

Ugotavljanje „čistosti“ pasem z genetskimi metodami – primer cikastega goveda

asist. dr. Mojca Simčič, prof. dr. Drago Kompan

Izobraževanje za izvajalce strokovnih nalog
Ljubljana, 26. – 27. 11. 2015

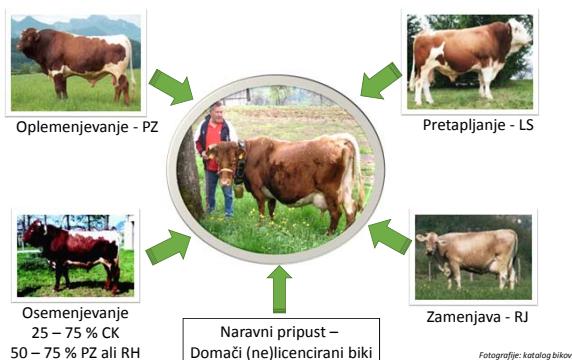
IZVOR PASME



Belansko govedo priključeno k pincgavskemu govedu po letu 1925 – izumrlo!

Fotografije: katalog bikov

RAZVOJ CIKASTEGA GOVEDA



DEJSTVA

- 1992 - v registru (KIS) 59 krav - znano poreklo, križanke CK x PZ
- 2002 - sistematično iskanje CK za namen ohranjanja
 - 300 živali na novo vpisanih v register
 - brez znanega porekla, ohranjeno na hribovskih kmetijah
- 2014 – 3.351 živali CK (SIR), 2.021 plemenic CK (KIS)
 - avtohtona pasma, 949 kmetij
 - Kamnik, Bohinj, Zgornjesavska dolina, Solčava, Zgornje Posoče

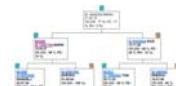
NAMEN

- Čim bolj natančno določiti delež primesi drugih pasem znotraj populacije cikastega goveda
- Proučiti možnost identifikacije posameznih živali s primesmi drugih pasem

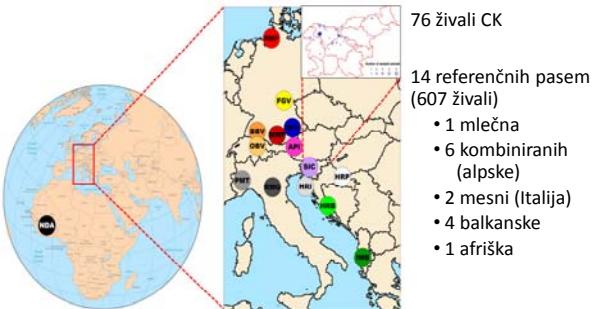


MATERIAL – Cikasto govedo

- Biološki vzorci (kri, seme) – 76 živali
 - 38 krav
 - 38 plemeninskih bikov
- Razvrstitev v tip na podlagi zunanjosti
 - cikasti tip (n = 59)
 - delni cikasti tip (n = 6)
 - pincgavski tip (n = 11)
- Rodovnik
 - 100 % CK (n = 46)
 - najmanj 78,5 % CK (n = 6)
 - 14 % – 78 % PZ (n = 24)



MATERIAL – Referenčne pasme govedi



METODE - genotipizacija

- Illumina BovineSNP50 BeadChip (54.000 označevalcev)

• SNP – polimorfizem posameznega nukleotida

- Standardna procedura

- 44.496 SNP-ov za analizo

• SNP haplotipi formirani z imputacijo – *BEAGLE*

- Genom razdeljen na bloke iz 4 SNP-ov

• 4.972 SNP blokov kot alele



GENETSKI OZNAČEVALCI SNP

- Prednosti SNP-jev v primerjavi z mikrosateliti so:
 - stroški genotipizacije na označevalcev so manjši
 - omogoča določanje sorodstva z izjemno natančnostjo
 - potencial za dopolnitve manjkajočih podatkov v rodbovniku
- SNP genotipizacija samo v komercialnih laboratorijih
 - pošljemo DNK – dobimo genotipe
- Osnova za genomsko selekcijo, uporaba tudi za kontrolo porekla

METODE

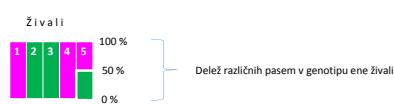
- Dejanska genetska sorodnost med živalmi
 - Cika + Referenčne pasme ($n = 607$ živali)
 - Matrika IBD (607×607)
 - IBD – število segmentov na kromosomih dveh ali več živalih, ki so identični po izvoru, podedovani od skupnega prednika
- Struktura populacije (*ADMIXTURE* analiza)
 - Določitev najbolj verjetnega števila skupin - pasem (K)
 - Primesi drugih referenčnih pasem

Uspešnost/Zanesljivost

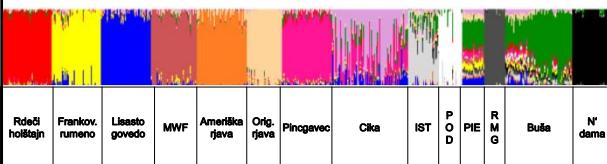
- Uspešnost identifikacije tujih kromosomalnih fragmentov (haplotipov), ki so prisotni v mešanih (križanih) populacijah je odvisna od razpoložljivosti haplotipov referenčnih populacij.
- To je tudi glavni razlog, da se v analizi strukture populacije vključuje različne geografsko bližnje in oddaljene pasme govedi.
- Manjše deleže tujih primesi znotraj pasme smo pričakovali in tudi opazili pri vseh živalih vseh pasem, kar kaže na starodavno „mešanje“ populacij.
- Rezultat je kombinacija najmanj dveh metod (IBD, *Admixture*)

GENETSKA STRUKTURA POPULACIJ

- Delež čiste pasme v posamezni živali
- *Princip grafičnega prikaza rezultatov v stolpcih*
 - Enobarven stolpec – čistopasemska žival (100 %)
 - Večbarven stolpec – prisotnost različnih pasem v eni živali
 - Vsaka pasma – drugačna barva stolpca

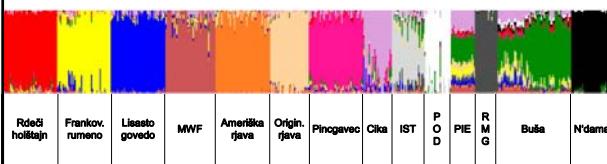


REZULTATI – Struktura populacije (CK – 76)



- Živali nenaslovovano razvrščene v skupine na osnovi modela ($K=13$) - *Admixture*
- 12 referenčnih pasem in pasma CK
- CK – vseh 76 živali
- Primesi drugih pasem v populaciji CK

REZULTATI – Struktura populacije (CK – 26)



- Živali nenaslovovano razvrščene v skupine na osnovi modela ($K=13$) - *Admixture*
- 12 referenčnih pasem in pasma CK
- CK – set „genetsko“ čistih nesorodnih živali
- Edinstveno genetsko ozadje – pasma
- Primesi drugih pasem v populaciji CK

VEČ KOT 90 % CIKA



VEČ KOT 50 % PINCGAVEC



VEČ KOT 50 % LISASTA



VEČ KOT 25 % RDEČI HOLŠTAJN



SKLEPI

- Dokazali smo, da ima cikasto govedo edinstveno genetsko ozadje – avtohtičen nabor genov – avtohtona pasma
- V delu populacije so prisotne primesi drugih pasem
- **Našli možnost identifikacije genetsko bolj „čistih“ živali, ki bi lahko predstavljale jedro za ohranjanje pasme**
- Priporočamo ohranjanje pasme **z iskanjem in odstranjevanjem primesi drugih pasem**; je bolj učinkovito od iskanja avtohtonega genotipa

SKLEPI (2)

- Pomembno bi bilo, da se **živali**, ki dokazano vsebujejo večji delež genov drugih pasem, ne odbira za plemenske bike in bikovske matere
- Preverjanje pravilnosti porekla z označevalci SNP bi omogočilo istočasno tudi določitev „čistosti“ pasme
- Kombinacija uporabe rodovnikov, ocen zunanjosti in genetskih analiz je lahko dober pripomoček za uspešnejšo odbiro genetsko bolj „čistih“ cik



Reševanje avtohtonega genetskega ozadja v populacijah s primesmi drugih pasem z uporabo haplotipov, fenotipov in porekla
- primer cikastega goveda

PLOS ONE

RESEARCH ARTICLE

Recovery of Native Genetic Background in Admixed Populations Using Haplotypes, Phenotypes, and Pedigree Information – Using Cika Cattle as a Case Breed

Mojca Simčič¹, Anamarija Smetko², Johann Sölkner³, Doris Seichter⁴, Gregor Goričanc¹, Dragomir Kompan¹, Ivica Medugrač^{2,*}

¹ Department of Animal Science, Biotechnical Faculty, University of Ljubljana, Domžale, Slovenia, ² Division of Livestock Science, Department Sustainable Agricultural Systems, University of Natural Resources and Life Sciences, Vienna, Austria, ³ Tierzüchtung e.V. München, Grub, Germany, ⁴ Chair of Animal Genetics and Husbandry, Faculty of Veterinary Medicine, Ludwig-Maximilians-University Munich, Munich, Germany

* ivica.medugrac@gen.uni-muenchen.de

HVALA ZA POZORNOST

