

UNIVERZA V LJUBLJANI
BIOTEHNIŠKA FAKULTETA
ODDELEK ZA ZOOTEHNIKO

Tamara GREGORČIČ

**OCENA VERJETNOSTI POJAVLJANJA ALELOV
GENA ZA KAPA KAZEIN NA OSNOVI
INFORMACIJ SORODNIKOV PRI GOVEDU**

MAGISTRSKO DELO

Magistrski študij - 2. stopnja

Ljubljana, 2015

UNIVERZA V LJUBLJANI
BIOTEHNIŠKA FAKULTETA
ODDELEK ZA ZOOTEHNIKO

Tamara GREGORČIČ

**OCENA VERJETNOSTI POJAVLJANJA ALELOV GENA ZA KAPA
KAZEIN NA OSNOVI INFORMACIJ SORODNIKOV PRI GOVEDU**

MAGISTRSKO DELO
Magistrski študij – 2. stopnja

**ESTIMATION OF ALLELE PROBABILITIES FOR KAPPA CASEIN
GENE USING PEDIGREE INFORMATION IN CATTLE**

M. SC. THESIS
Master Study Programmes

Ljubljana, 2015

Magistrsko delo je zaključek magistrskega študijskega programa druge stopnje Znanost o živalih. Delo je bilo opravljeno na Katedri za znanost o rejah živali, Oddelka za zootehniko Biotehniške fakultete Univerze v Ljubljani.

Komisija za študij 1. in 2. stopnje je za mentorja magistrskega dela imenovala doc. dr. Klemna Potočnika, za somentorja doc. dr. Gregorja Gorjanca in za recenzentko doc. dr. Špelo Malovrh.

Recenzentka: doc. dr. Špela Malovrh

Komisija za oceno in zagovor:

Predsednik: doc. dr. Silvester ŽGUR
Univerza v Ljubljani, Biotehniška fakulteta, Oddelek za zootehniko

Član: doc. dr. Klemen POTOČNIK
Univerza v Ljubljani, Biotehniška fakulteta, Oddelek za zootehniko

Član: doc. dr. Gregor GORJANC
Univerza v Ljubljani, Biotehniška fakulteta, Oddelek za zootehniko

Član: doc. dr. Špela MALOVRH
Univerza v Ljubljani, Biotehniška fakulteta, Oddelek za zootehniko

Datum zagovora: 12. 10. 2015

Podpisana izjavljam, da je naloga rezultat lastnega raziskovalnega dela. Izjavljam, da je elektronski izvod identičen tiskanemu. Na univerzo neodplačno, neizključno, prostorsko in časovno neomejeno prenašam pravici shranitve avtorskega dela v elektronski obliki in reproduciranja ter pravico omogočanja javnega dostopa do avtorskega dela na svetovnem spletu preko Digitalne knjižnice Biotehniške fakultete.

Tamara Gregorčič

KLJUČNA DOKUMENTACIJSKA INFORMACIJA

ŠD	Du2
DK	UDK 575:637.1(043.2)=163.2
KG	govedo/mleko/kapa kazein/molekularna genetika/alele/izražanje genov/verjetnost
AV	GREGORČIČ, Tamara dipl. inž. zoot. (UN)
SA	POTOČNIK, Klemen (mentor)/GORJANC, Gregor (somentor)
KZ	SI – 1230 Domžale, Groblje 3
ZA	Univerza v Ljubljani, Biotehniška fakulteta, Oddelek za zootehniko
LI	2015
IN	OCENA VERJETNOSTI POJAVLJANJA ALELOV GENA ZA KAPA KAZEIN NA OSNOVI INFORMACIJ SORODNIKOV PRI GOVEDU
TD	Magistrsko delo (Magistrski študij – 2. stopnja)
OP	X, 48 str., 14 pregl., 12 sl., 63 vir.
IJ	sl
JI	sl/en
AI	Namen magistrskega dela je bil oceniti verjetnost pojavljanja alelov A, B in E gena za kapa kazein sorodnikom genotipiziranih živali ob upoštevanju rodovniških informacij pri črno-beli, rjavi in lisasti populaciji goveda. Za ocenjevanje verjetnosti pojavljanja alelov je bilo v matriko sorodstva vključenih 5.050 živali. Rodovnik je bil skupen vsem populacijam. Poznan genotip je imelo 963 živali (46,1 % živali lisaste, 28,8 % živali rjave in 25,1 % živali črno-bele populacije). Pri črno-beli populaciji je bila ocena verjetnosti pojavljanja alela A $0,53 \pm 0,32$, alela B $0,13 \pm 0,17$ in alela E $0,00 \pm 0,04$. Pri rjavi populaciji je bila ocena verjetnost pojavljanja alela A $0,30 \pm 0,24$ in alela B $0,40 \pm 0,30$. Pri lisasti populaciji je bila ocena verjetnost pojavljanja alela A $0,49 \pm 0,31$ in alela B $0,18 \pm 0,20$. Povprečna zanesljivosti ocen verjetnosti pojavljanja alelov je bila 0,54. Živali črno-bele pasme z letnikom rojstva 2009 in 2012 so imele največjo oceno verjetnosti pojavljanja alela B. Pri rjavi in lisasti populaciji so imele največjo oceno verjetnosti pojavljanja alela B živali z letnikom rojstva 2011. Pozitiven trend ocen verjetnosti pojavljanja alela B je bil ocenjen pri črno-beli in rjavi populaciji. Metodologija, ki smo jo uporabili, je primerna za uporabo v selekciji pri govedu. Pred uvedbo ocen verjetnosti pojavljanja alela B kot kriterij selekcije v rutinsko selekcijsko delo bi bilo potrebno zagotoviti, da se genotipizira večje število živali, še posebej ženskih. Do tedaj pa lahko ta parameter uporabljamo kot dodatni kriterij pri odbiri živali.

KEY WORDS DOCUMENTATION

DN Du2

DC UDC 575:637.1(043.2)=163.2

CX cattle/milk/kappa casein/molecular genetics/allele/gene expression/probability

AU GREGORČIČ, Tamara

AA POTOČNIK, Klemen (supervisor)/GORJANC, Gregor (co-advisor)

PP SI – 1230 Domžale, Groblje 3

PB University of Ljubljana, Biotechnical Faculty, Department of Animal Science

PY 2015

TY ESTIMATION OF ALLELE PROBABILITIES FOR KAPPA CASEIN GENE
USING PEDIGREE INFORMATION IN CATTLE

DT M. Sc. Thesis (Master Study Programmes)

NO X, 48 p., 14 tab., 12 fig., 63 ref.

LA sl

AL sl/en

AB The purpose of this thesis was to estimate population probabilities of Kappa casein alleles A, B and E in slovenian Holstein, Brown and Simmental cattle populations using pedigree information. The relationship matrix was common to all analysed populations and consisted of 5.050 animals. Known genotype had 963 animals (46.11% Simmental, 28.76% Brown and 25.13% Holstein population). Estimation of allele A probabilities in Holstein population was 0.54 ± 0.32 , 0.13 ± 0.18 for the allele B and 0.00 ± 0.04 for the allele E. Estimation of allele A probabilities in Brown population was 0.30 ± 0.24 and for the allele B 0.40 ± 0.30 . The Brown population stood out because of the high values for the preferred allele B. Estimation of allele A probabilities in the Simmental population was 0.49 ± 0.31 and for allele B 0.18 ± 0.19 . Average correlation between the true and estimated allele was 0.54. The highest estimated probabilities of the allele B had Holstein cattle born in 2009 and 2012 and Brown and Simmental cattle born in 2011. Holstein population had the highest increase of the most favorable B allele in the analysed period. Before using estimated allele B probabilities as a selection criteria, more animals should be genotyped. Until then, this parameter could be used as additional selection criteria.

KAZALO VSEBINE

	KLJUČNA DOKUMENTACIJSKA INFORMACIJA	str. III
	KEY WORDS DOCUMENTATION	IV
	KAZALO VSEBINE	V
	KAZALO TABEL	VII
	KAZALO SLIK	VIII
	OKRAJŠAVE IN SIMBOLI	IX
	SEZNAM GESEL	X
1	UVOD	1
1.1	NAMEN NALOGE	1
1.2	DELOVNE HIPOTEZE	2
2	PREGLED OBJAV	3
2.1	PASME GOVEDI ZA PRIREJO MLEKA V SLOVENIJI	3
2.1.1	Črno-bela pasma	3
2.1.1.1	Zgodovina	3
2.1.1.2	Opis pasme	4
2.1.1.3	Stanje populacije v Sloveniji in v svetu	4
2.1.2	Rjava pasma	5
2.1.2.1	Zgodovina	5
2.1.2.2	Opis pasme	6
2.1.2.3	Stanje populacije v Sloveniji in v svetu	6
2.1.3	Lisasta pasma	7
2.1.3.1	Zgodovina	7
2.1.3.2	Opis pasme	7
2.1.3.3	Stanje populacije v Sloveniji in v svetu	8
2.2	LASTNOSTI MLEČNOSTI	9
2.2.1	Beljakovine mleka	9
2.2.2	Kazeini	11
2.2.2.1	Kapa kazein	12
2.2.2.2	Gospodarski pomen kapa kazeina	12

2.3	SELEKCIJA MLEČNIH PASEM GOVEDI V SLOVENIJI	13
2.3.1	Selekcija na osnovi agregatnega genotipa	14
2.3.2	Genomska selekcija	18
3	MATERIAL IN METODE	21
3.1	MATERIAL	21
3.2	METODE DELA	21
3.2.1	Analiza rodovniških podatkov	22
3.2.2	Napovedovanje verjetnosti pojavljanja alelov	22
3.2.3	Preveritev metode ocenjevanja verjetnosti pojavljanja alelov	24
3.2.4	Korelacija med ocenami verjetnosti pojavljanja alelov in oceno za skupni selekcijski indeks ter napovedmi plemenskih vrednosti za posamične lastnosti mlečnosti	24
4	REZULTATI Z RAZPRAVO	25
4.1	ANALIZA RODOVNIŠKIH PODATKOV	25
4.2	OSNOVNA STATISTIKA	26
4.2.1	Osnovna analiza genotipov	26
4.2.2	Frekvence genotipov in alelov v Hardy-Weinbergovem ravnotežju	28
4.3	OCENA VERJETNOSTI POJAVLJANJA ALELOV	29
4.3.1	Preveritev metode ocenjevanja verjetnosti pojavljanja alelov	30
4.4	SPREMEMBE OCEN VERJETNOSTI POJAVLJANJA ALELOV	31
4.4.1	Spremembe ocen verjetnosti pojavljanja alelov v populacijah	32
4.4.2	Spremembe ocen verjetnosti pojavljanja alelov po spolu znotraj populacij	34
4.5	OCENE KORELACIJ MED OCENAMI VERJETNOSTI POJAVLJANJA ALELOV IN OCENO SKUPNEGA SELEKCIJSKEGA INDEKSA TER NAPOVEDMI PLEMENSKIMI VREDNOSTMI ZA POSAMIČNE LASTNOSTI MLEČNOSTI	36
5	SKLEPI	38
6	POVZETEK	40
7	VIRI	43
	ZAHVALA	

KAZALO TABEL

	str.
Tabela 1: Genetske različice beljakovin v mleku (Milk..., 2013: 87).	11
Tabela 2: Povečanje izplena sira v primeru genotipa BB gena za kapa kazein (Priročnik..., 2003)	13
Tabela 3: Relativne ekonomske teže posamičnih lastnosti za oceno agregatnega genotipa in sklope lastnosti (Govedo, 2014a; Govedo, 2014b; Govedo, 2014c)	14
Tabela 4: Rejski cilji mlečnih pasem govedi v Sloveniji (Perpar in sod., 2010b)	15
Tabela 5: Kodiranje genotipov	22
Tabela 6: Struktura rodovnika	25
Tabela 7: Koeficienti inbridinga	25
Tabela 8: Frekvence genotipov po populacijah	26
Tabela 9: Opažene in pričakovane frekvence genotipov v Hardy-Weinbergovem ravnotežju za genotipizirane živali s statistično značilnostjo χ^2 testa	29
Tabela 10: Osnovna statistika ocen verjetnosti pojavljanja alelov po populacijah	30
Tabela 11: Deleži (%) zanesljivosti ocen med pravo in ocenjeno vrednostjo pojavljanja alelov po populacijah	30
Tabela 12: Osnovna statistika zanesljivosti ocen verjetnosti pojavljanja alelov po generacijah	31
Tabela 13: Korelacije med oceno SSI in napovedmi plemenskih vrednosti za posamične lastnosti mlečnosti ter ocenami verjetnosti pojavljanja alelov pri genotipiziranih živalih	36
Tabela 14: Korelacije med oceno SSI in napovedmi plemenskih vrednosti ter ocenami pojavljanja alelov v populaciji	37

KAZALO SLIK

	str.
Slika 1: Pasemska struktura mlečnih čred vključenih v kontrolo mlečnosti (Sadar in sod., 2014)	3
Slika 2: Govedo črno-bele pasme (foto: P. Železnikar, 2012)	5
Slika 3: Govedo rjave pasme (foto: T. Gregorčič, 2009)	7
Slika 4: Govedo lisaste pasme (foto: D. Vogelaar, 2015)	8
Slika 5: Povprečna kemijska sestava mleka (Milk..., 2013)	9
Slika 6: Seleksijska shema (Kotnik in sod., 2010: 15)	17
Slika 7: Shematski prikaz genomske napovedi (Eggen, 2012: 15)	19
Slika 8: Delež genotipiziranih živali po populacijah	26
Slika 9: Frekvence alelov po populacijah.	28
Slika 10: Spremembe ocen verjetnosti pojavljanja alelov	32
Slika 11: Spremembe ocen verjetnosti pojavljanja alelov v populacijah	33
Slika 12: Spremembe ocen verjetnosti pojavljanja alelov po spolu znotraj populacij	35

OKRAJŠAVE IN SIMBOLI

BLUP	najboljša linearna nepristranska napoved
Da	dálton
DNA	deoksiribonukleinska kislina, molekula, nosilka genetske informacije
KIS	Kmetijski inštitut Slovenije
PV	plemenska vrednost
r	korelacijski koeficient
SD	standardni odklon
SNP	polimorfizem enega nukleotida
SNP čip	čip za detekcijo polimorfizma posameznega nukleotida
SSI	skupni selekcijski indeks

SEZNAM GESEL

Kapa kazein: je mlečni protein, ki določa velikost in specifično funkcijo kazeinskih micel, njegova razgradnja s himozinom pa je odgovorna za koagulacijo mleka.

Alel B gena za kapa kazein: je najbolj zaželen alel v sirarstvu. Mleko krav genotipa BB gena za kapa kazein se v postopku sirjenja hitreje sesiri, koagulum je bolj čvrst in izplen sira je večji, v primerjavi z mlekom drugih genotipov za ta gen.

Ocena verjetnosti pojavljanja alelov: na osnovi poznanega števila alelov živali in njihovih rodovnikov, z metodo najboljše linearne nepristranske napovedi (BLUP), ocenimo verjetnost pojavljanja alelov pri posamezni živali in zanesljivost te ocene.

1 UVOD

Prireja mleka predstavlja v Sloveniji in Evropi ekonomsko eno najbolj privlačnih kmetijskih panog. V zadnjih letih dobijo slovenski kmetje dobrih 40 % vseh prihodkov iz govedoreje in približno 67 % tega prispeva prodano mleko. Prireja mleka temelji na izrazito mlečni črno-beli pasmi ter na kombinirani lisasti in rjavi pasmi. V rejah s kravami molznicami je najštevilčnejša črno-bela pasma (34 %), sledi ji lisasta (29 %) in rjava pasma (12 %) (Sadar in sod., 2014). Potrebno je poznati dejavnike, ki vplivajo na prirejo mleka. V zadnjem obdobju se namreč številne kmetije, ki prirajajo mleko, preusmerjajo v predelavo na domu, da bi z dodano vrednostjo povečale gospodarnost reje.

Rejsko delo ima v Sloveniji zelo dolgo tradicijo z začetki iz prehoda 19. v 20. stoletje (Potokar in sod., 2009). S selekcijo dajejo poudarek na lastnosti prireje živali, saj je odkupna cena mleka določena glede na količino in sestavo mleka in ne lastnosti mleka, ki so povezane s predelavo mleka. Prepoznati želijo nadpovprečne bike in povečati število njihovih potomcev s pomočjo osemenjevanja. S tem povečujejo frekvence njihovih genov v populaciji. Z genotipizacijo ugotavljajo genotip posamične živali. Genotipiziranje živali za mlečne beljakovine, kot je npr. gen za kapa kazein, je zelo pomembno pri izboljševanju gospodarnosti predelave mleka. Kapa kazein je bil raziskan pri različnih pasmah goveda zaradi njegovega vpliva na lastnosti predelave mleka. Kot najbolj želen se je izkazal genotip BB, ki ima v primerjavi z genotipoma AA in AB boljše lastnosti sirjenja, kot sta hitrejša koagulacija in bolj čvrst koagulum, kar vpliva na večji izplen sira.

1.1 NAMEN NALOGE

Živeče domače živali si delijo gene iz osnovne populacije. Z genotipiziranjem naključnega vzorca živali iz populacije lahko pridobimo oceno o genetskem stanju v populaciji. Pridobljene informacije lahko nadalje uporabimo tudi pri negenotipiziranih predstavnikih v populaciji. Zanje lahko na osnovi sorodstvenih povezav z genotipiziranimi osebki ocenimo verjetnosti pojavljanja alelov. Za potrebe selekcije si želimo oceniti, katere živali imajo višjo verjetnost prenašanja zelenih alelov, da bi jih vključili v selekcijsko shemo kot starše prihodnjih generacij. Obsežni rodovniki in poznani genotip posamičnih živali, ki so zbrani

v okviru izvajanja rejских programov v živinoreji, so osnova za ocenjevanje genotipov mlečnih beljakovin. Na osnovi informacij poznanih genotipov živali in njihovih rodovnikov smo želeli pri negenotipiziranih živalih oceniti verjetnost pojavljanja alelov gena za kapa kazein. Te ocene bi bilo še zlasti smiselno uporabljati pri odbiri živali, katerih mleko se predeluje v mlečne izdelke.

1.2 DELOVNE HIPOTEZE

Na osnovi rutinsko zbranih podatkov o rodovnikih in genotipih gena za kapa kazein v okviru rejских programov in rodovniških podatkov lahko ocenimo verjetnosti pojavljanja alelov pri negenotipiziranih živalih.

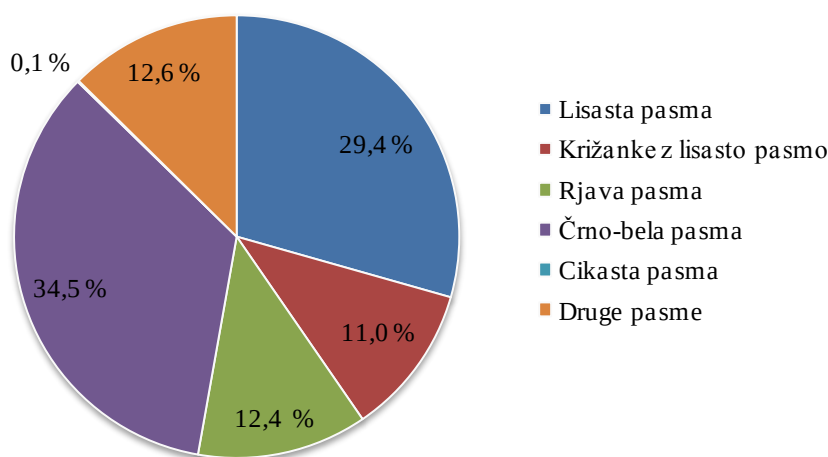
Ocenjene verjetnosti so uporabne za ocenjevanje verjetnosti pojavljanja alelov gena za kapa kazein pri posamičnih letnikih rojstva živali.

Ocenjene verjetnosti so uporabne pri selekciji goveda na gen za kapa kazein.

2 PREGLED OBJAV

2.1 PASME GOVEDI ZA PRIREJO MLEKA V SLOVENIJI

V letu 2013 so na 25.815 kmetijskih gospodarstvih vzrejali 159.691 krav, od tega je bilo 99.664 molznic. V kontrolo prireje mleka je bilo vključenih 79,6 % vseh molznic. Kmetijska gospodarstva, ki so bila vključena v kontrolo prireje, so v povprečju vzrejala 20 krav molznic. Slika 1 prikazuje pasemsko sestavo krav v kontroli mlečnosti, kjer prevladujejo krave črno-bele (34,5 %), lisaste (29,4 %) in rjave pasme (12,4 %). V letu 2013 je bilo v Sloveniji prirejenih 600.000 ton mleka. Povprečna mlečnost v standardni laktaciji je bila 6.303 kg mleka s 4,0 % maščobe in 3,3 % beljakovin (Sadar in sod., 2014). V nadaljevanju so opisane pasme, s katerimi priredimo večino mleka v Sloveniji.



Slika 1: Pasemska struktura mlečnih čred vključenih v kontrolo mlečnosti (Sadar in sod., 2014)

2.1.1 Črno-bela pasma

2.1.1.1 Zgodovina

Črno-bela pasma izhaja iz Nizozemske in severozahodne Nemčije (Frizije). Obdobje od 1874 do 1887 leta je bilo poznano pod imenom zlata doba uvažanja črno-belega goveda v Severno Ameriko, kjer so iz kombiniranega evropskega črno-belega goveda selekcionirali izrazito mlečni tip. To govedo so poimenovali holštajn-frizijsko govedo po deželi njegovega izvora. V Evropo so med letoma 1960 in 1980 iz ZDA in Kanade uvozili več

kot 30.000 živali in preko 300.000 doz semena. Širjenje črno-bele pasme v Sloveniji je bilo povezano z izgradnjo družbenih farm za prirejo mleka sredi 50-ih let preteklega stoletja. Tip govedi je bil v začetku neizenačen, od nekoliko lažjega danskega tipa do težjega kombiniranega nemškega tipa. S križanjem evropske črno-bele pasme in ameriške holštajnsko-frizijske pasme je bila podana osnovna smer reje črno-bele (Klopčič in sod., 2010).

2.1.1.2 Opis pasme

Pasma je bila primarno selekcionirana na lastnosti povezane s prirejo mleka. Osnova rejskega cilja je velika in gospodarna prireja mleka. Slednje omogoča reja velikih (140-150 cm visokih), dolgih in obsežnih živali z veliko konzumacijsko sposobnostjo. Običajno se po telesu izmenjujejo črne in bele lise. Živali so lahko od čisto črne do skoraj čisto bele (Slika 2). V primeru pojava homozigotov recesivnega gena za rdečo barvo, so možne tudi kombinacije v rdeče-beli barvi.

Omišičenost živali je v primerjavi z drugimi pasmami skromna, kar je posledica fiziološke in genetske negativne povezave med lastnostmi mlečnosti ter pitovnimi in klavnimi lastnostmi. V rejskih ciljih opisana mlečnost presega 10.000 kg mleka s 4,2 % mlečne maščobe in s 3,6 % beljakovin (Klopčič in sod., 2010). Leta 2013 je bila letna prireja krav črno-bele pasme 6.304 kg s 4,0 % maščobe in s 3,3 % beljakovin. Letna mlečnost kontroliranih krav črno-bele pasme v letu 2013 je bila 7.385 kg s 3,9 % maščobe in s 3,3 % beljakovin (Sadar in sod., 2014).

2.1.1.3 Stanje populacije v Sloveniji in v svetu

V zadnjih letih se populacija črno-bele pasme povečuje. Leta 2013 je bila velikost populacije črno-bele pasme v Sloveniji 78.071 živali, od tega 34.758 je bilo krav. Število vseh krav molznic je bilo 34.393. V kontrolo mlečnosti je bilo vključenih 32.417 krav molznic (Sadar in sod., 2014).

Svetovna populacija črno-bele pasme je ocenjena na 28 milijonov glav in predstavlja 33 % vseh krav mlečnih pasem v svetu. V Evropi je črno-bela pasma najbolj razširjena mlečna

pasma goveda (2014 annual..., 2014). Prav tako pa je tudi najbolj razširjena mlečna pasma goveda v Sloveniji (Sadar in sod., 2014).



Slika 2: Govedo črno-bele pasme (foto: P. Železnikar, 2012)

2.1.2 Rjava pasma

2.1.2.1 Zgodovina

Rjava pasma izhaja iz območja Alp, kjer so jo redili kot kombinirano pasmo. Zaradi težkih okoljskih razmer so odbirali živali, ki so dajale mleko z boljšim izplnom v postopku sirjenja mleka. Rjava pasma, oziroma prvotno imenovana sivorjava pasma, ima v Sloveniji dolgoletno tradicijo. Prvi začetki reje te pasme v Sloveniji so bili na območjih južno od Ljubljane (Notranjska, Kočevska, Dolenjska in Brežice). Nastanek slovenske rjave pasme (dolenjska sivka) lahko povezujemo s križanjem Švicarskega rjavega goveda z govedom, ki je bilo takrat v Slovenskem prostoru. Še posebej močno je bilo križanje z muricidolskim govedom. Podobno kot pri črno-beli, je tudi pri rjavi pasmi prišlo do izvoza živali iz Evrope v Ameriko, kjer so pasmo selekcionirali v mlečno pasmo (Perpar in sod., 2010b). Ker je v 60. letih prejšnjega stoletja trg v Evropi zahteval vse več mleka, se je pričelo oplemenjevanje z ameriško rjavo pasmo, ki je že bila selekcionirana v izrazito mlečno govedo. Oplemenjevanje je potekalo v Evropi in tudi v Sloveniji (Perpar in sod., 2010b).

2.1.2.2 Opis pasme

Rjavo pasmo goveda prištevamo med slovenske tradicionalne pasme. Oblikovala se je v razmeroma težkih talnih in vremenskih razmerah (Kras, visokogorje Švice), ob skromni krmi ter s križanjem različnih deželnih pasem. S tem je pridobila pomembne lastnosti kot so odpornost, dolgoživost, prilagodljivost, dobro plodnost, čvrste parklje in noge, sposobnost izkoriščanja velikih količin voluminozne krme. Pasma je znana po izjemni zmožnosti, da prirejo mleka prilagodi razpoložljivi količini in kvaliteti krme. Prvotno je bil gospodarski pomen pasme prireja mesa, uporaba za delo in prireja mleka. V rejskih ciljih sta opisana dva tipa rjave pasme, in sicer kombiniran tip s poudarkom na prireji mleka in kombiniran tip s poudarkom na prireji mesa. Kombiniran tip s poudarkom na prireji mleka je namenjen intenzivnim rejam usmerjenim v prirejo mleka. Kombiniran tip s poudarkom na prireji mesa je namenjen za reje dojilj in reje z manj intenzivno prirejo (Sadar in sod., 2014).

Živali imajo številne odtenke rjave do sive barve z možnostjo manjših nepigmentiranih delov (Slika 3). Rejski cilj opisuje ženske živali težke 600 do 700 kg in v vihru v visoke od 135 do 145 cm. Biki so v vihru visoki do 155 cm s končno telesno maso do 1.000 kg in visoko klavnostjo (Perpar in sod., 2010b). Ob kakovostni voluminozni krmi lahko letno priredimo od 6.000 do 7.000 kg mleka s 4,0% ali več mlečne maščobe ter 3,5 % beljakovin. V letu 2013 je bila letna prireja mleka 5.283 kg s 4,1 % mlečne maščobe in s 3,4 % beljakovin (Sadar in sod., 2014).

2.1.2.3 Stanje populacije v Sloveniji in v svetu

Največ živali rjave pasme je bilo v Sloveniji leta 1985. Kasneje se je število živali zmanjševalo. Delno je zmanjševanje števila živali mogoče pripisati zmanjševanju celotnega slovenskega staleža. Zmanjševanje števila živali je tudi posledica povečevanja števila živali črno-bele pasme na ravninskih predelih, predvsem na večjih farmah (Perpar in sod., 2010a). Leta 2013 je bila velikost populacija rjave pasme v Sloveniji 31.087 aktivnih živali, od tega je bilo 14.862 aktivnih krav. Število vseh krav molznic je bilo 12.320. Število krav molznic v kontroli je bilo 10.282. Rezultati kontrole mleka za leto

2013 so bili 5.554 kg mleka z 4,1 % maščob in 3,4 % beljakovin v standardni laktaciji (Sadar in sod., 2014). Populacija rjavega goveda v svetu šteje več kot 14 milijonov glav. Največje populacije rjave pasme goveda imajo Nemčija, Švica, Italija in Avstrija. Rjavo govedo pa lahko zasledimo tudi v Ameriki, Kanadi, Avstraliji in Novi Zelandiji (Brown swiss, 2014).



Slika 3: Govedo rjave pasme (foto: T. Gregorčič, 2009)

2.1.3 Lisasta pasma

2.1.3.1 Zgodovina

Lisasta pasma goveda v Sloveniji izhaja iz populacije švicarskega simentalkega goveda, ki je nastalo v dolinah Simme in Saane v zahodni Švici. Na širjenje simentalke pasme iz Švice v številne takratne srednje in vzhodno evropske države v drugi polovici 19. st. je vplival razvoj industrije in tehnike ter pojav kupne moči proletariata. V tem obdobju so pričeli tudi z uvozom simentalke pasme v Slovenijo. V osrednjo Slovenijo so uvažali živali predvsem iz Švice, v Pomurje pa živali iz Madžarske. Konec 19. st. so lisasto pasmo vzrejali v osrednji Sloveniji, v Pomurju ter v Slovenskih goricah (Kotnik in sod., 2010).

2.1.3.2 Opis pasme

Lisasta pasma je kombinirana pasma govedi. Živali imajo velik okvir z odlično sposobnostjo zauživanja voluminozne krme, miren temperament, dobro mlečnost, mleko ima visoko vsebnost beljakovin in maščob, živali imajo visok dnevni prirasti, dobro

omišičenost ter dobre pitovne in klavne lastnosti. Živali so rumeno-rjave do rdeče barve z večjimi ali manjšimi nepigmentiranimi deli. Bela glava ali vsaj bela lisa na glavi je dominantna lastnost (Slika 4). Populacije lisastega goveda so različnih tipov in z različnimi deleži drugih pasem. V Evropi in Sloveniji se uporablja križanje z mlečnimi pasmami, kot sta rdeči holštajn in montbeliard. Živali v kombiniranem tipu s poudarkom na prireji mleka imajo korektno stajo, globok in dolg okvir, imajo dobro pripeto in obsežno vime in primerno mlečno vztrajnost. Živali v kombiniranem tipu s poudarkom na prireji mesa imajo večji poudarek na omišičenosti.

Rejski cilji opisujejo živali z višino vihra med 140 in 150 cm, telesno maso nad 750 kg in dolgoročno mlečnost kontroliranih krav 7.000 kg mleka s 4,0 % maščob in 3,5 % beljakovin (Kotnik in sod., 2010). Leta 2013 je bila letna količina mleka 5.283 kg s 4,1 % maščob in 3,4 % beljakovin (Sadar in sod., 2014).

2.1.3.3 Stanje populacije v Sloveniji in v svetu

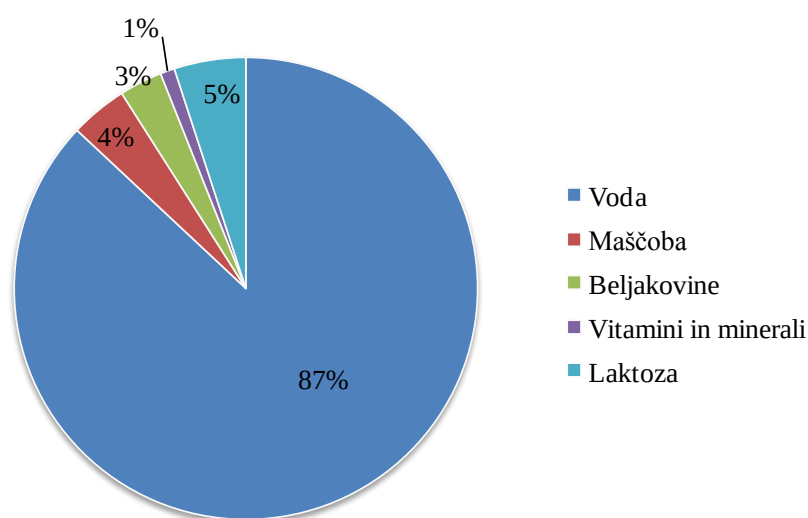
Leta 2013 je bila velikost populacije lisaste pasme v Sloveniji 144.467 živali. Krav lisaste pasme je bilo 59.020. V kontrolo mlečnosti je bilo vključenih 9.074 krav molznic lisaste pasme (Sadar in sod., 2014). Lisasta pasma je danes razširjena po celem svetu. Svetovna populacija lisaste pasme je približno 41 milijonov glav in je druga najštevilčnejša pasma na svetu (Kotnik in sod., 2010). Več kot polovica svetovne populacije lisastega goveda se nahaja v Evropi (Brown swiss, 2014).



Slika 4: Govedo lisaste pasme (foto: D. Vogelaar, 2015)

2.2 LASTNOSTI MLEČNOSTI

Mleko je biološka tekočina homogene sestave, rumeno bele barve, značilnega okusa in vonja, ki ga izloča ženska mlečna žleza sesalcev v času laktacije. Opisano je kot najbolj popolno živilo v naravi, saj je uravnoteženo z vsebnostjo večine mineralov in ima visoko energijsko vrednost. Energijska vrednost ustreza potrebam novorojenih živali in zagotavlja esencialna hranila za normalno rast in razvoj. Sinteza mleka poteka v času laktogeneze s procesi sinteze in difuzije hranilnih snovi iz krvi v mlečni žlezi. Proces laktogeneze se začne ob porodu. Majhne količine kolostruma pa so prisotne že v zadnjem obdobju brejosti. Na sliki 5 je prikazana sestava kravjega mleka, ki ima v povprečju 87,5 % vode in 12,5 % suhe snovi, v kateri je od 3,6 % do 4,2 % maščobe, 3,3 % beljakovin, 4,7 % mlečnega sladkorja (laktoze), 0,7 % mineralov (predvsem kalcija in fosforja) ter vitaminov A, D, E, K in B kompleksa (Milk..., 2013). Sestava mleka pri govedu je kvantitativna lastnost, ki je pod vplivom okoljskih in genetskih dejavnikov (Tratnik in Božanić, 2012).



Slika 5: Povprečna kemijska sestava mleka (Milk..., 2013)

2.2.1 Beljakovine mleka

Beljakovine so polimeri 20 različnih aminokislin. Mleko vsebuje več sto različnih vrst beljakovin, večina jih je zastopanih v majhnih količinah. Beljakovine mleka delimo na kazine, sirotkine (ali serumske) beljakovine in na manjše beljakovine, ki vključujejo tudi beljakovine membran maščobnih kroglic. Kazeine predstavljajo štiri genetsko določene

polipeptidne verige. Delimo jih na α_{s1} -, α_{s2} -, β - in κ -kazeine. Med sirotkine beljakovine spadajo β -laktoglobulin, α -laktalbumin, imunoglobulini, proteoza-peptoni in albumini krvnega seruma. Razmerje med kazeini in sirotkinimi beljakovinami se spreminja med laktacijo. Kazeini predstavljajo v kravjem mleku 76-86% vseh beljakovin mleka (Handbook..., 2006).

Geni za kazein so bili pri govedu locirani na kromosomu št. 6. Nahajajo se na 200 kb dolgi regiji v vrstnem redu α_{s1} , α_{s2} , β in κ -kazein (Karihma in sod., 2010). Prve raziskave genetskih različic beljakovin mleka so se začele pred več kot 50 leti (Aschaffenburg in Drewry, 1955). Raziskave po postale bolj pogoste v 90. letih, ko so odkrili genetske različice beljakovin mleka pri različnih pasmah goveda (Karihma in sod., 2010). Genetske različice beljakovin v kravjem mleku nastanejo kot posledica mutacije v populaciji zaradi česar pride do zamenjave ali izbrisa aminokislin na polipeptidni verigi (Milk...2013). Odkrito je bilo večje število različic beljakovin v mleku, ki so prikazane v tabeli 1.

Sinteza beljakovin v mlečni žlezi je odvisna od dednega zapisa, ki določa te beljakovine. Ker je vsebnost beljakovin dedna lastnost, lahko nanjo vplivamo s selekcijo. Tako je npr. selekcija na beljakovine potrebna zaradi ohranjanja vsebnosti beljakovin v mleku in še posebej, če le to želimo povečati. Pomemben kriterij pri odbiri živali predstavljata indeksa beljakovin in maščobe v mleku, saj se s selekcijo na to lastnost povečuje vsebnost beljakovin in maščob v mleku. Hkrati se s povečanjem deleža beljakovin poveča tudi delež kazeinov v mleku (Milk..., 2013).

V nadaljevanju bomo predstavili kazeine, še posebej podrobno kapa kazein, ki je predmet te študije.

Tabela 1: Genetske različice beljakovin v mleku (Milk..., 2013: 87).

Beljakovina	Različice	Viri*
α -kazein	A, B, C, D	Csapó in sod., 2002
α_{s1} -kazein	A, B, C, D, E, F, G, H	Baranyi in sod., 1993, Farrell in sod., 2004
α_{s1} -kazein	A, B, C, D, E, F, G, H, I	Caroli in sod., 2009
α_{s2} -kazein	A, B, C, D	Farrell in sod., 2004, Caroli in sod., 2009
β -kazein	A ¹ , A ² , A ³ , B, B _Z , (B ₁₂), C, D, E	Baranyi in sod., 1993, Csapó in sod., 2002
β -kazein	A ¹ , A ² , A ³ , B, C, D, E, F, G, H ¹ , H ² , I	Farrell in sod., 2004, Caroli in sod., 2009
κ -kazein	A, B	Csapó in sod., 2002
κ -kazein	A, B, C, E	Baranyi in sod., 1993
κ -kazein	A, B, C, E, F ¹ , F ² , G ¹ , G ² , H, I, J	Farrell in sod., 2004
κ -kazein	A, A ¹ , B, B ² , C, D, E, F ¹ , F ² , G ¹ , G ² , H, I, J	Caroli in sod., 2009
γ -kazein	A, B	Groves in sod., 1968
γ -kazein	A ¹ , A ² , A ³ , B	Csapó in sod., 2002
β -laktoglobulin	A, B, C, D	Csapó in sod., 2002
β -laktoglobulin	A, B, C, D, E, F, G, H, W	Baranyi in sod., 1993
β -laktoglobulin	A, B, C, D, E, F, G, H, I, J, W	Farrell in sod., 2004, Caroli in sod., 2009
α -laktalbumin	A, B, C	Baranyi in sod., 1993, Csapó in sod., 2002, Farrell in sod., 2004, Caroli in sod., 2009

* vsi navedeni viri citirani po Milk..., 2013

2.2.2 Kazeini

Kazein je ime za skupino prevladujočih beljakovin v mleku. Kazeine v mleku krav so prvotno definirali Jenness in sod. (1956). Kazeini obstajajo v strukturah poznanih kot kazeinske micele. Kazeinske micele določajo stabilnost mleka in mlečnih izdelkov med toplotno obdelavo in skladiščenjem (Slanovec, 1982). Kazeinske micele razpršujejo svetlobo, kar daje mleku značilno belo barvo. Sestavljene so iz več sto ali tisoč molekul beljakovin. Vsaka micela je okrogle oblike in običajno premera od 50 do 500 nm z molekularno maso med 10^6 in 10^9 Da (dálton). Glavna značilnost kazeina je estrsko vezan fosfat. Vsi kazeini so fosforilizirani, razlikujejo se le po stopnji fosforilizacije in razporeditvi nabojev po molekuli. Zaradi odprte strukture so kazeini dostopni in s tem občutljivi na proteolitične encime. α_{s1} -, α_{s2} - in β -kazeini so zelo občutljivi na kalcij, medtem ko kapa kazein ni (Milk..., 2013).

Delež kazeinov v mleku se spreminja ob vplivu različnih dejavnikov kot npr. faza laktacije, sezona in tekom posamičnega dneva (Alomirah in sod., 2000; Jílek in sod., 2006; Meehl in sod., 2010; Milk..., 2013).

2.2.2.1 Kapa kazein

Kapa kazein tvori zunanjo plast micel. V primerjavi z ostalimi kazeini je manj fosforiliran. Kapa kazein deluje kot zaščitni kazein kazeinske micle, ker se nanj veže sladkorna komponenta in encim himozin, ki se nahaja v sirišču. Slednje vpliva na to, da kapa kazein ni občutljiv na kalcij in ščiti kazeinske micle pred razgradnjo. Poznamo več alelnih različic gena za kapa kazein. Najbolj pogosto odkriti aleli so A, B in E (Milk..., 2013).

2.2.2.2 Gospodarski pomen kapa kazeina

Z gospodarskega stališča je sestava mleka pomembna za proizvajalca mleka, za predelovalce in potrošnike. Kapa kazein ima ključno vlogo pri sirjenju v času koagulacije mleka, saj je edina frakcija kazeina na katero deluje encim himozin, ki je najpomembnejši encim za usirjanje mleka. Slednje vpliva na uspešnost predelave mleka in še posebej na izboljšanje izplena sira. Kapa kazein vpliva na količino mlečne maščobe, na razlike v sestavi mleka in na lastnosti mleka med predelavo (Karihma in sod., 2010).

Količina proizvedenega sira je v veliki meri odvisna od alelne različice gena za kapa kazein (Caroli in sod., 2009). Alel B je bil v primerjavi z ostalimi aleli povezan z večjo toplotno odpornostjo micel v postopku predelave, večjimi kazeinskimi micelami ter z boljšo in hitrejšo koagulacijo. Alel E v sirarstvu ni zaželen, saj se mleko pridobljeno od krav s tem alelom v postopku sirjenja ne sesiri (Aleandri in sod., 1990; Lundén in sod., 1997). V sirarstvu sta najbolj zaželena genotipa BB in AB gena za kapa kazein. Ostali genotipi so neučinkoviti. Genotip BB ima največji vpliv na povečanje izplena sira v postopku sirjenja. Mleko krav z genotipom BB je dalo od 7 % do 15 % večji izplen sira v primerjavi z mlekom krav genotipa AA, v primerjavi z drugimi genotipi so razlike lahko še večje (Azevado in sod., 2008; Skeie, 2007; Potočnik, 2013).

Povečanje izplena sira v primeru genotipa BB gena za kapa kazein je prikazan v tabeli 2 na primeru različno intenzivne proizvodnje mleka. Za izdelavo 1 kg poltrdega sira potrebujemo 11 kg mleka (Priročnik..., 2003). V primeru visoko intenzivne prireje mleka lahko letno izplenimo 909,1 kg poltrdega sira na kravo. V primeru genotipa BB gena za kapa kazein se izplen poveča od 63,6 kg do 136,4 kg poltrdega sira. V primeru srednje in nizko intenzivne proizvodnje mleka se izplen sira v primeru genotipa BB poveča od 47,7 kg do 102,3 kg oz. od 35,0 kg do 75,0 kg poltrdega sira. Z enako količino letne prireje tako v primeru genotipa BB gena za kapa kazein lahko močno vplivamo na večjo gospodarnost prireje in predelave mleka.

Tabela 2: Povečanje izplena sira v primeru genotipa BB gena za kapa kazein (Priročnik..., 2003)

Proizvodnja	kg mleka / leto	Izplen poltrdega sira (kg)		
		Splošno	Genotip BB za kapa kazein	Povečanje izplena sira (kg)
Intenzivna	10.000	909,1	972,7 – 1045,5	63,6 – 136,4
Srednje intenzivna	7.500	681,8	729,5 – 784,1	47,7 – 102,3
Nizko intenzivna	5.500	500,0	535,0 – 575,0	35,0 – 75,0

Povečana koncentracija kapa kazeina v mleku zmanjšuje izgubo kazeinov s sirotko v času sirjenja. Najmanjša količina kazeinskih ostankov v sirotki je bila pri genotipih AA in BB gena za kapa kazein (Milk..., 2013). V primeru genotipa BB je bila struktura kazeinov bolj kompaktna in struktura sira bolj rahla. Sir pridobljen iz mleka z genotipom BB ima večje koncentracije maščobe in nižje delež beljakovin v primerjavi s sirom iz mleka z AA genotipom. Večji delež maščob in večji izplen sira v primeru genotipa BB je povezan s strukturo sira (FitzGerald, 1999).

2.3 SELEKCIJA MLEČNIH PASEM GOVEDI V SLOVENIJI

V drugi polovici 19. stoletja se je začela pojavljati organizirana selekcija in živinorejci so se pričeli združevati v rejske organizacije ter začeli voditi rodovniške knjige. Sprva se je odbiranje živali vršilo po velikosti, obliki telesa, barvi dlake in kože živali. Kasneje se je začela uveljavljati odbira na osnovi napovedi plemenskih vrednosti (Ferčej in

Skušek, 1988). Danes je selekcija sistem načrtnega dela, ki ga določa "Selekcijski program. Selekcijski program je način preizkušanja, odbire in načrt uporabe ocenjenih, odbranih in priznanih plemenskih živali za dosego rejskih ciljev" (Zakon..., 2002). Cilj selekcije je povečati genetski napredek živali. Pri selekciji mlečnih pasem goveda, katerih mleko je namenjeno predelavi, imajo večji poudarek mlečne beljakovine. Rejski programi kljub temu še ne vključujejo selekcije na zaželenne genotipe za posamične mlečne beljakovine (Klopčič in sod., 2010; Kotnik in sod., 2010; Perpar in sod., 2010b).

2.3.1 Selekcija na osnovi agregatnega genotipa

Selekcijo mlečnih pasem govedi izvajajo na podlagi agregatnega genotipa. V slovenski govedoreji za ta termin uporabljamo izraz skupni selekcijski indeks (SSI). V tabeli 3 so podane relativne ekonomske teže za gospodarsko pomembne lastnosti, ki so vključene v izračun napovedi skupnega selekcijskega indeksa, na podlagi katerega se izvaja odbira živali. Pri črno-beli pasmi je pri selekciji največji poudarek na lastnostih mlečnosti (0,40) in zunanosti prvesnic (0,30), najmanjši poudarek pa je na lastnostih iztoka mleka (0,02), somatskih celicah in dolgoživosti (oboje 0,06). Podobno kot pri črno-beli pasmi je tudi pri rjavi pasmi za mlečno usmeritev največji poudarek na lastnostih mlečnosti (0,50) in zunanosti (0,17), najmanjši pa na iztoku mleka (0,03) in lastnostih dolgoživosti (0,05). Pri lisasti pasmi za mlečno usmeritev je največji poudarek na lastnostih mlečnosti (0,22) in zunanosti (0,22), najmanjši (0,01 in 0,02) pa na lastnostih iztoka mleka in somatskih celicah (Govedo, 2014a; Govedo, 2014b; Govedo, 2014c).

Tabela 3: Relativne ekonomske teže posamičnih lastnosti za oceno agregatnega genotipa in sklope lastnosti (Govedo, 2014a; Govedo, 2014b; Govedo, 2014c)

Sklop lastnosti	Pasma				
	Črno-bela	Rjava		Lisasta	
		Mleč. usm.	Mes. usm.	Mleč. usm.	Mes. usm.
Zunanost	0,30	0,17	0,25	0,22	0,12
Dolgoživost	0,06	0,05	0,08	0,10	0,06
Mlečnost	0,40	0,50	0,20	0,35	0,09
Somatske celice	0,06	0,08	0,05	0,02	/
Iztok mleka	0,02	0,03	/	0,01	/
Plodnost	0,16	0,10	0,12	0,09	0,14
Pitovne in klavne	/	/	0,30	0,21	0,59

Rejski cilji mlečnih pasem govedi so predpisani z rejskimi programi (Tabela 4). Osnovo za izvajanje selekcijskega programa predstavljajo različne preizkušnje za živali, ki so vključene v rejski program (direktni in progeni testi). Na podlagi preizkušenj živali lahko živalim napovejo plemenske vrednosti za lastnosti, ki jih zajema rejski program (Klopčič in sod., 2010).

Tabela 4: Rejski cilji mlečnih pasem govedi v Sloveniji (Perpar in sod., 2010b)

Rejski cilj	Pasma		
	Črno-bela	Rjava	Lisasta
Mlečnost (kg)	nad 10.000	nad 7.500	5.500
% maščobe	nad 4,2	nad 4,2	nad 4,0
% beljakovin	nad 3,6	nad 3,5	3,4
Telesna masa (kg)	650 – 750	600 - 700	nad 750
Višina vihra (cm)	140 – 150	144 - 155	140 - 150
Noge	tanke, s čvrstimi in trdimi ter dovolj visokimi parklji	čvrsti biclji, visoki in trdi parklji s tankim skočnim sklepom	korektne, čvrsti biclji, visoki in trdi parklji
Kapa kazein	genotipizacija čistopasemskih plemenjakov	genotip BB ali AB	/

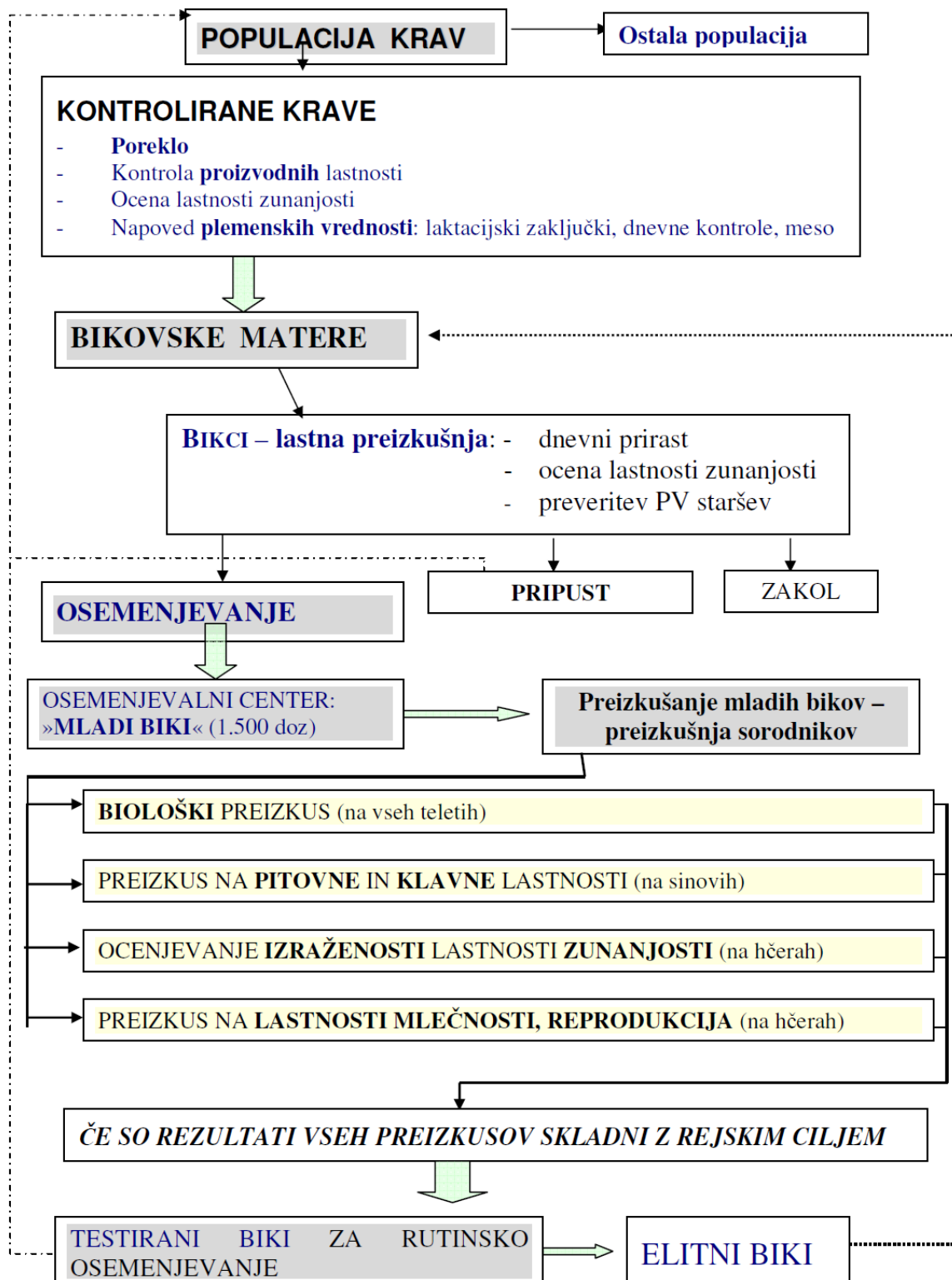
Selekcija pri črno-beli, rjavi in lisasti pasmi temelji na aktivni populaciji krav, ki se vzrejajo v čredah vključenih v rejski program posamičnih pasem v Sloveniji (Slika 6). Izmed teh krav se na osnovi napovedi plemenskih vrednosti opravi izbor potencialnih bikovskih mater (Klopčič in sod., 2010).

Število bikovskih mater, bikov v lastnem testu in plemenskih bikov se izračuna glede na potrebno število plemenjakov za osemenjevanje in pripust. Odločilna je izbira bikovskih mater, saj v to skupino odberejo le od 0,4 do 0,6 % plemenic (Perpar in sod., 2010b). Potencialne bikovske matere so izbrane glede na skupni selekcijski indeks. Strokovni tajnik za posamično pasmo in za bikovske matere izbere tiste, ki nimajo napak v lastnostih zunanosti. Zanje pripravijo načrt parjenja z elitnimi biki (Klopčič in sod., 2010; Kotnik in sod., 2010).

Moške potomce iz načrtnega parjenja vključijo v lastno preizkušnjo na testni postaji, kjer spremljajo dnevni prirast, ocenjujejo lastnosti zunanosti, preverjajo napovedi plemenske

vrednosti staršev in reprodukcijske sposobnosti. Najboljši bikci so odbrani kot mladi biki. Preselijo jih na osemenjevalna središča ter vključijo v osemenjevanje. Biki, ki ne ustrezajo pogojem iz rejskih programov ali imajo napake v lastnostih zunanosti ali v reprodukcijskih lastnostih, izločijo. Ostale bike uporabijo za naravni pripust. Ko potomci mladih bikov dobijo rezultate iz kontrole prireje, le tem napovejo plemenske vrednosti. Napovedane plemenske vrednosti so osnovni kriterij za odbiro pozitivno testiranih bikov, ki se jih uporablja za rutinsko osemenjevanje (Klopčič in sod., 2010; Kotnik in sod., 2010).

Selekcijski program vključuje načrtno parjenje in spremljanje pričakovanega genetskega napredka, ki vpliva na večjo gospodarnostjo reje (Klopčič in sod., 2010). Novejša metoda, ki se jo v zadnjem času uvaja, je genomska selekcija, ki omogoča hitrejši genetski napredek (Špehar in sod., 2013).



Slika 6: Seleksijska shema (Kotnik in sod., 2010: 15)

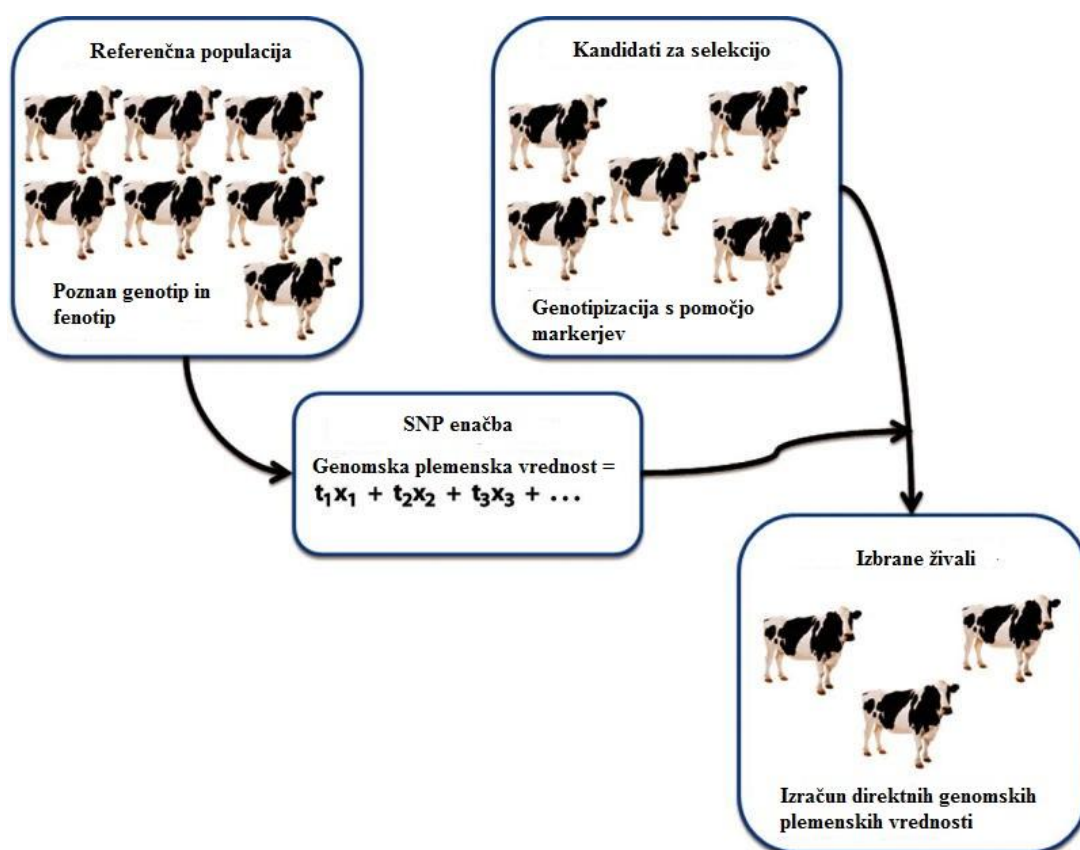
2.3.2 Genomska selekcija

Novo obdobje na področju selekcije goveda se je pričelo s sekvenciranjem celotnega genoma goveda. Celotna sekvenca genoma goveda je bila objavljena leta 2009, ko so genotipizirali kravo pasme hereford z imenom L1 Dominette (Liu in sod., 2009). Genom goveda vsebuje približno 22.000 genov. Variabilnost v zaporedju DNA na določenem mestu v genomu predstavlja genetski označevalec (SNP) (The bovine genome..., 2009). Za genotipiziranje se uporablja več genetskih označevalcev, ki so združeni na SNP čipu. Najpogosteje se uporablja SNP čip srednje gostote proizvajalca Illumina, ki ga pogosto imenujejo tudi čip 50K in vsebuje več kot 50.000 SNP označevalcev ter čip manjše gostote, ki vsebuje manj kot 10.000 SNP označevalcev (Nicolazzi in sod., 2014).

Genomsko selekcijo je prvi predlagal Meuwissen in sodelavci (2001). Genomska selekcija je oblika selekcije s pomočjo označevalcev. Genetski označevalci pokrivajo celoten genom, s čimer je potencialno zajeta vsa genetska variabilnost. Informacije, ki jih pridobimo iz velikega števila označevalcev lahko uporabimo za napovedovanje plemenskih vrednosti. Pri tem pa ni potrebno poznati pozicije določenega gena na genomu. Genomska selekcija temelji na napovedi genomskih plemenskih vrednostih. Prvi korak pri genomski selekciji je dostop do velike skupine živali, ki predstavlja referenčno populacijo in ima poznane fenotipe za preučevano lastnosti (Slika 7). To populacijo genotipizirajo z uporabo izbranega SNP čipa, ki je najpogosteje srednje gostote. Ocenijo se vpliv posamičnega SNP - ja na lastnosti v referenčni populaciji, ki predstavljajo regresijske koeficiente, ki so faktorji t.i. SNP enačbe. Na osnovi te enačbe živalim napovejo genomske plemenske vrednosti. Točnost napovedi genomske plemenske vrednosti je odvisna od velikosti populacije in dednostnega deleža preučevane lastnosti (Eggen, 2012).

Z genomsko selekcijo lahko napovejo plemensko vrednost mladim živalim pred dosegom spolne zrelosti. S takim pristopom se skrajša generacijski interval za več kot polovico in s tem lahko osemenjevalna središča prihranijo do 92 % stroškov (Eggen, 2012). Kljub manjši točnosti napovedi genomskih plemenskih vrednosti, se zaradi krajšega generacijskega intervala potencialni lahko genetski napredek podvoji v primerjavi s klasičnim načinom selekcije (Goddard in Hayes, 2009).

Oceno vplivov posamičnih SNP-jev lahko uporabijo pri odbiri več naslednjih generacij. Točnost se bo z vsako naslednjo generacijo slabšala, če se ne bo ponovno ocenilo vplivov posamičnih SNP-jev (Gorjanc in sod., 2015). Točnost napovedi genomskih plemenskih vrednosti za bikce s potomci je od 2 do 20 % večja v primerjavi z napovedmi plemenskih vrednostmi za bikce brez potomcev (Hayes in sod., 2009). Pri govedu 35 držav že uporablja genomsko selekcijo na nacionalnem nivoju in hkrati sodeluje v mednarodni primerjavi plemenskih bikov na osnovi napovedi genomske plemenske vrednosti, ki jo organizira Interbull-center (Interbull, 2014).



Slika 7: Shematski prikaz genomske napovedi (Eggen, 2012: 15)

Genomska selekcija ima tudi svoje slabosti, saj je nova metoda, ki še ni popolnoma testirana. Za oceno učinkov označevalcev (asociacijska študija) je potrebno genotipizirati dovolj veliko število živali. Ocene učinkov označevalcev morajo biti opravljene v populaciji, kjer bodo kasneje izvajali selekcijo. Med pasmami je povezava majhna. Če je generacijski interval že pri klasični selekciji kratek, bo učinek manjši (Goddard in

Hayes, 2009). Potrebno je določiti ravnotežje med stopnjo inbridinga in genetskim napredkom. Povečevanje točnosti napovedi učinka SNP-jev in povečanje intenzivnosti selekcije ima večji učinek na dobiček kakor nižja cena genotipizacije. Izvajanje genomske selekcije pa še vedno predstavlja veliko začetno investicijo (König in sod., 2009).

Selekcija na gen za kapa kazein predstavlja selekcijo na kvalitativno lastnost, na katero okolje nima vpliva. Selekcijo na gen za kapa kazein izvajajo z namenom izboljšanja gospodarnosti predelave mleka. Za predelavo mleka je najbolj zaželen genotip BB, ker vpliva na povečanje izplena sira (Buchberger in Dovč, 2000; Ermacora, 2014).

3 MATERIAL IN METODE

3.1 MATERIAL

Pridobili smo podatke o genotipiziranih živalih in njihovih prednikih za gen za kapa kazein iz podatkovne zbirke, ki jo urejajo in hranijo na Kmetijskem inštitutu Slovenije (KIS). Populacijo s poznanimi genotipi za gen za kapa kazein je sestavljalo 963 živali črno-bele, rjave in lisaste populacije. V črno-beli populaciji so bile združene živali črno-bele in rdeče holštajn pasme. Genotipizacija lokusa gena za kapa kazein se izvaja na Biotehniški fakulteti Univerze v Ljubljani na Oddelku za Zootehniko. Podatke za analizo je predstavljal zapis za vsako žival, ki je vseboval življenjsko številko živali, sekvenčno številko živali, rodovniško številko živali, pasmo živali, ime živali, genotip, identifikacijsko številko očeta, identifikacijsko številko matere, datum rojstva, spol, oznako populacije, standardizirane napovedi plemenskih vrednosti za skupni selekcijski indeks, količino mleka, količino maščob in količino beljakovin. Standardizirane napovedi plemenskih vrednosti za oceno SSI in za posamične lastnosti mlečnosti smo pridobili iz prvega nacionalnega obračuna plemenskih vrednosti za populacije goveda v Sloveniji, ki so ga marca 2014 opravili v Centru za strokovno delo v živinoreji na Oddelku za zootehniko na Biotehniški fakulteti Univerze v Ljubljani (Govedo, 2015).

3.2 METODE DELA

Na osnovi pridobljenih podatkov o genotipiziranih živalih in njihovih prednikih smo s pomočjo programa CFC (Sargolzaei in sod., 2006) naredili rodovnik. Iz rodovnika smo s programom treecut izključili neinformativne živali (Meyer, 2003). Za potrebe ocenjevanja verjetnosti pojavljanja alelov smo uporabili podatke o številu posamičnih alelov za 963 genotipiziranih živali in njihove rodovnike. Po izključitvi neinformativnih živali je bilo v skupnem rodovniku 5.050 živali.

Na osnovi rutinsko zbranih podatkov v okviru rejskih programov in rodovnika smo izračunali frekvence genotipov (AA, AB, AE, BB, BE, in EE) in alelov (A, B in E) gena za

kapa kazein za genotipizirane živali in ocenili verjetnost pojavljanja alelov za vse živali v rodovniku.

Osnovne analize alelov in genotipov za genotipizirane živali so bile narejene s statističnim paketom SAS/STAT (SAS, 2011). Za ocenjevanje verjetnosti pojavljanja alelov živali v rodovniku smo uporabili program VCE 6.3 (Groeneveld in sod., 2010). Ocene verjetnosti pojavljanja alelov smo uporabili za ocenjevanje sprememb frekvenc alelov po populacijah.

3.2.1 Analiza rodovniških podatkov

Genotipe za posamičen alel smo kodirali s števkami 0, 1 ali 2, in sicer tako, da smo genotipe živali številčno predstavili kot število alelov. Genotipi, ki nimajo določenega alela, so bili predstavljeni s številko 0, medtem ko so bili s številkama 1 in 2 predstavljeni genotipi, ki imajo enega oz. dva določena alela. Npr. genotip AA smo za alel A kodirali s številko 2, medtem ko smo genotip AB kodirali s številko 1 (Tabela 5).

Tabela 5: Kodiranje genotipov

Genotip	Alel		
	A	B	E
AA	2	0	0
AB	1	1	0
BB	0	2	0
BE	0	1	1
EE	0	0	2
AE	1	0	1

3.2.2 Napovedovanje verjetnosti pojavljanja alelov

Za določitev frekvenc alelov genotipiziranih živalih smo uporabili metodo štetja. Opažene frekvence genotipov genotipiziranih živali črno-bele, rjave in lisaste populacije smo primerjali s pričakovanimi frekvencami v Hardy-Weinbergovem ravnotežju. Uporabili smo χ^2 test in z njim preverili, če so opažene frekvence genotipov enake pričakovanim.

Rodovniki nam opisujejo sorodstvene vezi med živalmi. Pri ocenjevanju alelov negenotipiziranih živali predpostavljamo, da je vsak od staršev prispeval polovico alelov

potomcev. Pretežno so genotipizirani plemenjaki. Za negenotipizirane živali lahko napovemo frekvence posamičnih alelov na osnovi informacije o genotipu sorodnikov. Genotip potomca lahko z gotovostjo določimo v primeru, ko sta starša homozigota. Na primer, če imata starša genotip AA in BB potem imajo njuni potomci z gotovostjo genotip AB. Rodovniki v živinoreji so obsežni, plemenjaki imajo veliko potomcev, plemenice v življenjskem obdobju zamenjajo več partnerjev, pogosto pa se pojavi tudi parjenje v sorodstvu. Našteti dejavniki omogočajo oceno verjetnosti pojavljanja alelov pri negenotipiziranih članih rodovnika (Gorjanc in sod., 2015).

Pridobljene informacije o genotipiziranih živalih in rodovniku smo uporabili za vključitev negenotipiziranih živali v analizo z uporabo mešanega modela oz. modela živali. Metoda mešanega modela temelji na linearni dekompoziciji fenotipske vrednosti, pri čemer laboratorijsko določeni genotipi predstavljajo fenotipske vrednosti. Model živali je primer metode BLUP (najboljša linearna nepristranska napoved). Metodo so opisali Henderson (1975) ter Slanger in sodelavci (1976). Model živali upošteva celoten rodovnik živali v preučevani populaciji in s tem posledično uporabi največje možno število informacij, ki so na voljo. Napovedi plemenskih vrednosti v našem primeru predstavljajo odstopanje posamične žival od ocenjene povprečne vrednosti za populacijo za posamičen alel. Celoten postopek napovedovanja plemenskih vrednosti se je delil na: zajem podatkov iz centralne baze, kontrolo podatkov, pripravo matrik za izračun enačb mešanega modela, pripravo rezultatov za kontrolo in kontrolo rezultatov. Izračun je bil opravljen ločeno po alelih.

Matrični zapis modela:

$$\mathbf{y} = \boldsymbol{\mu} + \mathbf{Z}\mathbf{a} + \mathbf{e}, \quad \dots(1)$$

kjer je $\mathbf{y}$ ocena določenega alela pri posamični živali, vektor $\boldsymbol{\mu}$ je enak oceni dvakratne frekvence alelov v osnovni populaciji pri prednikih brez rodovnika. Vektor $\mathbf{e}$ predstavlja ostanke za posamično žival. Vektor $\mathbf{a}$ je vektor aditivnih genetskih (plemenskih) vrednosti, v našem primeru gre za ocene verjetnosti frekvenc posamičnega alela. Matrika $\mathbf{Z}$ predstavlja matriko dogodkov.

Z metodo mešanega modela opisujemo informacije med sorodniki z matriko sorodstva. Direktna genotipska informacija nam hkrati določa tudi plemensko vrednost posamične živali oz. v našem primeru oceno verjetnosti pojavljanja posamičnega alela. V modelu lahko to dosežemo z visokim dednostnim deležem. Dednostni delež pove, v kolikšnem delu so opažene fenotipske razlike med živalmi pojasnjene z variabilnostjo v genotipu (Falconer in Mackay, 1996). V našem primeru smo predpostavili visok dednostni delež ($h^2 \sim 0,99$), saj ima okolje na laboratorijsko določen genotip zanemarljiv vpliv.

3.2.3 Preveritev metode ocenjevanja verjetnosti pojavljanja alelov

Za preveritev ocenjevanja verjetnosti pojavljanja alelov in zanesljivosti ocen smo uporabili primerjalno skupino, ki je vključevala 84 genotipiziranih živali iz rodovnika. Za živali v primerjalni skupini smo poznali genotip očeta in genotip starega očeta po materini strani. Izračunali smo korelacijo med pravo in ocenjeno verjetnostjo pojavljanja alelov. Za preveritev metode smo izračunali osnovno statistiko zanesljivosti ocen verjetnosti pojavljanja alelov za genotipizirane živali, njihove starše in stare starše ter njihove potomce.

3.2.4 Korelacija med ocenami verjetnosti pojavljanja alelov in oceno za skupni selekcijski indeks ter napovedmi plemenskih vrednosti za posamične lastnosti mlečnosti

Ocenili smo korelacijo med ocenami verjetnosti pojavljanja posamičnih alelov gena za kapa kazein in oceno za skupni selekcijski indeks ter napovedmi plemenskih vrednosti za posamične lastnosti mlečnosti (količina mleka, količina maščob in količina beljakovin). Ocene verjetnosti pojavljanja alelov pri 5050 živalih v rodovniku smo izračunali iz podatkov pridobljenih iz podatkovne zbirke, ki jo urejajo in hranijo na KIS. Izračun je bil opravljen najprej le za genotipizirane živali in nato še za vse živali v rodovniku.

4 REZULTATI Z RAZPRAVO

4.1 ANALIZA RODOVNIŠKIH PODATKOV

Skupen rodovnik je vseboval 7.589 živali. Po izločitvi neinformativnih živali je v rodovniku ostalo 5.050 živali. Rodovnik s 5 generacijami je sestavljalo 29,66 % plemenskih bikov in 55,25 % ženskih živali. Znana starša je imelo 62,97 % živali. Osnovna populacija je obsegala 217 živali. Potomce je imelo 84,91 % živali. Inbridiranih živali v rodovniku je bilo 28,65 % (Tabela 6).

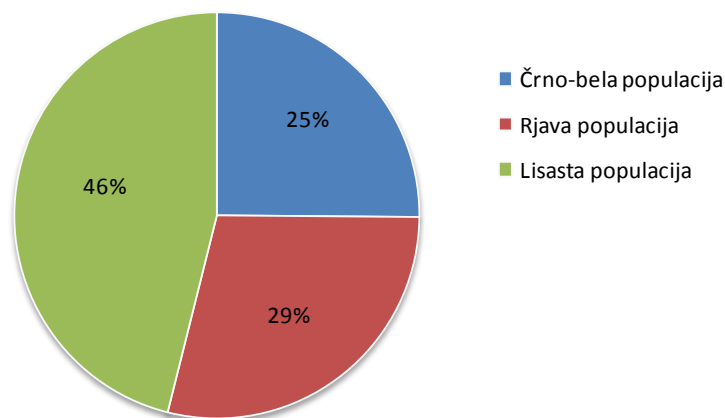
Tabela 6: Struktura rodovnika

Skupina	Število	Delež (%)
Vseh živali	5.050	100,00
Osnovna populacija	217	4,30
Število živali s potomci	4288	84,91
Plemenski biki	1.498	29,66
Plemenice	2.790	55,25
Število inbridiranih živali	1.447	28,65
Poznana oba starša	3.180	62,97
Poznan en starš	1.653	32,73
Živali brez potomcev	762	15,09

Večina živali v rodovniku ni bila inbridiranih (koeficient inbridinga od 0,00 do vključno 0,05). Največji koeficient inbridinga (od 0,20 do vključno 0,25) je imelo 6 živali (Tabela 7). V analizo rodovnika je bilo vključenih 963 genotipiziranih živali. Največje število genotipiziranih živali je bilo lisaste populacije (444), sledile so živali rjave populacije (277) in živali črno-bele populacije z 242 genotipiziranimi živalmi (Slika 8).

Tabela 7: Koeficienti inbridinga

Koeficient inbridinga	Število živali
$0,00 < F \leq 0,05$	1381
$0,05 < F \leq 0,10$	53
$0,10 < F \leq 0,15$	7
$0,15 < F \leq 0,20$	0
$0,20 < F \leq 0,25$	6



Slika 8: Delež genotipiziranih živali po populacijah

4.2 OSNOVNA STATISTIKA

4.2.1 Osnovna analiza genotipov

Tabela 8 prikazuje frekvence genotipov po populacijah. Zaželeni genotip BB je imelo 38,3 % živali rjave populacije, 5,6 % živali lisaste populacije in 5,0% živali črno-bele populacije. Pri črno-beli populaciji je bila največja frekvenca genotipov AA (58,3 %) in AB (29,3 %). Črno-bela populacija je bila edina populacija, kjer se je pojavil genotip EE (0,4 %). Pri rjavi populaciji je bila največja frekvenca genotipov AB (46,2 %) in BB (38,3 %). Rjava populacija je izstopala zaradi velike frekvence želenega genotipa BB. Pri lisasti populaciji je bila največja frekvenca genotipov AA (51,1 %) in AB (42,6 %).

Tabela 8: Frekvence genotipov po populacijah

Populacija	Frekvenca genotipov (%)						Skupaj
	AA	AB	AE	BB	BE	EE	
ČB	58,3	29,3	4,5	5,0	2,5	0,4	100,0
RJ	14,8	46,2	0,0	38,3	0,7	0,0	100,0
LS	51,1	42,6	0,7	5,6	0,0	0,0	100,0

ČB – črno-bela populacija, RJ – rjava populacija, LS – lisasta populacija

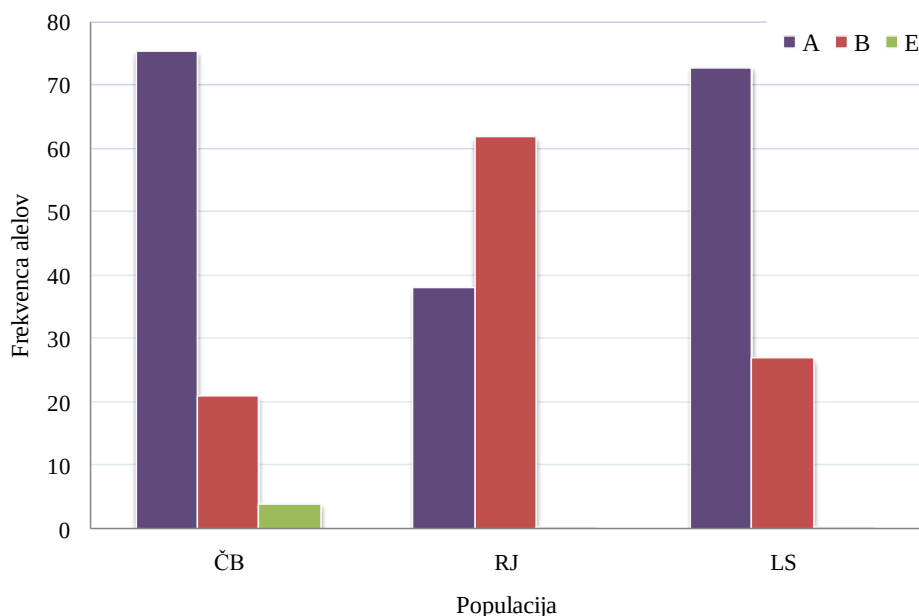
Frekvence alelov in genotipov gena za kapa kazeina so bile raziskane pri različnih populacijah goveda zaradi njegovega pozitivnega vpliva na lastnosti mleka v postopku sirjenja (Milk..., 2013).

Pri črno-beli populaciji v tujini je bila frekvenca genotipa AA od 48,0 % do 68,0 %, frekvenca genotipa AB od 28,0 % do 51,0 % in frekvenca genotipa BB od 0,3 % do 1,3 % (Çardak, 2005; Bobe in sod., 1999). Frekvenca genotipa AA se je v primerjavi s slovensko populacijo razlikovala od -10,3 do +9,7 odstotne točke, frekvenca genotipa AB od -1,3 do +21,7 odstotne točke in frekvenca genotipa BB od -4,7 do -3,7 odstotne točke.

Pri rjavi populaciji v tujini je bila frekvenca genotipa AA od 2,0 % do 19,3 %, frekvenca genotipa AB od 15,0 % do 60,2 % in frekvenca genotipa BB od 20,4 % do 83,0 % (Dogru in Ozdemir, 2009; Assembleia..., 2015). Frekvenca genotipa AA se je v primerjavi s slovensko populacijo razlikovala od -12,8 do +4,5 odstotne točke, frekvenca genotipa AB od -31,2 do +14,0 odstotne točke in frekvenca genotipa BB od -17,9 do +44,7 odstotne točke.

Pri lisasti populaciji v tujini je bila frekvenca genotipa AA 43,0 %, frekvenca genotipa AB 49,0 % in frekvenca genotipa BB 8,0 % (Çardak, 2005). Frekvenca genotipa AA je bila v primerjavi s slovensko populacijo manjša za 8,1 odstotne točke, frekvenca genotipa AB je bila večja za 6,4 odstotne točke in frekvenca genotipa BB je bila večja za 2,4 odstotne točke.

V slovenski črno-beli in lisasti populaciji je bila največja frekvenca alela A gena za kapa kazein (Slika 9). Največja frekvenca alela A je bil pri črno-beli populaciji (75,21 %), sledila je lisasta populacija (72,75 %) in rjava populacija (37,92 %). Z zelo visoko frekvenco alela B je v pozitivnem smislu izstopala rjava populacija (61,73%). Pri lisasti in črno-beli populaciji je bila njegova frekvenca znatno manjša (26,91 % in 20,87 %). Alel E je bil najbolj prisoten v črno-beli populaciji (3,93 %). Pri rjavi in lisasti populaciji je bila njegova frekvenca zelo majhna (0,36 % in 0,34 %).



Slika 9: Frekvence alelov po populacijah.

Pri črno-beli populaciji v tujini je bila frekvenca alela A od 71 % do 73 % in frekvenca alela B od 27,0 % do 29,0 % (Çardak, 2005; Oner in Elmaci, 2006). Frekvenca alela A se je v primerjavi s slovensko populacijo razlikovala od -4,21 do -2,21 odstotne točke in frekvenca alela B od +6,13 do +8,13 odstotne točke. Pri rjavi populaciji v tujini je bila frekvenca alela A od 33,0 % do 50,0 % in frekvenca alela B od 51,0 % do 67,0 % (Van Eenennaam in Medrano, 1991; Bâlțeanu in sod., 2010; Dogru in Ozdemir, 2009). Frekvenca alela A se je v primerjavi s slovensko populacijo razlikovala od -4,92 do +12,08 odstotne točke in frekvenca alela B od -10,73 do +5,27 odstotne točke. Pri lisasti populaciji v tujini je bila frekvenca alela A 68,0 % in frekvenca alela B 32,0 % (Çardak, 2005). Frekvenca alela A se je v primerjavi s slovensko populacijo razlikovala za -4,75 odstotne točke in frekvenca alela B za +5,09 odstotne točke.

4.2.2 Frekvence genotipov in alelov v Hardy-Weinbergovem ravnotežju

Tabela 9 prikazuje opažene in pričakovane frekvence genotipov v Hardy-Weinbergovem ravnotežju za genotipizirane živali črno-bele, rjave in lisaste populacije. S χ^2 testom smo preverili, če so bile opažene frekvence genotipov v Hardy-Weinbergovem ravnotežju. Pri vseh populacijah je bila statistično značilna razlika med opaženo in pričakovano frekvenco

genotipov. Opažene frekvence genotipov v črno-beli, rjavi in lisasti populaciji niso bile v Hardy-Weinbergovem ravnotežju.

Tabela 9: Opažene in pričakovane frekvence genotipov v Hardy-Weinbergovem ravnotežju za genotipizirane živali s statistično značilnostjo χ^2 testa

Genotip	Populacija					
	ČB ($p < 0,001$)		RJ ($p < 0,001$)		LS ($p < 0,001$)	
	Opaženo	Pričakovano	Opaženo	Pričakovano	Opaženo	Pričakovano
AA	58,3	53,5	14,8	14,4	51,0	52,4
AB	29,3	31,7	46,2	32,0	42,6	35,9
BB	4,5	4,7	0,0	17,8	0,7	6,1
BE	5,0	2,2	38,3	16,8	5,6	1,4
EE	2,5	0,3	0,7	3,9	0,0	0,1
AE	0,4	7,6	0,0	15,1	0,0	4,1
Skupaj	100,0	100,0	100,0	100,0	100,0	100,0

4.3 OCENA VERJETNOSTI POJAVLJANJA ALELOV

Ocene verjetnosti pojavljanja alelov so prikazane ločeno po alelih (A, B in E) v posamični populaciji (črno-beli, rjavi in lisasti) za vse živali v rodovniku (Tabela 10). Pri črno-beli populaciji je bila največja ocena verjetnost pojavljanja alela A ($0,53 \pm 0,32$), ocena verjetnosti pojavljanja alela B je bila $0,13 \pm 0,17$ in ocena verjetnosti pojavljanja alela E je bila $0,00 \pm 0,04$. To pomeni, da je bila ocena verjetnosti pojavljanja alela A za več kot 4-krat večja od alela B. Povprečna zanesljivost ocen verjetnosti pojavljanja alelov je bila 0,52. Pri rjavi populaciji je bila največja ocena verjetnost pojavljanja alela B ($0,40 \pm 0,29$), ocena verjetnosti pojavljanja alela A je bila $0,30 \pm 0,24$. To pomeni, da je bilo pri rjavi pasmi razmerje med ocenama verjetnosti pojavljanja alela B in A 4:3. Povprečna zanesljivosti ocen verjetnosti pojavljanja alelov je bila 0,54. Pri lisasti populaciji je bila največja ocena verjetnost pojavljanja alela A ($0,49 \pm 0,30$), ocena verjetnosti pojavljanja alela B je bila $0,18 \pm 0,19$. Povprečna zanesljivosti ocen verjetnosti pojavljanja alelov je bila 0,54.

Tabela 10: Osnovna statistika ocen verjetnosti pojavljanja alelov po populacijah

Alel	Populacija													
	ČB				r	RJ				r	LS			
	Ocena			n		Ocena			n		Ocena			r
	n	$\bar{x}$	SD			n	$\bar{x}$	SD			n	$\bar{x}$	SD	
A	1418	0,53	0,32	0,52	1338	0,30	0,24	0,54	2220	0,49	0,30	0,54		
B	1418	0,13	0,17	0,52	1338	0,40	0,29	0,54	2220	0,18	0,19	0,54		
E	1418	0,00	0,04	0,52	1338	0,00	0,00	0,54	2220	0,00	0,00	0,54		

ČB - črno-bela populacija, RJ - rjava populacija, LS - lisasta populacija, r –korelacijski koeficient, n – št. živali, SD – standardni odklon

4.3.1 Preveritev metode ocenjevanja verjetnosti pojavljanja alelov

Ocena verjetnosti pojavljanja alelov je bila najbolj zanesljiva pri genotipiziranih živalih (Tabela 11), kjer je bila zanesljivost ocen med 0,90 in 1,00 (16,92 % črno-bela populacija, 20,55 % rjava populacija in 20,36 % lisasta populacija). Največ živali je imelo zanesljivost ocen pojavljanja alelov med 0,50 in 0,70 (28,57 % črno-bela populacija, 25,71 % rjava populacija in 25,50 % lisasta populacija). Najmanjšo zanesljivost ocene verjetnosti pojavljanja alelov (0,01 do 0,30) je imelo 22,98 % živali črno-bele populacije, 22,65 % živali rjave populacije in 24,15 % živali lisaste populacije. Zanesljivost ocen pojavljanja alelov v primerjalni skupini 84 genotipiziranih živali je bila 0,99 pri vseh živalih v skupini.

Tabela 11: Deleži (%) zanesljivosti ocen med pravo in ocenjeno vrednostjo pojavljanja alelov po populacijah

Zanesljivost	Populacija		
	ČB	RJ	LS
$0,01 < x \leq 0,30$	22,98	22,65	24,15
$0,30 < x \leq 0,50$	27,93	25,34	24,55
$0,50 < x \leq 0,70$	28,57	25,71	25,50
$0,70 < x \leq 0,85$	3,52	5,53	5,32
$0,90 < x \leq 1,00$	16,92	20,55	20,36

ČB - črno-bela populacija, RJ - rjava populacija, LS - lisasta populacija

Osnovna statistika zanesljivosti ocen verjetnosti pojavljanja alelov po generacijah je prikazana v tabeli 12. Genotipizirane živali so imele zanesljivost ocen verjetnosti pojavljanja alelov v povprečju $0,99 \pm 0,00$. Njihovi starši so imeli zanesljivost ocen verjetnosti pojavljanja alelov v povprečju $0,66 \pm 0,10$, njihovi stari starši $0,51 \pm 0,19$ in potomci $0,67 \pm 0,14$. Več generacij kot se oddaljimo od genotipiziranih živali, manjša je povprečna zanesljivost ocen verjetnosti pojavljanja alelov. Zanesljivosti ocen verjetnosti

pojavljanja alelov genotipiziranih živali so primerljive z zanesljivostim napovedi PV progeno testiranih bikov. Zanesljivosti ocen verjetnosti pojavljanja alelov staršev oz. potomcev genotipiziranih živali so primerljive z zanesljivostmi napovedi genomskih PV.

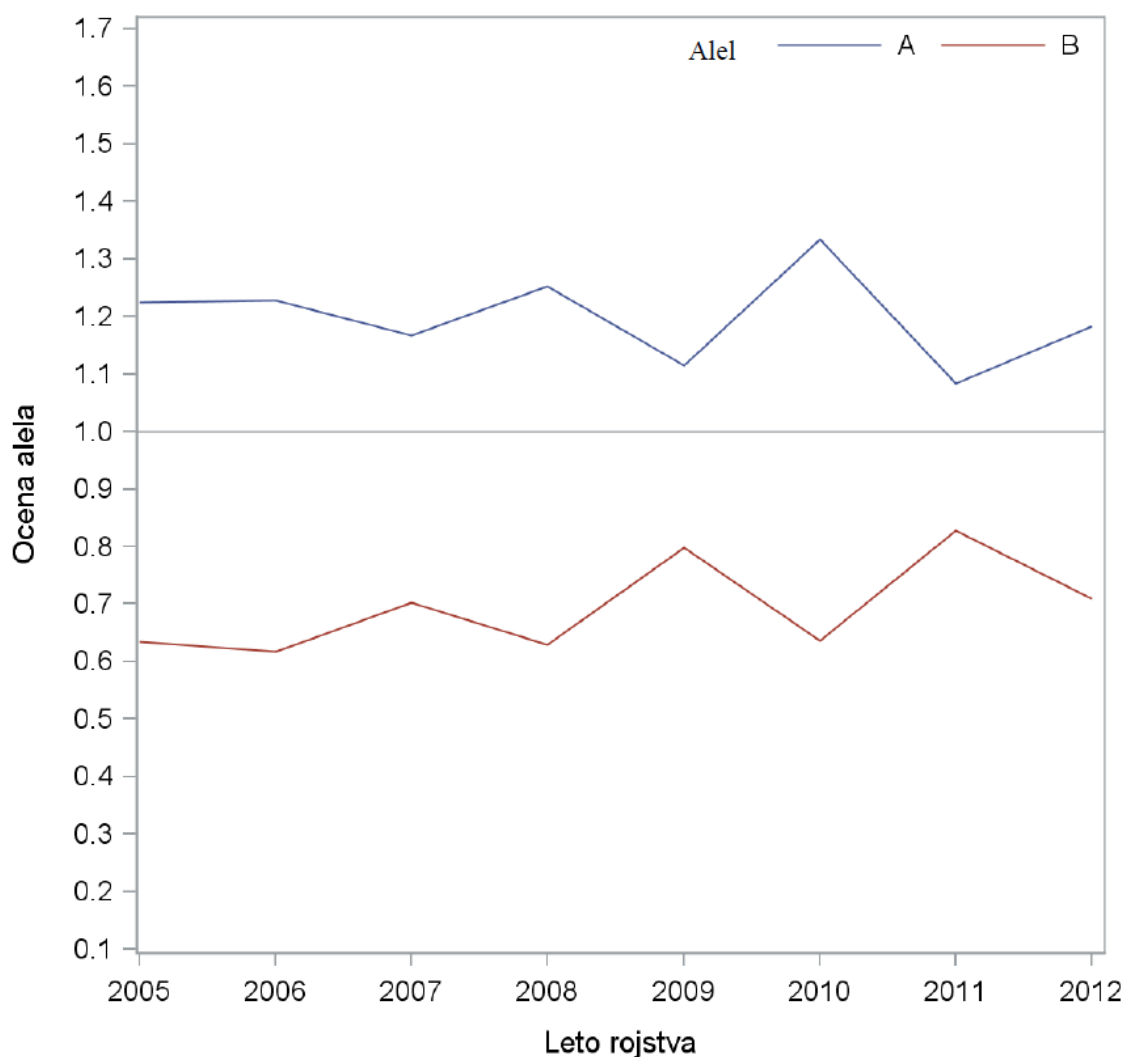
Tabela 12: Osnovna statistika zanesljivosti ocen verjetnosti pojavljanja alelov po generacijah

	Število	Zanesljivost	SD	Min.	Maks.
Genotipizirane živali	963	0,99	0,00	0,99	0,99
Njihovi starši	534	0,66	0,10	0,50	0,99
Njihovi stari starši	735	0,51	0,19	0,26	0,99
Njihovi potomci	238	0,67	0,14	0,50	0,99

SD – standardni odklon, Min. – minimum, Maks. - maksimum

4.4 SPREMEMBE OCEN VERJETNOSTI POJAVLJANJA ALELOV

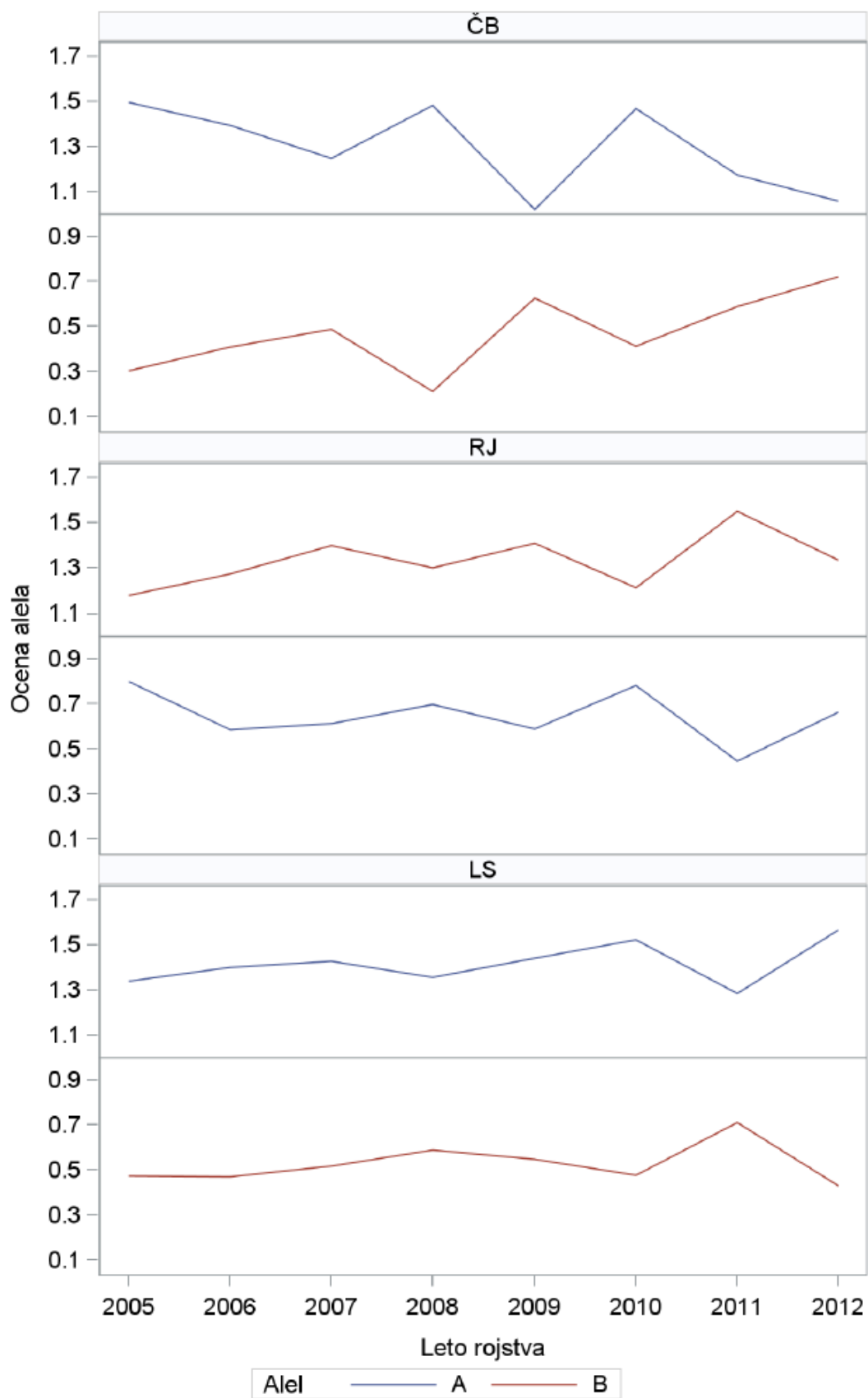
Spremembe ocen verjetnosti pojavljanja alelov smo prikazali v grafični obliki za alela A in B gena za kapa kazein ločeno za črno-belo, rjavo in lisasto populacijo. Alel E zaradi nizke frekvence nismo prikazali. Spremembe ocen verjetnosti pojavljanja alelov smo prikazali za živali z letniki rojstva od leta 2005 do leta 2012. Pri živalih v rodovniku je bila največja ocenjena verjetnost pojavljanja alel A, ki je bila nad 1,0 skozi celotno analizirano obdobje (Slika 10). Ocena verjetnosti pojavljanja alelov A se pri živalih z letnikom rojstva 2012 v primerjavi z letnikom rojstva 2005 ni veliko spremenila. Živali z letnikom rojstva 2009 in 2011 so imele najnižjo oceno verjetnosti pojavljanja alela. Največjo oceno verjetnosti pojavljanja alela A so imele živali z letnikom rojstva 2010. Ocena verjetnosti pojavljanja alela B se je v analiziranem obdobju rahlo povečala na račun zmanjšanja ocene verjetnosti pojavljanja alela A. Živali z letnikom rojstva 2007, 2009 in 2011 so imele največjo oceno verjetnosti pojavljanja alela B. Najmanjšo oceno verjetnosti pojavljanja alela B so imele živali z letnikom rojstva 2008 in 2010. Ocena verjetnosti pojavljanja alela B se je v analiziranem obdobju povečala.



Slika 10: Spremembe ocen verjetnosti pojavljanja alelov

4.4.1 Spremembe ocen verjetnosti pojavljanja alelov v populacijah

V analiziranem 7-letnem obdobju se je ocena verjetnosti pojavljanja alela B najbolj povečala pri črno-beli populaciji (Slika 11). Ocena verjetnosti pojavljanja alela B se je v črno-beli populaciji povečala na račun zmanjšanja ocene verjetnosti pojavljanja alela A. Pri rjavi populaciji se je v analiziranem obdobju povečala ocena verjetnosti pojavljanja alela A. Mlajše živali v rjavi populaciji so imele večjo oceno verjetnosti pojavljanja alela B. Mlajše živali v lisasti populaciji so imele večjo oceno verjetnosti pojavljanja alela A. V analiziranem obdobju se je ocena verjetnosti pojavljanja alela B pri črno-beli populaciji in rjavi populaciji zmanjšala. Pri lisasti populaciji se je ocena verjetnosti pojavljanja alela B zmanjšala.

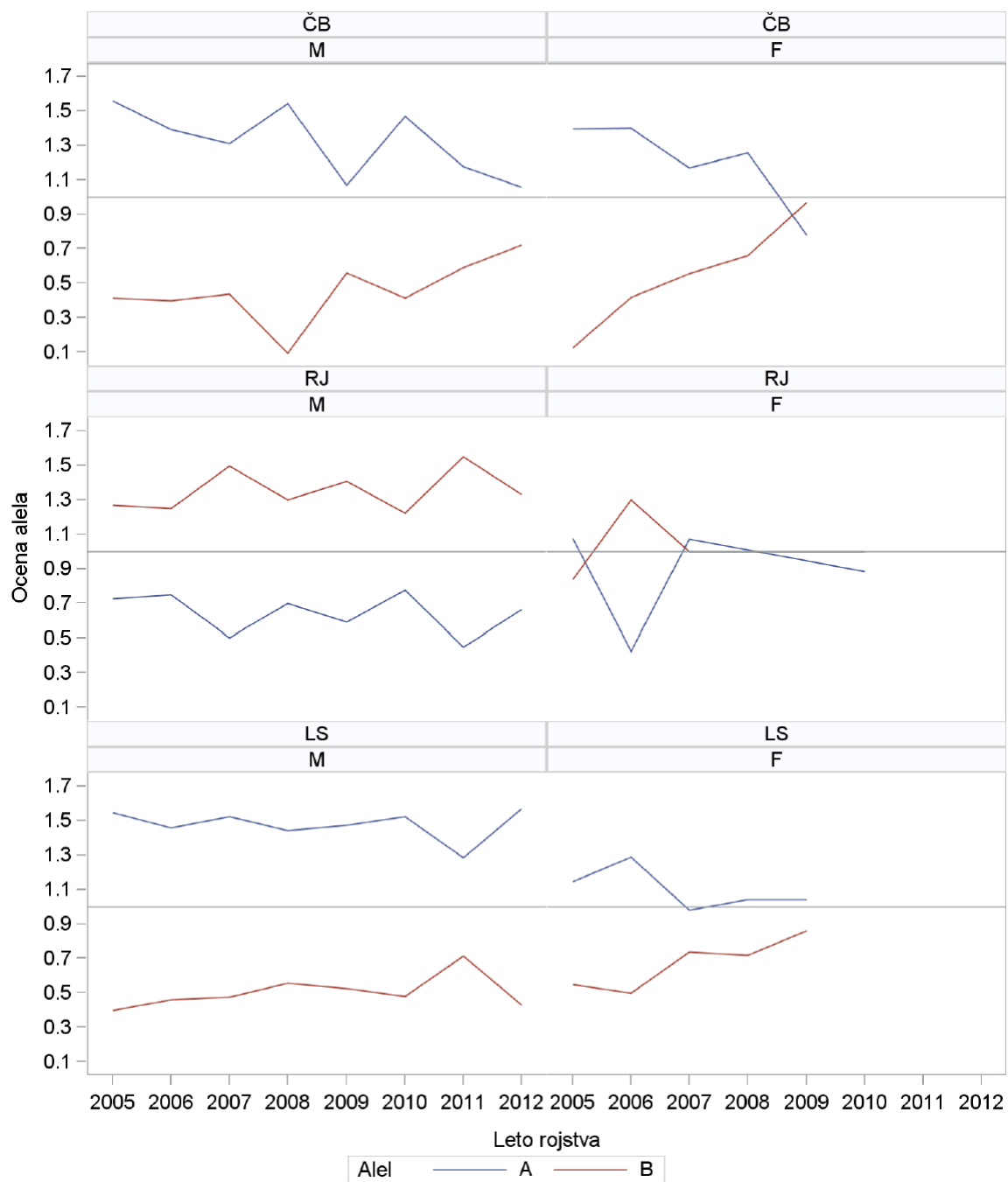


Slika 11: Spremembe ocen verjetnosti pojavljanja alelov v populacijah

4.4.2 Spremembe ocen verjetnosti pojavljanja alelov po spolu znotraj populacij

Spremembe za ženski spol predstavljajo hkrati tudi spremembe populacije, saj število ženskih živali predstavlja večinski del populacije. Večji delež genotipiziranih živali je bilo moškega spola, saj se seme bikov uporablja za osemenjevanje večjega števila krav. Slednje prikazuje slika 12. Za ženski spol so pri vseh populacijah znani podatki o genotipih samo za živali z letniki rojstva od leta 2005 do leta 2009. Pri vseh treh populacijah je opaziti večje spremembe ocen verjetnosti pojavljanja alelov pri ženskih živalih kot pa pri moških. Spremembe ocen verjetnosti pojavljanja alelov se pri ženskih živali bistveno ne razlikujejo od vseh živali v rodovniku. Zato spremembe ocen verjetnosti pojavljanja alelov pri ženskih živali predstavljajo spremembe ocen verjetnosti pojavljanja alelov v populaciji, saj je delež moških živali v populaciji zanemarljiv.

Pri ženskih živalih črno-bele populacije se je v analiziranem obdobju povečala ocena verjetnosti pojavljanja alela B. Ženske živali rjave populacije z letniki rojstva 2005 in 2007 so imele večjo oceno verjetnosti pojavljanja alela B. Pri ženskih živalih lisaste populacije se je v analiziranem obdobju povečala ocena verjetnosti pojavljanja alela B. Pri moških živalih v lisasti populaciji podobno kot pri moških živalih v rjavi populaciji ni bilo sprememb v oceni verjetnosti pojavljanja obeh alelov. Najbolj so izstopale moške živali črno-bele populacije, kjer so imele mlajše živali večje ocene verjetnosti pojavljanja alela B.



Slika 12: Spremembe ocen verjetnosti pojavljanja alelov po spolu znotraj populacij

4.5 OCENE KORELACIJ MED OCENAMI VERJETNOSTI POJAVLJANJA ALELOV IN OCENO SKUPNEGA SELEKCIJSKEGA INDEKSA TER NAPOVEDMI PLEMENSKIMI VREDNOSTMI ZA POSAMIČNE LASTNOSTI MLEČNOSTI

Prikazane so ocene korelacij med oceno SSI ter napovedmi plemenskih vrednosti za posamične lastnosti mlečnosti (količina mleka, maščob in beljakovin) in ocenami verjetnosti pojavljanja alelov (Tabela 13) v črno-beli, rjavi in lisasti populaciji. Korelacija je bila ocenjena za alela A in B. Alel E je bil zaradi nizke frekvence izključen iz analize. Pri genotipiziranih živalih so bile vse ocenjene korelacije nizke. Ocena korelacije večja od 0,25 je bila samo v primeru rjave populacije med oceno verjetnosti pojavljanja alela A in napovedjo PV za količino beljakovin (-0,28) ter oceno SSI (-0,26) ter med oceno verjetnosti pojavljanja alela B in oceno SSI (0,25).

Tabela 13: Korelacije med oceno SSI in napovedmi plemenskih vrednosti za posamične lastnosti mlečnosti ter ocenami verjetnosti pojavljanja alelov pri genotipiziranih živalih

Napoved PV za lastnost	Populacija genotipiziranih živali					
	ČB		RJ		LS	
	A	B	A	B	A	B
SSI	-0,12	0,21	-0,26	0,25	-0,01	0,01
Količina mleka (kg)	-0,16	0,12	-0,17	0,13	-0,01	0,01
Količina maščob (kg)	0,03	0,03	-0,14	0,09	0,09	-0,08
Količina beljakovin (kg)	-0,15	0,19	-0,28	0,23	0,00	0,02

PV – plemenska vrednost, SSI – skupni selekcijski indeks, ČB – črno-bela populacija, RJ – rjava populacija, LS – lisasta populacija

Ocene korelacij so bile nekoliko večje v primeru izračuna za vse živali v rodovniku zaradi večjega števila informacij o posamičnih alelih (Tabela 14). V črno-beli populaciji je bila ocena verjetnosti pojavljanja alela A najbolj korelirana z napovedjo PV za količino beljakovin (0,27) in količino maščob (0,32). V rjavi populaciji je bila ocena verjetnosti pojavljanja alela B najbolj korelirana z napovedjo PV za količino mleka (0,39) in količino beljakovin (0,45). V lisasti populaciji je bila ocena verjetnosti pojavljanja alela A najbolj korelirana z napovedjo PV za količino maščob (0,39) in količino beljakovin (0,38). Po posamičnih populacijah so bile ocene korelacij večje pri tistih alelih, ki so imeli večjo

oceno verjetnosti pojavljanja. Npr. črno-bela populacija je imela največjo oceno verjetnosti pojavljanja alela A. Zaradi večjega števila informacij za alel A so bile ocene korelacij večje.

V obeh primerih so bile ocenjene korelacije nizke, zato s selekcijo na SSI oz. na lastnosti mlečnosti ne moremo pričakovati spremembe frekvence alelov gena za kapa kazein.

Tabela 14: Korelacije med oceno SSI in napovedmi plemenskih vrednosti ter ocenami pojavljanja alelov v populaciji

Napoved PV za lastnost	Populacija					
	ČB		RJ		LS	
	A	B	A	B	A	B
SSI	0,09	0,23	-0,09	0,33	0,21	0,09
Količina mleka (kg)	0,25	0,18	0,11	0,39	0,36	0,17
Količina maščob (kg)	0,32	0,13	0,11	0,42	0,39	0,16
Količina beljakovin (kg)	0,27	0,23	0,07	0,45	0,38	0,19

PV – plemenska vrednost, SSI – skupni selekcijski indeks, ČB – črno-bela populacija, RJ – rjava populacija,

LS – lisasta populacija

Izračunana je bila korelacija med oceno za SSI in napovedmi PV za posamične lastnosti mlečnosti (količina mleka, količina maščob in količina beljakovin) ter ocenami verjetnosti pojavljanja alelov pri genotipiziranih živalih. Korelacije so bile različne pri genotipiziranih živalih in vsemi živalmi v rodovniku. V tujih študijah so dokazali, da ima genotip gena za kapa kazein statistično značilen vpliv na delež mlečne maščobe. Ne vpliva pa na količino maščob in beljakovin ter na delež beljakovin (Vidović in sod., 2013). Merila za vrednotenje kakovosti mleka se spreminjajo. Maščobe, ki so bile nekoč najpomembnejši kriterij za določanje vrednosti mleka, postajajo manj pomembne. S postavitvijo kriterija vsebnosti suhe snovi brez maščob je prišla v ospredje vsebnost beljakovin. Zahteve trga se spreminjajo in s tem tudi rejski cilji (Babnik in sod., 2004). Za izboljšanje gospodarnosti prireje želimo vedeti, katere živali imajo večjo verjetnost prenašanja zelenih alelov gena za kapa kazein.

5 SKLEPI

Na podlagi našega dela smo prišli do naslednjih sklepov:

Razmerje med ocenjenimi verjetnostmi pojavljanja alelov A in B gena za kapa kazein je bilo najugodnejše pri rjavi populaciji (4:3), sledila je lisasta populacija (1:3). Najmanj ugodno razmerje alelov A in B gena za kapa kazein je bilo pri črno-beli populaciji (1:4), poleg tega pa je v populaciji prisoten še alel E.

Spremembe ocen verjetnosti pojavljanja alela B gena za kapa kazein so bile v analiziranem obdobju največje pri črno-beli populaciji. Črno-bela populacija kaže največji pozitiven trend ocen verjetnosti pojavljanja alela B, vendar so velika nihanja med posameznimi letniki rojstva živali. Največjo oceno verjetnosti pojavljanja alela B so imele živali z letnikom rojstva 2009 in 2012. Pozitiven trend ocen verjetnosti pojavljanja alela B je bil ocenjen tudi pri rjavi populaciji. Pri lisasti populaciji ni mogoče govoriti o trendu ocen verjetnosti pojavljanja alela B. Pri rjavi in lisasti populaciji so imele največjo oceno verjetnosti pojavljanja alela B živali z letnikom rojstva 2011.

Korelacije med ocenami verjetnosti pojavljanja alelov gena za kapa kazein in oceno za SSI ter napovedmi PV za posamične lastnosti mlečnosti so bile v povprečju majhne. Nekoliko večje korelacije so bile z aleli, ki imajo večjo oceno verjetnosti pojavljanja v populaciji. Za črno-belo populacijo je bila ocena verjetnosti pojavljanja alela B najbolj korelirana z oceno SSI (0,23) in napovedjo PV za količino beljakovin (0,23). Za rjavo populacijo je bila ocena verjetnosti pojavljanja alela B najbolj korelirana z napovedjo PV za količino mleka (0,39) in količino beljakovin (0,45). Za lisasto populacijo je bila ocena verjetnosti pojavljanja alela B najbolj korelirana z napovedjo PV za količino mleka (0,17) in količino beljakovin (0,19).

Metodologija, ki smo jo uporabili, je primerna za uporabo v selekciji pri govedu. Pred uvedbo ocen verjetnosti pojavljanja alela B kot kriterij selekcije v rutinsko selekcijsko delo

bi bilo potrebno zagotoviti, da se genotipizira večje število živali, še posebej ženskih. Do tedaj pa lahko ta parameter uporabljamo kot dodatni kriterij pri odbiri živali.

6 POVZETEK

Prireja mleka je najpomembnejša usmeritev slovenskega kmetijstva. Večino mleka v Sloveniji priredimo s črno-belo, rjavo in lisasto pasmo goveda. Kapa kazein vpliva na uspešnost predelave mleka in še posebej na večji izplen sira. Zato je genotipiziranje gena za kapa kazein zelo pomembno, če želimo s selekcijo izboljšati lastnosti pomembne za izplen sira.

Iz podatkovne zbirke, ki jo urejajo in hranijo na Kmetijskem inštitutu Slovenije smo pridobili podatke o 963 genotipiziranih živalih črno-bele, rjave in lisaste populacije za gen za kapa kazein in njihove sorodnike. Izračunali smo frekvenco alelov A, B in E za genotipizirane živali. Ocenili smo verjetnost pojavljanja alelov pri vseh živalih v rodovniku. V analizo rodovnika, ki je bil skupen vsem populacijam, je bilo v 5 generacijah vključenih 5.050 živali. Grafično smo prikazali ocene verjetnosti pojavljanja alelov za živali v rodovniku po populacijah in po spolu znotraj populacij. Izračunali smo korelacije med ocenami verjetnosti pojavljanja alelov in skupnim selekcijskim indeksom ter napovedmi plemenske vrednosti za posamične lastnosti mlečnosti.

Rjava populacija genotipiziranih živali je v primerjavi z drugima populacijama najbolj izstopala zaradi velike frekvence alela B (61,73%). Frekvenca alela B je bila v lisasti in črno-beli populaciji znatno manjša (26,91 % in 20,87 %). V črno-beli in lisasti populaciji je bil najbolj pogost alel A (75,21 % in 72,75 %). Na račun večje frekvence alela B je bila frekvenca alela A pri rjavi populaciji manjša (37,92 %). Alel E je bil najbolj prisoten v črno-beli populaciji (3,93 %), pri rjavi in lisasti populaciji je bila njegova frekvenca manjša od 1 %. Optimalni genotip BB gena za kapa kazein je imelo 10,59 % genotipiziranih živali rjave pasme, 2,50 % genotipiziranih živali lisaste pasme in 1,20 % genotipiziranih živali črno-bele pasme.

Pri črno-beli populaciji je imela največja ocena verjetnosti pojavljanja alela A ($0,53 \pm 0,32$). Ocena verjetnosti pojavljanja alela B je bila $0,13 \pm 0,17$ in ocena verjetnosti pojavljanja alela E je bila $0,00 \pm 0,04$. Povprečna zanesljivost ocen verjetnosti pojavljanja

alela je bila $0,52$. Pri rjavi pasmi je bila največja ocena verjetnosti pojavljanja alela B ($0,40 \pm 0,29$). Ocena verjetnosti pojavljanja alela A je bila $0,30 \pm 0,24$. Povprečna zanesljivost ocen verjetnosti pojavljanja alela je bila $0,54$. Pri lisasti pasmi je bila največja ocena verjetnosti pojavljanja alela A ($0,49 \pm 0,30$). Ocena verjetnosti pojavljanja alela B je bila $0,18 \pm 0,1$. Povprečna zanesljivost ocen verjetnosti pojavljanja alela je bila $0,54$.

Spremembe ocen verjetnosti pojavljanja B alela gena za kapa kazein so bile v analiziranem obdobju največje pri črno-beli populaciji. Črno-bela populacija kaže največji pozitiven trend ocen verjetnosti pojavljanja alela B, vendar so velika nihanja med posameznimi letniki rojstva živali. Največjo oceno verjetnosti pojavljanja alela B so imele živali z letnikom rojstva 2009 in 2012. Pozitiven trend ocen verjetnosti pojavljanja alela B je bil ocenjen tudi pri rjavi populaciji. Pri lisasti populaciji ni mogoče govoriti o trendu ocen verjetnosti pojavljanja alela B. Pri rjavi in lisasti populaciji so imele največjo oceno verjetnosti pojavljanja alela B živali z letnikom rojstva 2011.

Večji delež genotipiziranih živali je bilo moškega spola. Pri ženskih živalih črno-bele in lisaste populacije se je v analiziranem obdobju povečala ocena verjetnosti pojavljanja alela B. Ženske živali rjave populacije z letniki rojstva od 2006 do 2008 so imele večjo oceno verjetnosti pojavljanja alela A. Pri moških živalih v lisasti populaciji pa podobno kot pri moških živalih v rjavi populaciji ni bilo sprememb v ocenah verjetnosti pojavljanja alela A in B. Najbolj so izstopale moške živali črno-bele pasme, kjer so imele živali z mlajšimi letniki rojstva večje ocene verjetnosti pojavljanja alela B.

Izračunana je bila korelacija med oceno SSI in napovedmi PV posamičnih lastnosti mlečnosti (količina mleka, maščob in beljakovin) in ocenami verjetnosti pojavljanja alelov gena za kapa kazein. Za črno-belo populacijo je bila ocena verjetnosti pojavljanja alela B najbolj korelirana z oceno SSI ($0,23$) in napovedjo PV za količino beljakovin ($0,23$). Za rjavo populacijo je bila ocena verjetnosti pojavljanja alela B najbolj korelirana z napovedjo PV za količino mleka ($0,39$) in količino beljakovin ($0,45$). Za lisasto populacijo je bila ocena verjetnosti pojavljanja alela B najbolj korelirana z napovedjo PV za količino mleka ($0,17$) in količino beljakovin ($0,19$).

Metodologija, ki smo jo uporabili, je primerna za uporabo v selekciji pri govedu. Pred uvedbo ocen verjetnosti pojavljanja B alela kot kriterij selekcije v rutinsko selekcijsko delo bi bilo potrebno zagotoviti, da se genotipizira večje število živali, še posebej ženskih. Do tedaj pa je ta parameter lahko uporabljamo kot dodatni kriterij pri odbiri živali.

7 VIRI

- Aleandri R. L., Buttazoni G., Schneider J. C., Caroli A., Davoli R. 1990. The effects of milk protein polymorphisms on milk components and cheese-producing ability. *Journal of dairy science*, 73, 2: 241-255
- Alomirah H. F., Alli I., Konishi Y. 2000. Applications of mass spectrometry to food proteins and peptides. *Journal of chromatography*, 893, 1: 1-21
- Assemblea dei soci 2015. 2015. Bussolengo, Associazione nazionale allevatori razza Bruna Italiana.: 41 str.
http://www.anarb.it/Statistiche/RIV_Statistiche/Un_anno_di_Bruna_2015.pdf (2. okt. 2015)
- Aschaffenburg R., Drewry J. 1955. Occurrence of different beta-lactoglobulins in cow's milk. *Nature*, 176, 4474: 218-219
- Azevedo A. L., Nascimento C. S., Steinberg R. S., Carvalho M. R., Peixoto M. G., Teodoro R. L., Verneque R. S., Guimarães S. E., Machado M. A. 2008. Genetic polymorphism of the kappa-casein gene in brazilian cattle. *Genetic and molecular research*, 7, 3: 623-630
- Babnik D., Verbič J., Podgoršek P., Jeretina J., Perpar T., Logar B., Sadar M., Ivanovič B. 2004. Priročnik za vodenje prehrane krav molznic ob pomoči rezultatov mlečne kontrole. Ljubljana, Kmetijski inštitut Slovenije: 82 str.
- Bâlțeanu V. A., Vlaic A., Suteu M., Carsai T. C. 2010. A Comparative study of major milk protein polymorphism in six romanian cattle breeds. *Bulletin of University of Agricultural sciences and veterinary medicine*, 67, 1-2: 345-350
- Bedrač M., Kožar M., Moljk B., Pintar M., Volk T., Zagorc B., Belaj S., Benkič Polak T. P., Cerjak M., Cvelbar J., Špelič V. Č., Erjavec J., Filipi P., Hočevan V., Hrastar T., Jurcan S., Korbar U., Požar M., Ravnikar L., Krajnc S., Nagode P., Tavčar J., Zamut M., Kuhar A., Očko J., Piškur M., Krajnc N., Rotar Stanonik K. S. 2014. Poročilo o stanju kmetijstva, živilstva, gozdarstva in ribištva v letu 2013. Ljubljana, Ministrstvo za kmetijstvo in okolje, Kmetijski inštitut Slovenije: 228 str.
- Bobe G., Beitz D. C., Freeman A. E., Lindberg G. L. 1999. Effect of milk protein genotypes on milk protein composition and its genetic parameter estimates. *Journal of dairy science*, 82, 12: 2797-2804

Brown swiss. 2014. The cattle site.

<http://www.thecattlesite.com/breeds/dairy/31/brown-swiss/overview/> (18. nov. 2014)

Buchberger J., Dovč P. 2000. Lactoprotein genetic variants in cattle and cheese making ability. Food technology and biotechnology, 38, 2: 91-98

Caroli A. M., Chessa S., Erhardt G. J. 2009. Invited review: milk protein polymorphisms in cattle: effect on animal breeding and human nutrition. Journal of dairy science, 92, 11: 5335-5352

Çardak A. D. 2005. Effects of genetic variants in milk protein on yield and composition of milk from Holstein-Friesian and Simmentaler cows. South african journal of animal science, 35, 1: 41-47

Dogru U., Ozdemir M. 2009. Genotyping of kappa-casein locus by PCR-RFLP in Brown swiss cattle breed. Journal of animal and veterinary advances, 8, 4: 779-781

Eggen A. 2012. The developement and application of genomic selection as a new breeding paradigm. Animal frontiers, 2, 1: 10-15

Ermacora M. 2014. Top quality organic cheese production in Italy – Parmigiano Reggiano PGI. Fleckvieh world, 2013/2014: 14-15

Falconer D. S., Mackay T. F. C. 1996. Introduction to quantitative genetics. 4th edition. Essex, Longman group ltd: 459 str.

Ferčej J., Skušek F. 1988. Govedoreja. 1. natis. Ljubljana, Državna založba Slovenije: 161 str.

FitzGerald R. J. 1999. Genetic variants of milk proteins-relevance to milk composition and cheese production. End of project report 1998. Moorepark, The dairy products research centre: 11 str.

Goddard M. E., Hayes B. J. 2009. Mapping genes for complex traits in domestic animals and their use in breeding programmes. Nature reviews genetics, 10: 381–391

Govedo. 2014a. Pregled uteži po sklopih lastnosti za CB. Usmeritev: mleko. Domžale, Biotehniška fakulteta, Oddelek za zootehniko.

https://rodica.bf.uni-lj.si/web/gov/1404/eval/utez_cb_ml.html (18. nov. 2014)

- Govedo. 2014b. Pregled uteži po sklopih lastnosti za RJ. Usmeritev: mleko. Domžale, Biotehniška fakulteta, Oddelek za zootehniko.
https://rodica.bf.uni-lj.si/web/gov/1404/eval/utez_rj_ml.html (18. nov. 2014)
- Govedo. 2014c. Pregled uteži po sklopih lastnosti za LI. Usmeritev: mleko. Domžale, Biotehniška fakulteta, Oddelek za zootehniko.
https://rodica.bf.uni-lj.si/web/gov/1404/eval/utez_li_ml.html (18. nov. 2014)
- Govedo. 2015. 1. nacionalni obračun PV MAR 1401. Datum zadnje spremembe 2. oktober 2015. Domžale, Biotehniška fakulteta, Oddelek za zootehniko.
https://rodica.bf.uni-lj.si/web/gov/_main_all.html (17. mar. 2014)
- Gorjanc G., Cleveland M. A., Houston R. D., Hickey J. M. 2015. Potential of genotyping-by-sequencing for genomic selection in livestock populations. *Genetics selection evolution*, 47, 1, doi: 10.1186/s12711-015-0102-z: 12 str.
- Groeneveld E., Kovač M., Mielenz N. 2008. VCE user's guide and reference manual version 6.0. Institute of farm animal genetics: 125 str.
<ftp://ftp.tzv.fal.de/pub/vce6/doc/vce6-manual-3.1-A4.pdf> (8. okt. 2015)
- Handbook of milk of non-bovine mammals. First edition. 2006. Park Y. W., Haenlein G. F. W. (ur.). Oxford, Blackwell: 449 str.
- Hayes B. J., Bowman P. J., Chamberlain A. J., Goddard M. E. 2009. Invited review: Genomic selection in dairy cattle: progress and challenges. *Journal of dairy science*, 92, 2: 433-443
- Henderson C. R. 1975. Use of all relatives in intraherd prediction of breeding values and producing abilities. *Journal of dairy science*, 58, 12: 1910-1916
- Interbull. 2014. Interbull Centre activity report 2013/2014. Uppsala, Interbull: 19 str.
- Jenness R., Larson B. L., McMeekin T. L., Swanson A. M., Whitnah C. H., Whitney R. M. 1956. Nomenclature of the proteins of bovine milk. *Journal of dairy science*, 39, 5: 536-541
- Jílek F., Řehák D., Volek J., Štípková M., Němcová E., Fiedlerová M., Rajmon R., Švestková D. 2006. Effect of herd, parity, stage of lactation and milk yield on urea concentration in milk. *Czech journal of animal science*, 51, 12: 510-517

- Karihma G. M. M., Nawito M. F., Dajem A. M. H. A. 2010. Sire selection for milk production traits with special emphasis on Kappa Casein (CSN3) gene. *Global journal of molecular sciences*, 5, 2: 68-73
- Klopčič M., Čepon M., Potočnik K., Kompan D. 2010. Rejski program za črnobelo pasmo govedi v Sloveniji. Ljubljana, Biotehniška fakulteta, Oddelek za zootehniko v sodelovanju z Društvom rejcev govedi črnobelega pasme v Sloveniji in Kmetijsko gozdarsko zbornico Slovenije: 71 str.
- Kotnik A., Špur M., Perpar T., Logar B., Potočnik K., Čepon M., Janžekovič M. 2010. Rejski program za lisasto pasmo govedi v Sloveniji. Pivola, Zveza društev rejcev govedi lisaste pasme Slovenije: 45 str.
- König S., Simianer H., Willam A. 2009. Economic evaluation of genomic breeding programs. *Journal of dairy science*, 92, 1: 382-391
- Liu Y., Qin X., Song X. Z. H., Jiang H., Shen Y., Durbin K. J., Lien S., Kent M. P., Sodeland M., Ren Y., Zhaang L., Sodergren E., Havlak P., Worley K. C., Weinstock G. M., Gibbs R. A. 2009. Bos taurus genome assembly. *Biomed central genomics*, 10, 180, doi: 10.1186/1471-2164-10-180: 11 str.
- Lundén A., Nilsson M., Janson L. 1997. Marked effect of beta-lactoglobulin polymorphism on the ratio of casein to total protein in milk. *Journal of dairy science*, 80, 11: 2996-3005
- Meehl A., Dhali A., Rajkbowa C., Mann B. 2010. Diurnal variations in milk yield and milk constituents during entire lactation in mithun (*Bos frontalis*). *Indian journal of animal nutrition*, 27, 3: 246-253
- Meuwissen T. H. E., Hayes B. J., Goddard M. E. 2001. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. *Genetics*, 157, 4: 1819-1829
- Milk and dairy products in human nutrition: production, composition and health. 2013. Park Y. W., Haenlein G. F. W. (ur). Chichester, Wiley-Blackwell: 679 str.
- Meyer K. 2003. SECATEURS to 'prune' your pedigrees. Animal genetics and breeding unit. University of New England.
<http://didgeridoo.une.edu.au/leech.php> (5. nov. 2014)

- Nicolazzi E. L., Piccolini M., Strozzi F., Schnabel R. D., Lawley C., Pirani A., Brew F., Stella A. 2014. SNPchiMp: a database to disentangle the SNPchip jungle in bovine livestock. *Biomed central genomics*, 15, 123, doi: 10.1186/1471-2164-15-123: 6 str.
- Oner Y., Elmaci C. 2006. Milk protein polymorphisms in Holstein cattle. *International journal of dairy technology*, 59, 3: 180-182
- Perpar T., Arlič S., Babnik D., Čandek Potokar M., Glad J., Jenko J., Jeretina J., Kramer Z., Logar B., Opara A., Plesničar P., Podgoršek P., Prevolnik M., Rigler M., Sadar M., Škrlep M., Verbič J., Žabjek A., Žnidaršič T. 2010a. Brown cattle in Slovenia. V: Zbornik Evropske konferenca rejcev govedi rjave pasme, Novo mesto, 14. -16. oktober 2010. Verbič J., Potočnik K., Mrkun J., Opara A. (ur.). Ljubljana, Zveza rejcev govedi rjave pasme Slovenije: 19-40
- Perpar T., Rigler M., Sadar M., Arlič S., Logar B. 2010b. Rejski program za rjavo pasmo govedi. Ljubljana, Zveza rejcev govedi rjave pasme Slovenije: 50 str.
- Potočnik K., Čepon M., Simčič M., Štepec M., Krsnik J., Gorjanc G. 2014. Poročilo o vrednotenju podatkov na strokovnih nalogah v govedoreji za leto 2013. Domžale, Biotehniška fakulteta, Oddelek za zootehniko: 20 str.
- Potočnik K., Štepec M., Krsnik J., Gorjanc G., Čepon M. 2013. Poročilo o genotipizaciji 36 bikcev in 6 teličk rjave pasme. Domžale, Biotehniška fakulteta, Oddelek za zootehniko: 90 str.
- Potokar D., Vrtačnik J., Pinterič L., Kotnik B., Perpar T. 2009. Govedoreja v Sloveniji. Ljubljana, Kmetijsko gozdarska zbornica Slovenije: 24 str.
- Priročnik proizvajalcem mleka. 2003. Ljubljana, Ministrstvo za kmetijstvo, gozdarstvo in prehrano RS: 10 str.
- Sadar M., Jenko J., Jeretina J., Logar B., Opara A., Perpar T., Podgoršek P. 2014. Rezultati kontrole prireje mleka in mesa, Slovenija 2013. Ljubljana, Kmetijski inštitut Slovenije: 87 str.
- Sargolzaei M., Iwaisaki H., Colleau J. J. 2006. CFC: a tool for monitoring genetic diversity. V: Proceedings of the 8th world congress on genetics applied to livestock production, Belo Horizonte, 13. – 18. aug. 2006. Belo Horizonte, Instituto procincia: 27-28

- Skeie S. 2007. Characteristics in milk influencing the cheese yield and cheese quality. *Journal of animal and feed sciences*, 16, suppl. 1: 130-142
- Slanger W. D., Jensen E. L., Everett R. W., Henderson C. R. 1976. Programming cow evaluation. *Journal of dairy science*, 59, 9: 1589-1594
- Slanovec T. 1982. *Sirarstvo*. Ljubljana, Časopisno založniška družba Kmečki glas: 175 str.
- Špehar M., Potočnik K., Gorjanc G. 2013. Accuracy of genomic prediction for milk production traits with different approaches in a small population of Slovenian Brown bulls. *Livestock science*, 157, 2-3: 421-426
- The bovine genome sequencing and analysis consortium, Elvik C. G., Tellam R. L., Worley K. C. 2009. The genome sequence of taurine cattle: a window to ruminant biology and evolution. *Science*, 324: 522-528
- The SAS System for Windows, Release 9.3. 2011. Cary, SAS Institute Inc.
- Tratnik L., Božanić R. 2012. *Mlijeko i mliječni proizvodi*. Zagreb, Hrvatska mljekarska udruga: 507 str.
- Van Eenennaam A., Medrano J. F. 1991. Milk protein polymorphisms in California dairy cattle. *Journal of dairy science*, 74, 5: 1730-1742
- Vidović V., Nemeš Ž., Popović-Vranješ A., Lukač D., Cvetanović D., Štrbac L., Stupar M. 2013. Heritability and correlations of milk traits. *Mljekarstvo*, 63, 2: 91-97
- Zakon o živinoreji. 2002. Ur. l. RS, št. 18/2002
- 2014 annual statistics. 2014. World Holstein Friesian federation: 15 str.
http://www.whff.info/documentation/documents/2014AnnualStatistics-World_003.pdf
(8. okt. 2015)

ZAHVALA

Velika zahvala gre g. Miranu Štepcu in go. Anki Dolinar za vso neprecenljivo pomoč in predano znanje pri praktičnem delu magistrskega dela.

Najlepša hvala mentorju doc. dr. Klemnu Potočniku za vso pomoč, nasvete in omogočeno priložnost nabiranja dragocenih izkušenj z delom na Katedri za znanost o rejah živali. Hvala somentorju doc. dr. Gregorju Gorjancu za pregled naloge. Hvala recenzentki doc. dr. Špeli Malovrh za ves vložen trud.

Hvala Domnu za vso podporo in vzpodbudo tekom študija in v zasebnem življenju.

Največja zahvala pa gre staršem, ki so mi omogočili študij in me ves čas podpirali.