

Poglavje 3

Genetska povezanost med kmetijami pri pasmi slovenska landrace - linija 11

Špela Malovrh ^{1,2}, Janja Urankar ¹, Milena Kovač ¹

Izveček

Pri genetskem vrednotenju po metodi mešanega modela je za lastnosti, ki jih merimo v različnih čredah, za primerljivost napovedi plemenskih vrednosti med čredami pomembna povezanost med le-temi, ker vpliva na točnost in primerljivost napovedi. Za splošno oceno stopnje povezanosti v populaciji slovenske landrace - linija 11 smo ocenili genetsko povezanost kmetij v kontroli (36 rej), ki redijo svinje pasme 11, ter 2 osemenjevalni središči (OS). V izračun sorodstva smo zajeli 663 živali, ki so bile žive v letu 2016. Celotno poreklo je obsegalo 3363 živali, poznanih je bilo največ 16 generacij prednikov. Nukleusi so genetsko med sabo večinoma dobro povezani, povprečno sorodstvo (AR) variira med 3.99 in 12.51 %. Za AR med nukleusi in OS1 so vrednosti podobne (5.93 - 12.52 %), medtem ko je sorodnost z merjasci z OS2 manjša - dva nukleusa imata z OS2 nesorodne živali. Vzrejna središča za hibrid 12 so (z izjemo dveh) genetsko precej sorodna tako z nukleusi kot OS-i. V nadaljevanju študije bomo podrobneje proučili genetsko povezanost med primerjalnim skupinami pri posameznih lastnostih, za katere opravljamo genetsko vrednotenje.

Ključne besede: genetske povezave, črede, slovenska landrace - linija 11

Abstract

Title of the paper: **Genetic connectedness across herds in Slovenian Landrace - strain 11.** In genetic evaluation based on the mixed model methodology for traits which are recorded in different herds, connectedness among herds is important for both reliability and comparison of breeding value predictions. For an overall assessment of degree of connectedness in the population Slovenian Landrace - strain 11 (SL11) we estimated genetic relationship among pig-farms with purebred SL11 sows included in recording scheme (36 farms) and 2 artificial insemination centers (AIC). In the computation of relationship, 663 animals (which were alive in the year 2016) were examined, while the complete pedigree contained 3363 animals and up to 16 generations of ancestors were known. Nucleus herds (NHs) had good genetic ties, average relationship (AR) among herds varied between 3.99 and 12.51 %. The AR between NHs and OS1 had on average similar values, from 5.93 to 12.52 %, while relationship with OS2 was lower; two NHs had unrelated animals. Breeding centers for Hybrid 12 were (with the exception of two) pretty related with NHs and OS1. Further studies will include assessment of genetic connectedness between contemporary groups for traits for which genetic evaluation is performed.

Key words: genetic connectedness among herds, Slovenian Landrace - strain 11

¹Univerza v Ljubljani, Biotehniška fakulteta, Oddelek za zootehniko, Groblje 3, 1230 Domžale

²E-pošta: spela.malovrh@bf.uni-lj.si

3.1 Uvod

Zadostna genetska povezanost med primerjalnimi skupinami v preizkusu in čredami je potrebna, če želimo izvajati selekcijo v populaciji, ki jo sestavlja več čred. Zanesljivost primerjave napovedi plemenskih vrednosti med čredami je v veliki meri odvisna od povezanosti med njimi. Kadar genetskih povezav med čredami ni ali jih je zelo malo, kar je posledica neizmenjave genetskega materiala, so genetski nivoji med čredami neprimerljivi. Črede so v takem primeru genetsko neodvisne in bi morali genetsko vrednotenje zanje opravljati ločeno, kar pa v majhnih čredah ne pride v poštev. Za genetske povezave med slovenskimi čredami prašičev lahko dobro poskrbi merjaščevo seme z osemenjevalnih središč.

Bunter (1995) definira povezanost med čredami kot posedovanje genov iz skupnega genetskega vira. Zadosti velik vzorec skupnih genov, ki omogoča primerjavo napovedi plemenskih vrednosti med čredami, lahko dosežemo z nakupom živali ali z uporabo osemenjevanja. S stališča biovarnostnih ukrepov je uporaba semena merjascev z osemenjevalnih središč načeloma varnejša (ob predpostavki, da se biovarnostnih ukrepov vsi striktno držijo), hkrati pa omogoča večjo genetsko povezanost med čredami. To ne pomeni, da se morajo rejci odreči svojim merjascem v čredi, le določen delež pripustov bi moral biti opravljen s semenom merjascev z osemenjevalnih središč, ki jih lahko potem smatramo kot referenčne. Pri tem se morajo tudi na osemenjevalnih središčih zavedati, da se morajo njihovi merjasci časovno prekrivati, ne sme pa se dogajati, da praktično naenkrat zamenjajo celo skupino merjascev iste pasme. Prav tako je problem premajhno število merjascev, ki tudi ne omogoča ustrezne primerjave.

Primerjalne skupine so enote, ki so lahko čreda, sezona, čreda-letno, čreda-sezona, kotec, skupina živali, ki istočasno prične oz. konča preizkus, ipd. Primerjalne skupine so lahko tako iz podobnega časovnega obdobja v različnih čredah ali iz različnih časovnih obdobj znotraj iste črede. Genetska povezanost med skupinami zagotavlja primerljivost plemenskih vrednosti živali, ki so bile preizkušene v različnih primerjalnih skupinah (Mathur in sod., 1998). Za nepovezane ali slabo povezane enote obstaja velika verjetnost, da imajo različno genetsko povprečje, genetski in okoljski vplivi se bodo deloma prekrivali in genetske razlike med živalmi v različnih okoljih bodo podcenjene (Tarrés in sod., 2010). To pomeni, da bo primerjava slabša in razvrstitev živali nepravilna.

Povezanost je v statističnem smislu diskretna značilnost, kakovostni status, ki zadeva posamezno opazovanje (Fries, 1998). Pri sistematskih vplivih to vpliva na ocenljivost neznanih parametrov, medtem ko pri naključnih vplivih pri metodi mešanih modelov, ki jo je vpeljal Henderson (1950), vedno dobimo rešitve sistema enačb, ne glede na strukturo podatkov in brez minimalnih zahtev po povezanosti (Fries, 1998). Povezanost je posebno pomembna pri izbiri alternativnih modelov pri genetskem vrednotenju (Foulley in sod., 1990), stopnja povezanosti pa je lahko omejitveni dejavnik pri učinkovitosti odstranjevanja virov pristranosti pri genetskem vrednotenju. Nesorodne živali so povezane, če so preizkušene v isti primerjalni skupini, dve skupini pa sta lahko povezani preko tretje, čeprav med njima ni direktnih genetskih vezi (Mathur in sod., 2002), tako da ni nujno, da dobimo zadovoljive rezultate na osnovi aditivnega genetskega sorodstva.

Kennedy in Trus (1993) sta predlagala kot najprimernejšo metodo za oceno stopnje povezanosti varianco napak napovedi za razliko med nivoji vpliva črede, kot boljše v primerjavi z metodo na osnovi genetskih vezi (Banos in Cady, 1988), vendar pa je prva metoda računsko zelo zahtevna (Mathur in sod., 1998). Dodatna slabost metode Kennedy in Trus (1993) je, da ne ločuje med velikostjo in strukturo na eni strani in naravo povezave med čredama na drugi. Računsko nekoliko manj zahtevna je metoda, ki so jo predlagali Mathur in sod. (1998). Le-ta temelji na korelaciji med ocenama (oz. napovedma) dveh čred. Fries (1998) je izpopolnil metodo, ki izračuna število direktnih genetskih povezav med pod-populacijami na osnovi skupnih očetov in mater (Fernando in sod., 1983), da v obliki indeksa meri genetsko povezanost med čredami. Laloč (1993) ter Laloč in sod. (1996) so razvili mero - koeficient determinacije, ki vključuje točnosti primerjav napovedi plemenskih vrednosti za pare živali, ki je prav tako računsko zelo zahtevna in so jo za zelo obsežna genetska vrednotenja izpopolnili Fouilloux in sod. (2008).

Namen te študije je splošna ocena stopnje povezanosti v populaciji slovenske landrace - linija 11 za kmetije v kontroli, in sicer na osnovi povprečnega sorodstva med rejami.

3.2 Material in metode

V analizo smo zajeli podatke za živali pasme slovenske landrace - linija 11 s kmetij v kontroli, ki so shranjeni v podatkovni zbirki centralne selekcijske službe za prašiče. Reje imajo v našem rejskem programu različen status glede na nivo v selekcijski piramidi: vzrejna središča za pasmo 11 (5 rej) in dve osemenjevalni središči (OS), ki predstavljajo nukleus oz. najvišji nivo, vzrejna središča za vzrejo mladice hibrida 12 (10 rej), ki so razmnoževalni nivo, ter vzorčne kmetije (21 rej zajetih), ki predstavljajo pitovni nivo in pri njih čistopasemskih živali maternalne pasme pravzaprav ne bi pričakovali. Tako je nukleusom pripadlo 42.4 % živali, vzrejnim središčem 38.0 % ter vzorčnim kmetijam 19.6 % (tabela 1). Skupno je bilo v omenjenih rejah zajetih 663 živali, ki so bile v letu 2016 žive. Pri izgradnji porekla za živeče živali smo rodovnik sledili do največ 16 generacij prednikov, naprej pa so predniki neznani. Celotno poreklo je na koncu obsegalo 3367 živali, delež osnovne populacije, se pravi živali, za katera obeh staršev ne poznamo, pa je znašal 21.0 %. V letu 2016 živeče živali, ki so generacija 1, so predstavljale 19.7 % živali v poreklu, pri čemer je živečih le 8 merjascev.

Tabela 1: Struktura podatkov

	Nukleusi	Vzrejna središča	Vzorčne kmetije	Skupaj
Število rej	7	10	21	38
Število živali*	281	252	130	663
Delež (%)	42.4	38.0	19.6	100.0
Št. živali v poreklu				3363
Delež osnovne populacije (%)				21.0

* v letu 2016 živeče živali

Koeficiente sorodstva med živalmi, ki so bile v letu 2016 žive, ter njihovimi znanimi predniki, ki so poskrbeli za informacije o genetskih (sorodstvenih) vezeh, smo izračunali s pomočjo paketa PEDIG (Boichard, 2002). Povprečen koeficient sorodstva med čredami za živali, ki so bile v letu 2016 žive, smo ocenili po enačbi Banos in Cady (1988), pri čemer smo upoštevali definicijo povprečnega sorodstva (AR) po Dunner in sod. (1998):

$$AR = \frac{1}{rc} \sum_{i=1}^r \sum_{j=1}^c 2^* a_{ij}$$

kjer so a_{ij} aditivna vrednost za sorodstvo med i -to in j -to živaljo v matriki sorodstva \mathbf{A} , r število vrstic in c število stolpcev delne matrike sorodstva \mathbf{A}_{ij} , ki je del celotne matrike sorodstva \mathbf{A} :

$$\mathbf{A} = \begin{bmatrix} \mathbf{A}_1 & \mathbf{A}_{12} & \dots & \mathbf{A}_{1n} & \mathbf{A}_{1p} \\ \mathbf{A}_{21} & \mathbf{A}_2 & & & \\ \vdots & & \ddots & & \vdots \\ \mathbf{A}_{n1} & & & \mathbf{A}_n & \mathbf{A}_{np} \\ \mathbf{A}_{p1} & \dots & \mathbf{A}_{pn} & & \mathbf{A}_p \end{bmatrix}$$

Matrika sorodstva \mathbf{A} je urejena tako, da njeni posamezni deli $\mathbf{A}_1, \mathbf{A}_2, \dots, \mathbf{A}_n$ vsebujejo koeficiente sorodstva znotraj rej (čred), medtem ko deli $\mathbf{A}_{12}, \mathbf{A}_{13}, \mathbf{A}_{1n}, \mathbf{A}_{21}$, itn. vsebujejo koeficiente sorodstva med živalmi iz različnih rej, se pravi, da so živali v matriki sorodstva \mathbf{A} grupirane po rejah. Delna matrika \mathbf{A}_p vsebuje koeficiente sorodstva med predniki živčih živali, delne matrike $\mathbf{A}_{1p}, \mathbf{A}_{p1}, \dots, \mathbf{A}_{np}, \mathbf{A}_{pn}$ pa koeficiente sorodstva med predniki in živčimi živalmi.

3.3 Rezultati in razprava

Živali znotraj nukleusov so precej sorodne, sploh npr. v rejah z oznako Nu3 in Nu5 (tabela 2). Le ena od teh rej ima merjasca, kar pomeni, da imajo med seboj precej sorodne svinje, ki so si v sorodstvenem razmerju sestre, polsestre, sestrične, matere ali tete. Še najmanj sorodne so živali v večji reji z oznako Nu2, pri preostalih dveh nukleusih sta vrednosti za povprečni sorodstvo podobni.

Nukleusi so genetsko med sabo večinoma dobro povezani, povprečno sorodstvo variira med 3.99 in 12.51 % (tabela 2). Za povprečno sorodstvo med nukleusi in OS1 vrednosti vrednosti znašajo med 5.93 in 12.52 %, trije nukleusi imajo svinje, ki so v sorodu z merjascema iz OS2. Pričakovani inbriding potomcev iz parjenja svinj iz nukleusov in merjascev iz osemenjevalnih središč bi bil polovica vrednosti povprečnega sorodstva. Povprečno sorodstvo med nukleusi in OS1 kaže, da bo potrebno njihove merjasce zamenjati z manj sorodnimi, saj je v populaciji slovenske landrace - linije 11 že veliko njihovih potomk.

Tabela 2: Povprečno sorodstvo (v %) med nukleusi (na diagonali povprečno sorodstvo znotraj posameznih rej, nad diagonalo povprečno sorodstvo med rejami)

Nukleus	Št.*	Nukleus						
		Nu1	Nu2	Nu3	Nu4	Nu5	OS1	OS2
Nu1	100	18.84	10.51	6.15	8.73	12.51	8.45	12.00
Nu2	72		14.80	5.54	10.57	7.83	7.67	5.73
Nu3	24			20.70	4.51	11.22	12.52	0.00
Nu4	37				18.35	3.99	5.93	9.46
Nu5	41					20.44	11.98	0.00
OS1	5						3.38	0.00
OS2	2							0.00

* Število plemenskih živali, ki so bile v letu 2016 v reji

Tabela 3: Povprečno sorodstvo (v %) med vzrejnimi središči in nukleusi

Vzrejno središče	Št.*	Nukleus						
		Nu1	Nu2	Nu3	Nu4	Nu5	OS1	OS2
VS1	30	16.15	11.06	5.47	9.29	9.34	5.65	12.50
VS2	19	13.39	10.64	5.09	7.51	9.55	7.28	5.26
VS3	23	13.31	12.36	3.92	11.59	8.37	5.09	14.13
VS4	22	9.68	10.09	9.12	11.18	7.94	7.15	9.09
VS5	3	8.72	9.47	12.40	5.15	17.79	12.78	0.00
VS6	28	6.38	8.82	5.99	4.93	8.35	7.27	0.00
VS7	37	4.36	6.26	11.10	4.21	8.24	9.36	0.00
VS8	23	10.77	10.98	9.66	6.49	14.31	11.38	0.00
VS9	45	12.24	8.52	8.32	5.48	13.91	9.35	2.22
VS10	22	11.25	10.39	6.53	6.21	13.04	13.14	0.00

* Število plemenskih živali, ki so bile v letu 2016 v reji

Vzrejna središča za hibrid 12 so genetsko precej sorodna tako z nukleusi kot osemenjevalnima središčema (tabela 3). Prva tri vzrejna središča so nekoliko bolj sorodna prvima dvema nukleusoma in drugemu osemenjevalnemu središču. Podobno je zadnjih šest vzrejnih središč v povprečju bolj sorodnih s prvim osemenjevalnim središčem ter s petim nukleusom. Izjemi pri povprečnem sorodstvu z nukleusi in osemenjevalnima središčema sta vzrejni središči z oznako VS6 in VS7, ki sta genetsko najmanj navezani na jedro populacije slovenske landrace - linija 11. Podobno kot nukleusi so tudi vzrejna središča bolj sorodna z OS1 kot OS2.

Pri vzorčnih kmetijah, ki predstavljajo proizvodni oz. pitovni nivo, glede na njihov status v rejskem programu - ne pričakujemo, da uporabljajo svinje pasme 11. Kar precej je med njimi rej, ki so v letu 2016 imeli le eno ali tri svinje pasme 11 (tabela 4). Tri vzorčne kmetiji pa so imele 16 (VK4) oz. 18 svinj pasme 11 (VK7, VK15). Pri vzorčnih kmetijah se pri povprečni

Tabela 4: Povprečno sorodstvo (v %) med vzorčnimi kmetijami in nukleusi

Vzorčna kmetija	Št.*	Nukleus						
		Nu1	Nu2	Nu3	Nu4	Nu5	OS1	OS2
VK1	7	9.76	8.29	12.26	9.16	9.70	12.08	0.00
VK2	3	10.06	10.97	3.95	7.47	4.39	3.44	7.14
VK3	1	12.51	12.33	3.66	13.65	7.56	6.47	8.33
VK4	3	6.61	11.42	2.32	6.86	2.11	3.34	0.00
VK5	16	3.46	7.38	1.60	13.59	3.14	4.41	0.00
VK6	6	10.23	12.52	2.21	13.58	3.00	4.31	10.94
VK7	18	4.42	10.00	2.22	15.79	4.09	5.70	0.00
VK8	3	9.43	7.29	3.78	11.44	3.01	3.47	16.67
VK9	5	6.66	15.23	3.68	17.20	5.65	7.93	0.00
VK10	3	5.54	10.99	2.84	8.90	2.30	3.44	0.00
VK11	1	8.74	8.22	3.64	7.72	8.15	4.88	0.00
VK12	4	1.50	7.30	11.17	1.72	4.16	3.11	0.00
VK13	1	8.46	10.05	4.75	5.58	6.27	4.43	0.00
VK14	1	17.05	9.70	7.90	4.14	21.98	10.02	0.00
VK15	18	11.63	5.93	8.73	2.08	14.87	12.61	0.00
VK16	12	5.90	8.22	6.29	6.38	8.25	10.68	0.00
VK17	1	10.80	6.60	17.50	6.07	14.31	14.95	0.00
VK18	13	3.08	5.73	2.77	4.10	5.39	3.00	0.00
VK19	3	4.77	10.16	4.31	6.95	10.61	6.09	0.00
VK20	3	4.78	16.09	6.51	7.21	5.25	4.41	0.00
VK21	8	9.69	10.75	1.71	9.59	1.65	2.41	12.50

* Število plemenskih živali, ki so bile v letu 2016 v reji

sorodnosti z nukleusi in osemenjevalnima središčema pozna regijska pripadnost oz. vezanost na določeno osemenjevalno središče. Med rejami (takih šest), ki so imele blizu deset oz. več svinj pasme 11, jih je kar nekaj, ki so z nukleusi genetsko močno povezane. Vzrok za to je verjetno v uporabi semena istih merjascev z osemenjevalnih središč, kar dokazujejo tudi velike vrednosti za povprečno sorodstvo predvsem z OS1, po drugi strani pa so na OS1 večinoma domači merjasci. Povprečno sorodstvo omenjenih šestih vzorčnih kmetij z vsaj enim osemenjevalnim središčem zavzema vrednosti med 3.00 % (VK19 in OS1) in 12.61 % (VK15 in OS1).

3.4 Zaključki

Genetske povezave, ki so potrebne za skupno genetsko vrednotenje oz. primerljivost napovedi plemenskih vrednosti med kmetijami v kontroli, so večinoma dobre, kar pomeni zadovoljivo primerljivost med nivoji vpliva črede oz. reje, ki ga imamo vključenega v statističnih modelih za vse lastnosti, za katere rutinsko opravljamo genetsko vrednotenje. V nadaljeva-

nju študije bomo podrobneje proučili genetsko povezanost pri posameznih lastnostih še med drugimi primerjalnim skupinami, kot so sezona, rejec-letno ali rejec-sezona.

3.5 Viri

2002. Proceedings of the 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Montpellier, 2002-08-19/23. Castanet-Tolosan, INRA.
- Banos G., Cady R.A. 1988. Genetic relationship between the United States and Canadian Holstein bull populations. *J. Dairy Sci.*, 71: 1346–1354.
- Boichard D. 2002. PEDIG: a fortran package for pedigree analysis suited for large populations. V: WCG (2002), 525–528.
- Bunter K. 1995. Connectedness in across herd genetic evaluations. V: AGBU Pig Genetics Workshop Notes, Armidale, 7–8 Nov. 1995. Armidale, University of New England: 67–73.
- Dunner S., Checa M.L., Gutiérrez J.P., Martín J.P., Cañón J. 1998. Genetic analysis and management in small populations: the Asturcon pony as an example. *Genet. Sel. Evol.*, 30: 397–405.
- Fernando R.L., Gianola D., Grossman M. 1983. Identify all connected subsets in a two-way classification without interaction. *J. Dairy Sci.* 66,6: 1399–1402.
- Fouilloux M.N., Clement V., Laloë D. 2008. Measuring connectedness among herds in mixed linear models: From theory to practice in large-sized genetic evaluations. *Genet. Sel. Evol.*, 40: 145–159.
- Foulley J.L., Bouix J., Goffinet B., Elsen J.M. 1990. Connectedness in genetic evaluation. *Advances in Statistical Methods for Genetic Improvement of livestock. Advanced Series in Agricultural Science.* New York, Springer, 277–308.
- Fries L.A. 1998. Connectability in beef cattle genetic evaluation: the heuristic approach used in MILC.FOR. V: Proceedings of the 6th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Armidale, 1998-01-11/16, Vol. 27, 449–450. Armidale, University of New England. Communication 33C-4.
- Henderson C.R. 1950. Estimation of genetic parameters. *Annals of Mathematical Statistics*, 9: 309.
- Kennedy B.W., Trus D. 1993. Considerations on genetic connectedness between management units under an animal model. *J. Anim. Sci.* 71,9: 2341–2352.
- Laloë D. 1993. Precision and information in linear models of genetic evaluation. *Genet. Sel. Evol.*, 25: 557–576.

- Laloë D., Phocas F., Ménessier F. 1996. Considerations on measures of precision and connectedness in mixed linear models of genetic evaluation. *Genet. Sel. Evol.*, 28: 359–378.
- Mathur P.K., Sullivan B., Chesnais J. 1998. A new method for assessing connectedness between herds. V: Record of proceedings national swine improvement federation conference and annual meeting, East Lansing, 4-5 dec. 1998. NSIF 23
<http://mark.asci.ncsu.edu/nsif/98proc/mathur.htm> (1. jul. 2003).
- Mathur P.K., Sullivan B.P., Chesnais J.P. 2002. Measuring connectedness: Concept and application to a large industry breeding program. V: WCG (2002), 545–548. *Communication* 20-13.
- Tarrés J., Fina M., Piedrafita J. 2010. Connectedness among herds of beef cattle bred under natural service. *Genet. Sel. Evol.*, 42: 6.