

Genoma testu izmantošanu slaucamo govju ganāmpulka ģenētiskā progresa veicināšanai

Genoms ir dzīvnieku ģenētiskās informācijas kopums, ko analizējot, ir iespējams iegūt informāciju par dzīvnieka attīstības potenciālu, tendenci. Genomu testi piena lopkopībā pēta dzīvnieka DNS un prognozē tā nākotnes produktivitāti un veselību.

Šobrīd Latvijā genoma testi ir jauns selekcijas instruments, lai saimnieki varētu precīzāk veidot dzīvnieku izlasi un atlasīti. Genoma rezultāti izceļas ar augstu precizitāti un ticamību, bet saimnieki joprojām skeptiski raugās uz iespēju uzsākt genoma testēšanu savā ganāmpulkā, jo nav pārliecināti par ieguldījuma efektivitāti.

Mūsdienīgu piena lopkopībā, pateicoties **genomu testiem**, ir iespējams izvēlēties vaislas dzīvniekus ar noteiktām īpašībām, piemēram, augstu izslaukumu vai izturību pret slimībām. Tomēr, lai šī ģenētiskā selekcija būtu efektīva, ir jānodrošina arī optimāli vides apstākļi, kas ļauj govīm pilnībā realizēt savu potenciālu.

Lai iegūtu vislabākos rezultātus, ir svarīgi:

- **Pielāgot barību** konkrētajam ganāmpulkam un katras govs individuālajām vajadzībām.
- **Nodrošināt labturības apstākļus**, kas mazina stresu un slimību risku.
- **Veikt selekciju**, kas ņem vērā gan dzīvnieka ģenētiku, gan vidi, kurā tas tiks audzēts.

Genotips ir govs iedzimtā informācija (gēnu kopums), kas nosaka tās **ģenētisko potenciālu**. Savukārt vide ietver barības kvalitāti, govs turēšanas apstākļus (piemēram, kūts mikroklimatu, vietu platību, atpūtas vietu), veselības stāvokli un stresu.

Genomu testi sniedz augstu precizitāti telišu izvērtēšanā, pamatojoties uz to ģenētisko potenciālu. Tomēr šie testi neatspoguļo dzīvnieka pašreizējo epigenētisko stāvokli. Tāpēc divām govīm ar identisku genomu var būt atšķirīga piena ražība un veselība, ja to dzīves apstākļi un uzturs ir atšķirīgi. Lai arī genoms nosaka govs maksimālo potenciālu, epigenētika nosaka, cik liela daļa no šī potenciāla tiks realizēta konkrētos apstākļos.

Zinātnieki šobrīd pēta iespējas iekļaut epigenētisko informāciju genoma testu prognozēs, lai vēl precīzāk noteiktu govju produktivitāti, izturību pret slimībām un ilgmūžību. Epigenētiskie dati varētu palīdzēt precīzēt ģenētisko novērtējumu, tādējādi uzlabojot selekcijas efektivitāti.

Vide tiešā un netiešā veidā spēlē svarīgu lomu dzīvnieku ģenētikā [69]. Ir svarīgi noskaidrot, kā darbojas genoma un vides mijiedarbība, lai iegūtu atbilstošu informāciju un labāk izprastu dzīvnieku sugu gēnu uzvedību dažādās vidēs. Nesen genomu testi, kas veikti vietējām un komerciālām liellopu šķirnēm, parādīja gēnu saistību ar klimata adaptāciju, imunitāti, vielmaiņu un pārtikas drošību, uzsverot ģenētiskās korelācijas starp barības efektivitāti un ražošanas rādītāju iedzimstamību slaucamām govīm.

Viens no galvenajiem ar vidi saistītajiem sasniegumiem ģenētikā pēdējā desmitgadē ir pazīmju, kas saistītas ar metāna emisijām, hipoksiju, pielāgošanos lielam augstumam un karstuma stresu, atklāšana. Vairāki pētījumi, kas saistīti ar šīm īpašībām, galvenokārt uzsver negatīvās ietekmes uz vidi samazināšanu. Izmantot ģenētisko analīžu perspektīvas metāna emisiju samazināšanai būs viens no tuvākajiem mērķiem, lai risinātu klimata pārmaiņu radītās problēmas.

Kombinējot genoma rezultātus ar pārdomātu audzēšanas stratēģiju un efektīvu ganāmpulka menedžmentu, iespējams daudz ātrāk sasniegt izvirzītos mērķus, palielināt iespējamo peļņu un uzlabot ganāmpulka veselības stāvokli.

Redzot genoma potenciālu, lauksaimnieku vidū pieaug interese par genoma testēšanu, aizstājot līdz šim ierastās metodes. Viena no priekšrocībām genoma analīzēm ir ticamība, kas ir virs 70%. Pirms genoma analīzēm bieži tika izmantotas un joprojām tiek izmantotas vecāku vidējās vērtībās, kurām ir daudz zemāka ticamība – apmēram 30%.

Demonstrējuma tēmas aktualitāte un zinātniskais pamatojums

Piena lopkopībā selekcija, kas balstīta uz genomu novērtējumu, tika uzskatīta kā revolucionārs solis jau 2009. gadā, bet ideja par ģenētiskā potenciāla uzlabošanu, balstoties uz SNP informāciju ir bijusi aktuāla jau 90. gados (Hayes, Bowman et al., 2009). Šobrīd pasaulē genoma novērtējums tiek plaši izmantots kā galvenais selekcijas instruments ģenētiskā potenciāla izkopšanai un uzlabošanai piena lopkopības nozarē, nosakot genoma novērtējumu produkcijas, reprodukcijas, veselības, labturības, lineārajām un pielāgošanās spēju pazīmēm ([Gutierrez-Reinoso et al., 2021.](#)) Genoma novērtējums tiek algoritmiski aprēķināts kā ģenētisko marķieru kopsumma jeb marķieru haplotipu kopsumma visa genomā, cenšoties noteikt kvantitatīvo pazīmju lokusus, kam ir ietekme uz pazīmes dispersiju. Arvien pieaugot vides ietekmes prasību aktualitātes jautājumiem lauksaimniecībā un, tai skaitā piena lopkopības nozarē, genoma novērtējumam piedēvē būtiskāko lomu selekcijā straujai un efektīvai paaudžu nomainīšanai uz augstāzīgāku un efektīvāku ganāmpulku ar zemāku ietekmi uz vides piesārņojumu (Amer et al., 2018). Paaudžu nomainīšana, pateicoties pieejamajām genomu analīzēm, tiek samazināta no 4-5 gadiem uz vidēji 2 gadiem. Pateicoties genoma novērtējumam, mākslīgās apsēklošanas stacijas var izmantot DNS pārbaudītus bullus kā tēvus jau gada vecumā, kamēr pēc klasiskā ģenētiskā novērtējuma, balstoties uz pēcnācēju snieguma rādītājiem, tas ir iespējams tikai 54 mēnešu vecumā, kad bullim ir pieejami dati par meitu snieguma rādītājiem, un līdz ar to paaudžu nomainīšana sasniedz 63 mēnešus. Genoma novērtējums ļauj selekcionēt dzīvniekus jau pirms vaislas gatavības sasniegšanas (Scheifers, Weigel, 2012).

Latvijā līdz šim selekcija pēc genoma novērtējuma netiek plaši izmantota un nav iekļauta ciltsdarba programmās, kā arī netiek aprēķinātas ciltsvērtības pēc genoma novērtējuma uz Latvijas populācijas fona. Lai virzītu saimniekus izmantot genoma novērtējumu kā mērķtiecīgas un straujas selekcijas instrumentu, būtiski ir noskaidrot ģenētisko izaugsmi un ekonomisko ieguvumu izmantojot genoma novērtējumu, kas iegūts uz citas valsts populācijas fona. Genoma novērtējuma precizitāte ir atkarīga no references populācijas lieluma, kas izmantots, lai izveidotu ciltsvērtības prognožu algoritmus, pazīmju iedzimstamības un radniecības starp selekcijas kandidātiem un references populāciju (Scheifers, Weigel, 2012). Līdz ar to, lai objektīvi varētu novērtēt genomu precizitāti un attiecīgi prognozēto ģenētisko un ekonomisko ieguvumu nākamajā paaudzē saimniecībās Latvijā, nepieciešams genoma novērtējumu salīdzināt ar meitu produktivitātes rādītājiem. Šāda veida analīze, nosakot prognozēto un realizēto produktivitāti un ciltsvērtību, ļaus noskaidrot, vai genoma novērtējums, kas iegūts ārpus Latvijas populācijas, ir izmantojams selekcijai Latvijas populācijā ar mērķi paātrināt cilts kodola ģenētisko progresu. Šāds pētījums piena liellopu lopkopības nozarē Holšteinas šķirnes liellopiem līdz šim Latvijā nav bijis veikts.

Demonstrējumā tika plānots nodemonstrēt telišu genoma testu izmantošanu ganāmpulka izlases un atlases procesos, nosakot prognozēto un realizēto produktivitāti un ciltsvērtību, paātrinot cilts kodola ģenētisko progresu.

Lai realizētu demonstrējumu, tika paredzēti divi atkārtojumi, katrā no tiem ir divas grupas – kontroles grupa ar līdzšinējo paņēmienu (selekcijas klasiskā metode pēc vecāku produktivitātes rādītājiem) un demonstrējuma grupa (selekcija pēc genomu testa rezultātiem). Uzsākot demonstrējumu, tika izlasītas 50 govīs ar līdzīgiem vecumiem un sēklošanas/atnešanās datumiem. Šīm 50 govīm ir paņemti paraugi un veiktas genoma analīzes. Tālāk tika veidotas divas grupas, no

kurām kontroles grupā ganāmpulka īpašnieks izvēlējās 30 govīs pēc vecāku produktivitātes, savukārt genomu grupā tika izlasītas 30 govīs pēc genoma rezultātiem.

Ierīkošanas shēma:

- Izvēlēta saimniecība, kurā slaucamās govīs tur brīvajā turēšanas sistēmā, ar iespēju tām brīvi uzņemt barību un ūdeni, kā arī izvēlēties guļvietu izveidotās dzīvnieku grupas ietvarā.
- Saimniecībā tiek nodrošināta datu ieguve atbilstoši demonstrējuma specifiskajai.
- Pētījuma grupas dzīvniekus saimniecībā tur un ēdina, nodrošinot vecumam, fizioloģiskam stāvoklim atbilstošus apstākļus, barības līdzekļus un barības devu.
- Tiks veikts demonstrējuma ekonomiskais novērtējums, īpaši izvērtējot ieņēmumu palielinājumu vai samazinājumu.

Demonstrējums norisinās no 2023. gada marta līdz 2025. gada septembrim, 31 mēnesi.

Demonstrējuma saimniecība

Demonstrējuma saimniecība ir SIA "Vecsiljāņi" slaucamo govju novietne "Dimanti" – pilnas aprites saimniecība Bebru pagastā, Aizkraukles novadā, kura apsaimnieko 1450 ha zemes, 1150 slaucamas govīs ar vidējo izslaukumu 12 000 kg. Ganāmpulkā vienādos apsaimniekošanas un ēdināšanas apstākļos tiek apsaimniekotas pārsvarā Holšteinas melnraibās šķirnes govīs un saimniecība realizē Holšteinas šķirnes govju audzēšanas programmu sadarbībā ar Latvijas Holšteinas šķirnes lopu audzētāju asociāciju.

SIA "Vecsiljāņi" pamatnodarbošanās ir piena lopkopība, taču ne mazāk svarīgas ir citas nozares – siera ražošana un tirdzniecība, augkopība un mežkopība, kā arī zaļās enerģijas ražošana. Tas kopā viedo pilnas aprites saimniecību – visam saražotajam tiek pievienota vērtība. Jebkurš saimniecības attīstības projekts tiek plānots kontekstā ar pilnas aprites saimniecības būtību, tajā skaitā būtiska loma ir arī saimniecības biogāzes stacijai, kas nodrošina siltumnīcas efekta gāzu samazinājumu – 25 tūkstošus tonnas gadā. "Vecsiljāņi" ir pierādījums tam, ka, nodarbojoties ar piena lopkopību barības vielu pilnas aprites apsaimniekošanas modelī, var sasniegt efektīvus kvantitatīvos un kvalitatīvos rezultātus.

Demonstrējuma sadarbības partneri: LBTU – Latvijas Biozinātņu un tehnoloģiju universitāte; Biedrība "Latvijas Holšteinas šķirnes lopu audzētāju asociācija", Biedrība "Zemnieku saeima".

Demonstrējuma mērķis ir nodemonstrēt telišu genoma testu izmantošanu ganāmpulka izlases un atlases procesos, nosakot prognozēto un realizēto produktivitāti un ciltsvērtību, paātrinot ciltskodola ģenētisko progresu. Tas tika uzsākts 2023. gada martā un turpinājās līdz 2025. gada septembrim.

Demonstrējuma uzdevumi:

1. Ierīkot demonstrējumu slaucamo govju saimniecībā SIA „Vecsiljāņi”, novietnē “Dimanti”, veidojot teļu grupas ar dažādu vecumu (katrā grupā 30 dzīvnieki). Demonstrējumā iesaistīto dzīvnieku skaits:
 - 1) kontroles grupa – līdzšinējais standarta paņēmiens – 30 teles,
 - 2) demonstrējuma grupa – jaunais paņēmiens ar genoma testēšanu – 30 teles.
2. Demonstrējuma laikā veikt divus atkārtojumus, veikt abos atkārtojumos telēm genomu testus un aprēķināt ģenētiskos indeksus.
3. Veikt genomu testu rezultātu uzskaiti, salīdzināt tos ar pārraudzības rādītājiem, noslēdzot 1. laktāciju, veicot pārrēķinu uz indeksiem.
4. Veikt rupjās barības sastāva analīzi un barības devu sastādīšanu teļu un 1. laktācijas govju grupās.

5. Veikt demonstrējuma ekonomisko novērtējumu, īpaši izvērtējot ieņēmumu palielinājumu vai samazinājumu, izmantojot genoma testu rezultātus ganāmpulka vaislas dzīvnieku izlasē.

6. Informēt lauksaimniekus un nozares speciālistus par demonstrējumā iegūtajiem rezultātiem, organizējot lauka dienu vienu reizi gadā un publicējot iegūtos rezultātus.

Demonstrējuma gaita:

Veidojot grupas, tika izmantota Lauku atbalsta dienesta reģistrā (LAD) esošā informācija par telišu izcelsmi, šķirnes asinību, vecumu, sēklošanas datiem, vecāku produktivitātes rādītājiem. Tika veiktas lopbarības analīzes, barības devu sagatavošana un barības uzskaite. Izveidoto grupu dzīvniekiem tika veikti genomu testi, to rezultātu uzskaite, sekojoši produktivitātes rādītāju uzskaite, slēdzot pirmo laktāciju un daļai govju – arī otro laktāciju. Veikts rezultātu aprēķinu apkopojums, analīze un novērtējums. Veikts demonstrējuma ekonomiskais novērtējums.

Lopbarības analīzes un barības devu aprēķins.

Abu demonstrējuma grupu dzīvnieki ganāmpulkā tika turēti vienādos apsaimniekošanas un ēdināšanas apstākļos. Lai to kontrolētu, regulāri tika veiktas rupjās barības analīzes, veikta to uzskaite, kā arī barības devu sastādīšanu teļu un 1. laktācijas govju grupās, ieskaitot augstražīgo govju grupu un pēcatnešanās grupu. Tika veikta arī barības kontrole – barības maisījuma analīze, lai pārbaudītu aprēķināto devu un izēdinātas devas sakritību.

1. attēls. SIA “Vecsiljāņi” teļu un govju grupu barības devas

SIA VECSILJĀŅI barības devas

	Augstražīgo grupa	Pirmpieņu grupa	Pēcatnešanās grupa
Barības līdzeklis	Kg	Kg	Kg
SKB zāle	18.96	18.96	12.58
SKB kukurūza	28.17	28.17	30.00
Salmi	0.51	0.50	0.30
Graudi	4.00	3.44	7.00
Soja	2.50	1.89	2.50
Rapsis	3.50	3.15	3.00
Lopbarības krīts	0.18	0.15	0.18
Sāls	0.03	0.03	0.04
Soda	0.20	0.18	0.18
Minerālpiedevas	0.20	0.20	0.18
Drabiņas	6	3	5
Melase	1	0.5	0.5
Kopā, kg	65.25	60.17	61.46

Barības devās nemainīgi tika nodrošināts katrai grupai nepieciešamais uzturvielu līmenis, lai produktivitātes dati būtu salīdzināmi. Barības maisījums vidēji demonstrējuma laikā saturēja 41% sausas ar 74% sagremojamību, 16% kopproteīna, 31,6% NDF, 19,1% ADF un 7,1 MJ/kg NEL. Vidējās zāles skābbarības kvalitāte saimniecībā visā periodā bija vidēji ar 31,6% sausas ar 66% sagremojamību, 17,4% kopproteīnu, labiem kokšķiedras rādītājiem. Kukurūzas skābbarība saimniecībā bija vidēji ar 33% sausas ar 70,6% sagremojamību un vidējo cietes rādītāju 32,6%.

Demonstrējuma grupu veidošana un atkārtojumi:

Lai realizētu demonstrējumu, tika paredzēti divi atkārtojumi, katrā no tiem ir divas grupas – kontroles grupa ar līdzšinējo paņēmienu (klasiskā metode pēc vecāku produktivitātes rādītājiem)

un demonstrējuma grupa (pēc genomu testa rezultātiem). Uzsākot demonstrējumu, tika izlasītas 50 govīs ar līdzīgiem vecumiem un sēklošanas/atnešanās datumiem. Šīm 50 govīm ir paņemti audu paraugi un veiktas genoma analīzes. Tālāk tika veidotas divas grupas, no kurām kontroles grupā ganāmpulka īpašnieks izvēlējās 30 govīs un 30 govīs tika izlasītas demonstrējuma grupā. Lai noteiktu tēvu ietekmi uz meitu ražību un veselību otrajā atkārtojumā, teles tika izvēlētas pēc mainītiem principiem – atlasītas citas 50 teles ar līdzīgiem vecumiem un sēklošanas/atnešanās datumiem, pārstāvējot 3 vaisliniekus kā tēvus. Šīm 50 telēm ir paņemti paraugi un veiktas genoma analīzes. Ganāmpulka īpašnieks izvēlējās 30 teles kontroles grupā pēc līdzšinējā paņēmiena – vecāku produktivitātes rādītājiem (lēnā metode). Demonstrējuma grupā tika izvēlētas 30 no 50 telēm pēc genomu testu rezultātiem.

Produktivitātes rādītāji

1. tabula. Kontroles grupas vidējie statistiskie rādītāji pēc mātes produktivitātes rādītājiem

Rādītāji	Izslaukums, kg	Tauki, kg	Tauki, %	OBV, kg	OBV, %	EKP, kg	SCC, tūkst ml ⁻¹
Aritmētiskais vidējais	12 510,0	414,9	3,3	401,3	3,2	11 274,2	82,1
Standartklūda	162,7	9,0	0,1	5,1	0,0	141,5	22,3
Standartnovirze	891,0	49,6	0,5	28,2	0,2	775,2	122,2
Minimālā vērtība	10 235,0	318,2	2,6	341,4	2,9	10 121,9	12,0
Maksimālā vērtība	14 359,0	564,2	4,9	462,4	3,7	12 854,7	589,0
Skaits (n=30)	30	30	30	30	30	30	30
Variācijas koeficients	7,1	11,9	14,1	7,0	6,7	6,9	148,8

2. tabula. Kontroles grupas vidējie statistiskie rādītāji pēc genoma rezultātiem

Rādītāji	Izslaukums, kg	Tauki, kg	Tauki, %	OBV, kg	OBV, %	EKP, kg	SCS, log. vien.
Aritmētiskais vidējais	12 899,2	492,4	3,8	40,36	3,1	12 334,4	3,0
Standartklūda	38,3	1,9	0,0	1,1	0,0	34,0	0,0
Standartnovirze	209,7	10,4	0,1	5,9	0,0	186,1	0,1
Minimālā vērtība	12 523,2	474,0	3,7	394,2	3,1	11 974,8	2,8
Maksimālā vērtība	13 327,0	516,2	4,0	417,8	3,2	12 796,8	3,4

Skaits (n=30)	30	30	30	30	30	30	30
Variācijas koeficients	1,63	2,11	2,18	1,47	1,13	1,51	4,42

Tabulās Nr. 1. un 2. ir apkopoti demonstrējuma 1. atkārtojuma vidējie statistiskie rādītāji par kontroles grupu. Balstoties uz laktācijas rādītājiem, kontroles grupas vidējais izslaukums mātēm ir 12 510,0 kg (1. tab.), kas ir mazāk, nekā prognozēts šīs grupas izslaukums pēc genoma rezultātiem – 12 899,2 kg (2. tab.). Meitu prognozētais EKP (enerģētiski korigētais piens), izslaukums, tauku saturs un olbaltumvielu saturs laktācijā pēc genoma (2. tab.) ir augstāks par faktisko mātēm (1. tab.). Sekojoši varam prognozēt, ka meitas būs ražīgākas par mātēm.

3. tabula. Demonstrējuma grupas vidējie statistiskie rādītāji pēc genoma rezultātiem

Rādītāji	Izslaukums, kg	Tauki, kg	Tauki, %	OBV, kg	OBV, %	EKP, kg	SCS, log. vien.
Aritmētiskais vidējais	13 028,0	499,8	3,8	406,9	3,1	12 481,3	3,1
Standartklūda	46,2	1,4	0,0	1,1	0,0	27,0	0,03
Standartnovirze	252,9	7,8	0,1	6,3	0,0	147,8	0,1
Minimālā vērtība	12 574,0	487,2	3,7	394,2	3,0	12 294,2	2,9
Maksimālā vērtība	13 626,8	516,2	4,0	417,8	3,2	12 796,8	3,4
Skaits	30	30	30	30	30	30	30
Variācijas koeficients	1,9	1,6	2,4	1,5	1,3	1,2	4,63

3. tabulā attēlotie vidējie statistiskie rādītāji liecina, ka demonstrējamajā grupā tiek prognozēts augstāks vidējais izslaukums un EKP nekā kontroles grupā. Vidējais tauku un olbaltumvielu saturs pienā abās grupās prognozēts līdzīgs, attiecīgi 3,8 un 3,1% (2. un 3. tab.). Savukārt demonstrējuma grupai, kas atlasīta pēc genoma rādītājiem, prognozēts nedaudz augstāks somatisko šūnu skaits (SCS) – 3,1 log. vienības (3. tab.), salīdzinot ar 3,0 log. vienībām grupā, kas atlasīta pēc mātes rādītājiem (2. tab.).

Starpposmu 1. atkārtojuma rezultāti parādīja, ka, prognozējot telišu izslaukumu pēc genoma testiem, kontroles grupā 77% telēm pronozēts augstāks izslaukums nekā bāzes vidējais*, savukārt demonstrējuma grupā 90% telēm prognozēts augstāks izslaukums nekā bāzes vidējais*. Šis statistiskais salīdzinājums apliecina, ka abās grupās atlasītie dzīvnieki ir augstāzīgi. Ja govju ražība pārsniedz populācijas vidējo līmeni, sēklošanu nevar veikt mehāniski, jo īpaši nozīmīgi ir rūpīgi izvērtēt vaislas bullu ģenētisko potenciālu un to spēju uzlabot noteiktus rādītājus, lai ne vien saglabātu, bet arī mērķtiecīgi turpinātu ganāmpulka ģenētisko progresu.

*CDCB bāzes vidējais izslaukums 12 706,94 kg

Vienmēr aktuāls jautājums piensaimniekiem ir par genoma testu ticamību. Prognozējot genoma rezultātus, tiek ņemts vērā viss dzīvnieka mūžs, tāpēc varam pieņemt, ka genoma grupas vidējie pārraudzības dati mūža laikā sasniegs genoma rezultātu prognozi.

4. tabula. **Prognozētie rezultāti pēc 1. posma, salīdzinot ar noslēgtās 1. laktācijas datiem**

Rādītāji	Izslaukums, kg	Tauki, kg	Tauki, %	OBV, kg	OBV, %	EKP, kg	SCS, log. vien.
Genomu grupa (prognoze)	12 899,2	492,4	3,8	403,6	3,1	12 334,4	137,3
Genomu grupa (1. lakt. dati)	11 449,8 (88,76%)	411,3	3,60	378,0	3,31	10 785,4	136,7
<i>Starpība</i>	<i>-1449,4</i>	<i>-81,1</i>	<i>-0,2</i>	<i>-25,6</i>	<i>0,21</i>	<i>-1549,0</i>	<i>-0,6</i>
Kontroles grupa (mātēm vidēji)	12 510,0	414,9	3,3	401,3	3,2	11 274,2	82,1
Kontroles grupa (1. lakt. dati)	11 148,6 (89,12%)	401,6	3,61	373,5	3,35	10 557,8	75,7
<i>Starpība</i>	<i>-1361,4</i>	<i>-13,3</i>	<i>0,31</i>	<i>-27,8</i>	<i>0,15</i>	<i>-716,4</i>	<i>-6,4</i>

Salīdzinot noslēgto laktāciju datus ar prognozi katrā grupā, 1. laktācijā genomu grupa ir saražojusi 88,76% no prognozes, bet kontroles grupa saražojusi 89,12 % no prognozes (4. tab.). Literatūrā ir aprakstīts, ka pirmās laktācijas govs ražība ir aptuveni 70–85% no tās ražības, ko tā sasniegs otrajā vai trešajā laktācijā, kad govs tiek uzskatīta par pieaugušu (Evangelista A. F. et al., 2024 un King M. et al., 2018). Trešajā un vēlākajās laktācijās govs ražība parasti sasniedz savu maksimumu. Genomu testi prognozē pieaugušu govju ražības rādītājus, tāpēc pirmās laktācijas sniegums, ņemot vērā, ka govis maksimālo izslaukumu sasniedz 3.–4. laktācijā, ne vien apstiprina, bet, iespējams, pat pārsniegs genoma analīžu prognozes.

Demonstrējumā tika aprēķinātas 1. laktācijas snieguma rādītāju vidējās vērtības, lai noteiktu, kura metode ir bijusi efektīvāka.

5. tabula. **1. posma rezultāti – noslēgtās 1. laktācijas dati**

Rādītāji	Visas teles (n=50)	Genoma grupa (n=30)	Kontroles grupa (n=30)
	Aritmētiskais vidējais	Aritmētiskais vidējais	Aritmētiskais vidējais
Izslaukums, kg	11 103 ± 204,74	11 449,8 ± 270,37	11 148,6 ± 213,78
Tauki, kg	396,4 ± 8,15	411,3 ± 11,52	401,6 ± 10,53
Tauki, %	3,58 ± 0,054	3,60 ± 0,072	3,61 ± 0,076
OBV, kg	368,4 ± 6,47	378,0 ± 8,44	373,5 ± 7,45
OBV, %	3,33 ± 0,030	3,31 ± 0,044	3,35 ± 0,036
EKP, kg	10 443,8 ± 184,28	10 785,4 ± 251,86	10 557,8 ± 215,13
SCS	118,3 ± 34,64	136,7 ± 55,95	75,7 ± 12,76
<i>*nav būtisku atšķirību starp grupām</i>			

Analizējot grupu vidējos produktivitātes statistiskos rādītājus, aprēķināts, ka starp grupām nav būtisku atšķirību. Ja atražošanai paturētu visas 50 teles, neatlasot pēc genoma rezultātiem vai mātes produktivitātes, tad vidējie produktivitātes rādītāji būtu zemāki (5. tab.). Visaugstākie vidējie rādītāji produktivitātē ir grupai, kas atlasīta pēc genoma rādītājiem, bet viszemākais SCS ir kontroles grupai (75,7 log. vienības).

Savukārt salīdzinot abu pētāmo grupu vidējos produktivitātes rādītājus pret bāzes grupas vidējiem rādītājiem, grupa, kas izlasīta pēc genomā rādītājiem, ir pārāka: +380,7 kg izslaukumam, +16,9 kg taukiem un +12,6 kg OBV salīdzinājumā ar grupu, kas atlasīta pēc mātes vidējiem produktivitātes rādītājiem attiecīgi: +69,8 kg, +8,3 un +3,1 kg (6. tab.). Ņemot vērā, ka EKP ir objektīvāks snieguma rādītāju salīdzinājums, grupai, kas atlasīta pēc genoma ir +401,0 kg pret bāzes grupu, bet grupai pēc mātes +143,8 kg.

6. tabula. **Vidējie produktivitātes rādītāji pētāmajās grupās salīdzinājumā ar bāzi (bāze 100 teles, no kurām atlasīja grupas)**

Rādītāji	Izslaukums, kg	Tauki, kg	Tauki, %	OBV, kg	OBV, %	EKP, kg
<i>Bāze</i>	11 513,1	398,3	3,48	379,8	3,30	10 721,3
<i>Genomu grupa</i>	+380,7	+16,9	+0,03	+12,6	+0,00	+401,0
<i>Pēc mātes</i>	+69,8	+8,3	+0,05	+3,1	+0,01	+143,8

Salīdzinot kopējo saražotās produkcijas apjomu noslēdzot 1. un 2. atkārtojumu, genoma vērtējuma grupa saražoja par 18 657 kg vairāk piena (izslaukums), par 515 kg vairāk tauku, par 573 kg vairāk olbaltumvielu un par 15 432 kg lielāku enerģētiski korigēto pienu (EKP) (7. tab.). Lai gan starp grupu vidējiem ražības rādītājiem netika konstatētas būtiskas atšķirības, pārvēršot iegūto produkciju monetārā izteiksmē, genoma vērtējuma atlasītā grupa demonstrēja augstāku ekonomisko atdevi saimniecībai.

7. tabula. **Saražotā produkcijas starp grupām, noslēdzot demonstrējuma 1. un 2. atkārtojumu**

Kopā saražots	Izslaukums, kg	Tauki, kg	Tauki, %	OBV, kg	OBV, %	EKP, kg
<i>Genomu grupa</i>	713 629	24 911,9	3,49	23 545,4	3,30	667 334,8
<i>Pēc mātes</i>	694 972	24 396,5	3,51	22 972,7	3,31	651 902,9
<i>Starpība</i>	18 657	515	-0,02	573	-0,01	15 432

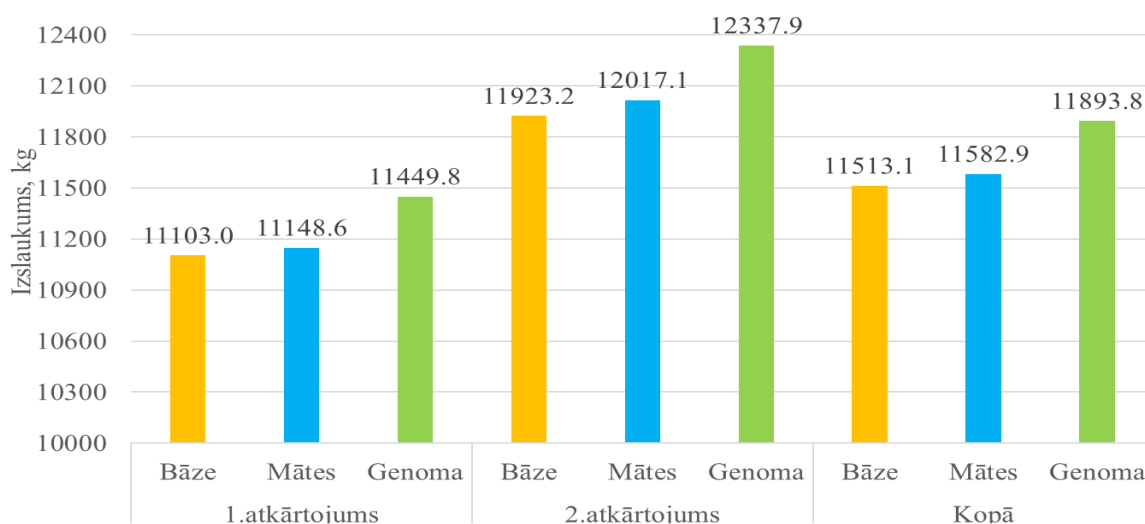
Līdzīga tendence tika aprēķināta, arī noslēdzot otro laktāciju (8. tab.). Salīdzinot genoma vērtējuma grupu ar grupu, kas atlasīta pēc mātes produktivitātes rādītājiem, novērots, ka genoma grupa kopējā laktācijā saražoja par 3593 kg vairāk piena, par 135,1 kg vairāk tauku un par 16,4 kg vairāk olbaltumvielu. Tauku īpatsvars abās grupās bija identisks (3,39%), savukārt olbaltumvielu īpatsvars genoma grupā bija nedaudz zemāks (3,26 pret 3,29%). Enerģētiski korigētā piena (EKP) izteiksmē

genoma grupa saražoja par 2670,5 kg vairāk nekā grupa, kas atlasīta pēc mātes ražības rādītājiem (8. tab.).

8. tabula. **Saražotās produkcijas atšķirība starp grupām, noslēdzot 2. laktāciju**

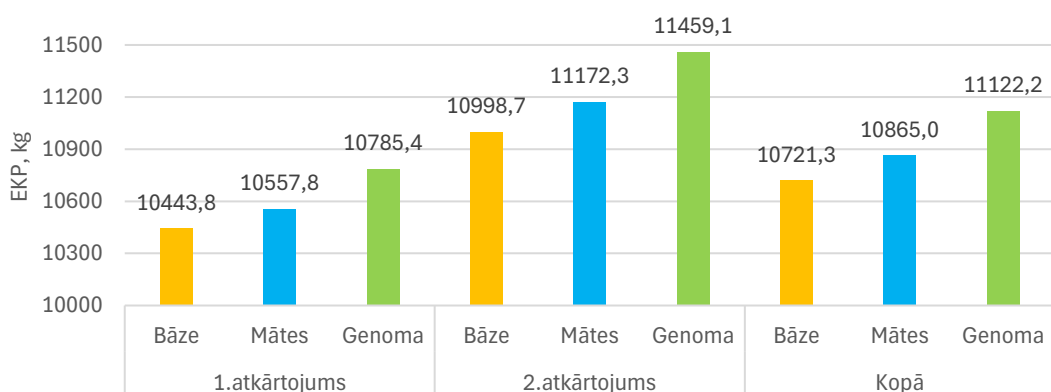
<i>Kopā saražots</i>	<i>Izslaukums, kg</i>	<i>Tauki, kg</i>	<i>Tauki, %</i>	<i>OBV, kg</i>	<i>OBV, %</i>	<i>EKP, kg</i>
<i>Genomu grupa</i>	334 213	11 338,9	3,39	10 885,0	3,26	305 558,1
<i>Pēc mātes</i>	330 620	11 203,8	3,39	10 868,6	3,29	302 887,7
<i>Starpība</i>	3593	135,1	0,00	16,4	-0,03	2670,5

1. attēls. **Noslēgtās 1. laktācijas dati – izslaukums, kg**



Analizējot izslaukumu pirmajā un otrajā laktācijas atkārtotumā, kā arī pētījumā kopumā, redzams, ka genoma vērtējuma grupa konsekventi demonstrē augstāku produktivitāti salīdzinājumā ar bāzes un mātes atlasē grupām. Šī tendence norāda, ka selekcija, kas balstīta uz genoma vērtējumu, ir saimnieciski izdevīgāka un nodrošina lielāku ekonomisko atdevi, tādējādi apliecinot tās priekšrocības kā efektīvāku selekcijas stratēģiju (1. att.).

2. attēls. **Noslēgtās 1. laktācijas dati – izslaukums EKP, kg**



Analizējot enerģētiski korigētā piena (EKP) izslaukumu pirmajā un otrajā atkārtojumā, kā arī kopsavilkumā, redzams, ka genoma vērtējuma grupa katrā gadījumā demonstrē augstāku ražību, salīdzinot ar bāzes un mātes atlasas grupām. Pirmajā atkārtojumā genoma grupa pārsniedza abas salīdzināmās grupas, sasniedzot 10 785,4 kg EKP, otrajā atkārtojumā – 11 459,1 kg, savukārt kopējā vērtējumā genoma grupa ar 11 122,2 kg EKP nodrošināja augstāko rezultātu. Šis konsekventais pārsvars apliecina genoma atlasas saimniecisko izdevīgumu un lielāku ekonomisko atdevi salīdzinājumā ar tradicionālajām atlasas metodēm (2. att.).

Lai analizētu dažādu pazīmju sakarības, datu apstrādē tika izmantota korelācijas metode. Korelācija jeb saistība ir mērījums, kas parāda divu vai vairāku mainīgo saistību (t. i., vai, mainoties vienam mainīgajam, izmainās arī otrs). Neatkarīgi no izlases apjoma, ja korelācijas absolūtā vērtība ir līdz 0,2, tad sakarība ir ļoti vāja, ja tā ir 0,2 līdz 0,4, tad sakarība ir vāja, no 0,4 līdz 0,7 sakarība ir vidēji cieša, virs 0,7 sakarība ir cieša.

9. tabula. **Korelācija starp genoma rezultātiem un pārraudzības rezultātiem – 1. atkārtojuma rezultāti**

Pazīmes	Izslaukums, kg	Tauki, kg	Tauki, %	OBV, kg	OBV, %	EKP, kg	SŠS
Izslaukums, kg	0,53						
Tauki, kg		0,51					
Tauki, %			0,71				
OBV, kg				0,51			
OBV, %					0,86		
EKP, kg						0,42	
SŠS							0,48

Fenotipisko korelāciju analizē starp prognozēto genoma vērtējumu un noslēgtās pārraudzības datiem (9. tab.) aprēķināts, ka izslaukumam, olbaltumvielām ir vidēji cieša pozitīva saistība, attiecīgi ($r = 0,53$) un ($r = 0,51$), kā arī EKP ($r = 0,42$), bet somatisko šūnu skaitam ($r = 0,48$). Tauku un olbaltumvielu procentuālais saturs pret prognozēto savukārt ir ļoti cieši savstarpēji saistīts, attiecīgi ($r = 0,86$), un tauku daudzumam ($r = 0,71$). Kopumā šie rezultāti liecina, ka galvenās produktivitātes pazīmēm pastāv pozitīva korelācija starp to genoma prognozēto un fenotipiski noteikto produktivitāti, kas nozīmē, ka genoma analīzes ir praksē pielietojams selekcijas rīks.

Ņemot vērā, ka genoma dati prognozē produktivitāti uz visa mūža vidējo laktāciju, bet pieņemot, ka 1. laktācija ir ~75% no pieaugušas govys ražības, tad rezultāti ir pozitīvi. Turpinot analizēt nākamās laktācijas, korelācija visticamāk kļūtu arvien ciešāka.

10. tabula. **Korelācija starp mātes pārraudzības rezultātiem un meitas pārraudzības rezultātiem – 1. atkārtojuma rezultāti**

Pazīmes	Izslaukums, kg	Tauki, kg	Tauki, %	OBV, kg	OBV, %	EKP, kg	SŠS
Izslaukums, kg	0,2						
Tauki, kg		0,05					
Tauki, %			-0,03				

OBV, kg				0,29			
OBV, %					0,08		
EKP, kg						0,18	
SŠS							-0,06

Korelācijas starp mātes datiem un noslēgtās laktācijas datiem principā nav. Fenotipisko korelāciju analizē starp mātes snieguma rādītājiem un noslēgtās pārraudzības datiem meitām (10. tab.) aprēķināts, ka izslaukumam ir vāja pozitīva sakarība ($r = 0,2$), olbaltumvielu daudzumam vāja pozitīva sakarība ($r = 0,29$), kā arī starp prognozēto un faktisko EKP ir vāja pozitīva sakarība ($r = 0,18$). Starp prognozēto un iegūto somatisko šūnu skaitu pastāv vāja negatīva sakarība ($r = -0,06$). Tas liek secināt, ka nevar apgalvot, ka atlasot mātes ar augstiem produktivitātes rādītājiem, meitām šie rādītāji arī būs augsti, jeb nav novērota sakarība, ka labai mātei būs laba meita. Šie rezultāti lika pētīt tālāk – cik liela ietekme uz meitas ražību un veselību ir tēvam?

Tēvu ietekme uz meitu produktivitātes rādītājiem

Literatūrā pieejama informācija, ka bullim ir būtiska ietekme uz meitu somatisko šūnu skaitu, turklāt tendence nemainās starp 1. un 4. laktāciju. (Vecht U.; Shook G. E.; Politek R. D et al. (1985), Effect of bull selection for somatic cell count in first lactation on cell counts and pathogens in later lactations. Journal of Dairy Science 68 (1985). - ISSN 0022-0302 - p. 2995-3003.)

Pētījumā par bulļa ietekmi uz produktivitātes rādītājiem noskaidrots, ka bulļiem ar augstiem ražības rādītājiem meitas uzrādīja augstāku izslaukumu un tauku saturu nekā to mātes. Secināts, ka bullis, kas piena produktivitātē un tauku saturā bija uzlabotājs, arī savām meitām paaugstinās produktivitāti, veicot ģenētisko progresu. /S. A Surkova et al., 2021, Cow's milk productivity: effects of bull's genotype and line. IOP Conf. Ser.: Earth Environ. Sci. 839 032007/

Lai noteiktu tēvu ietekmi uz meitu ražību un veselību, otrajā atkārtojumā tika izvēlētas trīs konkrētu vaislinieku meitas.

11. tabula. Vaislinieku meitu produktivitātes rādītāju salīdzinājums pēc genoma

Vaislinieks	Peļņas indekss, \$	Izslaukums	Tauki, %	Tauki, kg	OBV, %	OBV, kg	EKP, kg	SCS	MAS
HO840003132662986 SIEMERS JEDI PARISON (meitu n = 10)	237,7 a	13 031,8 a	3,79 a	493,3 a	3,14 a	409,3 a	12 421,5 a	3,10 a	0,74 a
HO840003142352034 TRENT-WAY-JS RONALD (meitu n = 23)	350,1 b	12 912,2 b	3,85 b	497,1 a	3,13 a	404,3 b	12 400,4 a	2,81 b	1,01 a
HO840003202074756 REGAN-DANHOF CAPONE (meitu n = 17)	419,4 b	13 123,0 a	3,83 ab	502,3 b	3,14 a	411,4 a	12 570,2 b	2,96 c	1,02 a

Izanalizējot un salīdzinot iegūtos genomu testu rezultātus, secināts, ka ir būtiskas atšķirības starp vaislinieku pēcnācējiem atkarībā no konkrētās pazīmes (11. tab.).

Balstoties uz genoma vērtējumiem, **REGAN-DANHOF CAPONE (HO840003202074756)** demonstrē augstāko ekonomisko potenciālu (NM\$), lielāko izslaukumu, tauku un olbaltumvielu daudzumu, kā arī EKP, tādējādi apliecinot izteiktu produktivitātes priekšrocību. **TRENT-WAY-JS RONALD (HO840003142352034)** izceļas ar augstāko tauku procentu un zemāko prognozēto somatisko šūnu skaitu, kas var būt nozīmīgi tesmeņa veselības uzlabošanai. Savukārt **SIEMERS JEDI PARISON (HO840003132662986)**, lai arī rāda salīdzinoši augstu izslaukumu, uzrāda zemāku ekonomisko potenciālu un augstāku SCS, kas samazina tā priekšrocības salīdzinājumā ar pārējiem bulļiem.

12. tabula. **Vaislinieku salīdzinājums pēc 1. laktācijas datiem**

Rādītāji	US3132662986	US3142352034	US3202074756
	SIEMERS JEDI PARISON	TRENT-WAY-JS RONALD	REGAN-DANHOF CAPONE
Skaits	10	23	17
Izslaukums, kg	11 097,1 ± 366,72 ^a	11 548,6 ± 256,47 ^a	12 916,1 ± 457,03^b
Tauki, kg	369,1 ± 14,36	401,7 ± 11,44	416,6 ± 16,09
Tauki, %	3,34 ± 0,132	3,49 ± 0,082	3,25 ± 0,109
OBV, kg	368,1 ± 12,39 ^a	377,0 ± 7,67 ^a	424,2 ± 14,44^b
OBV, %	3,32 ± 0,049	3,27 ± 0,029	3,29 ± 0,046
EKP, kg	10 225,1 ± 304,20 ^a	10 813,6 ± 232,58 ^a	11 704,2 ± 382,61^b
SCS	102,5 ± 78,2	90,5 ± 33,74	70,1 ± 26,40

a, b - būtiskas atšķirības starp grupām ($p < 0,05$)

Meitas pa tēva līniju ir pārmantojušas gan izslaukuma īpašības, gan SŠS ar līdzīgu tendenci kā informācijā par genoma novērtējumu (12. tab.).

No trim analizētajiem vaislas bulļiem **REGAN-DANHOF CAPONE (US3202074756)** meitas uzrādīja statistiski nozīmīgi augstāku izslaukumu, olbaltumvielu daudzumu un EKP, kā arī zemāku somatisko šūnu skaitu, kas kopumā norāda uz labāku produktivitāti un potenciāli augstāku ekonomisko atdevi. Savukārt **TRENT-WAY-JS RONALD (US3142352034)** izcēlās ar augstāku tauku procentu saturu, bet **SIEMERS JEDI PARISON (US3132662986)** rādītāji bija zemāki gan izslaukuma, gan kvalitātes ziņā.

Salīdzinot prognozētos rādītājus pēc genoma vērtējuma (11. tab.) ar reālajiem meitu rādītājiem (12. tab.), iespējams noskaidrot, cik labi prognozes sakrīt ar faktiskajiem rezultātiem.

CAPONE: prognozes un reālie dati saskan – viņš ir pārliecinoši ražīgākais un ekonomiski izdevīgākais vaislinieks. RONALD: prognozēts kā stabils ar labu tauku % un zemāku SCS, bet realitātē izslaukuma un OBV ziņā atpalika. PARISON: genoms prognozēja augstu ražību, taču reāli rādītāji bija būtiski zemāki, īpaši OBV un EKP, un augstāks SCS samazināja saimniecisko vērtību. Kopumā prognozes pēc genoma vērtējuma pareizi identificēja CAPONE kā labāko bulli, bet pārvērtēja PARISON un RONALD produktivitāti, īpaši attiecībā uz izslaukumu un OBV.

Somatisko šūnu skaits

Pievēršot atsevišķu uzmanību vienai no govju veselības pazīmēm – somatisko šūnu skaitam (SŠS) pienā, kas redzams gan vecāku produktivitātes rādītājos, gan genomu testu prognozēs, – saimniekiem, veicot dzīvnieku selekciju, šis rādītājs ir jāvērtē kompleksi ar produktivitātes pazīmēm.

Demonstrējuma gaitā tika veikts jauns grupu sadalījums pēc jau iepriekš aprakstītajiem kritērijiem, bet veselības pazīmei (SŠS) genoma grupā izvēlētas govīs, kurām genoms prognozēja mazāko SŠS, un mātes grupā izvēlētas govīs, kuru mātēm ir mazākais SŠS rādītājs.

13. tabula. **Demonstrējuma grupu produktivitātes salīdzinājums pret bāzes govīm (bāze 50 teles no kurām atlasīja grupas) selekcijā pēc veselības (SŠS)**

Rādītāji	Izslaukums, kg	Tauki, kg	Tauki, %	OBV, kg	OBV, %	EKP, kg	SCS
<i>Bāze</i>	11 103,0	396,4	3,58	368,4	3,33	10 443,8	118,3
<i>Genomu grupa</i>	+75,6	+6	+0,04	+1,1	-0,02	+100,9	-66,2
<i>Pēc mātes</i>	+203	+5,3	-0,02	+5,2	-0,01	+155,8	+20,3

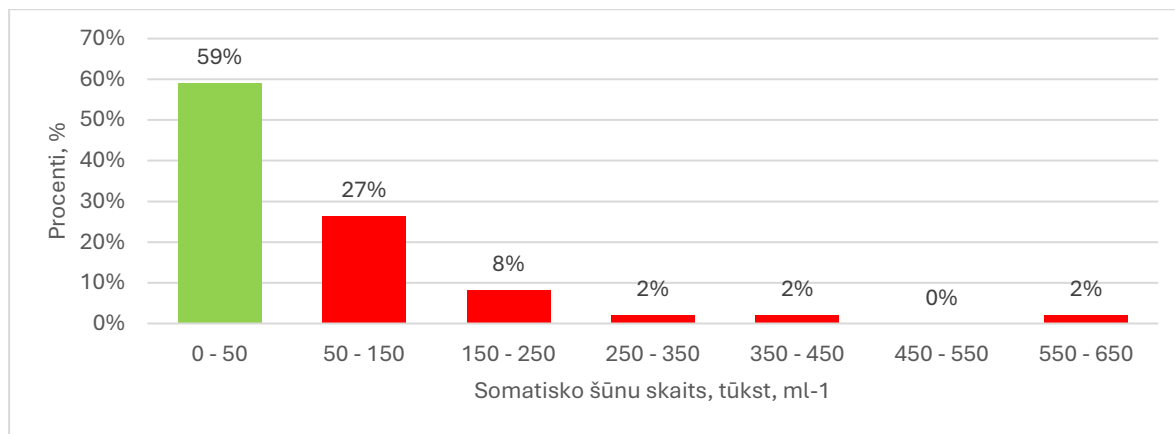
Salīdzinot kopējo saražotās produkcijas apjomu, izlasot grupas pēc prognozētā veselības rādītāja (SŠS), genoma vērtējuma grupa saražoja par 75,6 kg vairāk piena (izslaukums), par +6 kg vairāk tauku, par +1,1 kg vairāk olbaltumvielu un par +100,9 kg lielāku enerģētiski korigēto pienu (EKP) nekā bāzes grupa (13. tab.). Mātes grupā, kur mātes uzrādīja zemāku somatisko šūnu skaitu, meitas uzrādīja lielāku kāpumu izslaukumam (+203 kg) un olbaltumvielām (+5,3 kg), kā arī EKP (+155,8 kg) nekā genoma grupa pret bāzes grupu. Tomēr analizējot grupu faktisko somatisko šūnu skaitu pienā, teles, kuru mātēm laktācijā bija zemāks šūnu skaits, tieši pretēji uzrādīja augstāku somatisko šūnu skaitu +20,3 log. vienības.

14. tabula. **Demonstrējuma grupu produktivitātes sniegums selekcijā pēc somatisko šūnu skaita**

Kopā saražots	Izslaukums, kg	Tauki, kg	Tauki, %	OBV, kg	OBV, %	EKP, kg	SCS
<i>Genomu grupa</i>	335 357	12 073,4	3,60	11 084,8	3,31	316 455,3	50,7
<i>Pēc mātes</i>	339 179	12 051,8	3,55	11 208,1	3,30	317 731,9	126,3
<i>Starpība</i>	-3822	21,6	0,05	-123,3	0,01	-1276,6	-75,6

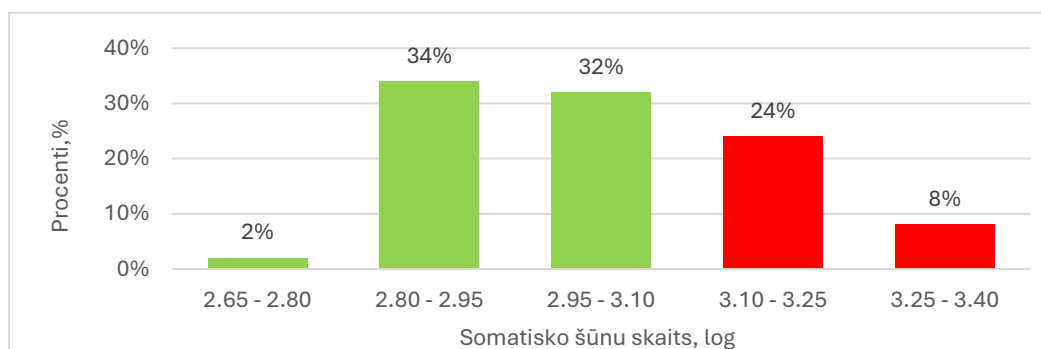
Analizējot abu grupu kopā saražoto produkcijas apjomu, grupai, kas atlasīta ar zemāko prognozēto SŠS pēc genoma rādītājiem, iegūts par 3822 kg mazāk piena un par 123,3 kg mazāk olbaltumvielas nekā grupai, kas atlasīta pēc mātes somatisko šūnu skaita laktācijā. Iegūtie produktivitātes rezultāti liek domāt, ka grupa, kas atlasīta pēc mātes somatisko šūnu skaita, ir saimnieciski efektīvāka, tomēr būtiski ir atzīmēt, ka šīs grupas meitas nav attaisnojušas veselības rādītāja prognozes. 14. tabulā apkopotie dati liecina, ka telēm, kuru mātēm ir zemāks somatisko šūnu skaits, šī tendence nav mantojusies – grupai ir augstāks somatisko šūnu skaits nekā grupai, kas atlasīta pēc genoma rādītāja. Šie rezultāti apstiprina iepriekš ar korelācijas analīzi veikto aprēķinu ($r=-0,06$) – nav redzama saistība starp mātes un meitu somatisko šūnu skaitu (10. tab.). Pretēji, grupa, kas atlasīta ar prognozēti zemāku SŠS pēc genoma rādītājiem, arī snieguma rādītājos uzrāda mazāku somatisko SŠS. Iegūtie rezultāti ļauj secināt, ka selekcija pēc genoma ir uzticamāks rīks saimniecībā nekā tradicionālā metode, lai iegūtu izlasītu teles ar labākiem veselības rādītājiem.

3. attēls. Faktiskais mātes 1. laktācijas SŠS



59% govju somatisko šūnu skaits ir < 50 tūkst, ml⁻¹

4. attēls. Prognozētais meitu SŠS pēc genoma



Tika prognozēts, ka 68% meitām log. somatisko šūnu skaits ir <3,10 log. vien. (4. att.).

Starp SŠS un genoma vērtējumu mastītam ir novērojama cieša negatīva korelācija (-0,76), kas ir loģiski: jo augstāks genoma rādītājs mastītam, jo govīm paredzams mazāks SŠS.

Brāķēšanas iemesli

Demonstrējuma laikā 1. atkārtojumā viena no grupas govīm tika brāķēta 2,6 gadu vecumā, kam par iemeslu bija mastīts. Veicot padziļinātu analīzi, noskaidrojās, ka pēc genoma analīzēm divām pētāmajām pazīmēm: mastīts -2,2 (augsts risks) un SŠS 3,18 (augsts risks) mastīts šai govij bija prognozējams. Konkrētais piemērs uzskatāmi demonstrē selekcijas pēc genoma nozīmi saimniekošanā.

Balstoties uz atziņu, ka, lai saimniecība spētu atpelnīt govju izaudzēšanas izmaksas, ir nepieciešams slaucamo govju izmantot vismaz divas un vairāk laktācijas, un iegūt vismaz vienu atražojamu teli, šajā situācijā saimniecībā tika radīti zaudējumi, brāķējot govju pirmajā laktācijā. Tāpēc viens no ieteikumiem saimniecībām – genomu testu rezultātos jāskatās ne tikai uz prognozēto produktivitāti, bet arī uz veselības rādītājiem, respektīvi – SŠS un mastītu, lai jau agrīnā vecumā pieņemtu lēmumus par tālāko rīcību.

Veicot kopējo demonstrējuma laikā brāķēto govju genomu testu rezultātu analīzi, uzskatāmi parādījās prognožu piepildījums. Ja genomu testi prognozē augstāku risku somatiskajām šūnām un mazāku pretestību pret mastītu, tad tas parādās arī govju produktivitātes rādītājos.

15. tabula. Brāķēto dzīvnieku genoma testu rezultāti

Nr.	Iemesls	NM\$	Izslaukums	SŠS	PL	LIV	HLiv	DAB	KET	MAS	MET
0001	aborts	-109	-617	2,98	1	1,6	0,2	0,2	0,3	0,2	0,6
0002	pēkšņa nāve	-372	133	3,27	-4,1	-3	0,4	-0,5	-1,3	-2,2	-1,3
0003	pēkšņa nāve	-179	-343	2,95	-0,3	0,5	0,7	-0,2	-0,7	1,2	-0,8
0004	šūnas	-228	911	3,26	-2	-1,1	0,1	-0,1	-0,1	-4,5	-0,6
0005	šūnas	-37	-299	3,32	-2,9	-1,7	-0,3	-0,5	-0,4	-3,4	-0,1
0006	šūnas, 2. pupi	-204	-104	3,04	-0,4	-0,1	0,1	-0,1	-0,2	-0,1	0,1
0007	šūnas, mastīts	-96	387	3,41	-2,7	-1,7	0,7	-0,9	-1,1	-3,7	-0,7
0008	šūnas, veselības problēmas	-73	156	3,48	-1,9	-0,1	-0,7	-0,2	0,3	-4,5	-0,2
0009	šūnas, zems izslaukums	-396	-932	3,04	-0,3	2,2	0,4	0,4	0,4	0,8	-0,3
0010	veselības problēmas	-472	-183	3,07	-1,1	0	-0,3	0,2	0,2	-1,7	-0,5
0011	zems izslaukums	-587	-694	3,15	-2,6	0	-0,4	-0,1	-0,6	-1,9	-0,7

Genoma analizēs saimniekiem ir iespēja arī analizēt ekonomiskās vērtības indeksus un dažādus veselības un ilgmūžības rādītājus, kas dod mums iespēju salīdzināt šīs prognozes ar faktiskajiem brāķēšanas iemesliem (15. tab.).

NM\$ (Net Merit \$) – Neto ekonomiskās vērtības indekss. Summētais rādītājs, kas atspoguļo dzīvnieka ģenētisko vērtību saimnieciski nozīmīgām pazīmēm (piens, tauki, olbaltumvielas, veselība, auglība). Jo lielāks NM\$, jo lielāks prognozētais ekonomiskais ieguvums dzīves laikā.

Veselība un ilgmūžība

- **SŠS** (SCS – Somatic Cell Score) – somatisko šūnu skaits pienā, rādītājs tesmeņa veselībai. Zemāks ir labāk (zemāks mastīta risks).
- **PL** (Productive Life) – produktīvās dzīves ilgums, mēnešos. Prognozē, cik ilgi govs saglabāsies ganāmpulkā.
- **LIV** (Livability) – dzīvotspējas indekss (%), raksturo, cik liela ir varbūtība, ka govs izdzīvos un paliks produktīvā ganāmpulkā.
- **HLiv** (Heifer Livability) – teles dzīvotspējas indekss (%), raksturo izdzīvošanu līdz pirmajai laktācijai.

Veselības rādītāji (slimību riski)

- **DAB** (Displaced Abomasum) – ģenētiskais indekss slimības riskam: nobīdīts ceturtais kuņģa dobums (abomasum). Zemāka vērtība = mazāks risks.
- **KET** (Ketosis) – ģenētiskais indekss ketozes riskam. Zemāks = labāk.
- **MAS** (Mastitis) – ģenētiskais indekss mastīta riskam. Zemāks = mazāk mastīta gadījumu.
- **MET** (Metritis) – ģenētiskais indekss dzemdes iekaisuma riskam pēc atnešanās. Zemāks ir labāk.

Analizējot 15. tabulas datus, secinām, ka vislielāko sakritību starp prognozi un realitāti rāda tesmeņa veselības rādītāji: negatīvs MAS un paaugstināts SCS tiešām atspoguļojas biežā brāķēšanā mastīta un augsta somatisko šūnu līmeņa dēļ. Arī zems NM\$ un negatīvs izslaukuma rādītājs precīzi paredzēja govju brāķēšanu zemās produktivitātes dēļ.

Reproduktīvās problēmas (aborts, veselības problēmas) daļēji atspoguļojas zemā PL, LIV un MET, kas norāda uz to prognozētspēju.

Pēkšņa nāve nav tieši prognozējama, taču zemie dzīvotspējas rādītāji (LIV, HLiv) un negatīvie veselības indeksi to daļēji izskaidro.

Kopsavilkumā: genomiskās prognozes lielākoties korelēja ar faktisko brāķēšanas iemeslu struktūru, īpaši tesmeņa veselībā un produktivitātē.

Piensaimniecību aptaujas rezultāti

Demonstrējuma noslēgumā sadarbības partneris – biedrība “Latvijas Holšteinas šķirnes lopu audzētāju asociācija” – veica biedru aptauju, lai noskaidrotu aktuālo situāciju ar genomu testu veikšanu saimniecībās. Tika saņemtas 66 saimniecību atbildes, no kurām tikai 16,7% veic genomu testus saviem dzīvniekiem. Tas tiek darīts ar mērķi, lai izvēlētos atbilstošāko vaislinieku, izvēlētos atbilstošākos dzīvniekus, uzzinātu sava ganāmpulka ģenētisko potenciālu, uzzinātu, vai dzīvnieks ir recesīvo gēnu nēsātājs. Uz jautājumu, kādas pazīmes no genomu testu rezultātiem visbiežāk tiek izmantotas, atbildes ir – par produktivitātes un eksterjera, daži papildina arī ar veselības indeksu un recesīvo gēnu pazīmēm. 75,8% no respondentiem genomu testus neveic. Iemesli ir dažādi – nav ticamības rezultātiem, trūkst skaidrojošas informācijas, cenas/izmaksu faktors, vai arī šobrīd nav nepieciešams. 7,6% saimniecību ir atbildējušas, ka iepriekš veikušas genomu testus, bet vairs neveic, jo grūti analizējami dati, dati netiek izmantoti vai arī nav aktuāli, jo šobrīd saimniecībā patur visus dzīvniekus.

Ekonomiskās efektivitātes izvērtējums

Aplūkojot 16. tabulu, varam redzēt, ka genoma grupas govīs 1. un 2. laktācijā kopā ir saražājušas par 12 628 kg piena vairāk nekā kontroles grupa, kā arī genoma grupas govīs saražājušas lielāku tauku un olbaltumvielu daudzumu. Pārvēršot šo starpību ieņēmumos, varam redzēt, ka genoma grupas ieņēmumi ir par 5233,71 EUR lielāki. Ja no šiem ieņēmumiem atņem izdevumus, kas radušies par genoma analīzēm, varam redzēt, ka esam peļņā ieguvuši 3758,1 EUR. Turklāt genoma testus veic vienu reizi govs dzīvē, neradot atkārtotus izdevumus, līdz ar to palielinot peļņu.

16. tabula. **Ekonomiskā novērtējuma aprēķins**

1. laktācija	Nosaukums	Daudzums	Cena	Kopā
Ieņēmumi	Piens, kg	9035	0,386*	3487,51
Izdevumi	Genoma testi	50	29,50	1475,00
Peļņa/zaudējumi				2012,51

2. laktācija	Nosaukums	Daudzums	Cena	Kopā
Ieņēmumi	Piens, kg	3593	0,486*	1746,20
Izdevumi	Genoma testi	0	29,50	0,00
Peļņa/zaudējumi				1746,20
Kopā	Nosaukums	Daudzums	Cena	Kopā
Ieņēmumi	Piens, kg	12 628	0,414	5233,71
Izdevumi	Genoma testi	50	29,50	1475,00
Peļņa/zaudējumi				3758,71

Demonstrējuma secinājumi

- Veidojot dzīvnieku izlasi, gan pēc mātes produktivitātes, gan pēc genoma vērtējuma tiek iegūts pozitīvs selekcijas efekts, bet veidojot izlasi pēc genoma vērtējuma, iegūtais rezultāts ir straujāks.
- Līdzīgi kā pirmajā laktācijā, grupā, kas selekcionēta pēc genoma, ir augstāks izslaukums, vairāk olbaltumvielu un tauku, un augstāks EKP nekā grupā, kas selekcionēta, vadoties pēc mātes ražības rādītājiem.
- Genoma analīzes var nosegt savas izmaksas un radīt peļņu jau pirmajā laktācijā.
- Korelācija starp genoma testiem un noslēgtās laktācijas datiem ir vidēji cieša. Ņemot vērā, ka genoma dati prognozē produktivitāti uz visa mūža vidējo laktāciju, bet 1. laktācija ir ~75% no pieaugušas govs ražības, tad rezultāti ir pozitīvi.
- Korelācijas starp mātes datiem un noslēgtās laktācijas datiem principā nav. Tas liek secināt, ka nevar apgalvot, ka labai mātei būs laba meita.
- Pēcnācēja SŠS rādītājiem nav saistības ar mātes SŠS rādītājiem, tas nozīmē, ka mātei ar zemu SŠS var būt meita ar augstu SŠS. Savukārt, atlasot pēc genomu testu rādītājiem ar mazāko SŠS rādītāju, govīm IR mazāks SŠS.
- Ir būtiskas atšķirības starp vaislinieku pēcnācējiem atkarībā no tā, pēc kādām pazīmēm ir izvēlēti konkrētie vaislinieki. Tēvam ir liela ietekme uz meitu rādītājiem, tiek pārmantots gan izslaukuma kāpinājums, gan arī veselības rādītāji, tāpēc būtiska ir pāru atlase.
- Analizējot brāķēšanas iemeslus, secinām, ka genomiskās prognozes lielākoties korelē ar faktisko brāķēšanas iemeslu struktūru, īpaši tesmeņa veselībā un produktivitātē.
- Veicot selekciju pēc genoma, jāvadās ne tikai pēc izslaukuma, bet arī pēc veselības, atražošanas un eksterjera rādītājiem. Atlasot dzīvniekus tikai pēc produktivitātes, var nākties to likvidēt, ja atlasot dzīvniekus, netiek ņemta vērā citas pazīmes. Dažkārt izdevīgāk ir paturēt dzīvniekus ar mazāku produktivitāti, bet ar labāku veselību.
- Lai virzītu saimniekus izmantot genoma novērtējumu kā mērķtiecīgas un straujas selekcijas instrumentu, piena lopkopības nozarē iesaistītajiem nepieciešams vairāk informācijas par genomu testu lietderību, rezultātu ticamību, to skaidrojumu viegli uztveramā veidā.

Izmantotā literatūra:

- *Genomic Analysis, Progress and Future Perspectives in Dairy Cattle Selection: A Review*, Miguel A. Gutierrez-Reinoso ^{1,2,*}, Pedro M. Aponte ^{3,4,*}, Manuel Garcia-Herreros ^{5,*} 2021 Feb. 25;11(3):599.

- Hayes J. B., Bowman P. J., Chamberlain A. J., 2009. Genomic selection in dairy cattle: Progress and challenges. *Journal of Dairy Science*, Volume 92, Issue 3, March 2009, p. 1313.
- Gutierrez-Reinoso M. A., Aponte P. M., Manuel Garcia-Herreros M., Cozz M. C., 2021. Genomic Analysis, Progress and Future Perspectives in Dairy Cattle Selection: A Review. *Animals (Basel)*. 2021 Mar; 11(3): p. 599.
- Amer P. R., Hely F. S., Quinton C. D., Cromie A.R. A methodology framework for weighting genetic traits that impact greenhouse gas emission intensities in selection indexes. *Animal*. 2018;12:5–11.
- Schefers J. M., Weigel K. A. 2012. Genomic selection in dairy cattle: Integration of DNA testing into breeding programs. *Animal Frontiers*, Volume 2, Issue 1, p. 4–9.
- Evangelista A. F., Martins R.; Valotto A. A., Teixeira R. A. et al. (2024). Environmental factors on the prediction of the lactation curve of Holstein cows. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 59.
- King M. T. M., DeVries T. J., Plaizier J. C., LeBlanc S. J.; Pajor E. A. (2018). Milk yield and milking station visits of primiparous versus multiparous cows on automatic milking system farms in Canada. *Journal of Dairy Science*, 101(11), 10291–10302.

Demonstrējums tiek realizēts Latvijas Lauku attīstības programmas 2014.-2020. gadam pasākuma “Zināšanu pārneses un informācijas pasākumi” apakšpasākumā “Atbalsts demonstrējumu pasākumiem un informācijas pasākumiem”, Nr. ZM/2022/19_ELFLA, LAD līguma Nr.10.2.1-2.36/23/P11 projekta Nr. 23-00-A00102-000001. Atbalsta Zemkopības ministrija un Lauku atbalsta dienests.

Aija Luse,

LLKC Ogres biroja vadītāja, lopkopības konsultante, demonstrējuma vadītāja

Kristīne Ādama,

demonstrējuma zinātniskā konsultante