

Kontrola uzgoja u srodstvu u populaciji banijske šare svinje primjenom optimizacijskih metoda

Ceranac, Dora

Master's thesis / Diplomski rad

2022

Degree Grantor / Ustanova koja je dodijelila akademski / stručni stupanj: **University of Zagreb, Faculty of Agriculture / Sveučilište u Zagrebu, Agronomski fakultet**

Permanent link / Trajna poveznica: <https://um.nsk.hr/um:nbn:hr:204:598160>

Rights / Prava: [In copyright](#) / [Zaštićeno autorskim pravom.](#)

Download date / Datum preuzimanja: **2025-01-11**



Repository / Repozitorij:

[Repository Faculty of Agriculture University of Zagreb](#)



**SVEUČILIŠTE U ZAGREBU
AGRONOMSKI FAKULTET**

**KONTROLA UZGOJA U SRODSTVU U
POPULACIJI BANIJSKE ŠARE SVINJE
PRIMJENOM OPTIMIZACIJSKIH METODA**

DIPLOMSKI RAD

Dora Ceranac

Zagreb, rujan, 2022.

**SVEUČILIŠTE U ZAGREBU
AGRONOMSKI FAKULTET**

Diplomski studij:

Proizvodnja i prerada mesa

**KONTROLA UZGOJA U SRODSTVU U
POPULACIJI BANIJSKE ŠARE SVINJE
PRIMJENOM OPTIMIZACIJSKIH METODA**

DIPLOMSKI RAD

Dora Ceranac

Mentor:
Doc. dr. sc. Dubravko Škorput

Zagreb, rujan, 2022.

**SVEUČILIŠTE U ZAGREBU
AGRONOMSKI FAKULTET**

**IZJAVA STUDENTA
O AKADEMSKOJ ČESTITOSTI**

Ja, **Dora Ceranac**, JMBAG 0068226822, rođen/a 8.5.1997. u Zagrebu, izjavljujem da sam samostalno izradila/izradio diplomski rad pod naslovom:

**KONTROLA UZGOJA U SRODSTVU U POPULACIJI BANIJSKE ŠARE SVINJE
PRIMJENOM OPTIMIZACIJSKIH METODA**

Svojim potpisom jamčim:

- da sam jedina autorica/jedini autor ovoga diplomskog rada;
- da su svi korišteni izvori literature, kako objavljeni tako i neobjavljeni, adekvatno citirani ili parafrazirani, te popisani u literaturi na kraju rada;
- da ovaj diplomski rad ne sadrži dijelove radova predanih na Agronomskom fakultetu ili drugim ustanovama visokog obrazovanja radi završetka sveučilišnog ili stručnog studija;
- da je elektronička verzija ovoga diplomskog rada identična tiskanoj koju je odobrio mentor;
- da sam upoznata/upoznat s odredbama Etičkog kodeksa Sveučilišta u Zagrebu (Čl. 19).

U Zagrebu, dana _____

Potpis studenta / studentice

**SVEUČILIŠTE U ZAGREBU
AGRONOMSKI FAKULTET**

IZVJEŠĆE

O OCJENI I OBRANI DIPLOMSKOG RADA

Diplomski rad studenta/ice **Dora Ceranac**, JMBAG 0068226822, naslova

KONTROLA UZGOJA U SRODSTVU U POPULACIJI BANIJSKE ŠARE SVINJE

PRIMJENOM OPTIMIZACIJSKIH METODA

obranjen je i ocijenjen ocjenom _____, dana _____.

Povjerenstvo:

potpisi:

1. Doc. dr. sc. Dubravko Škorput mentor

2. Prof. dr. sc. Zoran Luković član

3. Prof. dr. sc. Krešimir Salajpal član

Zahvala

Ovime zahvaljujem cijenjenome mentoru doc.dr.sc. Dubravku Škorputu na izdvojenom vremenu, stručnim savjetima te stručnom i tehničkom vodstvu pri provedbi istraživanja, te izradi i realizaciji ovog diplomskog rada. Želim Vam zahvaliti i na poticanju i pružanju prilike u izradi znanstvenog rada i stručnog članka, te izdvojenom vremenu kako bi mi pomogli bolje razumjeti određene segmente vezane uz izradu radova koji mi nisu toliko bili jasni.

Također se zahvaljujem i ostalim članovima u stručnom povjerenstvu: prof. dr. sc. Zoranu Lukoviću i prof. dr. sc. Krešimiru Salajpalu na izdvojenom vremenu i savjetima.

Veliku zahvalnost dugujem Hrvoju, svome bratu Ivanu i svojoj obitelji, obitelji Lukić, i prijateljima, ponajviše Dubravku, koji su mi bili podrška i oslonac kroz sve ove godine studiranja i koji će me nastaviti podržavati u daljnjem obrazovanju i osobnom razvoju. Bez Vas ne bih mogla sve ovo uspjeti niti postići.

Posebna zahvala mojoj majci kojoj posvećujem ovaj diplomski rad. Hvala ti od srca što si me poticala i vjerovala u mene.

Sadržaj

| | |
|--|----|
| 1. Uvod..... | 1 |
| 1.1. Cilj rada..... | 3 |
| 2. Pregled literature | 4 |
| 2.1. Banijska šara svinja | 4 |
| 2.2. Genetska struktura banijske šare svinje | 5 |
| 2.3. Uzgoj u srodstvu i koeficijent uzgoja u srodstvu..... | 7 |
| 2.4. Genetski doprinosi i njihova optimizacija | 9 |
| 2.5. Metoda selekcije s optimalnim doprinosima..... | 10 |
| 3. Materijali i metode | 12 |
| 3.1. Parametri populacije | 12 |
| 3.2. Selekcija s optimalnim doprinosima..... | 14 |
| 4. Rezultati i rasprava..... | 15 |
| 4.1. Optimalni genetski doprinosi | 17 |
| 5. Zaključak..... | 20 |
| 6. Popis literature | 21 |
| Životopis..... | 25 |

Sažetak

Diplomskog rada studentice **Dore Ceranac**, naslova

KONTROLA UZGOJA U SRODSTVU U POPULACIJI BANIJSKE ŠARE SVINJE PRIMJENOM OPTIMIZACIJSKIH METODA

Cilj rada bio je procijeniti i opisati specifične parametre populacije banijske šare svinje, te primijeniti metodu selekcije s optimalnim doprinosima u svrhu postizanja istovremenog genetskog napretka i kontrole uzgoja u srodstvu u tri različita scenarija. Scenariji su se sastojali od minimiziranja srodstva bez uzimanja u obzir uzgojnih vrijednosti, minimiziranje srodstva uzimajući u obzir i uzgojne vrijednosti jedinki, te maksimiziranje uzgojnih vrijednosti. Ukupno je odabrano 5 nerasta i 49 krmača za izradu sheme parenja. Specifični populacijski parametri banijske šare svinje pokazali su nisku razinu genetske raznolikosti uz visoke prosječne koeficijente uzgoja u srodstvu i nisku efektivnu veličinu populacije. Zbog male ukupne i efektivne veličine populacije, primjena optimizacijskih metoda pokazala je da je genetsko poboljšanje moguće na račun gubitka genetske raznolikosti u populaciji. No, primjena optimizacijskih metoda rezultirala je nižom prosječnom srodnošću odabranih jedinki.

Ključne riječi: svinje, selekcija, uzgoj u srodstvu, banijska šara

Summary

Of the master's thesis – student **Dora Ceranac**, entitled

CONTROL OF INBREEDING IN BANIIJA SPOTTED PIG USING OPTIMIZATION METHODS

The purpose of this paper was to evaluate and describe specific parameters for Banija spotted pig population, and to apply optimal contribution selection to achieve simultaneous genetic progress and inbreeding control in three different scenarios. These scenarios consisted of minimizing kinship without taking breeding values into account, minimizing kinship with considering breeding values of individuals, and maximizing breeding values. A total of 5 boars and 49 sows were selected to create a breeding scheme. The specific population parameters for Banija spotted pig showed a low level of genetic diversity with high average inbreeding coefficients and a low effective population size. Due to the small total and effective population size, the use of optimization methods has shown that genetic improvement is possible at the expense of loss of genetic diversity in the population. However, the application of optimization methods resulted in lower average kinship between selected individuals.

Keywords: pigs, inbreeding, selection, Banija spotted pig

1. Uvod

Banijska šara svinja hrvatska je autohtona pasmina koja spada u red kritično ugroženih pasmina. Nastala je u 19. stoljeću križanjem bijele svinje u tipu landrasa s berkšiom i turopoljskom svinjom na području Banovine, no zbog povećane uporabe visoko proizvodnih pasmina u uzgoju i proizvodnji na području Republike Hrvatske, populacija banijske šare pasmine svinja se smanjila. Smanjenje populacije banijske šare pasmine u konačnici je dovelo do njezine ugroženosti u drugoj polovici 20. stoljeća. Provedbom projekta revitalizacije banijske šare svinje javio se veći interes za očuvanjem ove pasmine i provedbu njezine genetske analize, u prvom redu radi razvoja programa konzervacije pasmine.

Primarni cilj u uzgoju svinja malih populacija, kakve su često autohtone pasmine svinja, je očuvanje genetske raznolikosti te sprječavanje pojave depresije izazvane uzgojem u srodstvu, koja ima nepovoljan učinak na manifestaciju funkcionalnih svojstava i svojstava plodnosti. Neke autohtone pasmine svinja, poput iberijske svinje u Španjolskoj su potpuno očuvane, te je njihov planski uzgoj doveo do široke prepoznatljivosti pasmine na svjetskom tržištu. Očuvanje genetske raznolikosti unutar populacije životinja se postiže planiranjem sparivanja jedinki u populaciji. Gubitak ili smanjenje genetske raznolikosti unutar populacije svojstven je populacijama kod kojih je došlo do značajnog smanjenja veličine same populacije, odnosno pojave tzv. procesa „uskog grla“ (eng. „bottleneck“). Smanjenju genetske raznolikosti podložnije su male populacije najčešće autohtonih pasmina svinja, no ovakva pojava se javlja i u populacijama plemenitih pasmina svinja koje su pod visokom selekcijom. Unutar ovakvih populacija također je povećan rizik pojave genetskog pomaka, odnosno promjena u učestalosti pojedinih genotipova tj. alela prisutnih u populaciji. Gubitak genetske raznolikosti također utječe i na smanjenu mogućnost genetskog napretka populacije životinja. U manjim populacijama kao što su autohtone pasmine svinja češće se javlja problem uzgoja u srodstvu što dovodi do povećanog udjela recesivnih homozigota u populaciji i posljedično pojave depresije uzrokovane uzgojem u srodstvu. Inbriding depresija uzrokuje smanjenu plodnost, smanjenu manifestaciju funkcionalnih svojstava, ima negativne posljedice na veličinu legla, te dovodi do pojave degenerativnih promjena kod jedinki što rezultira ekonomskim gubitcima unutar populacija autohtonih pasmina svinja. Međutim, uzgoj u srodstvu može imati i pozitivne učinke u obliku povećanja uniformnosti populacije kao i jako rijetku pojavu poboljšanih svojstava (eng. „inbreeding enhancement“). Gubitak genetske varijabilnosti može se procijeniti temeljem genealoških podataka koristeći porijeklo praćenjem stope promjene uzgoja u srodstvu tijekom generacija na razini populacije. Vrijednost koeficijenta uzgoja u srodstvu unutar populacije ovisi o veličini efektivne populacije, stoga je vrlo važno održavanje zadovoljavajuće veličine efektivne populacije. Provođenjem planskog sparivanja uz kontrolu podrijetla unutar uzgojnih programa postiže se manje povećanje stupnja uzgoja u srodstvu u populaciji. Planiranjem sparivanja životinja postiže se održiva stopa rasta uzgoja u srodstvu te se istovremeno izbjegava parenje životinja koje su u visokom stupnju srodstva. Provedba selekcije na ekonomski važna svojstva također ima za cilj postići održivost uzgoja pasmine.

Kontrola uzgoja u srodstvu od iznimne je važnosti u malim populacijama autohtonih pasmina svinja zbog toga što može uključiti odabir genetski superiornijih životinja uz istovremeni genetski napredak za veličinu legla i smanjenje koeficijenta uzgoja u srodstvu. Navedeno se postiže primjenom optimizacijskih metoda, te je prikladan alat za postizanje oba suprotstavljena cilja. Primjena optimizacijskih metoda predstavlja skup postupaka temeljenih na algoritmima optimizacije pomoću kojih se postiže ravnoteža između genetskog dobitka za osobine od interesa i gubitka genetske raznolikosti na razini populacije. Selekcija rasplodnih životinja na optimalan način ima važnu ulogu u svrhu upravljanja dostupnim genetskim resursima u populaciji, posebice u populacijama autohtonih pasmina u kojima omogućuje preciznije stvaranje shema parenja budućih selekcijskih kandidata. Provedba navedenih procedura omogućuje bolju kontrolu uzgoja u srodstvu, posebice u manjim populacijama autohtonih pasmina poput banijske šare svinje.

1.1. Cilj rada

Cilj rada je procijeniti i opisati genetske i populacijske parametre banijske šare svinje, te primijeniti metodu selekcije s optimalnim doprinosima u svrhu postizanja istovremenog genetskog napretka i kontrole uzgoja u srodstvu u tri različita scenarija.

2. Pregled literature

2.1. Banijska šara svinja

Banijska šara pasmina svinja nastala je u 19. stoljeću te je bila rasprostranjena na širokom području srednje Hrvatske, a zbog dobrih uzgojnih svojstava bila je tražena i u krškim područjima te na jugu Hrvatske (Ozimec 2011.). Nastanak banijske šare pasmine može se podijeliti na dva razvojna razdoblja. U prvom razdoblju krajem 19. stoljeća banijska šara pasmina razvijala se križanjem domaćih bijelih krmača s visećim ušima i/ili krmača turopoljskih svinja s nerastima engleske pasmine crnog berkšira (Šalamon i sur. 2019.). U drugom razdoblju tijekom Drugog svjetskog rata banijska šara svinja se oplemenjivala križanjem s njemačkom oplemenjenom svinjom. Ozimec (2011.) navodi da je ova pasmina bila dominantna pasmina u uzgoju na području Banovine, posebno u Glini i Petrinji, gdje je nakon turopoljske svinje predstavljala osnovu za razvoj mesno-prerađivačke industrije Gavrilović do kraja 19. stoljeća. Nakon razdoblja stagnacije u uzgoju, populacija je tek prije nekoliko godina priznata i trenutno je u procesu postizanja samoodrživosti pasmine. Pasmına je 2018. godine uvrštena na Popis pasmina, sojeva i hibrida domaćih životinja koje se uzgajaju u Republici Hrvatskoj te je također uvrštena na Popis izvornih i zaštićenih pasmina i sojeva domaćih životinja u Republici Hrvatskoj 2018. godine (NN 26/2019). Banijska šara svinja je priznata primarno s ciljem očuvanja te održavanja pasmine uz povećanje broja jedinki na razini populacije uz ideju promoviranja pasmine na europskom tržištu. U razdoblju od 2014. do 2017. godine broj uzgajivača banijske šare svinje je narastao sa 4 na 17, a efektivna veličina populacije s 3,50 na 53,55 (Ministarstvo poljoprivrede 2022.). U 2017. godini pasmina je iz statusa kritično ugrožene pasmine prešla u status visoko ugrožene pasmine. Priznavanjem banijske šare svinje 2018. godine broj uzgajivača porastao je na 20, a efektivna veličina populacije iznosila je 86,71. U 2020. godini broj uzgajivača iznosio je 33 sa 169 rasplodnih grla (30 nerasta i 139 krmača) i efektivnom veličinom populacije 98,70. Banijska šara svinja je u 2019. godini prešla iz statusa visoko ugrožene pasmine u status ugrožene pasmine (Ministarstvo poljoprivrede 2022.) te uzgoj ove pasmine prati lagani trend rasta broja uzgajivača i rasplodnih grla. Prema Ozimec (2011.) banijska šara pasmina svinja spada u kombinirane pasmine, ima srednje veliku glavu s blago uleknutom nosnom linijom i srednje velikim, obješenim ušima te s dugačkim i dubokim tijelom. Koža ove pasmine je žutosive boje s velikim i nepravilnim crnim mrljama neujednačeno smještenim po tijelu. Ranozrela je pasmina, prema Škorput i sur. (2020.) prosječna plodnost banijske šare svinje iznosi 7,06. Isti autori navode da je prosječna plodnost banijske šare svinje veća nego u crne slavonske i turopoljske svinje, koja u prosjeku iznosi 6,12 za crnu slavonsku svinju (Škorput i sur. 2014.) i 4,47 za turopoljsku svinju (Karolyi i sur. 2018.). Pasmına se odlikuje odličnim iskorištavanjem ispaše te ima dobra proizvodna svojstva, pri čemu u tovu odrasle jedinke dosežu 200 i više kilograma (Ozimec 2011.). Ova pasmina je izrazito pogodna za ekstenzivan i polu ekstenzivan način držanja, te se trenutno prema dostupnim podacima Hrvatske agencije za poljoprivredu i hranu

uzgaja na području Sisačko-moslavačke, Bjelovarsko-bilogorske, Zagrebačke, Zadarske, Požeško-slavonske i Vukovarsko-srijemske županije (HAPIH 2022.).



Slika 2.1. Banijska šara svinja

Izvor: Banka gena domaćih životinja- Ministarstvo poljoprivrede

<https://baq.mps.hr/hrvatske-izvorne-i-zasticene-pasmine/banijska-sara/> - pristup 10.05.2022.

2.2. Genetska struktura banijske šare svinje

Tijekom druge polovice 20. stoljeća u Republici Hrvatskoj autohtone pasmine zamijenjene su visoko proizvodnim pasminama. Navedeno je rezultiralo drastičnim smanjenjem veličine populacija autohtonih pasmina te je došlo do pojave procesa uskog grla unutar populacija (Lukić i sur. 2015.). Proces uskog grla uvjetuje smanjenje tzv. „genetskog bazena“ populacije što rezultira gubitkom alela ili varijanta gena koji su bili prisutni unutar populacije prije pojave procesa. Zbog toga preostala populacija ima vrlo nisku razinu genetske raznolikosti te populacija u cjelini ima nižu razinu genetskih karakteristika. Nakon procesa uskog grla preostala populacija se suočava s pojavom genetskog pomaka (drifta) što opisuje slučajne fluktuacije u prisutnosti alela u populaciji. Prema Oldenbroek i van der Waaij (2014.) genetski pomak uzrokuje promjene frekvencije alela, što rezultira povećanjem frekvencije jednog alela, na račun drugog alela. Isti autori navode da je vjerojatnije da životinje postanu homozigotne za alel s najvećom frekvencijom, te postaju sličnije na genetskoj razini. Genetski pomak na taj način povećava srodnost životinja i dovodi do fiksiranja alela u populaciji (Oldenbroek i van der Waaij 2014.). Male veličine populacija također uvjetuju pojavu visokog koeficijenta uzgoja u srodstvu i smanjenog fitnesa jedinki unutar populacije. S obzirom da lokalne pasmine svinja predstavljaju ekonomsku i genetsku vrijednost kao i kulturno nasljeđe Republike Hrvatske, očuvanje njihove genetske raznolikosti i praćenje njihove genetske strukture od iznimne je važnosti za provedbu uzgojnih programa u budućnosti. Za opisivanje genetske strukture i varijabilnosti navedenih

populacija koriste se podatci iz rodovnika te informacije zasnovane na DNA (genetski markeri). Prema Čandek- Potokar i sur. (2019.) očuvanje autohtonih pasmina svinja se temelji na očuvanju njihove genetske raznolikosti te bi se razina uzgoja u srodstvu unutar takvih populacija trebala svesti na minimum.

Prema dosadašnjim istraživanjima i dostupnoj literaturi Škorput i sur. (2018.) navode da je koeficijent uzgoja u srodstvu dobiven analizom mikrosatelitnih markera (5,6%) viši u odnosu na koeficijent uzgoja u srodstvu dobiven analizom rodovnika koji iznosi 3,68%. Nastala razlika se pripisuje nedovoljnoj cjelovitosti podrijetla.

Tablica 2.2.1. Prikaz rezultata dobivenih analizom rodovnika referentne populacije banijske šare pasmine svinja

| Parametri genetske raznolikosti | Rezultati |
|---|-----------|
| Prosječni koeficijent uzgoja u srodstvu | 3.68% |
| Prosječna srodnost | 9.32% |
| ΔF | 1.74% |
| N_e | 28.81 |

ΔF - stopa uzgoja u srodstvu; N_e – efektivna veličina populacije

Izvor: Škorput i sur. (2018.)

Utvrđene vrijednosti usporedive su s koeficijentima uzgoja u srodstvu u populacijama lasaste (3,29%), bijele (3,86%) i crvene (5,02%) mangulice (Posta i sur. 2006.). Mjere koje opisuju gubitak genetske raznolikosti u populaciji su prosječna srodnost između jedinki te promjena koeficijenta uzgoja u srodstvu po generaciji. Isti autori navode da je prosječna srodnost u populaciji iznosi 9,32% što je viša vrijednost u odnosu na prosječnu srodnost u sličnih pasmina, primjerice krškopoljske svinje (5%) (Malovrh i sur. 2012.). Efektivni broj začetnika je 9 što upućuje na nisku genetsku raznolikost unutar populacije, dok je efektivna veličina populacije iznosila 28,21. Niske efektivne veličine populacija karakteristične su za autohtone pasmine, te su usporedive s drugim europskim pasminama, poput talijanske autohtone Nero di Parma pasmine (7,68), Cinta Senese (40,32) i Mora Romagnola (10,87) (Corveti i sur. 2013.). Prosječna opažena heterozigotnost banijske šare svinje iznosila 0,585, a broj alela po lokusu 5,913 što ukazuje na prisutnost genetske raznolikosti analiziranog uzorka. Šalamon i sur. (2018.) također navode da je opažena heterozigotnost banijske šare svinje 0,58. Banijska šara svinja najmlađa je registrirana izvorna pasmina u Hrvatskoj. Prema (Ceranac i sur. 2021.) kako bi se potaknula samoodrživost pasmine, potrebno je poduzeti korake koji će omogućiti identifikaciju pripadnosti grla pasmini, provoditi plan sparivanja koji će istovremeno omogućiti genetski napredak u ekonomski važnim svojstvima (npr. svojstva kakvoće mesa) i spriječiti značajno povećanje uzgoja u srodstvu.

2.3. Uzgoj u srodstvu i koeficijent uzgoja u srodstvu

Prema Oldenbroek i van der Waaij (2014.) uzgoj u srodstvu predstavlja rezultat parenja dvije jedinke koje su međusobno srodne. Razina uzgoja u srodstvu potomaka ovisi o razini srodstva između njegovih roditelja te o vjerojatnosti da će oboje roditelja prenijeti isti alel na svoje potomstvo. Uzgoj u srodstvu ima za posljedicu stvaranje homozigotnih jedinki, a samo povećanje homozigotnosti među jedinkama ovisi o stupnju srodstva između jedinki koje se međusobno pare kao što je prikazano u tablici 2.3.1.

Tablica 2.3.1. Povećanje homozigotnosti ovisno o stupnju srodstva i načinu parenja

| Generacija | Braća x sestre | Roditelji x potomci | Polubraća x polusestre |
|------------|-------------------|------------------------|---------------------------|
| 1 | 0,250 | 0,250 | 0,125 |
| 2 | 0,375 | 0,375 | 0,219 |
| 3 | 0,500 | 0,500 | 0,305 |
| 4 | 0,594 | 0,594 | 0,381 |
| 5 | 0,672 | 0,672 | 0,449 |

Izvor: Uremović i Uremović, 1997.

Također, postoji mogućnost da su potomci naslijedili oba alela koji su kopije alela kojeg posjeduje zajednički predak roditelja (Wolliams i sur. 2015.). Kada se navedeno dogodi, potomstvo je od roditelja naslijedilo dva alela koji su identični po porijeklu (IBD, eng. „identity by descent“). Što više je ovakvih petlji prisutno u rodovniku jedinke i što su te petlje kraće, veća je vjerojatnost da će se IBD pojaviti (Falconer i Mackay 1996.). Kao referentna točka pretpostavlja se da su u osnovnoj generaciji rodovnika jedinke svi aleli različiti, tj. prisutno je 2N različitih alela po lokusu među ukupnim N brojem roditelja u osnovnoj generaciji. Navedeno omogućuje izračunavanje i klasificiranje vjerojatnosti pojave alela identičnih po porijeklu na lokusu u sljedećim generacijama uz pretpostavku da je lokus neutralan i nema utjecaja selekcije. Odnosno, aleli na lokusu nemaju selektivnu prednost te nisu povezani s takvim lokusima. Navedena vjerojatnost se još naziva koeficijentom uzgoja u srodstvu. Razina uzgoja u srodstvu može se izraziti koeficijentom srodstva koji se izvodi iz rodovnika, a predstavlja kvantitativnu mjeru srodnosti. U koeficijente srodstva spadaju koeficijent uzgoja u srodstvu (F_x) i koeficijent rodbinstva (f_{xy}). Koeficijent uzgoja u srodstvu pokazuje kolika je prosječna vjerojatnost da dvije jedinke koje imaju jednog ili više zajedničkih predaka imaju jednaku genetsku osnovu, odnosno predstavlja vjerojatnost da su dva alela jednog gen lokusa identični po porijeklu, tj. da je određeni gen lokus autozigotan. Vrijednosti koeficijenta uzgoja u srodstvu kreću se između 0 (0%, jedinka nije inbred) i 1 (100%, jedinka je inbred). Koeficijent uzgoja u srodstvu se izražava prema formuli:

$$F_x = \sum \left(\frac{1}{2}\right)^n + (1+F_A)$$

pri čemu n predstavlja broj jedinki na putu od jednog roditelja preko zajedničkog pretka do drugog roditelja, F_A predstavlja koeficijent uzgoja u srodstvu zajedničkog pretka.

Dva su uzroka pojave uzgoja u srodstvu: uzgoj u srodstvu zbog genetskog pomaka i uzgoj u srodstvu zbog ne-nasumičnog sparivanja životinja. Genetski pomak uzrokuje smanjenje ili gubitak genetske raznolikosti zbog gubitka alela, te dovodi do povećanja homozigotnosti što se također naziva neizbježnim uzgojem u srodstvu (Oldenbroek i van der Waaij 2014.).

Uzgoj u srodstvu vrlo često dovodi do pojave depresije u ekonomski važnim svojstvima. Prema Köck i sur. (2009.) depresija uslijed uzgoja u srodstvu uzrokuje smanjenje učinkovitosti potomaka jedinki koje su parene u srodstvu, odnosno dolazi do povećanja homozigotnosti i smanjenja heterozigotnosti što rezultira pojavom smanjivanja fenotipske manifestacije nekih svojstava. Prema DeRose i Roff (1999.) depresija uslijed uzgoja u srodstvu najteže utječe na osobine koje su usko vezane uz fitnes jedinke. Saura i sur. (2015.) su proveli istraživanje na razini genoma populacije iberijske svinje u kojem su utvrdili da je depresija zbog uzgoja u srodstvu u populaciji svinja vrlo visoka te ima negativan efekt na broj živooprasene prasadi i ukupan broj oprasene prasadi. Isti autori navode da je smanjenje broja prasadi u leglu poraslo za 10%. Depresija uslijed uzgoja u srodstvu također uvjetuje smanjenu otpornost životinja, slabija proizvodna svojstva- prirast, konverziju hrane i mliječnost. Veličina efektivne populacije utječe na uzgoj u srodstvu. Prema Falconer i Macay (1989.) veličina efektivne populacije predstavlja broj jedinki uzgajanih u idealnoj populaciji potrebnih za ostvarenje trenutnog stupnja uzgoja u srodstvu. Efektivna veličina populacije određuje stopu promjene u sastavu populacije uzrokovanu genetskim pomakom, što predstavlja slučajno uzorkovanje genetskih varijanti u konačnoj populaciji (Charlesworth 2009.). Efektivna veličina populacije je ključna u određivanju razine varijabilnosti u populaciji i učinkovitosti selekcije u odnosu na genetski pomak. U manjim populacijama kao što su autohtone pasmine svinja češće se javlja problem uzgoja u srodstvu te je u takvim populacijama vrlo važno održavanje zadovoljavajuće veličine efektivne populacije. Međutim, provođenjem planskog sparivanja uz kontrolu podrijetla rezultira manjim povećanjem stupnja uzgoja u srodstvu. Također, planiranjem shema sparivanja životinja postiže se održiva stopa rasta uzgoja u srodstvu.

2.4. Genetski doprinosi i njihova optimizacija

Genetske doprinose (eng. genetic contributions) prvi put su formalizirali James i McBride (1958.) te su potaknuli razvoj metoda koje pružaju učinkovitu kombinaciju maksimiziranja genetskog napretka uz istovremeno upravljanje uzgojem u srodstvu i gubitkom genetske varijabilnosti. Prema Wooliamsu i sur. (2015). ideja genetskih doprinosa proizašla je iz genetskih značajki uzgojnih programa: genetskog napretka, povećanja uzgoja u srodstvu i svih povezanih pojava kao npr. ishod mutacija. James i McBride (1958.) koristili su genetske doprinose kako bi odvojili utjecaje slučajnosti, prirodne selekcije i umjetne selekcije na populaciju i zaključili da su genetski dobici postignuti kroz selektivni uzgoj. Wooliams i sur. (2015.) navode da je druga važna komponenta doprinosa odnos između dugoročnih doprinosa i stope uzgoja u srodstvu (ΔF). Dugoročni genetski doprinos predstavlja mjeru srodstva u populaciji zbog toga što jedinke dijele zajedničkog pretka, odnosno nakon niza generacija (gotovo) sve životinje unutar populacije posjeduju alele identične po porijeklu. Zbog toga intenzitet parenja jedinki može imati nepovratne posljedice na stopu uzgoja u srodstvu u budućim generacijama. Genetski doprinosi genetski superiornijih životinja proširit će se unutar populacija i ostati fiksirani u jednakim omjerima za svaku jedinku. Oldenbroek i van der Waaij (2014.) navode da postoji veza između dugoročnog genetskog doprinosa životinje u populaciji i stope uzgoja u srodstvu. Vrijednost koeficijenta uzgoja u srodstvu (F_x) ovisit će o generaciji koja je odabrana da predstavlja osnovnu generaciju (nukleus) te će promjene osnovnih vrijednosti F_x unutar zatvorene populacije, neovisno koliko velika populacija bila, rezultirati jedinkama čije F_x vrijednosti prelaze bilo koju graničnu vrijednost (<1) (Wooliams i sur. 2015.). Stopa promjene po kojoj se mijenja veza između srodnosti jedinki i koeficijenta uzgoja u srodstvu također ima važnu ulogu u fitnessu populacije. Navedena stopa uzgoja u srodstvu (ΔF) određuje i efektivnu veličinu populacije po formuli: $N_e = (2 \Delta F)^{-1}$. Wooliams i sur. (2015.) navode da postoji nekoliko razloga zbog kojih bi se trebalo upravljati stopom uzgoja u srodstvu (ΔF): ΔF je izravno povezan s stopom gubitka genetske varijabilnosti u populaciji, stopom gubitka heterozigotnosti, utjecaja inbriding depresije, koliko se brzo štetni aleli mogu proširiti unutar populacije te vjerojatnost gubitka povoljnih mutacija koje se pojavljuju u populaciji i mogućnost predviđanja buduće dobiti. Isti autori navode da postoji konflikt između povećanja genetskog napretka (ΔG) i upravljanja stopom uzgoja u srodstvu (ΔF). Genetski napredak (ΔG) definira se kao poboljšanje prosječne genetske vrijednosti u populaciji ili poboljšanje u prosječnoj fenotipskoj vrijednosti zbog selekcije unutar populacije tijekom ciklusa uzgoja (Hazel i Lush 1942). Genetski napredak se izražava po generaciji prema formuli:

$$\Delta G = \frac{R}{L} = \frac{i \cdot r_{IH} \cdot \sigma_a}{L}$$

Genetski napredak može se povećati selekcijom, međutim, Wooliams i sur. (1993.) navode povećanje ΔF kako se povećava intenzitet selekcije u populaciji te

promjene u vrijednostima ΔF mogu biti previše ekstremne. Drugi način povećanja genetskog napretka je povećanje točnosti (ρ) procijenjene uzgojne vrijednosti. Za povećanje točnosti uključuju se podatci srodnika (braće i sestara) unutar najboljeg linearnog predviđanja (BLUP, eng. „best linear unbiased prediction“), no ovaj način također dovodi do značajnih povećanja ΔF vrijednosti (Bijma i Wooliams 2000.). Metoda BLUP-a teži odabiru životinja koje su visoko srodne s genetski najboljim životinjama unutar referentne populacije što dovodi do toga da su odabrane jedinke za selekciju više srodne u odnosu na prosjek u populaciji (Sonesson i sur. 2012.). S druge strane, vrlo niske vrijednosti ΔF ukazuju na vrlo nisku razinu selekcije i nedovoljno iskorištene genetske resurse (Wooliams i sur. 2015.). Previsoka stopa uzgoja u srodstvu dovodi do neučinkovite promjene prosjeka populacije u pogledu iskorištavanja dostupne genetske varijabilnosti. Kohl i sur. (2020.) navode da su sredinom 20. st. stope uzgoja u srodstvu bile gotovo bez nadzora, dok je glavni cilj bio maksimizirati genetski napredak (ΔG) kod većine pasmina mliječnih goveda. Isti autori također navode da navedene posljedice uključuju smanjenu plodnost i kondiciju, kao i fenotipsku ekspresiju letalnih alela. Prema Wooliams i sur. (2015.) shema uzgoja bi trebala biti blizu ciljane stope uzgoja u srodstvu te bi se trebalo nastojati postići maksimalnu genetsku dobit. Isti autori navode da bi se postigao zadani cilj, potrebno je utvrditi kako najbolje upravljati selekcijom unutar uzgojnog programa te je potrebno maksimizirati ΔG uz istovremeno održavanje ciljanog ΔF .

2.5. Metoda selekcije s optimalnim doprinosima

Selekcija rasplodnih životinja na optimalan način ima važnu ulogu u svrhu upravljanja dostupnim genetskim resursima u populaciji. Metoda selekcije s optimalnim doprinosima predstavlja skup postupaka temeljenih na algoritmima optimizacije s ciljem postizanja ravnoteže između genetskog dobitka za osobine od interesa u populaciji i gubitka genetske raznolikosti. Pri uporabi navedene metode potrebno je izračunati optimalni genetski doprinos svakog selekcijskog kandidata, te koliki će genetski doprinos taj kandidat imati u sljedećoj generaciji. Prema Meuwissenu (1997.) od svojeg otkrića, selekcija s optimalnim doprinosima (OCS, eng. „optimal contribution selection“) predstavlja zlatni standard za maksimiziranje genetskog napretka uz ograničavanje stope uzgoja u srodstvu na unaprijed definiranu razinu. Praktična provedba navedene metoda kod svinja još uvijek je rijetka, no prema (Kohl i sur. 2020.) uspješno se primjenjuje kod mliječnih pasmina goveda. Tradicionalna uporaba OCS-a usredotočena je na maksimiziranje procijenjene uzgojne vrijednosti (Wellman i sur. 2019.) Wellman i sur. (2012.) navode da bi kod pasmina s povijesnom introgresijom standardna uporaba OCS-a dovela do pojačane selekcije introgresiranih alela, budući da su nositelji navedenih alela manje povezani s populacijom i superiorniji u pogledu uzgojnih vrijednosti. Navedeno se odnosi na činjenicu da je tijekom razvojnog razdoblja autohtonih pasmina vrlo često introducirana komercijalna pasmina sa superiornom genetskom strukturom. Isti autori navode da bi autohtone pasmine mogle genetski izumrijeti ako se upotrebljava standardna OCS metoda. Međutim, u populacijama autohtonih pasmina u kojima je primarni cilj očuvanje genetske

raznolikosti, algoritmi optimizacije se mogu koristiti bez uporabe uzgojne vrijednosti, što omogućuje kontrolirano povećanje uzgoja u srodstvu u populaciji. Prema Gourdiine i sur. (2012.) kod lokalnih pasmina, selekcija s optimalnim doprinosima se može primijeniti kako bi se kontrolirala stopa uzgoja u srodstvu i kako bi se izbjegao smanjen učinak svojstava s visokom tržišnom vrijednosti. Autohtone pasmine imaju ekonomske nedostatke u odnosu na komercijalne pasmine, no prema Meuwissen (2009.) profitabilnost pasmine pridonosi njezinim izgledima za očuvanje.

3. Materijali i metode

Istraživanje je provedeno na osnovi podataka veličine legla banijske šare svinje preuzetih iz baze podataka Hrvatske agencije za poljoprivredu i hranu. Set podataka je sadržavao 623 zapisa legla o broju živorođenih prasadi. Uz osnovne podatke (identifikacijski broj krmača i informacija o broju živorođene prasadi), zapisi o pojedinačnom prasenju sadržavali su i podatke o stadu, prasenju (od jedan do deset), servisnom nerastu i sezoni parenja (interakciji godine i sezone). Nakon kontrole kvalitete podataka zapisi su sadržavali ukupno 31 sezonu parenja, 11 stada i 71 razinu servisnih nerasta. Osnovni podatci o broju živooprasene prasadi prikazani su u tablici 3.1.

Tablica 3.1. Prikaz osnovnih podataka o broju živooprasene prasadi u populaciji banijske šare svinje

| N | Prosjek | SD | CV | Min | Max |
|-----|---------|------|-------|-----|-----|
| 623 | 6,84 | 2,61 | 38,12 | 0 | 15 |

Podatci o rodovniku populacije izrađeni su na temelju podataka svinja koji su sadržavali njihove fenotipske vrijednosti te ukupno sadrže 323 životinje.

3.1. Parametri populacije

Osnovna struktura rodovnika određena je pomoću CFC softvera (Sargolzaei i sur. 2006.) te je prikazana u tablici 3.1.1.

Tablica 3.1.1. Struktura rodovnika banijske šare svinje

| Podatak | N |
|-----------------------------------|-----|
| Krmače s evidencijom | 265 |
| Ukupan broj životinja | 323 |
| Broj jedinki uzgojenih u srodstvu | 104 |
| Začetnici | 110 |
| Ne-začetnici | 213 |
| Ukupan broj očeva | 46 |
| Ukupan broj majki | 69 |

Kvaliteta rodovnika je određena koristeći:

- Broj potpuno praćenih generacija (eng. „Number of fully traced generations“- NTG)- predstavlja broj generacija koje odvajaju jedinku od njezinog najdaljeg pretka
- Maksimalan broj potpunih generacija (eng. „Maximum number of complete generations“- NCG)- identificira najudaljeniju generaciju s dva poznata predaka
- Broj istovrijednih cjelovitih generacija (eng. „Number of equivalent complete generations“- NECG)- izražava zbroj svih poznatih predaka računajući koliko je ukupno generacija je praćeno. Prema Maignel i sur. (1996.) izračunava se za one jedinke koje imaju barem jednog poznatog roditelja.

Izračunati su sljedeći parametri populacije:

- Koeficijent uzgoja u srodstvu (F)- određen je izračunom F, te primjenom Cholesky faktorizacije matrice srodstva koju su predložili Meuwissen i Luo (1992.).
- Prosječna stopa povećanja zajedničkog podrijetla (Cervantes i sur. 2011.)
- Prosječno srodstvo jedinki
- Efektivna veličina populacije izračunata prema formuli:

$$\Delta c_{ij} = 1 - \frac{g_i + g_j}{2} \sqrt{1 - c_{ij}}$$

Pri čemu c_{ij} predstavlja srodstvo između i i j , a g_i, g_j predstavljaju brojeve koji su ekvivalentni potpunim generacijama jedinki i i j .

Za analizu navedenih parametara korišten je OptiSel paket (Wellmann 2019.) u programskom softveru R (R Core Team 2020.). Genetski parametri za broj živorođene prasadi (NBA) procijenjeni su pomoću modela ponovljivosti jednog svojstva:

$$y_{ijklmno} = \mu + S_i + P_j + B_k + H_l + p_{im} + a_n + e_{ijklmno}$$

pri čemu se učinci sezone parenja (S_i), plodnosti (P_j), servisnih nerastova (B_k) i stada (H_l) smatraju učincima fiksne klase. U matričnoj notaciji model s ponavljanjem može se napisati kao:

$$y = X\beta + Z_p p + Z_a a + e$$

gdje y predstavlja vektor opažanja, X je matrica opažanja za fiksne učinke, β je vektor nepoznatih parametara za fiksne učinke, Z_p i Z_a su matrice događaja za trajni okolišni i aditivni genetski učinak, p i a su odgovarajući vektori parametara za slučajne učinke, a vektor e predstavlja ostatak. Također, pretpostavljena je sljedeća struktura kovarijance:

$$\text{var} \begin{bmatrix} p \\ a \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} I_p \sigma_p^2 & 0 & 0 \\ 0 & A \sigma_a^2 & 0 \\ 0 & 0 & I_e \sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

Procjena komponenti varijance za broj živooprašene prasadi (NBA) temeljila se na metodi maksimalne vjerojatnosti primjenom programskog paketa VCE-6 (Groeneveld i sur. 2008.). Uzgojne vrijednosti za NBA procijenjene su s istim statističkim modelom.

3.2. Selekcija s optimalnim doprinosima

Za točnost provedbe selekcije s optimalnim doprinosima kandidati su odabrani iz matične knjige banijske šare svinje prema sljedećim kriterijima:

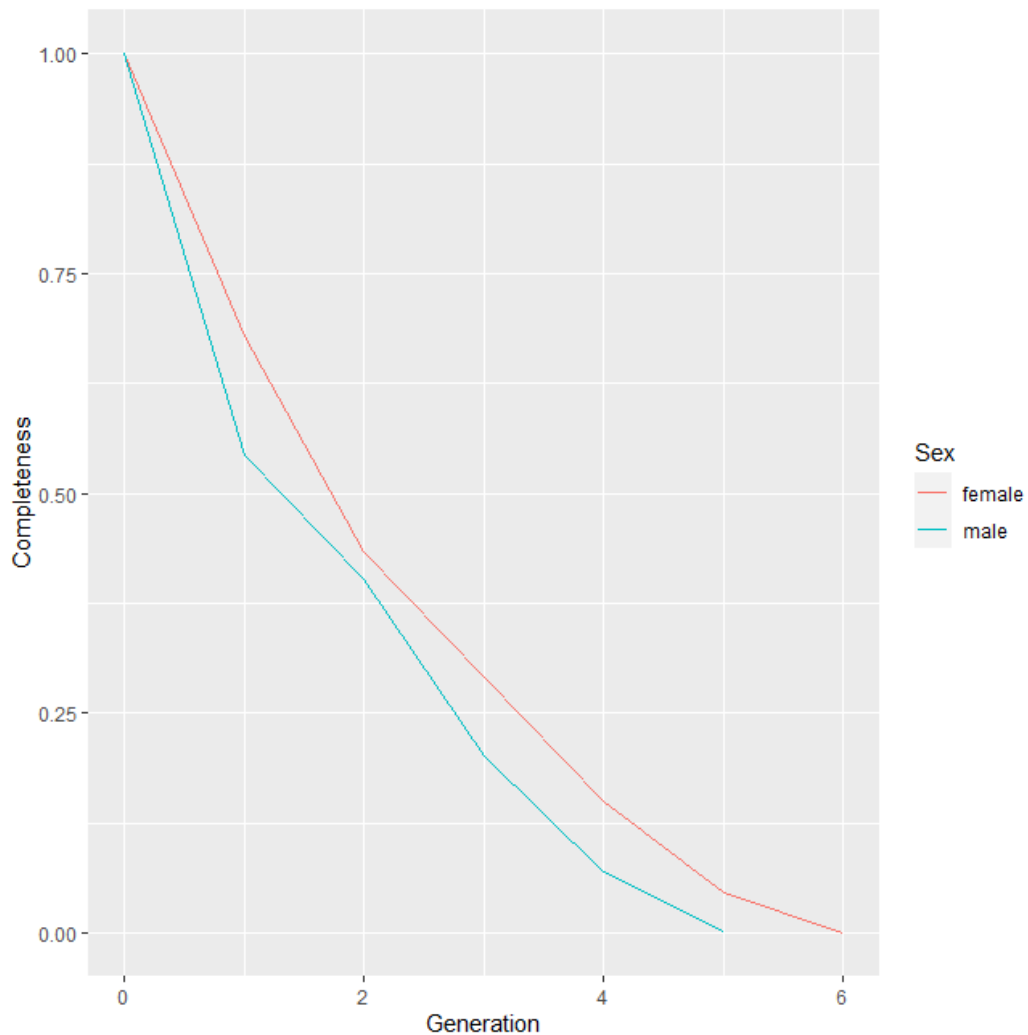
- životinje su još žive, jer u matičnoj knjizi nema datuma izlučivanja iz uzgoja
- životinje imaju dovoljnu cjelovitost rodovnika (broj ekvivalentnih generacija je veći od 2)
- životinje imaju procijenjenu uzgojnu vrijednost

Optimalni genetski doprinosi određeni su u tri različita scenarija. Prvi scenarij bio je primjena tradicionalne selekcije s optimalnim doprinosima maksimiziranjem uzgojne vrijednosti u potomstvu (Meuwissen 1997.) za broj živooprašene prasadi. Drugi scenarij bio je minimizirati uzgoj u srodstvu minimiziranjem prosječnog srodstva u populaciji uzimajući u obzir i uzgojne vrijednosti jedinki, budući da uzgoj u srodstvu proizlazi iz parenja srodnih roditelja. Treći scenarij bio je minimizirati uzgoj u srodstvu minimiziranjem prosječnog srodstva u populaciji bez uzgojnih vrijednosti jedinki. Problemi optimizacije riješeni su pomoću CCCP alata kojeg sadrži R paket OptiSel (Wellmann 2019.). Paket sadrži rutine za rješavanje konusno ograničenih konveksnih problema korištenjem metoda unutarnje točke koje su djelomično prenesene iz Pythonovog CVXOPT-a i temeljene na Nesterov-Todd skaliranju (Vandenberghe 2010.). Alat za rješavanje koristi tzv. primarno-dvostruki put slijedeći algoritme za linearno i kvadratno konusno ograničeno programiranje.

4. Rezultati i rasprava

Izračunati parametri genetske raznolikosti pokazali su značajan nedostatak genetske raznolikosti što je prikazano u tablici 4.1. Rodovnik banijske šare svinje karakterizira niska cjelovitost, što je posljedica provedbe rane faze konzervacijskog procesa ove pasmine. Procjenjena cjelovitost rodovnika banijske šare svinje prema dostupnim podacima je prikazana na slici 4.1. Izračunati koeficijent uzgoja u srodstvu ($F= 6,97\%$) za banijsku šaru svinju bio je visok u usporedbi sa sličnim autohtonim pasminama poput bijelog soja ($F= 3,86\%$), lasastog soja ($F= 3,29\%$) i crvenog soja mangulice ($F= 5,02\%$; Posta i sur. 2016) crne slavonske svinje ($F= 4,4\%$) (Gvozdanić i sur. 2020.), Alentejana pasmine ($F= 4,1\%$) i Bísara pasmine ($F= 4,5\%$, Munoz i sur. 2019.), Enterpelado soja ($F= 2,50\%$) i Retineto soja ($F=5,80\%$) iberijske pasmine (Casellas i sur. 2019.).

Slika 4.1. Prikaz cjelovitosti rodovnika banijske šare svinje po generacijama



Mjera koja daje bolji uvid u genetsku raznolikost populacije je promjena prosječnog srodstva među generacijama (Cervantes i sur. 2011.) i mjera efektivne veličine populacije. Prema FAO (2000.), efektivna veličina populacije ne smije biti manja od 50, a stopa uzgoja u srodstvu ne smije prelaziti 1%. Kao što je već spomenuto, banijska šara pasmina svinja smatra se pasminom s niskom genetskom raznolikošću, a primarni cilj uzgoja je usmjeren na očuvanje njezine genetske raznolikosti. Navedeno se postiže planiranjem shema sparivanja životinja kako bi se izbjeglo parenje jedinki koje su u srodstvu.

Tablica 4.1. Prikaz genetske raznolikosti banijske šare svinje izračunate iz rodovnika

| Varijabla | Vrijednost |
|---|------------|
| Prosječan maksimalni broj generacija praćenih unatrag | 4,12 |
| Prosječan broj potpunih generacija praćenih unatrag | 1,17 |
| Prosječan broj ekvivalentnih generacija | 2,20 |
| Koeficijent uzgoja u srodstvu (F), % | 6,97 |
| Prosječna stopa povećanja zajedničkog podrijetla (Δc) | 0,06 |
| Prosječno srodstvo jedinki (AR) | 0,05 |
| Efektivna veličina populacije (N_e) | 8,47 |

Analizom genetskih parametara za svojstvo broja živooprasene prasadi banijske šare svinje dobivena je veća vrijednost fenotipske varijance u odnosu na dostupne rezultate iz literature drugih autohtonih pasmina svinja poput crne slavonske svinje (Škorput i sur. 2014.) ili Bissaro svinje (Paixão i sur. 2019.), te je vrijednost fenotipske varijance bila bliža rezultatima modernih pasmina svinja (Ogawa i sur. 2018.). Procijenjena aditivna varijanca, koja predstavlja osnovu za selekciju kvantitativnih svojstava, bila je niža u odnosu na vrijednosti varijance modernih pasmina poput landrasa i velikog jorkšira (Ogawa i sur. 2018.): No, izračunata vrijednost aditivne varijance banijske šare svinje je bila viša u usporedbi s crnom slavonskom svinjom (Škorput i sur. 2014.), te je imala slične vrijednosti s različitim sojevima iberijske svinje (Noguera i sur. 2019.). Sa stajališta uzgajivača, aditivna varijanca i heritabilitet dobiveni u ovom istraživanju mogli bi omogućiti genetsko poboljšanje banijske šare svinje za svojstvo broja živooprasene prasadi, te posljedično povećati konkurentnost

pasmine. Također, navedeno omogućuje postizanje učinkovitijih i održivih proizvodnih svojstava ove pasmine.

Niske vrijednosti procjene trajnog utjecaja okoliša na jedinke su posljedica velikog broja dostupnih zapisa o leglu iz prvog prasenja te manjeg udjela zapisa iz svih sljedećih prasenja.

Tablica 4.2. Genetski parametri za broj živooprasene prasadi u populaciji banijske šare svinje

| Varijanca | σ^2_{ph} | σ^2_p | σ^2_a | σ^2_e |
|----------------------------|-----------------|--------------|--------------|--------------|
| | 6,16 | 0,00 | 0,42 | 5,74 |
| | | p^2 | h^2 | e^2 |
| Omjer fenotipske varijance | | 0,00 | 0,07 | 0,993 |

σ^2_{ph} - Fenotipska varijanca; σ^2_p - Varijanca trajnog okolišnog utjecaja, σ^2_a - Aditivna genetska varijanca; σ^2_e - Varijanca greške; p^2 - Omjer trajnog utjecaja okoliša; h^2 - Heritabilitet; e^2 - Omjer varijance greške

4.1. Optimalni genetski doprinosi

Kao što je već spomenuto, optimalni genetski doprinosi određeni su u tri različita scenarija: minimiziranje srodstva bez uzimanja u obzir uzgojnih vrijednosti, minimiziranje srodstva uzimajući u obzir i uzgojne vrijednosti jedinki, te maksimiziranje uzgojnih vrijednosti. Ukupno je odabrano 5 nerastova i 49 krmača za izradu sheme parenja koji će omogućiti minimiziranje uzgoja u srodstvu u idućoj generaciji. Zbog malog broja nerastova koji su odabrani kao selekcijski kandidati, također se upravljalo genetskim doprinosima ženskih kandidata. Parametri dobiveni provedbom prvog scenarija prikazani su u tablici 4.1.1. Prosječna uzgojna vrijednost za broj živooprasene prasadi (NBA) iznosila je -0.04, te stoga nije moguće ostvariti genetski napredak u populaciji provedbom prvog scenarija. No, prednost provedbe prvog scenarija predstavlja smanjeno prosječno srodstvo između jedinki u sljedećoj generaciji.

Tablica 4.1.1. Broj odabranih rasplodnih svinja, prosječno srodstvo u generaciji potomaka, minimalni i maksimalni doprinos nerasta i krmača minimiziranjem prosječnog srodstva populacije bez uzimanja u obzir uzgojnih vrijednosti jedinki

| BV | Broj odabranih kandidata (N/K) | F | Srodstvo | Maksimalan doprinos nerasta | Maksimalan doprinos krmača |
|-------|--------------------------------|------|----------|-----------------------------|----------------------------|
| -0,04 | 5/49 | 0,07 | 0,17 | 0,24 | 0,19 |

Uključivanjem procijenjenih uzgojnih vrijednosti u postupak optimizacije promijenila se distribucija selekcijskih kandidata, te je broj odabranih rasplodnih nerastova iznosio 5, a broj rasplodnih krmača se mijenjao ovisno o željenoj razini procijenjene uzgojne vrijednosti. Odnosno, s povećanjem procijenjene uzgojne vrijednosti, prosječno srodstvo jedinki i uzgoj u srodstvu su se povećali u idućoj generaciji što je prikazano u tablici 4.1.2.

Tablica 4.1.2. Broj odabranih rasplodnih svinja, prosječno srodstvo u generaciji potomaka, minimalni i maksimalni doprinos nerasta i krmača minimiziranjem prosječnog srodstva populacije uz uzimanje u obzir uzgojnih vrijednosti jedinki

| UV | Broj odabranih kandidata (N/K) | F | Srodstvo | Maksimalan doprinos nerasta | Maksimalan doprinos krmača |
|------|--------------------------------|------|----------|-----------------------------|----------------------------|
| 0,05 | 5/7 | 0,10 | 0,18 | 0,17 | 0,16 |
| 0,10 | 5/7 | 0,11 | 0,19 | 0,14 | 0,13 |
| 0,25 | 5/10 | 0,18 | 0,24 | 0,17 | 0,15 |

Pri korištenju tradicionalnog pristupa u postupku optimalnih genetskih doprinosa, odnosno maksimiziranje procijenjenih uzgojnih vrijednosti uz ograničenja na srodstvo jedinki, dobiva se najmanja gornja granica s vrijednošću 0,17 što je vidljivo u tablici 4.1.3. Također, prosječni koeficijent uzgoja u srodstvu se povećava u idućoj generaciji, te bi tradicionalni pristup s maksimiziranjem procijenjene uzgojne vrijednosti doveo do degradacije genetske raznolikosti u populaciji banijske šare svinje.

Tablica 4.1.3. Broj odabranih rasplodnih svinja, prosječno srodstvo u generaciji potomaka, minimalni i maksimalni doprinos nerasta i krmača pod različitim ograničenjima prosječnog srodstva jedinki uz korištenje tradicionalnog postupka genetskih doprinosa

| Gornja granica srodstva | Broj odabranih kandidata (N/K) | BV | F | Maksimalan doprinos nerasta | Maksimalan doprinos krmača |
|-------------------------|--------------------------------|------|------|-----------------------------|----------------------------|
| 0,17* | 5/7 | 0,05 | 0,09 | 0,17 | 0,15 |
| 0,25 | 5/8 | 0,24 | 0,19 | 0,24 | 0,19 |

*najmanja moguća gornja granica s rješenjem

Dobiveni rezultati upućuju na primarni cilj očuvanja genetske raznolikosti u uzgoju banijske šare svinje. No, uz očuvanje genetske raznolikosti, primjena optimizacijskih postupaka u populaciji banijske šare svinje omogućuje preciznije stvaranje shema parenja budućih selekcijskih kandidata. Praktična primjena optimizacijskih metoda nije široko rasprostranjena među populacijama svinja u odnosu na neke druge vrste životinja (npr. goveda), no njezina primjena može imati važnu ulogu, posebice u populacijama kojim prijeti smanjenje ili gubitak genetske raznolikosti poput banijske šare svinje. Primjena optimizacijskih metoda ima osobitu važnost ako se genetska procjena populacija provodi korištenjem metoda koje se temelje na podacima iz rodovnika kao što je nezavisno linearno predviđanje ili genomska selekcija, za koje se očekuje da će odabrati životinje s višim uzgojnim vrijednostima koje su također u većem međusobnom srodstvu (Wooliams i sur. 1999.). Također je u takvim situacijama potrebno planirati sheme parenja kako bi se izbjeglo parenje srodnih životinja čime se postiže ravnoteža između genetskog dobitka za osobine od interesa i gubitka genetske raznolikosti na razini populacije.

5. Zaključak

- U istraživanju provedenom na setu podataka od 623 zapisa legla o broju živorođenih prasadi određena je osnovna struktura rodovnika pomoću CFC softvera. Podatci o rodovniku populacije izrađeni su na temelju podataka svinja koji su sadržavali njihove fenotipske vrijednosti te ukupno sadrže 323 životinje.
- Specifični populacijski parametri banijske šare svinje pokazali su nisku razinu genetske raznolikosti uz visoke prosječne koeficijente uzgoja u srodstvu i nisku efektivnu veličinu populacije. Pri čemu je prosječan maksimalni broj generacija praćenih unatrag iznosio 4,12, koeficijent uzgoja u srodstvu (F) 6,97%, prosječno srodstvo jedinki (AR) 0,05 te efektivna veličina populacije 8,47. Dobiveni rezultati također upućuju na nisku cjelovitost rodovnika banijske šare svinje.
- Analizom genetskih parametara za svojstvo broja živooprasene prasadi banijske šare svinje dobivene vrijednosti izračunate aditivne varijance ($\sigma_a^2 = 0,42$) i heritabiliteta ($h^2 = 0,07$) omogućuju genetsko poboljšanje banijske šare svinje za svojstvo broja živooprasene prasadi, te daju mogućnost veće konkurentnosti banijske šare svinje na tržištu.
- Optimalni genetski doprinosi određeni su u tri različita scenarija: minimiziranje srodstva bez uzimanja u obzir uzgojnih vrijednosti, minimiziranje srodstva uzimajući u obzir i uzgojne vrijednosti jedinki, te maksimiziranje uzgojnih vrijednosti. Ukupno je odabrano 5 nerasta i 49 krmača za izradu sheme parenja.
- Zbog male ukupne i efektivne veličine populacije, primjena optimizacijskih metoda pokazala je da je genetsko poboljšanje moguće na račun gubitka genetske raznolikosti u populaciji. No, primjena optimizacijskih metoda rezultirala je nižom prosječnom srodnošću odabranih jedinki.
- Dobiveni rezultati upućuju na primarni cilj očuvanja genetske raznolikosti u uzgoju banijske šare svinje

6. Popis literature

1. Bijma P., Woolliams J.A. (2000). Prediction of rates of inbreeding in populations selected on best linear unbiased prediction of breeding value. *Genetics*. 15: 361-373.
2. Ceranac, D., Luković, Z., Škorput, D., (2021). Genetska raznolikost hrvatskih autohtonih pasmina. *Stočarstvo: Časopis za unapređenje stočarstva*, 75(1-2): 13-21.
3. Cervantes, I., Goyache, F., Molina, A., Valera, M., Guitérrez, J. P. (2011). Estimation of Effective Population Size from the Rate of Coancestry in Pedigreed Populations. *Animal Breeding and Genetics* 128, (1):56-63. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0388.2010.00881.x> (pristupljeno 4. srpnja 2022.)
4. Charlesworth, B., (2009). Effective population size and patterns of molecular evolution and variation. *Nature Reviews Genetics*, 10(3): 195-205.
5. Croveti, A., Sirtori, F., Pugliese, C., Franci, O., Bozzi, R., (2013). Pedigree analysis of Cinta Senese and Mora Romagnola breeds. *Acta Agriculturae Slovenica*, 4: 41-44.
6. Čandek-Potokar, M., Fontanesi, L., Lebret, B., Gil, J.M., Ovilo, C., Nieto, R., Fernandez, A., Pugliese, C., Oliver, M., Bozzi, R. (2019). Introductory chapter: Concept and ambition of project Treasure. In: *European pig breeds: diversity and performance. A study of Project Treasure*. IntechOpen, London, Ujedinjeno Kraljevstvo.
7. DeRose M.A., Roff D.A. (1999). A comparison of Inbreeding Depression in Life-History and Morphological Traits in Animals. *Evolution*. 53(4): 1288-1292.
8. Falconer, D.S., Mackay, T.F.C. (1996). *Introduction to Quantitative Genetics*. Longmans Green, Harlow, Essex, U.K.
9. Falconer, S. D., Mackay, T. F. C. (1989). *Introduction to quantitative genetics*. Longman, Essex, U.K., 3rd edition.
10. FAO (2000). *Secondary guidelines for development of national farm animal genetic resources management plans: Management of small populations at risk*. Rome: Food and Agriculture Organization.
11. Gourdine, J.L., Sørensen, A.C., Rydhmer, L. (2012). There is room for selection in a small local pig breed when using optimum contribution selection: a simulation study. *Journal of Animal Science*. 90(1): 76-84.
12. Groeneveld, E., Kovač, M., Mielenz, N. (2010). *VCE: User's Guide and Reference Manual, version 6.0*. Institute of Farm Animal Genetics, Neustadt, Germany.
13. Gvozdanović, K., Škorput, D., Djurkin Kušec, I., Salajpal, K., Kušec, G. (2020). Estimation of population differentiation using pedigree and molecular data in

- Black Slavonian pig. *Acta fytotechnica et zootechnica*, 23, 241-249. <https://doi.org/10.15414/afz.2020.23.mi-fpap.241-249> (pristupljeno 14. lipnja 2022.)
14. HAPIH (Hrvatska agencija za poljoprivredu i hranu) (2022). Godišnje izvješće za 2021. godinu. Svinjogojstvo. Osijek.
 15. Hazel, L.N., Lush, J.L., (1942). The efficiency of three methods of selection. *Journal of Heredity*, 33(11): 393-399.
 16. James, J.W., McBride, G. (1958). The spread of genes by natural and artificial selection in closed poultry flock. *Journal of Genetics*. (56): 55–62
 17. Karolyi D., Luković Z., Škorput D., Mahnet Ž., Klišanić V., Vnučec I., Salajpal, K., Bošnjak, A. (2018). Morphological and reproductive traits of Turopolje pig breeding sows: A preliminary evaluation. *Archivos de zootechnia* 68(1): 57-59.
 18. Köck, A., Fürst-Waltl, B., Baumung, R. (2009). Effects of inbreeding on number of piglets born total, born alive and weaned in Austrian Large White and Landrace pigs. *Archiv Tierzuht*. 52(1): 51-64.
 19. Kohl, S., Wellmann, R., Herold, P. (2020). Advanced optimum contribution selection as a tool to improve regional cattle breeds: a feasibility study for Vorderwald cattle. *Animal*. 14(1): 1-12.
 20. Lukić, B., Smetko, A., Mahnet, Ž., Klišanić, V., Špehar, M., Raguž, N., Kušec, G. (2015). Population genetic structure of autochthonous Black Slavonian Pig. *Poljoprivreda*. [online] 21(1), 28-32, <https://doi.org/10.18047/poljo.21.1.sup.5> (pristupljeno 10. svibnja 2022.)
 21. Maignel, L., Boichard, D., Verrier, E. (1996). Genetic variability of French dairy breeds estimated from pedigree information. *Interbull Bulletin* 14,49–54.
 22. Malovrh, S., Planinc, M., Kovač, M., (2012). Genetic structure of Krškopolje pig based on pedigree data. In *Proceedings of the 6th International Symposium on the Mediterranean Pig*, Cordoba, Spain, 12.
 23. Meuwissen, T. (1997). Maximizing the response of selection with a predefined rate of inbreeding. *Journal of Animal Science* 75, 934–940. <https://doi.org/10.2527/1997.754934x> (pristupljeno 20. lipnja 2022.)
 24. Meuwissen, T., Luo, Z. (1992). Computing inbreeding coefficients in large populations, *Genetics Selection Evolution* 24,305-313. DOI: <https://doi.org/10.1186/1297-9686-24-4-305> (pristupljeno 15. svibnja 2022.)
 25. Ministarstvo poljoprivrede (2022). < <https://stocarstvo.mps.hr/banka-gena-domacih-zivotinja-republike-hrvatske/> > Pristupljeno: 20. travnja 2022.
 26. Munoz, M., Bozzi, R., Garcia-Casco, J., Núñez, Y., Ribani, A., Franci, O., Garcia, F., Škrlep, M., Schiavo, G., Bovo, S., Utzeri, V.J. (2019). Genomic diversity, linkage disequilibrium and selection signatures in European local pig breeds assessed with a high density SNP chip. *Scientific reports*, 9(1): 1-14.

27. Narodne novine (2019). Odluka o Popisu izvornih i ugroženih pasmina domaćih životinja NN 26/2019 <https://narodne-novine.nn.hr/clanci/sluzbeni/2019_03_26_531.html>. Pristupljeno 12. svibnja 2022.
28. Ogawa, S., Konta, A., Kimata, M., Kazuo, I., Yoshinobu, U., Satoh, M. (2018). Estimation of genetic parameters for farrowing traits in purebred Landrace and Large White pigs. *Animals science journal* 90(1), 23-28. <https://doi.org/10.1111/asj.13120> (pristupljeno 14. lipnja 2022.)
29. Oldenbroek, K., Van der Waaij, L. (2014). Change in diversity: inbreeding. U: *Animal breeding and genetics for BCs students*. Center for Genetic Resources and Animal Breeding and Genomics group. Wageningen University and Research Centre, the Netherlands.
30. Ozimec R. (2011). Crno-šara banovinska svinja. U: *Zelena knjiga izvornih pasmina hrvatske* (Ozimec R., Marković D., Jeremić J.). Ministarstvo zaštite okoliša i prirode. Državni zavod za zaštitu prirode. Hrvatska poljoprivredna agencija. Nacionalni park Krka. Republika Hrvatska. Zagreb.
31. Paixão, G., Martins, A., Esteves, A., Payan-Carreira, R., Carolino, N. (2019). Genetic parameters for reproductive, longevity and lifetime production traits in Bísaro pigs. *Livestock science* 225,129-134. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2019.05.010> (pristupljeno 20. lipnja 2022.)
32. Posta, J., Szabó, P., Komlósi, I., (2016). Pedigree analysis of Mangalica pig breeds. *Annals of Animal Science*. 16(3):701.
33. R Core Team (2020). R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL <https://www.R-project.org/>.
34. Salajpal, K., Menčik, S., Šalamon, D., Karolyi, D., Klišanić, V., Mahnet, Ž., Škorput, D., Luković, Z. (2017). Revitalizacija uzgoja banijske šare svinje. University of Zagreb, Faculty of Agriculture.
35. Sargolzaei, M., Iwaisaki, H., Colleau, J.J. (2006). CFC: A tool for monitoring genetic diversity. 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. Belo Horizonte, Brazil.
36. Saura, M., Fernández, A., Varona, L., Fernández, A.I., de Cara, M.Á.R., Barragán, C., Villanueva, B., (2015). Detecting inbreeding depression for reproductive traits in Iberian pigs using genome-wide data. *Genetics Selection Evolution*. 47(1): 1-9.
37. Sonesson, A.K., Woolliams, J.A., Meuwissen, T.H.E. (2012). Genomic selection requires genomic control of inbreeding. *Genet. Sel. Evol.* 44: 27.
38. Šalamon, D., Margeta, P., Klišanić, V., Menčik, S., Karolyi, D., Mahnet, Ž., Škorput, D., Luković, Z., Salajpal, K. (2019). Genetic diversity of the Banija spotted pig breed using microsatellite markers. *Journal of Central European Agriculture*, 2019, 20(1): 36-42.

39. Šalamon, D., Margeta, P., Klišanić, V., Menčik, S., Karolyi, D., Mahnet, Ž., Škorput, D., Salajpal, K. (2018). Prelimilarno istraživanje genetske raznolikosti populacije banijske šare svinje mikrosatelitskim biljezima. 53rd Croatian and International Symposium on Agriculture. Vodice, Croatia. 223-224.
40. Škorput, D., Gorjanc, G., Đikić, M. :, Luković, Z. (2014). Genetic parameters for litter size in Black Slavonian pigs. Spanish Journal of Agricultural Research 12(1),89-97. <https://doi.org/10.5424/sjar/2014121-4299> (pristupljeno 10. svibnja 2022.)
41. Škorput, D., Gvozdanić, K., Klišanić, V., Menčik, S., Karolyi, D., Margeta, P., Kušec, G., Kušec, D. I., Luković, Z., Salajpal, K. (2018). Genetic diversity in Banija spotted pig: pedigree and microsatellite analyses. Journal of Central European Agriculture. 19(4): 871-876.
42. Škorput, D., Torček I., Menčik S., Mahnet Ž., Klišanić V., Karolyi D., Luković Z., Salajpal K. (2020). Čimbenici plodnosti krmača banijske šare svinje. 55. Međunarodni Simpozij Agronoma.. Vodice, Hrvatska. 389-392.
43. Uremović M., Uremović Z. (1997). Svinjogojstvo. Agronomski fakultet Sveučilišta u Zagrebu.
44. Wellmann, R. (2019). Optimum contribution selection for animal breeding and conservation: the R package optiSel. BMC bioinformatics. 20(1): 1-13.
45. Wellmann, R., Hartwig, S., Bennewitz, J., (2012). Optimum contribution selection for conserved populations with historic migration. Genetics Selection Evolution. 44(1): 1-11.
46. Woolliams JA, Bijma P, Villanueva B. (1999). Expected genetic contributions and their impact on gene flow and genetic gain. Genetics 153(2),1009-1020. <https://doi.org/10.1093/genetics/153.2.1009> (pristupljeno 22. lipnja 2022.)
47. Woolliams J.A., Wray N.R., Thompson R. (1993). Prediction of long-term contributions and inbreeding in populations undergoing mass selection. Genet. Res. 62: 231–242.
48. Woolliams, J.A., Berg, P., Dagnachew, B.S., Meuwissen, T.H.E., (2015). Genetic contributions and their optimization. Journal of Animal Breeding and Genetics. 132(2): 89-99.

Životopis

Dora Ceranac rođena je 08.05.1997. godine u Zagrebu. Osnovnoškolsko obrazovanje završila je 2011. godine u Zagrebu te iste godine upisuje Gimnaziju Lucijana Vranjanina u Zagrebu. Osnovnu glazbenu školu završila je 2009. godine. Srednjoškolsko obrazovanje završava 2015. godine polaganjem mature. Upisuje se na Agronomski fakultet sveučilišta u Zagrebu- smjer Animalne znanosti 2017. godine te 2020. godine stječe titulu sveučilišne prvostupnice (baccalaurea) inženjerke animalnih znanosti. Nakon završenog preddiplomskog studija upisuje diplomski studij Proizvodnja i prerada mesa na Agronomskom fakultetu sveučilišta u Zagrebu 2020. godine. Na drugoj godini diplomskog studija 2022. godine ostvaruje pravo na stipendiju Sveučilišta u Zagrebu kao student koji spada u kategoriju 10% najboljih studenata na studiju. Stručnu praksu u sklopu preddiplomskog studija obavlja na Agronomskom fakultetu, a u sklopu diplomskog studija u Hrvatskoj agenciji za poljoprivredu i hranu. Tijekom stručne prakse stječe kompetencije potrebne za rješavanje zadanog problema i donošenje odluka. Komunikativna je osoba, lako uči, sklona je timskom radu te teži napredovanju. Služi se programskim paketom „Microsoft Office“, te programima SAS i R Studio. Služi se engleskim jezikom u govoru i pismu na B2 razini, a razumijevanju i čitanju na C1 razini. Posjeduje vozačku dozvolu B kategorije. Također uz obrazovanje na fakultetu obavlja studentske poslove.