemskih vzrejnih središčih učinkovita strategija za vpeljavo genetske selekcije. Medtem se delež prenašalcev mutacije na genu *RYRI* v populaciji prašičev iz kmetij s statusom reje krškopoljskega prašiča giblje okoli tretjine vseh vzorcev, vključenih v analizo. Reje te skupine imajo veliko pitancev, katerih meso se veliko uporablja v predelavi. Za živali v teh rejah ne bi hoteli, da so genotipa PP, saj to za rejo lahko predstavlja velike izgube v času pitanja (O'Brien in Ball, 1999). Prav tako so za meso prašičev z genotipom NP značilni različni vplivi na lastnosti kakovosti mesa, kot so večja izceja, manjša mehkooba mesa (Huff-Lonergan in sod., 2002) ter vpliv na intramuskularno maščobo (Otto in sod., 2007). Takšne spremembe mesa, pa nam v predelavi lahko spremenijo kakovost končnega izdelka.

Velik delež prenašalcev nezaželene alele P smo opazili med pilotnimi kmetijami, ki imajo skupno vzeti nekaj manj kot petino vseh vzorcev. Frekvenca alela P je tako v primerjavi z ostalimi skupinami rej višja. V teh rejah bi bilo potrebno spremljati genotipe, saj prenašalci mutacije na genu *RYRI* v treh večjih rejah te skupine predstavljajo polovico vseh vzorcev.

Pri manjših rejah, z eno ali dvema plemenskima svinjama, težje spremljamo prisotnost mutacije na genu *RYRI*. V večjih rejah, ki imajo posledično večje število potomcev, lahko ta delež v reji točneje določimo. Pri tem bi želeli, da je v večjih rejah delež alela P manjši. Takšne reje letno priredijo veliko število potomcev oz. pitancev, za katere želimo, da je njihovo meso kakovostno. V kolikor bi v večjih rejah imeli veliko živali, tako plemenskih kot ostalih, ki so prenašalke alela P, se lahko med potomci le-teh pojavijo tudi živali, ki imajo mutacijo na *RYRI* genu. Takšne živali so občutljive na stres in bi tako lahko v času pitanja ob stresnih situacijah poginile, kar bi prineslo večje ekonomske izgube.

Na podlagi opaženega stanja prisotnosti alela P med krškopoljskimi prašiči in splošnega znanja o genetskem ozadju, fiziologiji in patologiji mutacije *RYRI* gena sklepamo, da se lahko mutacija odpravi z rekonstrukcijo pasme in izbiro staršev, ki imajo odsotno mutacijo, kar je v nekaterih populacijah tujih pasem že bilo uspešno opravljeno. S takšnim pristopom bi izboljšali ekonomiko prireje, saj bi se izognili izgubam v času prireje, do katere lahko pride zaradi prašičev dovzetnih na stres. S takšnim parjenjem bi lahko povečali prirejo in izboljšali kakovost klavnih lastnosti mesa pri pitanih živali (Wendt in sod., 2000).

Plemenske živali so zelo pomembne iz vidika postopne izločitve mutacije na genu *RYRI* iz populacije. Med našimi analiziranimi vzorci lahko opazimo, da je delež alela P 18.8 % pri merjascih in 21.5 % pri plemenskih svinjah. Še posebno ob odbiri merjascev za osemenjevalno središče, bi se izogibali izbiri živali z genotipom NP in PP. O'Brien in Ball (1999) kot učinkovito strategijo za preprečevanje prašičjega stresnega sindroma predlagata omejitev prisotnosti nezaželenega alela v populaciji plemenskih merjascih. Pri tem menita, da je takšna metoda tudi cenovno ugodna, saj se pri sodobnih pasmah lahko zmanjšajo izgube v pitanju, ki bi nastale kot posledica prisotnosti mutacije na obeh alelih. Takšna metoda pa zahteva izvedbo genskega testa na prisotnost te mutacije že pri plemenskem podmladku. Informacija o genotipih nam je ugodna tudi iz vidika, da lahko zmanjšamo delež živali z genotipom PP, če uvedemo načrtna parjenja (tabela 20). Z uvajanjem načrtnega parjenja bi se izognili možni mutaciji na obeh alelih, do katere pa ne mora priti če parimo merjasca, ki je dominanten homozigot genotipa NN s plemensko svinjo, ki ima lahko kateregakoli izmed genotipov. Prav tako ob parjenju merjasca z genotipom NP in svinje z genotipom NN, ni možnosti da bodo potomci genotipa PP. V kolikor želimo izbrati plemenski podmladek iz parjenj, kjer je 25 in tudi 50 % možnost, da bodo potomci imeli prisotni mutaciji na obeh alelih in bi te živali odbrali zaradi sorodstva, je potrebno ob odbiri opraviti test na *RYRI* gen.

Tabela 20: Izbira živali za plemenski podmladek na podlagi načrtnega parjenja

Merjasec	Parjenje		Potomci (%)			Izbira za plemenski podmladek		
	x	Svinja	NN	NP	PP	merjasci	mladice	komentar
NN	x	NN	100	0	0	✓	✓	genski test na <i>RYRI</i> gen ni potreben
NN	x	NP	50	50	0	✓	✓	genski test na <i>RYRI</i> gen
NN	x	PP	0	100	0	✓	✓	genski test na <i>RYRI</i> gen
NP	x	NN	50	50	0	✓	✓	genski test na <i>RYRI</i> gen
NP	x	NP	25	50	25	✓X	✓	genski test na <i>RYRI</i> gen, spremljanje sorodstva
NP	x	PP	0	50	50	X	✓	genski test na <i>RYRI</i> gen, spremljanje sorodstva
PP	x	NN	0	100	0	X	X	nezaželjeno
PP	x	NP	0	50	50	X	X	nezaželjeno
PP	x	PP	0	0	100	X	X	nezaželjeno

Živali, katerih vzorce smo genotipizirali v sklopu projekta EIP, bi povezali s klavnimi lastnostmi. Tako bi lahko prisotnost mutacije na genu *RYRI* povezali z lastnostmi kakovosti mesa. Pri sodobnih pasmah je znano, da v kolikor je žival genotipa NP, se tehnološka kakovost spremeni (Otto in sod., 2007; Oliván in sod., 2018). V kolikor bi opazili povezavo med klavnimi lastnostmi in genotipom, bi lahko to lastnost prav tako vključili v odbiro.

5 Zaključki

- V populaciji krškopoljskih prašičev prevladujejo dominantni homozigoti (63.3 %). Heterozigoti, ki so prenašalci mutacije na genu *RYRI*, predstavljajo tretjino vseh vzorcev, vključenih v analizo. Med analiziranimi vzorci je bilo tudi 16 recesivnih homozigotov, ki predstavljajo 2.0 % vseh vzorcev.
- Med plemenskimi svinjami je bil delež živali z genotipom NN 58.9 %, dve petini vseh vzorcev svinj, ki so bili vključeni v analizo, pa so predstavljali heterozigoti. Med plemenskimi svinjami je bilo tudi pet z genotipom PP, ki pa v plemenskih čredah niso zaželeni. Delež plemenskih merjascev z genotipom NN je 63.6 %, z genotipom NP pa 39.2 %.
- Kmetije s statusom reje krškopoljskega prašiča, ki imajo več kot pet plemenskih svinj imajo v svoji populaciji 38.6 % prenašalcev alela P, medtem ko je ta delež v manjših rejah 21.9 %. V vzrejnih središčih, ki imajo več kot deset plemenskih svinj, imamo veliko število vzorcev, ki smo jih vključili v analizo. Delež prenašalcev nezaželenega alela P v teh rejah je 38.1 %. V manjših vzrejnih središčih, ki redijo do pet plemenskih svinj, smo v analizo vključili 133 vzorcev, med katerimi je 22.6 % prenašalcev, med živalmi pa ni bilo nobenega z genotipom PP. V manjših rejah, ki vzrejajo plemenski podmladek, smo analizirali majhen del vzorcev in imajo v svoji populaciji polovico živali, ki so dominantni homozigoti.
- Analizirali smo 134 vzorcev iz pilotnih kmetij, pri katerih dominantni homozigoti genotipa NN predstavljajo 54.5 %, heterozigoti pa 42.5 %. Med temi rejami so tudi štiri živali, ki imajo prisotni mutaciji na obeh alelih. Delež alela P v teh rejah pa je 24.3 %.
- V zadnjih desetih letih smo odvzeli večino vzorcev staršem prašičev z vzetiimi vzorci. Delež nezaželenega alela P se med temi starši giblje med 15 in 30 %. Zaradi večjega deleža analiziranih vzorcev staršev v zadnjih letih je določitev deleža nezaželenega alela bolj zanesljiva v primerjavi s starejšimi živalmi.
- Med živečimi očetimi prašičev z odvzetimi vzorci je tretjina dominantnih homozigotov, med njihovimi potomci pa je prav tako 68.7 % živali z genotipom NN. Delež alela P je med izločeni merjasci 22.2 %. Med potomci izločenih merjascev je 59.1 % dominantnih homozigotov, 39.6 % prenašalcev mutacije in 2 potomca, ki sta recesivna homozigota.
- V analizi smo imeli tudi 16 živali, ki so imele genotip PP, te predstavljajo 2.0 % vseh vzorcev vključenih v analizo. Med temi živalmi je prav tako šest plemenskih živali, od katerih so štiri bile že izločene, ostale dve živeči plemenski svinji pa sta do sedaj imeli vsaka po eno gnezdo.
- V prihodnje bi morali število genotipizacij povečati, da tako lahko imeli reprezentativen vzorec populacije, na podlagi katerega bi lahko določil kakšen je dejanski delež alela P v celotni populaciji prašičev krškopoljske pasme.
- Na podlagi genotipizacij oz. genskih testov bi na optimalnih plemenskih živalih ugotovili ali so prenašalci mutacije na genu *RYRI* in bi odbrali le takšne, ki nimajo prisotne mutirane alele. Takšno odbiro bi kot

prvo uvedli pri odbiri merjascev za osemenjevalna središča, nato pa pri izbiri merjascev za posamezne reje, postopoma pa tudi za izbiro plemenskih svinj. Zavedati pa se moramo, da kljub izbiri ustreznega genotipa za *RYRI* gen pri odbiri upoštevamo tudi poreklo, inbriding, število seskov in pasemske značilnosti, kot so obarvanost in širina belega pasa na plečeh.

Literatura

- Balatsky V.N., Saienko A.M., Pena R.N., Buslyk T.V., Gibolenko O.S. 2015. Genetic diversity of pig breeds on ten production quantitative traits loci. *Cytology and Genetics*, 49: 299–307.
- Čandek-Potokar M., Žlender B., Kramar Z., Šegula B., Fazarinic G., Uršič M. 2003. Evaluation of Slovene local pig breed Krškopolje for carcass and meat quality. *Czech J. Anim. Sci.*, 3: 120–128.
- Drobnič M., Groeneveld E., Kovač M., Tavčar J., Šalehar A., Logar B., Ule I., Marušič M., Krašovic M. 1994. PiggyBank - program za podporo informacijskega sistema v prašičereji. Domžale, Univerza v Ljubljani, Biotehniška fakulteta, Oddelek za zootehniko: 29 str.
- Han X., Jiang T., Yang H., Zhang Q., Wang W., Liu B. 2012. Investigation of four porcine candidate genes (H-FABP, MYOD1, UCP3 and MASTR) for meat quality traits in Large White pigs. *Mol. Bio. Rep.*, 39: 6599–6605.
- Houde A., Pommier S.A., Roy R. 1993. Detection of the ryanodine receptor mutation associated with malignant hyperthermia in purebred swine populations. *J. Anim. Sci.* 71,6: 1414–1418.
- Hu Z.L., Park C.A., Reecy J.M. 2019. Building a livestock genetic and genomic information knowledgebase through integrative developments of Animal QTLdb and CorrDB. *Nucleic Acids Research*, 47, D1: D701–D710, doi:10.1093/nar/gky1084.
- Huff-Lonergan E., Baas T.J., Malek M., Dekkers J.C.M., Prusa K., Rothschild M.F. 2002. Correlations among selected pork quality traits. *J. Anim. Sci.*, 80: 617–617.
- Kastelic A. 2008. Razvoj pasme in plodnost krškopoljskega prašiča. Magistrska naloga. Domžale, Univerza v Ljubljani, Bioteh. fakulteta, Odd. za zoot.: 206 str.
- Kastelic A., Mežan A., Čandek-Potokar M., Malovrh Š., Flisar T., Urankar J., Kovač M. 2019. Rejski program za avtohtono pasmo krškopoljski prašič. Društvo rejcev krškopoljskih prašičev.
- Kim K.S., Larsen N., Short T., Plastow G., Rothschild M. 2000. A missense variant of the porcine melanocortin-4 receptor (MC4R) gene is associated with fatness, growth, and feed intake traits. *Mammalian Genome*, 11: 131–135.
- Kovač M., Malovrh Š. (ur.) 2015. Krškopoljski prašič - od reje do predelave na domu. Univerza v Ljubljani, Biotehniška fakulteta, Enota za prašičerejo, Domžale.
- Kovač M., Urankar J., Ule A., Malovrh Š. 2015. Klavne lastnosti krškopoljskih prašičev. Krškopoljski prašič - od reje do predelave na domu, Kovač M., Malovrh Š. (ur.). V: Kovač in Malovrh (2015), 145–156.
- Lahucky R., Christian L.L., Kovac L., Stalder K.J., Bauerova M. 1997. Meat quality assessed ante- and post mortem by different ryanodine receptor gene status of pigs. *Meat Sci.*, 47: 277–285.
- Leach L.M., Ellis M., Sutton D.S., McKeith F.K., Wilson E.R. 1996. The growth performance, carcass characteristics, and meat quality of halothane carrier and negative pigs. *J. Anim. Sci.*, 74: 934–943.
- Lefaucheur L. 2001. Myofiber typing and pig meat production. *Slo. Vet. Res.* 38,1: 5–33.

- LeRoy P., Naveau J., Elsen J.M., Sellier P. 1990. Evidence for a new major gene influencing meat quality in pigs. *Genet. Res., Camb.*, 55: 33–40.
- Lundström K., Andersson A., Hansson I. 1996. Effect of the RN gene on technological and sensory meat quality in crossbred pigs with Hampshire as terminal sire. *Meat Sci.*, 42: 145–153.
- Lundström K., Enfält A.C., Tornberg E., Agerhem H. 1998. Sensory and technological meat quality in carriers and non-carriers of the RN^- allele in Hampshire crosses and in purebred Yorkshire pigs. *Meat Sci.*, 48: 115–124.
- Malovrh Š., Kastelic A., Kovač M. 2015. Rekonstrukcija pasme. Krškopoljski prašič - od reje do predelave na domu, Kovač M., Malovrh Š. (ur.). V: Kovač in Malovrh (2015), 45–50.
- Muñoz M., Bozzi R., García F., Núñez Y., Geraci C., Croveti A., García-Casco J., Alves E., Škrlep M., Charneca R., Martins J., Quintanilla R., Tibau J., Kušec G., Djurkin-Kušec I., Mercat M., Riquet J., Estellé J., Zimmer C., Razmaite V., Araujo J., Radović Č., Savić R., Karolyi D., Gallo M., Čandek-Potokar M., Fontanesi L., Fernández A., Óvilo C. 2018. Diversity across major and candidate genes in european local pig breeds. *PLoS One*, 13: e0207475.
- Nienartowicz-Zdrojewska A., Zbigniew S., Buczyński J., Konieczka A., Róžańska-Zawieja J. 2017. Productivity of pigs of conservation breeds in terms of selected gene polymorphisms. *Medycyna Weterynaryjna*, 73: 352–356.
- O'Brien P.J., Ball R.O. 1999. Porcine Stress Syndrome. V: Diseases of Swine. Straw B.E., D'Allaire S., Mengeling W.L., Taylor D.J. (ur.), 8th edition, Iowa State University Press, 757–776.
- Oliván M., Gonzvález J., Bassols A., Díaz, F. Carreras R., Mainau E., Arroyo L., Peña R., Potes Y., Coto-Montes A., Hollung K., Velarde A. 2018. Effect of sex and RYR1 gene mutation on the muscle proteomic profile and main physiological biomarkers in pigs at slaughter. *Meat Sci.*, 141: 81–90.
- Otto G., Roehe R., Looft H., Thoelking L., Knap P., Rothschild M., Plastow G., Kalm E. 2007. Associations of DNA markers with meat quality traits in pigs with emphasis on drip loss. *Meat Sci.* 75,2: 185–195.
- Planinc M., Urankar J., Kovač M., Malovrh Š. 2011. Klavne lastnosti svinjk in kastratov krškopoljske pasme. Spremljanje proizvodnosti prašičev, VII. del. Domžale, Univerza v Ljubljani, Biotehniška fakulteta, Enota za prašičerejo, biometrijo in selekcijo, 109–118.
- Rybarczyk A., Pietruszka A., Jacyno E., Dvořák J., Karamucki T., Jakubowska M. 2010. Association of RYR1 and MYOG Genotype with Carcass and Meat Quality Traits in Grower-finisher Pigs. *Acta Vet. Brno*, 79: 243–248.
- SAS Inst. Inc. 2012. The SAS System for Linux, Release 9.4. Cary, NC.
- Šalehar A., Dovč P., Kovač M. 1998. Frekvence genov RYR1 po pasmah v Sloveniji v letih od 1994 do 1997. Sodobno kmetijstvo. Priloga: Slovenska prašičereja VIII, 31: 340–341.
- Škrlep M., Kavarič T., Čandek-Potokar M. 2010. Comparison of PRKAG3 and RYR1 gene effect on carcass traits and meat quality in Slovenian commercial pigs. *Czech J. Anim. Sci.*, 55: 149–159.
- Terenina E., Babigumira B., Le Mignon G., Bazovkina D., Rousseau S., Salin F., Bendixen C., Mormede P. 2013. Association study of molecular polymorphisms in candidate genes related to stress responses with production and meat quality traits in pigs. *Domest. Anim. Endocrin.*, 44: 81–97.

Wendt M., Bickhardt K., Herzog A., Fischer A., Martens H., Richter T. 2000. Porcine stress syndrome and PSE meat: Clinical symptoms, pathogenesis, etiology and aspects of animal welfare. *Berliner und Münchener tierärztliche Wochenschrift*, 113: 173–190.

Žemva M., Malovrh Š., Kovač M. 2015. Kakovost mesa in maščobe krškopoljskega prašiča. *Krškopoljski prašič - od reje do predelave na domu*, Kovač M., Malovrh Š. (ur.). V: Kovač in Malovrh (2015), 157–166.

PRILOGA**Priloga A****Rejci, pri katerih še ni bilo izvedene nobene analize na vzetih vzorcih**

Reja	Status	Štev. vzor.	dt. zadnjega odvzema
32814		7	03.08.2020
31801	Vzrejno središče	6	30.06.2020
40267		6	25.09.2020
37241		5	17.09.2020
37298		5	17.09.2020
34091		4	17.12.2019
32922		4	13.08.2020
32926		3	17.09.2020
32002		3	30.06.2020
37315		2	16.12.2019
Skupaj		45	

Priloga B**Izločeni merjasci, ki nimajo znanega genotipa in imajo vzete vzorce na enem ali dveh potomcih**

Reja	Merjasec	Dt. rojstva	Štev. vzor	Podatki genotipizacije na potomcih						Uspešne A.	
				NN		NP		PP		štev.	%
				štev.	%	štev.	%	štev.	%		
33303	88-1014-3	10.02.2016	2	1	50.0	1	50.0	0	0.0	2	100
30173	88-128-19	03.04.2004	2	1	100	0	0.0	0	0.0	1	50.0
37046	88-992-4	26.12.2015	2	0	0.0	0	0.0	0	0.0	0	0.0
41450	88-1167-10	27.06.2017	2	0	0.0	1	100	0	0.0	1	50.0
33637	88-788-12	30.03.2015	2	2	100	0	0.0	0	0.0	2	100
32692	88-194-119	10.10.2010	2	0	0.0	2	100	0	0.0	2	100
33566	88-461-84	13.01.2015	2	1	50.0	1	50.0	0	0.0	2	100
40962	88-258-24	13.10.2007	2	1	100	0	0.0	0	0.0	1	50.0
40267	88-966-15	28.05.2016	2	0	0.0	0	0.0	0	0.0	0	0.0
32749	88-461-64	05.12.2013	2	2	100	0	0.0	0	0.0	2	100
30672	88-939-11	16.05.2016	2	0	0.0	0	0.0	0	0.0	0	0.0
32031	88-258-41	20.05.2008	2	1	50.0	1	50.0	0	0.0	2	100
	88-638-6	28.03.2013	2	0	0.0	1	100	0	0.0	1	50.0
32692	88-671-19	19.11.2014	2	0	0.0	0	0.0	0	0.0	0	0.0
30468	88-237-63	17.12.2010	2	0	0.0	2	100	0	0.0	2	100
33512	88-643-48	24.11.2015	2	2	100	0	0.0	0	0.0	2	100
37048	88-461-31	27.09.2012	2	2	100	0	0.0	0	0.0	2	100
33396	88-500-42	03.11.2012	2	2	100	0	0.0	0	0.0	2	100
33358	88-258-83	11.08.2010	1	0	0.0	1	100	0	0.0	1	100
33406	88-314-47	05.08.2010	1	0	0.0	1	100	0	0.0	1	100
33395	88-464-5	02.09.2010	1	1	100	0	0.0	0	0.0	1	100
33721	88-767-21	28.03.2014	1	1	100	0	0.0	0	0.0	1	100
37196	88-644-2	14.05.2013	1	0	0.0	1	100	0	0.0	1	100
32474	88-312-2	21.08.2007	1	0	0.0	1	100	0	0.0	1	100
33358	88-313-4	14.08.2007	1	0	0.0	1	100	0	0.0	1	100
33512	88-456-35	25.01.2013	1	0	0.0	1	100	0	0.0	1	100
33292	88-362-15	09.08.2009	1	0	0.0	1	100	0	0.0	1	100
33646	88-748-38	08.07.2015	1	0	0.0	1	100	0	0.0	1	100
35099	88-575-9	22.07.2012	1	0	0.0	1	100	0	0.0	1	100
37046	88-388-37	20.01.2011	1	1	100	0	0.0	0	0.0	1	100
	88-182-50	24.11.2007	1	0	0.0	1	100	0	0.0	1	100
32119	88-577-56	01.07.2015	1	0	0.0	1	100	0	0.0	1	100
	MS88		1	1	100	0	0.0	0	0.0	1	100
33292	88-372-82	04.02.2012	1	1	100	0	0.0	0	0.0	1	100
32628	88-327-3	30.03.2008	1	1	100	0	0.0	0	0.0	1	100
37103	88-586-30	18.09.2013	1	1	100	0	0.0	0	0.0	1	100
37046	88-365-6	19.03.2009	1	1	100	0	0.0	0	0.0	1	100
40086	88-1218-14	05.11.2017	1	1	100	0	0.0	0	0.0	1	100
37048	88-348-16	04.03.2010	1	0	0.0	1	100	0	0.0	1	100
33303	88-260-47	05.11.2009	1	1	100	0	0.0	0	0.0	1	100
31801	88-883-35	01.04.2017	1	0	0.0	0	0.0	0	0.0	0	0.0
30672	88-608-17	24.03.2014	1	1	100	0	0.0	0	0.0	1	100
33610	88-440-44	02.10.2012	1	1	100	0	0.0	0	0.0	1	100
34060	88-258-151	09.05.2013	1	1	100	0	0.0	0	0.0	1	100
32474	88-514-4	01.04.2012	1	1	100	0	0.0	0	0.0	1	100
	88-618-0		1	0	0.0	1	100	0	0.0	1	100
Skupaj			64	29	56.9	22	43.1	0	0.0	51	79.7

Priloga C

Izločeni merjasci, ki nimajo znanega genotipa in imajo vzete vzorce na treh ali več potomcih

Reja	Merjasec	Dt. rojstva	Štev. vzor	Podatki genotipizacije na potomcih						Uspešne A.	
				NN		NP		PP			
				štev.	%	štev.	%	štev.	%	štev.	%
32031	88-98-29	02.10.2004	48	42	87.5	6	12.5	0	0.0	48	100
515	88-581-71	30.11.2015	34	18	81.8	4	18.2	0	0.0	22	64.7
515	88-545-1	26.04.2012	26	10	71.4	4	28.6	0	0.0	14	53.9
32031	88-524-47	11.05.2013	24	7	63.6	4	36.4	0	0.0	11	45.8
32626	88-217-120	19.02.2012	24	7	63.6	4	36.4	0	0.0	11	45.8
35078	88-283-3	31.03.2007	23	22	95.7	1	4.4	0	0.0	23	100
33564	88-531-55	01.02.2014	21	4	22.2	14	77.8	0	0.0	18	85.7
35099	88-918-3	01.09.2015	21	3	42.9	4	57.1	0	0.0	7	33.3
35099	88-536-31	20.12.2013	17	1	11.1	8	88.9	0	0.0	9	52.9
32399	88-829-1	29.11.2014	11	5	62.5	3	37.5	0	0.0	8	72.7
32031	88-767-34	06.11.2014	11	4	80.0	1	20.0	0	0.0	5	45.5
32031	88-624-0		11	5	45.5	5	45.5	1	9.1	11	100
32004	88-638-24	27.03.2014	11	0	0.0	1	100	0	0.0	1	9.1
33451	88-450-67	19.12.2012	9	7	100	0	0.0	0	0.0	7	77.8
41825	88-955-25	23.08.2016	9	1	33.3	2	66.7	0	0.0	3	33.3
32031	88-188-4	31.01.2006	9	3	33.3	6	66.7	0	0.0	9	100
33564	88-259-96	08.07.2012	8	3	37.5	5	62.5	0	0.0	8	100
32048	88-623-0		8	4	50.0	4	50.0	0	0.0	8	100
	88-553-5	18.05.2012	8	0	0.0	5	83.3	1	16.7	6	75.0
33354	88-757-36	01.07.2015	6	2	33.3	3	50.0	1	16.7	6	100
40394	88-932-22	16.07.2016	6	0	0.0	1	100	0	0.0	1	16.7
34060	88-690-55	23.12.2015	5	3	60.0	2	40.0	0	0.0	5	100
37096	88-644-18	13.12.2014	5	0	0.0	0	0.0	0	0.0	0	0.0
33395	88-610-27	13.08.2013	5	0	0.0	4	100	0	0.0	4	80.0
40394	88-603-11	07.08.2013	5	1	100	0	0.0	0	0.0	1	20.0
32048	88-22-40	15.05.1996	5	4	80.0	0	0.0	1	20.0	5	100
33531	88-539-20	23.08.2012	5	2	50.0	2	50.0	0	0.0	4	80.0
32298	88-704-4	15.10.2013	5	3	100	0	0.0	0	0.0	3	60.0
32204	88-383-60	16.07.2012	5	3	100	0	0.0	0	0.0	3	60.0
32399	88-511-13	24.06.2012	4	4	100	0	0.0	0	0.0	4	100
32031	88-443-17	22.01.2011	4	4	100	0	0.0	0	0.0	4	100
41035	88-575-8	22.07.2012	4	1	33.3	2	66.7	0	0.0	3	75.0
33315	88-1100-16	21.06.2017	4	2	66.7	1	33.3	0	0.0	3	75.0
32399	88-631-0		4	2	50.0	2	50.0	0	0.0	4	100
40708	88-743-1	10.03.2014	4	2	100	0	0.0	0	0.0	2	50.0
33396	88-817-15	15.04.2015	4	3	100	0	0.0	0	0.0	3	75.0
9	09-803048		4	4	100	0	0.0	0	0.0	4	100
37046	88-516-109	14.06.2017	3	0	0.0	2	100	0	0.0	2	66.7
32088	88-622-79	10.12.2014	3	0	0.0	0	0.0	0	0.0	0	0.0
9	09-803058		3	2	66.7	0	0.0	1	33.3	3	100
33306	88-393-6	17.03.2009	3	1	33.3	2	66.7	0	0.0	3	100
40962	88-279-69	13.01.2011	3	2	100	0	0.0	0	0.0	2	66.7
32416	88-133-22	06.06.2004	3	3	100	0	0.0	0	0.0	3	100
33395	88-817-16	15.04.2015	3	1	100	0	0.0	0	0.0	1	33.3
32504	88-463-35	04.09.2012	3	0	0.0	1	100	0	0.0	1	33.3
33292	88-557-16	12.09.2013	3	1	100	0	0.0	0	0.0	1	33.3
Skupaj			444	196	64.5	103	33.9	5	1.6	304	68.5