

# Procjena komponenti varijance za veličinu legla kod romanovske ovce

Ante KASAP<sup>1</sup>, Marija ŠPEHAR<sup>2</sup>, Ana KAIC<sup>1</sup>, Boro MIOČ<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Sveučilište u Zagrebu, Agronomski fakultet, Svetošimunska cesta 25, 10000 Zagreb, Hrvatska, (e-mail: akasap@agr.hr)

<sup>2</sup>Hrvatska poljoprivredna agencija, Ilica 101, 10000 Zagreb, Hrvatska

## Sažetak

Cilj istraživanja je bio procijeniti komponente fenotipske varijance veličine legla u populaciji romanovske ovce u Hrvatskoj. Komponente varijance su procijenjene korištenjem modela životinja s ponovljenim mjerenjima pri čemu je korišteno ukupno 10723 fenotipskih zapisa te podaci o genetskim vezama između 4097 jedinki u rodovniku. Redni broj janjenja, starost i sezona su korišteni kao fiksni, a utjecaj stada, permanentni (negenetski) utjecaj životinje i aditivni genetski učinci životinje kao slučajni utjecaji u modelu. Utvrđeni heritabilitet ( $h^2=0,06$ ) i ponovljivost ( $r^2=0,07$ ) su u suglasju sa prethodno publiciranim parametrima za ovu pasminu i nekim njenim križancima u inozemnim uzgojima.

Ključne riječi: ovca, romanovska, veličina legla, heritabilitet, ponovljivost

## Estimation of variance components for litter size in Romanov sheep

### Abstract

The aim of the research was to estimate genetic parameters for litter size in Romanov breed reared in Croatia. A total of 10723 phenotypic records, and all available pedigree information (4097 individuals) were used to estimate variance components with the repeatability animal model. Age at lambing, parity, and season were fitted in the fixed part of the model, while herd, permanent (non genetic) effect of an animal, and direct additive genetic effect of the animal were fitted in the random part of the model. The estimated heritability ( $r^2=0.06$ ), and repeatability ( $r^2=0.07$ ) are in line with previous reports for this breed, and its crossbreds abroad.

Key words: sheep, Romanovska, litter size, genetic parameters, repeatability

### Uvod

Uzimajući u obzir učestalost višebrojnih legala koja nerijetko broje i preko dva janjeta te natprosječno ranu spolnu zrelost i izrazitu poliestričnost, romanovsku ovcu se bez premca može smatrati najplodnijom pasminom na svijetu. Prema podacima Hrvatske poljoprivredne agencije (HPA, 2014) u Hrvatskoj se uzgaja 12023 ovaca romanovske pasmine i to isključivo u kontinentalnim županijama. Uzgojno selekcijskim radom je obuhvaćeno 1930 grla (4,7% uzgojno valjane populacije) kod 27 uzgajivača. Osim što se diljem svijeta uzgaja u čistoj krvi, ova visoko-plodna pasmina je introgresirana u brojne lokalne pasmine s ciljem unapređivanja njihove plodnosti. Križanjem romanovske s lokalnim autohtonim pasminama koje su već dobro prilagođene na specifične klimatsko-vegetacijske uvjete nekog kraja nastale su neke suvremene pasmine ovaca koje karakteriziraju dobri majčinski instinkti, asezonalnost gonjenja, rana spolna zrelost, višebrojna legla te dobar vigor janjadi. Reprezentativan primjer navedenog je oplemenjena solčavsko jezerska ovca koja dominira u pasminskom sastavu u susjednoj Sloveniji (Bojkovski i sur., 2014). Veličina legla se kod

svih multiparih vrsta ubraja među najvažnije reproduktivne odlike kada je u pitanju proizvodnja mesa jer direktno utječe na profitabilnost proizvodnje, pa tako i kod proizvodnje janjetine koja predstavlja glavni ovčji proizvod u Hrvatskoj. Iako je selekcija na veličinu legla je limitirana zbog niske heritabilnosti ovoga svojstva (Matos i sur., 1997), ono je vrlo važna komponenta u brojnim uzgojnim programima u svijetu, a u nekima je čak favorizirano do te mjere da predstavlja glavni selekcijski cilj (npr. Baelden i sur., 2005). Prosječna veličina legla u stadima romanovske pasmine u Hrvatskoj (1,52) je znatno niža od prosjeka ove pasmine u brojnim europskim uzgojima (npr. 2,49 u Češkoj (Schmidova i sur., 2014) te 2,34 u Španjolskoj (Maria i Ascaso, 1999)). Iako spomenuta činjenica indirektno upućuje na mogućnost napretka veličine legla u istraživanoj populaciji, poznavanje komponenti fenotipske varijabilnosti i pripadajućih genetskih parametara predstavlja prvi i osnovni preduvjet za objektivni uvid u uspjeh selekcije i njenu rutinsku provedbu korištenjem suvremenih metoda genetskog vrednovanja jedinki u populaciji. Razvojem odgovarajućeg statističkog modela i procjenom komponenti fenotipske varijabilnosti u sklopu ovog istraživanja objektiviziran je uvid u mogućnost genetskog napretka spomenutog svojstva i ostvaren prvi preduvjet rutinskog genetskog vrednovanja jedinki korištenjem najboljeg linearnog nepristranog predviđanja (BLUP).

### Materijali i metode

Fenotipski zapisi veličine legla i pripadajuće varijable ojanjenih ovaca (starost prilikom janjenja, redosljeda janjenja, sezona janjenja i pripadnosti stadu) obuhvaćenih uzgojno selekcijskim radom su preuzeti iz baze podataka HPA. Spomenuti zapisi su prikupljeni u razdoblju od 1995. do 2012. Podaci za ovce koji nisu udovoljavali postavljenim kriterijima za starost prilikom janjenja unutar određenog rednog broja janjenja su izbrisani i nisu korišteni u daljnjoj analizi kao i podaci prikupljeni u stadima sa manje od 10 zapisa godišnje. Nakon spomenutih brisanja za potrebe analize je korišteno ukupno 10723 fenotipskih podataka i jednako toliko zapisa o pratećim utjecajima. Kod janjenja kod kojih je zabilježeno više od 3 janjeta u leglu, ova brojka je prilikom statističke analize i procjene istraživanih parametara bila postavljena na 3. Zapisi za redni broj janjenja veći od 8 su postavljeni na 8 i kao takvi su korišteni prilikom analize i interpretacije. Na osnovi identifikacijskog broja životinja s fenotipskim podacima i podataka iz rodovnika (također preuzetog iz baze podataka HPA) pripremljeno je porijeklo sa ukupno 4097 životinja. Prvi korak u analizi je bio razvoj fiksnog dijela modela korištenjem GLM procedure (SAS, 2004) pri čemu je kriterij za izbor pojedinih utjecaja i način njihovog modeliranja bila njihova signifikantnost, koeficijent determinacije te stupnjevi slobode. Temeljem spomenutih kriterija odabran je model sa fiksnim utjecajem sezone (interakcija godina-mjesec janjenja) i starosti ovaca prilikom janjenja ugniježdene (kao kvadratna regresija) unutar rednog broja janjenja. Komponente varijance su procijenjene korištenjem korištenjem programa VCE (Groeneveld i sur., 2008) temeljem REML metode (eng. restricted maximum likelihood method). Aditivni genetski učinci životinja u porijeklu, utjecaj stada i permanentni utjecaj ovce (model s ponovljenim mjerenjima) uklopljeni su u slučajni dio modela. Matricni zapis korištenog modela je:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\mathbf{b} + \mathbf{Z}_s\mathbf{s} + \mathbf{Z}_p\mathbf{p} + \mathbf{Z}_a\mathbf{a} + \mathbf{e}.$$

Pritom je:  $\mathbf{y}$  je vektor fenotipskih vrijednosti za veličinu legla;  $\mathbf{b}$  je vektor nepoznatih parametara za fiksne utjecaje u modelu (sezona i starost unutar redosljeda janjenja);  $\mathbf{s}$ ,  $\mathbf{p}$ , i  $\mathbf{a}$  su vektori nepoznatih parametara za stado, permanentne (ne-genetske) učinke životinja i aditivne genetske učinke životinja;  $\mathbf{e}$  je vektor neprotumačenih učinaka.  $\mathbf{X}$  je dizajn matrica koja povezuju fenotipske podatke se fiksnim utjecajima u modelu, a  $\mathbf{Z}_s$ ,  $\mathbf{Z}_p$ , i  $\mathbf{Z}_a$  su dizajn matrice koje povezuju fenotipske podatke se dotičnim slučajnim učincima u modelu. Pretpostavke modela su:

$$E(\mathbf{y}) = \mathbf{X}\mathbf{b}, \quad \mathbf{s} | \mathbf{S} \sim N(\mathbf{0}, \mathbf{S}), \quad \mathbf{p} | \mathbf{P} \sim N(\mathbf{0}, \mathbf{P}), \quad \mathbf{a} | \mathbf{G} \sim N(\mathbf{0}, \mathbf{G}), \quad \mathbf{e} | \mathbf{R} \sim N(\mathbf{0}, \mathbf{R}),$$

pri čemu je:

$$\mathbf{S} = \mathbf{I}\sigma_s^2, \quad \mathbf{P} = \mathbf{I}\sigma_p^2, \quad \mathbf{G} = \mathbf{A}\sigma_a^2, \quad \mathbf{R} = \mathbf{I}\sigma_e^2.$$

$\mathbf{A}$  je pritom matrica srodstva konstruirana korištenjem svih raspoloživih genetskih veza u porijeklu;  $\mathbf{I}$  je identička matrica, a  $\sigma_s^2$ ,  $\sigma_p^2$ ,  $\sigma_a^2$ ,  $\sigma_e^2$ , su komponente varijance za utjecaj stada, permanentne učinke životinje, aditivne genetske učinke životinje i neprotumačene slučajne učinke. Heritabilitet je izračunat kao  $h^2 = \sigma_a^2 / \sigma_u^2$ , a ponovljivost kao  $r^2 = \sigma_a^2 + \sigma_p^2 / \sigma_u^2$  pri čemu je  $\sigma_u^2$  ukupna fenotipska varijanca, odnosno  $\sigma_u^2 = \sigma_a^2 + \sigma_s^2 + \sigma_p^2 + \sigma_e^2$ .

## Rezultati i rasprava

Tablica 1. Frekvencija ojanjenih ovaca i veličine legla unutar rednog broja janjenja

Redni broj janjenja	Broj ojanjenih ovaca		Veličina legla				$\bar{X}$	$\sigma$
	n	%	1 (%)	2 (%)	3+ (%)			
1	3446	33,53	68,16	26,81	4,03	1,35	0,55	
2	1962	19,09	53,01	38,82	8,17	1,55	0,64	
3	1405	13,67	47,40	40,09	12,51	1,65	0,69	
4	1007	9,80	43,47	44,18	12,35	1,69	0,68	
5	797	7,76	41,94	46,32	11,74	1,70	0,67	
6	550	5,35	42,54	40,86	16,60	1,74	0,72	
7	391	3,80	47,77	39,90	12,34	1,64	0,69	
8+	719	7,00	49,64	38,88	11,48	1,62	0,69	

$\bar{X}$  =aritmetička srednja vrijednost;  $\sigma$  =standardna devijacija.

Od ukupnog broja ovaca analiziranih u sklopu ovog istraživanja 67% ih se janjilo do tri puta tijekom svog života (tablica 1). Ovakva frekvencija ovaca po rednom broju janjenja je na neki način tipična za gotovo sve populacije u ovčarstvu, a uvjetovana je: 1) Činjenicom da sva grla koja su se ojanjila više puta sigurno imaju ostvarena i prethodna janjenja dok obrnuto ne vrijedi, tj. sva ona grla koja su se ojanjila određeni broj puta ne moraju nužno ostvariti i buduća janjenja. Budući da su sva stada podvrgnuta kontinuiranom remontu i sva grla prije ili kasnije bivaju iz različitih razloga zamijenjena u određenoj fazi života, vrlo često mnoga od njih i ne uspiju doživjeti veći broj janjenja za života 2) Kronologijom prikupljanja podataka kod živućih životinja odnosno činjenicom da nije moguće imati zapise iz budućnosti za one ovce pred kojima tek predstoje janjenja u kasnijoj fazi života. Desni dio tablice u kojem je prikazana distribucija ojanjenih ovaca s različitim tipom janjenja (veličine legla) unutar pojedinih redoslijeda janjenja jasno ukazuje na pomak distribucije ovaca s višebrojnim leglima s odmakom redoslijeda janjenja do petog (2) odnosno šestog (3+) janjenja po redu. Iz tablice je također vidljivo kako usporedno sa utvrđenim rastom prosječne veličine legla raste i utvrđena varijabilnost ovog svojstva u populaciji. Rezultati su u suglasju sa onima koje su Škorput i sur. (2011) utvrdili u populaciji oplemenjene jezersko-solčavske ovce u Sloveniji, pasmine koja je, kao što je već napomenuto u uvodu nastala križanjem romanovske i solčavsko jezerske ovce. Komponente varijance (tablica 2) i njihovi pripadajući udjeli u ukupnoj fenotipskoj varijabilnosti ukazuju na relativan doprinos pojedinih izvora fenotipske varijabilnosti u istraženoj populaciji ovaca. Korištenjem spomenutog statističkog modela procijenjeno je da se direktnim aditivnim genetskim učincima svih životinja u rodovniku može objasniti oko 6% ukupne fenotipske varijabilnosti, a permanentnim ne-genetskim učincima životinja svega 1%. Procijenjeni niski udio aditivnih genetskih učinaka ( $h^2=0,06$ ) te još niži udio permanentnih ne-genetskih učinaka u ukupnoj fenotipskoj varijanci su rezultirali sa vrlo niskom utvrđenom stopom ponovljivosti ovog svojstva u populaciji ( $r^2=0,07$ ). Procijenjeni udio fenotipske varijabilnosti uvjetovan utjecajem stada (21%) je bio trostruko veći od onog uvjetovanog zajedničkim aditivnim genetskim i negenetskim učincima životinja, što svjedoči o važnosti ovog čimbenika u modelu i mogućnosti precjenjivanja aditivnih genetskih učinaka životinje ne uključivanjem ovog čimbenika u statističke modele za procjenu genetskih parametara i predviđanje uzgojnih vrijednosti. Udjeli pojedinih komponenti varijance (genetske i negenetske) u ukupnoj fenotipskoj varijanci utvrđeni u ovom istraživanju su uglavnom u suglasju s brojnim prethodno publiciranim parametrima za ovo svojstvo kod različitih pasmina ovaca (npr. Maxa i sur., 2007; Škorput i sur., 2011; Mohammadi i sur., 2012; Schmidova i sur., 2014). Heritabilitet utvrđen u našem istraživanju ( $h^2=0,06$ ) kao i heritabiliteti iz prethodno spomenutih istraživanja (od 0,04 do 0,14) upućuju na vrlo ograničenu mogućnost selekcije na ovo svojstvo na osnovi vlastitog fenotipa i podrazumijevaju nužnost korištenja suvremenih metoda genetskog vrednovanja za postizanje selekcijskog napretka ovog svojstva u populaciji. Komponente varijance uvelike ovise o specifičnim osobinama populacije (npr. pasmina, struktura porijekla, broj i kvaliteta dostupnih fenotipskih podataka itd.) kao i o samoj metodologiji njihove procjene (korištenje različitih statističkih modela, različiti pristupi u modeliranju genetske kovarijance među jedinkama i dr.) tako da se njihovo korištenje pri genetskom vrednovanju izvan populacije u kojoj su procijenjeni ne smatra poželjnim. Za postizanje visoke točnosti genetskog vrednovanja jedinki neke populacije optimalnim se smatra korištenje komponenti varijance procijenjenih unutar ciljane populacije (ili njenog reprezentativnog dijela) i to korištenjem statističkih modela koji su istovjetni modelima za samu procjenu uzgojnih vrijednosti. U tom

smislu, rezultati ovog istraživanja, od samog razvoja statističkog modela pa do finalne procjene komponenti varijance predstavljaju vrlo važan doprinos budućem genetskom vrednovanju ove pasmine za koju se smatra da ima veliku perspektivu uzgoja u kontinentalnom dijelu Hrvatske.

Tablica 2. Komponente varijance i njihovi udjeli u ukupnoj fenotipskoj varijanci

	$\sigma_a^2$	$\sigma_p^2$	$\sigma_s^2$	$\sigma_e^2$	$\sigma_u^2$	$\sigma_a^2 + \sigma_p^2$
$\sigma^2 \pm \text{S.E.}$	0,025 $\pm$ 0,003	0,004 $\pm$ 0,003	0,091 $\pm$ 0,018	0,307 $\pm$ 0,005	0,427	0,3102
$\sigma^2 / \sigma_u^2$	0,06	0,01	0,21	0,72	1,00	0,07

S.E. – standardna greška

### Zaključak

Rezultati ovog rada predstavljaju prvi znanstveno utemeljen uvid u mogućnost selekcijskog napretka veličine legla u populaciji romanovske ovce u Hrvatskoj. Nizak heritabilitet kao i vrlo nizak stupanj ponovljivosti upućuju na ograničenu mogućnost selekcijskog napretka odabirom jedinki za rasplod na temelju vlastitog fenotipa. Uvažavajući vlastito iskustvo kao i znanstveno utemeljene stavove o tome kako je selekcija na osnovi vlastitog fenotipa u ovakvoj situaciji podložna visokom stupnju pogreške, nameće se zaključak kako kontinuirani selekcijski napredak ovog svojstva iziskuje sustavni uzgojno-selekcijski rad temeljen na primjeni suvremenih metoda genetskog vrednovanja kao što je najbolje linearno nepristrano predviđanje (BLUP).

### Literatura

- Baelden M., Tiphine L., Poivey J. P., Bouix J., Bibe B., Robert-Granie C., Bodin L. (2005). Estimation of genetic parameters for litter size after natural and hormone-induced oestrus in sheep. *Livestock Production Science* 97: 275-281.
- Bojkovski D., Cividini A., Čepon M., Holcman A., Kompan D., Kovač M., Komprij A., Žan Lotrič M., Malovrh Š., Potočnik K., Simčič M., Terčič D., Zajc P., Mesarič M. (2014). Slovenske avtohtone in tradicionalne pasme domačih živali. Ministrstvo za kmetijstvo in okolje, Ljubljana.
- Groeneveld E., Kovac M., Mielenz, N. (2008). VCE 6, Users guide and reference manual, Version 6.0.
- HPA (2014). Izvješće za 2013. godinu. Hrvatska poljoprivredna agencija, Zagreb.
- Matos C.A., Thomas D. L., Gianola D., Tempelman R. J., Young, L. D. (1997). Genetic analysis of discrete reproductive traits in sheep using linear and nonlinear models: I. Estimation of genetic parameters. *Journal of Animal Science* 75: 76-87.
- Maria G.A., Ascaso M.S. (1999). Litter size, lambing interval and lamb mortality of Salz, Rasa Aragonesa, Romanov and F1 ewes on accelerated lambing management. *Small Ruminant Research* 32: 167-172.
- Maxa J., Norberg E., Berg P., Pedersen J. (2007). Genetic parameters for growth traits and litter size in Danish Texel, Shropshire, Oxford Down and Suffolk. *Small Ruminant Research* 68: 312-317.
- Mohammadi H., Shahrabak M.M., Shahrabak H.M., Vatankhah M. (2012). Estimation of genetic parameters of reproductive traits in Zandi sheep using linear and threshold models. *Czech Journal of Animal Science* 57: 382-388.
- SAS Inst. Inc. 2004. The SAS System for Windows, Release 9.1.3. Cary, NC.
- Schmidova J., Milerski M., Svitakova A., Vostry L., Novotna A. (2014). Estimation of genetic parameters for litter size in Charollais, Romney, Merinolandschaf, Romanov, Suffolk, Šumava and Texel breeds of sheep. *Small Ruminant Research* 119: 33-38.
- Škorput D., Kasap A., Gorjanc G. (2011). Estimation of variance components for litter size in the first and later parities in improved Jezersko-Solcava sheep. *Agriculturae Conspectus Scientificus* 76: 337-340.

sa2016\_p0710