

**PROCJENA GENETSKE VARIJABILNOSTI IZVORNE
PASMINE GOVEDA BUŠA POMOĆU VJEROJATNOSTI
PORIJEKLA GENA****M. Čačić, Marija Špehar, D. Janda, Vesna Bulić,
Z. Ivkić, A. Kljujev, R. Jureković, Z. Barać****Sažetak**

Registar izvorne pasmine goveda buša utemeljen je 2003. i danas broji 1020 grla. U cjelokupnom rodovniku utvrđeno je 329 foundera i 249 polufoundera. Broj foundera u referentnoj populaciji iznosi 285, polufoundera 219 i 255 ancedora, a 50% genetske varijabilnosti objašnjava 17 ancedora i 20 foundera. Najveći broj poznatih generacija predaka u rodovniku je pet, s prosječnim ekvivalentom kompletnih generacija 1,41 koji ukazuje na slabu informativnost i kompletnost rodovnika. Dio značajnih predaka je dao svoj doprinos genetskoj varijabilnosti kao founder, ali ne i kao ancedor, što ukazuje na gubitak dijela genetske varijabilnosti. Povećanje stupnja inbreedinga i povezanosti, omjeri pojedinih parametara porijekla gena (fe/fa, fg/fe, fe/f) i smanjenje doprinosa broja foundera u referentnoj populaciji u odnosu na cjelokupan rodovnik, ukazuju na gubitak genetske varijabilnosti u populaciji. Rezultati analize rodovnika ukazuju da je u cilju očuvanja genetske varijabilnosti, nužno i žurno dizajniranje kvalitetnog uzgojnog programa, plana pripusta i konzervacijske strategije, temeljenih na analizama rodovnika i metodama molekularne genetike (DNA).

Ključne riječi: buša, genetska raznolikost, analiza rodovnika, vjerojatnost porijekla gena.

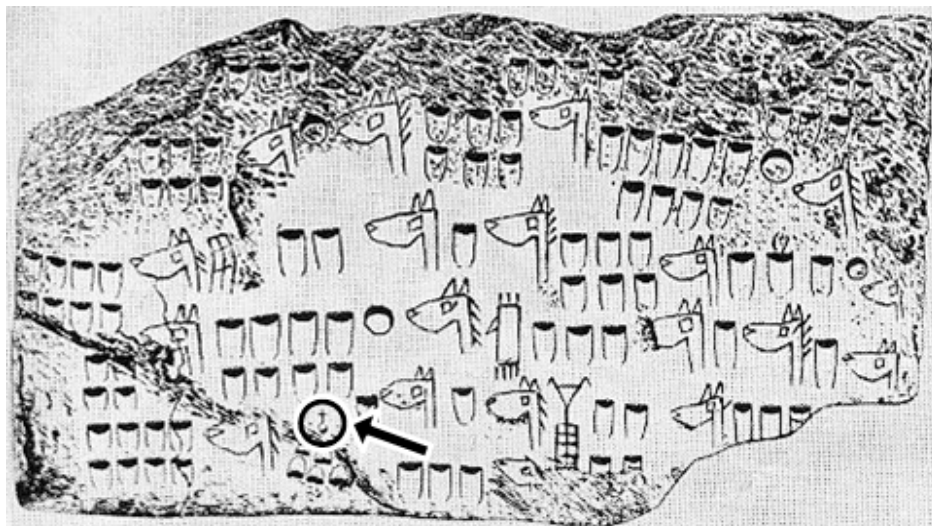
Uvod

Rodovnik ili pedigree je tabelarna isprava u kojoj su precizno poredani roditelji i dalji preci (ascendenti) sustavno prema generacijama (S t e i n h a u s z, 1931). Analiza rodovnika je značajan alat za opisivanje genetske varijabilnosti i evolucije kroz generacije, a osigurava i informacije za procjenu inbreedinga, populacijske strukture pri utemeljenju pasmine, generacijskog intervala, stupnja kompletnosti rodovnika i efektivne veličine populacije (G u t i é r r e z i s u r., 2003).

Dr. sc. Mato Čačić, Dr. sc. Zdravko Barać, Vesna Bulić, dipl. ing., Dalibor Janda, dipl. ing., Mr. sc. Marija Špehar, Dr. sc. Zdenko Ivkić, A. Kljujev, dipl.ing., R. Jureković, dipl. ing., Hrvatska poljoprivredna agencija, Ilica 101, 10000 Zagreb; E-mail: mcacic@inet.hr.

Prema A m s c h l e r u (1935), najstarija evidencija selektivnog uzgoja je u konja i smatra se da postoji od 2800-te godine prije Krista, a vjerojatno najstariji rodovnik na svijetu općenito, arheološka je iskopina pronađena u istočnom dijelu regije Ur u Mezopotamiji prije oko 5000 godina (slika 1). Na istoj iskopini po prvi puta je ubilježen međunarodni simbol ženskog spola (♀).

Slika 1. NAJSTARIJI RODOVNIK NA SVIJETU (Amschler, 1935)
Picture 1. THE OLDEST PEDIGREE IN THE WORLD (Amschler, 1935)



U populacijama za koje je izgrađen rodovnik moguće je analizom rodovnika procijeniti kolika proporcija gena potječe od nekog određenog pretka, a studije u kojima su proučavane promjene udjela gena potvrđuju korisnost analize rodovnika u interpretaciji genetskih efekata selekcije (J a m e s, 1972). Udio gena u populaciji koji potječe od određenog pretka utvrđuje se kroz rodovnik svih jedinki populacije, a za svaku jedinku moguće je utvrditi doprinos pojedinog pretka u njoj genetskoj strukturi.

Informativnost (dužina) i kompletnost rodovnika utječu na sve parametre varijabilnosti koji se procjenjuju iz rodovnika (V a n R a d e n, 1992; B u r o w, 1993; Č u r i k i s u r., 2003), stoga je u njihovom istraživanju i usporedbi značajno imati informaciju o informativnosti i

kompletnosti rodovnika. Nekompletnost rodovnika može uzrokovati potcjenjenost inbreedinga i povezanosti predaka u rodovniku (eng. *relatedness*) zbog ignoriranja potencijalnog doprinosa nepoznatih predaka (V a n R a d e n, 1992). S druge strane, najveći broj poznatih generacija predaka daje nerealnu informaciju o prazninama (eng. *gap*) u rodovnicima (B a u m u n g i S ö l k n e r, 2003). Dobar način opisivanja kvalitete rodovnika je prosječan generacijski ekvivalent kompletnosti, odnosno broj generacija u usporedivim kompletnim rodovnicima (sveukupnim ili završenim) (B i o c h a r d i s u r., 1997).

U konzervacijskoj genetici velika pažnja pridodaje se zastupljenosti predaka osnivača populacije ili *foundera* (f), u cilju sprječavanja gubitka alela svakog foundera u budućnosti (C h e v a l e t i R o c h a m b e a u, 1985). U ukupnoj genskoj varijabilnosti populacije ističu se značajni preci ili *ancestori* (a) koji u odnosu na ostale imaju značajniji doprinos genskom bazenu, a nisu nužno i founderi populacije. Značajni preci Preci koji značajno doprinose genetskoj Efektivan broj foundera (f_e) je mjera koja govori koliki udio doprinosa foundera se održao kroz generacije (B o i c h a r d i s u r., 1997). To je izvještaj za stupanj selekcije i varijaciju u veličini familija, ali zanemaruje mogućnost gubitka gena kroz generacije, tj. od roditelja do potomstva. Efektivan broj ancedora (f_a) je izvještaj za pojavu „uskog grla“ (eng. *bottleneck*) koji je glavni uzrok gubitka gena u populacijama. Posljedično, f_a je uvijek manji ili jednak f_e . Efektivan broj genoma foundera (f_g) je mjera koja govori koliko se genoma foundera održalo u populaciji za određen lokus i kako je uravnotežena njegova frekvencija. To je izračun koji izvještava o svim uzrocima gubitka gena tijekom segregacije i posljedično ima manju vrijednost od f_e i f_a . Odnosi f_a / f_e i f_g / f_e daju informaciju o tome koliko jednako značajni preci doprinose razvoju populacije, s težnjom prema idealnom odnosu 1:1 (S a n t a n a i s u r., 2012).

Razlike između f_e , f_a i f_g ukazuju na pojavu uskog grla i genetskog drifta. Logično, češće se javlja u populacijama s informativnijim rodovnikom (G u t i é r e z i s u r., 2003). Za f_e treba reći da ovisi o ukupnom broju foundera u populaciji, ali i o neravnoteži između njihovog očekivanog doprinosa genskom bazenu.

Parametri vjerojatnosti porijekla gena su vrlo korisni u opisivanju populacijske strukture nakon malog broja poznatih generacija predaka, za

razliku od inbreedinga i efektivne veličine populacije koji su korisniji u slučaju praćenja genetske varijabilnosti kroz duže vrijeme (veći broj poznatih generacija predaka) i vrlo su osjetljivi na stupanj kvalitete raspoloživih rodovničkih informacija (P é r e z T o r r e c i l l a s i s u r., 2002). U održavanju malih populacija koje su često ozbiljno ugrožene do granica izumiranja, doprinos konzervaciji animalnih genetskih resursa je od zooeкономskog značaja.

Zbog navedenih mogućnosti koje omogućavaju parametri temeljeni na vjerojatnosti porijekla gena u opisu populacijske strukture, smatrali smo korisnim zbog daljnjeg rada na konzervaciji populacije, pomoću istih parametara učiniti opis populacije izvorne pasmine goveda buša u Republici Hrvatskoj.

Cilj istraživanja

Cilj istraživanja je opisati genetsku raznolikost izvorne pasmine goveda buša pomoću parametara vjerojatnosti porijekla gena, a isti parametri biti će primjenjivi u detektiranju promjena u uzgojnoj strategiji, prije nego se isti ispolje inbreedingom. Spoznaje o genetskoj varijabilnosti dobivenoj analizom rodovnika biti će korisne informacije u dizajniranju uzgojnog programa, plana pripusta i konzervacijske strategije.

Materijali i metode

U istraživanju uzgoja buše korištena je evidencija Hrvatske poljoprivredne agencije (HPA). U provjeri genealoških podataka i izgradnji rodovnika korišten je programski paket Tesio Power 5.0. by Syntax Software, Version 5.0., a u analizi demografskih parametara i genealoške varijabilnosti programski paket ENDOG v.4.8. (G u t i é r r e z i s u r., 2010). Cjelokupna baza podataka rodovnika pasmine goveda buša (dalje u tekstu i *rodovnik buše*) je brojala 1020 grla. Referentna populacija buše u istraživanju broji 770 grla oteljenih od 2006. do 2011., uključujući i marginalne godine (dalje u tekstu i *referentna populacija*). Referentna populacija je određena obzirom na dužinu prosječnog generacijskog intervala (L) od 5,96 godina, a koji je definiran kao

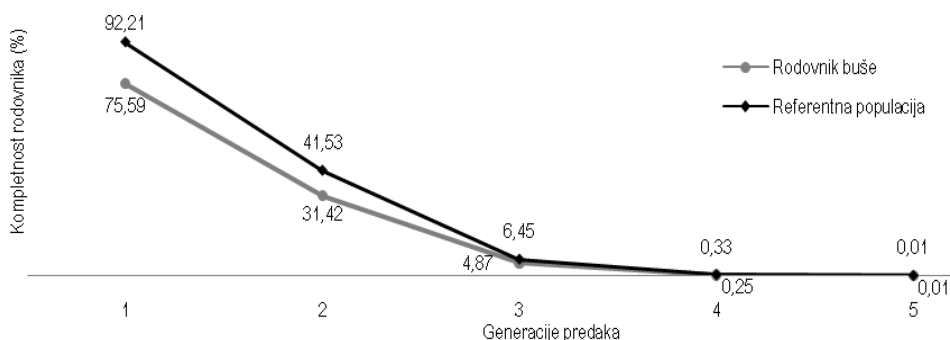
prosječna dob roditelja u trenutku rođenja njihovog potomka koji je uveden u reprodukciju (J a m e s, 1977).

Rezultati istraživanja i rasprava

Informativnost i kompletnost rodovnika

Analiza informativnosti i kompletnosti rodovnika značajna je kada su svi načini utvrđivanja inbreedinga i genetske povezanosti postali ovisni o tome (G u t i é r r e z i s u r., 2003). Kompletnost rodovnika i broj poznatih generacija u rodovniku buše povećava se kroz vrijeme, i očekivano, veća kompletnost prema generacijama predaka uočava se u referentnoj populaciji (graf 1).

Graf 1. KOMPLETNOST RODOVNIKA BUŠE
Graf 1. PEDIGREE COMPLETENESS OF BUSHA



Niska vrijednost prosječnog generacijskog ekvivalenta kompletnih generacija od 1,41 ukazuje na slabu informativnost rodovnika (tablica 1). Na slabu informativnost rodovnika ukazuje i udio referentne populacije u cjelokupnom rodovniku buše koja iznosi čak 75,5% i koja predstavlja vremenski posljednji generacijski interval u registru pasmine. Veću kompletnost rodovnika i veći broj poznatih generacija predaka u pasminama goveda izvještavaju S ø r e n s e n i s u r. (2005), P é r e z T o r r e c i l l a s i s u r. (2002), S a n t a n a i s u r. (2012), M a r t í n e z i s u r. (2012), M a i g n e l i s u r. (1996), B i o c h a r d i s u r., (1997), S ö l k n e r i F i l i p č i ć (1997), S ö l k n e r i s u r. (1998) i K a d l e č i k i s u r. (2011). Slike 2. i 3. prikazuju kompletnost

rodovnika buše i referentne populacije prema zasebnom doprinosu prvih pet generacija predaka.

Slika 2. KOMPLETNOST RODOVNIKA BUŠE (5 GENERACIJA PREDAKA)

Picture 2. PEDIGREE COMPLETENESS OF BUSHA (5 GENERATION OF ANCESTOR)



Slika 3. KOMPLETNOST RODOVNIKA REFERENTNE POPULACIJE BUŠE (5 GENERACIJA PREDAKA)

Picture 3. PEDIGREE COMPLETENESS OF BUSHA REFERENCE POPULATION (5 GENERATION OF ANCESTOR)



Efektivan broj osnivača, predaka i genoma osnivača

Tablica 1. daje informacije o raspoloživim rodovničkim podacima analizirane populacije buše. Broj foundera (f) i polufundera ($f_{1/2}$) u referentnoj populaciji u odnosu na cjelokupan rodovnik buše su manji za 13,4% (44) i 12,1% (30). Obzirom da se radi o samo jednom i posljednjem generacijskom intervalu koji je obuhvatio razdoblje od šest godina, a da registar pasmine postoji ukupno devet godina, smanjenje broja foundera ukazuje na intenzivno gubljenje genetske varijabilnosti unutar pasmine.

Tablica 1. RASPOLOŽIVI RODOVNIČKI PODACI I REZULTATI ANALIZE RODOVNIKA BUŠE
Table 1. AVAILABLE PEDIGREE DATA AND RESULTS OF PEDIGREE ANALYSIS OF BUSHA

		Parametri dobiveni iz vjerojatnosti porijekla gena	Vrijednost
Rodovnik buše	Broj jedinki u rodovniku buše		1020
	Veličina bazne populacije (jedan ili oba roditelja nepoznata) (founderi)		329
	Veličina aktualne bazne populacije s jednim nepoznatim roditeljem (polufounder)		249
	Efektivna veličina populacije foundera		72,58
Referentna populacija (2006. – 2011.)	Broj jedinki u rodovniku referentne populacije (2006. - 2011.)		770
	Broj ancedora koji doprinosi referentnoj populaciji		255
	Broj foundera (f)		285
	Broj polufundera ($f_{1/2}$)		219
	Efektivan broj foundera referentne populacije (f_e)		54
	Efektivan broj ancedora referentne populacije (f_a)		46
	Efektivan broj genoma foundera (N_g)		56,26
	Odnos f_e/f		0,19
	Odnos f_e/f_a		1,17
	Odnos f_a/f_e		0,85
	Odnos f_g/f_e		1,04
	Broj foundera koji objašnjava 50% genetske varijabilnosti		20
	Broj ancedora koji objašnjava 50% genetske varijabilnosti		17
	Prosječan generacijski ekvivalent kompletnih generacija		1,41
Broj poznatih generacija predaka		5	
Udio poznatih ancedora prema generacijama:	1. generacija	0.9221 (92,21%)	
	2. generacija	0.4153 (41,53%)	
	3. generacija	0.0644 (6,44%)	
	4. generacija	0.0032 (0,32%)	
	5. generacija	0.0001 (0,01%)	
	6. generacija	- (-)	
Poznatost ancedora u generacijama predaka:	- manje od 90% u generaciji	2	
	- manje od 50% u generaciji	2	
	- manje od 30% u generaciji	3	

Odnos f_e / f u referentnoj populaciji buše iznosi 0,19 i ukazuje na veliku neravnotežu doprinosa foundera aktualnom genskom bazenu. Martinić i sur. (2012) istražujući odnos f_e / f u četiri kolumbijske pasmine goveda, u pasmini romosinuano utvrđuju vrlo nisku vrijednost ovog odnosa (0,12). Autori temeljem malih vrijednosti f_a i odnosa f_e / f predviđaju u budućnosti značajno smanjenje genetske varijabilnosti unutar populacije, iako se radi o brojno velikoj pasmini goveda. Obzirom da je vrijednost odnosa f_e / f u populaciji buše također vrlo nizak (0,19), može se prihvatiti isti zaključak i predvidjeti smanjenje genetske varijabilnosti u narednom razdoblju.

U populaciji buše odnos f_e / f_a (1,04) ne potvrđuje pojavu uskog grla, a vrijednost je gotovo idealna (1). Odnos f_g / f_e (0,85) ukazuje na vrlo blagi genetski drift. Izraženu pojavu uskog grla i genetskog drifta izvještava Pérez Torrecillas i sur. (2002) za talijansku pasminamu goveda chianina (2,3; 0,24), a objašnjavaju ih posljedicom intenzivnog umjetnog osjemenjivanja sjemenom manjeg broja bikova i selekcijskim pritiskom. K tome, smatraju da je na genetski drift utjecala i vjerojatno znatno veća starost glavnih ancestor pasmine u odnosu na preostale dvije proučavane pasmine. U slučaju buše, pomoću analiza rodovnika utvrditi pojavu uskog grla je vrlo nevjerodostojno poradi slabe informativnosti rodovnika. Ipak, možemo predvidjeti da vrlo intenzivno korištenje malog broja bikova preko umjetnog osjemenjivanja (tablica 3; bikovi pod rednim brojem 1, 2 i 3) i intenzivno korištenje malog broja bikova u prirodnom pripustu u većim stadima kroz duži niz godina (tablica 3; bikovi pod rednim brojem 10, 11 i 12), u maloj populaciji kao što je buša zasigurno će se u budućnosti odraziti pojavom uskog grla i genetskog drifta.

Doprinos značajnih predaka genskom bazenu

Prema veličini doprinosa genetskoj varijabilnosti, prvih pet najznačajnijih ancestor doprinose sa više od 25% ukupnoj genetskoj varijabilnosti pasmine (tablica 2), a najveći doprinos kao ancestor i founder ima bik 87010000007 Bušman R-LB4 (rodonačelnik linije LB4) koji je intenzivno korišten u uzgoju putem umjetnog osjemenjivanja

(tablica 3). Iz istog razloga je veliki doprinos genskom bazenu i bikova 87010000003 Bušak I R-LB1 i 87010000004 Bušak II R-LB2.

Veliki doprinos kao ancestor ima bik 87000000011 Frodo R-LB9 (rodonačelnik linije LB9) koji nije korišten u rasplodu putem umjetnog osjemenjivanja, ali je pripuštan više godina u velikom stadu buše na prostoru Dubrovačko-neretvanske županije. Unatoč činjenici da je rodonačelnik linije, radi mlađe dobi u odnosu na prije spomenute bikove i činjenice da je polufounder (poznata majka), ima manji doprinos populaciji kao founder. U udjelu značajnih predaka koji doprinose 50% varijabilnosti genskom bazenu, omjer muških i ženskih foundera iznose 76,5% (13) : 23,5% (4), a muških i ženskih ancestorova 55% (11) : 45% (9). Izuzev jednog grla (tablica 3; bik pod rednim brojem 19), svi značajniji preci koji doprinose 50% varijabilnosti genskom bazenu su rodonačelnici linija i rodova. Bikovi rodonačelnici linija doprinose genetskoj varijabilnosti 45,7% kao ancestor i 41,41% kao founder (tablica 4).

Tablica 2. DOPRINOS NAJZNAČAJNIJIH PREDAKA GENETSKOJ VARIJABILNOSTI BUŠE
Table 2. CONTRIBUTION OF THE MOST SIGNIFICANT ANCESTORS TO GENETIC VARIABILITY OF BUSHA

Udio doprinosa genskom bazenu	Vrijednost	
Prvi ancestor	0,0625 (6,25%)	
Drugi ancestor	0,0529 (5,29%)	Doprinos prvih pet ancestorova: 0,2547 (25,47%)
Treći ancestor	0,0500 (5,00%)	
Četvrti ancestor	0,0456 (4,56%)	
Peti ancestor	0,0437 (4,37%)	
Prvih 10 ancestorova	0,4103 (41,03%)	
Prvih 20 ancestorova	0,5373 (53,73%)	
Broj ancestorova koji doprinosi 30% genetske varijabilnosti	7	
Broj ancestorova koji doprinosi 50% genetske varijabilnosti	17	
Broj ancestorova koji doprinosi 80% genetske varijabilnosti	79	

Tablica 3. PRECI KOJI DOPRINOSE 50% GENSKOM BAZENU REFERENTNE POPULACIJE BUŠE
 Table 3. ANCESTORS WHO CONTRIBUTE 50% TO THE GENETIC POOL OF REFERENCE BUSHA POPULATION

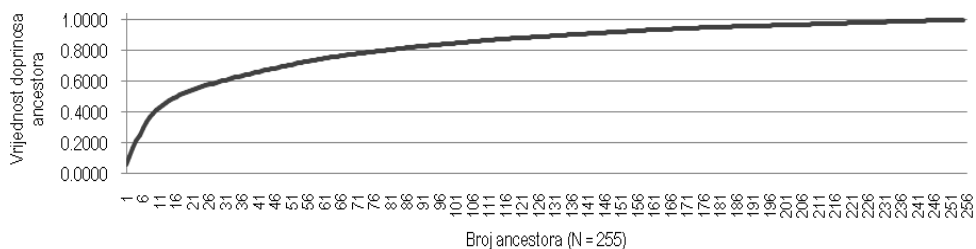
RB	Founder predak	Spolna kategorija	Godina oteljenja	Doprinos pretka kao	
				ancestora (%)	foundera (%)
1	87010000007 Bušman R-LB4	bik	1998	0,0625 (6,25%)	0,0625 (6,25%)
2	87010000004 Bušak II R-LB2	bik	2001	0,0500 (5,00%)	0,050 (5,00%)
3	87010000003 Bušak I R-LB1	bik	2001	0,0434 (4,34%)	0,0434 (4,34%)
4	87000000005 Kiko R-LB5	bik	2002	0,0396 (3,96%)	0,0396 (3,96%)
5	HR8100488654 Biokovka R-B114	krava	2001	- (-)	0,0331 (3,31%)
6	HR1100488639 Neve R-B26	krava	1995	- (-)	0,0267 (2,67%)
7	HR4100038662 Tigrica R-B60	krava	2002	0,0256 (2,56%)	0,0256 (2,56%)
8	HR0089061855 NN R-B11	krava	1998	- (-)	0,0254 (2,54%)
9	87000000013 Vik R-LB6	bik	2002	0,0265 (2,65%)	0,0256 (2,65%)
10	87000000011 Frodo R-LB9	bik	2004	0,0529 (5,29%)	0,0265 (2,65%)
11	87000000012 Simbi R-LB8	bik	2004	0,0456 (4,56%)	0,0228 (2,28%)
12	87000000010 Neven R-LB3	bik	2004	0,0437 (4,37%)	0,0218 (2,18%)
13	87000000018 Grom R-LB11	bik	2005	0,0205 (2,05%)	0,0205 (2,05%)
14	HR0089001706 Milova R-B6	krava	1999	0,0164 (1,64%)	0,0164 (1,64%)
15	HR8100724367 Nuša R-B29	krava	2005	0,0149 (1,49%)	0,0149 (1,49%)
16	87010000008 Bačo R-LB12	bik	1998	0,0123 (1,23%)	0,0123 (1,23%)
17	HR2100488555 NN R-B36	krava	2003	0,0104 (1,04%)	0,0104 (1,04%)
18	87000000020 Golub R-LB14	bik	2005	0,0156 (1,56%)	- (-)
19	87000000038 Mirko LB10	bik	2008	0,0104 (1,04%)	- (-)
20	HR3100374572 NN R-B95	krava	1987	- (-)	0,0098 (0,98%)
21	HR6100724347 NN R-B98	krava	1995	- (-)	0,0097 (0,97%)
22	87000000022 Janko R-LB7	bik	2005	0,0196 (1,96%)	0,0098 (0,98%)
Doprinos genskom bazenu:				0,0510 (51,00%)	0,0508 (50,80%)

Tablica 4. DOPRINOS BIKOVA RODONAČELNIKA LINIJA GENSKOM BAZENU REFERENTNE POPULACIJE BUŠE
Table 4. CONTRIBUTION OF SIRES LINE FOUNDERS TO THE GENETIC POOL OF REFERENCE BUSHA POPULATION

Linija	Rodonačelnik linije	Godina oteljenja	Doprinos bika rodonačelnika kao			
			ancestora		foundera	
			vrijednost	RB prema udjelu	vrijednost	RB prema udjelu
LB1	87010000003 Bušak I R-LB1	2001.	0,0434 (4,34%)	6	0,0434 (4,34%)	4
LB2	87010000004 Bušak II R-LB2	2001.	0,0500 (5,00%)	3	0,0500 (5,00%)	2
LB3	87000000010 Neven R-LB3	2004.	0,0437 (4,37%)	5	0,0218 (2,18%)	9
LB4	87010000007 Bušman R-LB4	1998.	0,0625 (6,25%)	1	0,0625 (6,25%)	1
LB5	87000000005 Kiko R-LB5	2002.	0,0396 (3,96%)	7	0,0396 (3,96%)	5
LB6	87000000013 Vik R-LB6	2002.	0,0265 (2,65%)	8	0,0265 (2,65%)	6
LB7	87000000022 Janko R-LB7	2005.	0,0196 (1,96%)	11	0,0098 (0,98%)	12
LB8	87000000012 Simbi R-LB8	2004.	0,0456 (4,56%)	4	0,0228 (2,28%)	8
LB9	87000000011 Frodo R-LB9	2004.	0,0529 (5,29%)	2	0,0265 (2,65%)	7
LB10	87000000021 Medonja R-LB10	2005.	0,0032 (0,32%)	66	0,0084 (0,84%)	13
LB11	87000000018 Grom R-LB11	2005.	0,0205 (2,05%)	10	0,0205 (2,05%)	10
LB12	87010000008 Bačo R-LB12	1998.	0,0123 (1,23%)	15	0,0123 (1,23%)	11
LB13	87000000026 Rumenko R-LB13	2006.	0,0101 (1,01%)	18	0,0050 (0,50%)	15
LB14	87000000020 Golub R-LB14	2005.	0,0156 (1,56%)	13	0,0078 (0,78%)	14
LB15	87000000019 Zagor R-LB15	2005.	0,0013 (0,13%)	133	0,0006 (0,06%)	21
LB16	87000000006 Buško R-LB16	1999.	0,001 (0,10%)	165	0,0010 (0,10%)	19
LB17	87000000024 Amor R-LB17	2006.	0,0045 (0,45%)	50	0,0023 (0,23%)	16
LB18	87000000009 Bucko R-LB18	2003.	0,001 (0,10%)	167	0,0010 (0,10%)	20
LB19	87010000001 Li R-LB19	1995.	0,0019 (0,19%)	109	0,0019 (0,19%)	17
LB20	87000000017 Ronaldo R-LB20	2005.	- (-)	-	0,0490 (4,90%)	3
LB21	87000000014 Baki R-LB21	2001.	0,0013 (0,13%)	159	0,0013 (0,13%)	18
LB22	87000000015 Jezerko R-LB22	2000.	- (-)	-	- (-)	-
LB23	87000000016 Čupko R-LB23	2000.	- (-)	-	- (-)	-
LB24	87000000002 Bo R-LB24	2000.	- (-)	-	- (-)	-
Doprinos genskom bazenu (%):			0,0457 (45,70%)		0,0414 (41,41%)	

Uspoređujući doprinos rodonačelnika linija bikova ukupnoj genskog varijabilnosti, tri bika rodonačelnika linija (rodonačelnici linija LB22, LB23 i LB24) nemaju ni kao ancestor ni kao founderi nikakav doprinos referentnoj populaciji, dok rodonačelnik jedne linije (LB20) svoj doprinos daje kao founder, ali ne i kao ancestor. Time se potvrđuje zaključak Č a ċ i ć a i s u r. (2012) koji je dobiven temeljem analize dinamike oteljenja muških grla kao nosioca linije bikova, da je u pasmini buša izgubljen dio genetske varijabilnosti zbog nepostojanja planskog i ravnomjernog pripusta svih linija bikova od trenutka utemeljenja pasminskog registra. Isti zaključak je i za sva ženska grla rodonačelnice rodova koja imaju doprinos kao founder, ali ne i kao ancestor. Graf 2. prikazuje kumulativni doprinos svih 255 ancestorova genetskoj varijabilnosti genskom bazenu pasmine buša.

Graf 2. KUMULATIVNI DOPRINOS ANCESTORA GENETSKOJ VARIJABILNOSTI REFERENTNOJ POPULACIJI BUŠE
 Graf 2. CUMULATIVE CONTRIBUTION OF ANCESTORS TO GENETIC VARIABILITY OF REFERENCE BUSHA POPULATION



Zaključak

Parametri dobiveni iz vjerojatnosti porijekla gena mogu biti korisni kao selekcijski kriteriji u upravljanju populacijama koje su u okviru konzervacije. Analiza genetske varijabilnosti pomoću parametara porijekla gena ukazuje na slabu informativnost rodovnika izvorne pasmine goveda buša. To potvrđuje vrijednost prosječnog ekvivalenta kompletnih generacija (1,41). Povećanje stupnja inbreedinga i povezanosti, odnosi pojedinih parametara porijekla gena i rapidno smanjenje doprinosa broja founderova u referentnoj populaciji u odnosu na cjelokupan rodovnik, ukazuju na gubitak genetske varijabilnosti u

populaciji. Rezultati ukazuju na potrebu vjerodostojnijeg praćenja populacije buše pomoću parametara vjerojatnosti porijekla gena i rezultata analiza genetske varijabilnosti molekularnim metodama (DNA) te dizajniranja kvalitetnog i dugoročnog uzgojnog programa, plana pripusta i konzervacijske strategije. Pod metodama molekularne genetike prvenstveno se misli na najakutalnije metode koje u posljednjem desetljeću postaju sve dostupnije kako za goveda tako i za druge vrste domaćih životinja (SNP - eng. *single nucleotide polymorphisms*).

LITERATURA

1. A m s c h l e r, W. (1935): The oldest pedigree chart. *Journal of Heredity*, XXVI (6): 223-238.
2. B a u m u n g, R., J. S ö l k n e r (2003): Pedigree and marker information requirements to monitor genetic variability. *Genetics, Selection and Evolution*, 35: 369-383.
3. B i o c h a r d, D., L. M a i g n e l, E. V e r r i e r (1997): The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. *Genetics, Selection and Evolution*, 29: 5-23.
4. B u r r o w, H.M. (1993): The effects of inbreeding in beef cattle. *Animal Breeding Abstract*, 61: 737-751.
5. C h e v a l e t, C., H. R o c h a m b e a u (1985): Predicting the genetic drift in small populations. *Livestock Production Science*, 13: 207-218.
6. Č a č i ć, M., Z. B a r a ć, V. B u l i ć, D. J a n d a, M. Š p e h a r, Z. I v k i ć, I. Č u r i k (2012): Sistematizacija uzgoja izvorne pasmine goveda buša. *Stočarstvo*, u tisku.
7. Č u r i k, I., P. Z e c h n e r, J. S ö l k n e r, R. A c h m a n n, I. B o d o, P. D o v c, T. K a v a r, E. M a r t i, G. B r e m (2003) Inbreeding, microsatellite heterozygosity, and morphological traits in Lipizzan horses. *Journal of Heredity*, 94 (2): 125-132.
8. G u t i é r r e z, J. P., F. G o y a c h e, I. C e r v a n t e s (2010): ENDOG v4.8 – A computer program form monitoring genetic varijablity of populations using pedigree information. November 10, 2010.
9. G u t i é r r e z, J., J. A l t a r r i b a, C. D í a z, R. Q u i n t a n i l l a, J. C a n ó n, J. P i e d r a f i t a (2003): Pedigree analysis of eight Spanish beef cattle breeds. *Genetics, Selection and Evolution*, 35: 43-63.
10. J a m e s, J. W. (1972): Computing of genetic contributions from pedigrees. *Theoretical and Applied Genetics*, 42: 272-273.
11. J a m e s, J. W. (1977): A note on slection differentials and generation length when generations overlap. *Animal Production*, 24: 109-112.
12. K a d l e č í k, O., R. K a s a r d a, I. P a v l í k, E. H a z u c h o v á (2011): Pedigree analysis of Slovak Pinzgau breed. *Agiculturae Conspectus Scientificus*, 76 (3): 165-168.
13. M a i g n e l, L., D. B o i c h a r d, E. V e r r i e r (1996): Genetic variability of French dairy breeds estimated from pedigree information. *Interbull Meeting*, June 23-24. 1996., Veldhoven, Netherlands

14. Martínez, R. A., D. García, J. L. Gallego, G. Onofre, J. Pérez, J. Cañon (2012): Genetic variability in Columbian Creole cattle populations estimated by pedigree information. *Artículos Científicos. Corpica*. <http://www.corpoica.org.co/sitioweb/Archivos/oferta/journalofanimal.pdf>, 29.02.2012.
15. Pérez Torrecillas, C., R. Bozzi, R. Negrini, F. Filippini, A. Giorgetti (2002): Genetic variability of three Italian cattle breeds determined by parameters based on probabilities of gene origin. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 119: 274-279.
16. Santana, M. L., P. S. Oliveira, J. P. Eler, J. P. Gutiérrez, J. B. S. Ferraz (2012): Pedigree analysis and inbreeding depression on growth traits in Brazilian Marchigiana i Bonsmara breeds. *Journal of Animal Science*, 90: 99-108.
17. Šölkner, J., L. Filipčić (1997): Genetic variability of populations and similarity of subpopulations in cattle breeds evaluated by analysis of pedigrees. 48th Annual Meeting of the European Association for Animal Production, August 25-28, 1997., Vienna, Austria
18. Šölkner, J., L. Filipčić, N. Hampshire (1998): Genetic variability of populations and similarity of subpopulations in Austria cattle breeds determined by analysis of pedigrees. *Journal of Animal Science*, 67: 249-256.
19. Sørensen, A. C., M. K. Sørensen, P. Berg (2005): Inbreeding in Danish dairy cattle breeds. *Journal of Dairy Science*, 88: 1865-1872.
20. Steinhäus, M. (1931): Rodovnica i rodoslovlje. Kraljevska banska uprava Savske Banovine. Zagreb.
21. Tesio Power 5.0. by Syntax Software, Version 5.0.
22. Van Rade, P. M. (1992): Accounting for inbreeding and crossbreeding in genetic evaluations of large populations. *Journal of Dairy Science*, 75: 3136-3144.

ESTIMATION OF GENETIC DIVERSITY USING PROBABILITIES OF GENE ORIGIN OF AUTOCHTHONOUS CATTLE BREED BUSHA

Summary

Register of autochthonous cattle breed busha was founded in 2003. and till today it is consisted of 1020 heads. In whole pedigree 329 founders and 249 half-founders are determined. The number of founders in reference population is 285, half-founders 219, and ancestors 255, and 50% of genetic variability explain 17 ancestors and 20 founders. The largest number of complete generations 1,41 which indicates poor informativity and completeness of pedigree. Part of significant ancestors gave its contribution to genetic variability as founder, but not as ancestor which indicates loss of part of genetic variability. Increasing of inbreeding rate and connections, ratios of certain parameters of gene origin (f_e/f_a , f_g/f_e , f_e/f) and decreasing of contribution of number of founders in reference population compared to the whole pedigree, indicate the loss of genetic variability in population. Pedigree analysis results indicate that in purpose of preservation of genetic variability, it is necessary and urgent creating of quality breeding program, breeding plan and conservation strategy, based on pedigree analysis and method of molecular genetic.

Keywords: busha, genetic diversity, pedigree analysis, probability of gene origin.

Primljeno: 16.3.2012.