

Latvijas
Biozinātņu un
tehnoloģiju
universitāte



21. gadsimta iezīmes Latvijas tumšgalves vecā tipa šķirnes aitu izpētē un selekcijā

LBTU profesore emeritus Dr. agr. Daina Kairiša

07.11.2024.

"Ražas svētki Vecaucē - 2024: Māksla izdzīvot" 2024. gada 7. novembris

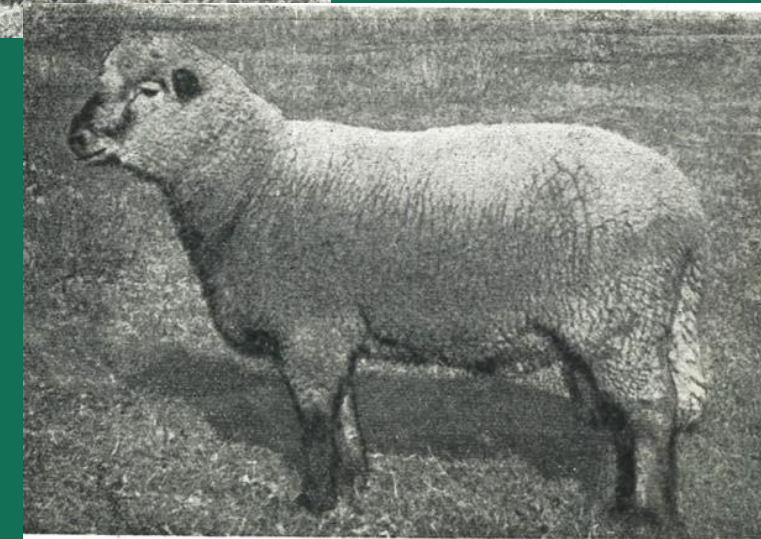
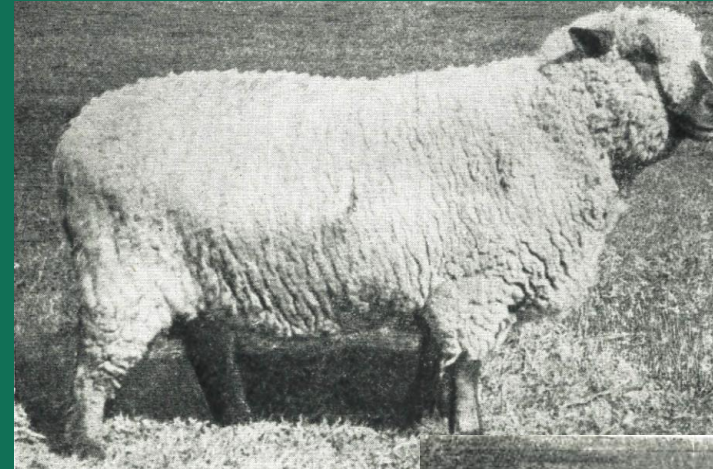


Saturs

1. Nedaudz no vēstures.
2. Latvijas tumšgalves aitu šķirnes izkopšana un pētniecība
3. Aitu izcelsmes noteikšana, vai kuri ir mani vecāki?
4. SKREPI rezistentu aitu selekcija.
5. Barības izmantošanas efektivitāte, ekonomiskas saimniekošanas pamats.
6. Barības izmantošanas efektivitāti ietekmējošo gēnu pētniecība.

- ◆ Latvijas tumšgalve (LT) veidota 20. gs. sākumā, vietējās aitas krustojot ar Šropšīras un Oksfordšīras šķirnes teķiem. Šķirnes veidošanas mērķis- **kvalitatīvas pussmalkvilnas ieguve.**
- ◆ Pirmā vaislas aitu ciltsgrāmata Latvijā izdota 1939. gadā, tajā no 1933. gada sākuma līdz 1938. gada beigām bija uzņemtas 1016 aitas, no tām 271 tīršķirnes teķis, 465 tīršķirnes aitas un 280 krustojumu aitas, apkopotas ziņas par aitu un teķu izcelsmi, atsevišķām vilnsegu un ķermeņa uzbūvi raksturojošām pazīmēm (Vaislas aitu ciltsgrāmata, 1941.).

1. Latvijas tumšgalves aitu šķirne



1. att. Latvijas tumšgalves vecā tipa šķirnei atbilstoša aita un teķis (Vaislas aitu ciltsgrāmata, 1959).

2. Latvijas tumšgalves aitu šķirnes izkopšana un pētniecība

- ◆ 20. gs. 1. pusē – galvenā preču produkcija: pussmalkvilna un audzējamie dzīvnieki vaislai.
- Šķirnes aitu auglības palielināšanai 20. gs. 80. gados tika pielauta vienreizēja Somijas landrases šķirnes asiņu pieliešana.
- Gaļas īpašību uzlabošanai 20. gadsimta beigās izmantoti Vācijas melngalves vaislas teķi un 21. gadsimta sākumā Igaunijas tumšgalve ar Oksforddaunas šķirnes asinību.



2. att. Somijas landrases šķirnes aita
(<https://finnsheep.org/breed-standard/>).



3. att. Igaunijas tumšgalves šķirnes aitas
(<https://www.alamy.com/stock-photo/estonian-dark-headed-sheep.html?sortBy=relevant>).

21. gadsimts

❖ Moderno tehnoloģiju pielietojums lopkopībā nodrošina iespējas novērtēt:

- barības patēriņu un tās sagremošanu,
- produktivitāti un iegūtās produkcijas kvalitāti,
- labturību un veselību.

Rezultāts: atbilstoši turēšanas apstākļi, palielināta dzīvnieku produktivitāte un mūža ilgums.



Kāda ir
mana
labturība?

Kāda ir mana
veselība un
produktivitāte?

Cik un kādu
barību es varu
uzņemt un
sagremot?

21. gadsimts

❖ Molekulārās ģenētikas izmantošana gēnu sniedz atbildes uz jautājumiem par:

- dzīvnieku izcelsmi;
- veselību;
- ražību
- pāru atlasī u.c.

Rezultāts: jaunas iespējas ganāmpulku selekcijā.

Molekulārās ģenētika



Kāds partneris man ir vispiemērotākais?

Vai man būs laba veselība un produktivitāte?

Kādai šķirnei es piederu un kas ir mani vecāki?

3. Aitu izcelsmes noteikšana

1. tabula

DNS profili un izcelsmes atbilstība

Dzīvn. Nr.	Radniecība	DNS profili																											
		1.		2.		3.		4.		5.		6.		7.		8.		9.		10.		11.		12.		13.		14.	
		Oar128		TGLA 53		D5S2		BP33		Oar20		INRA49		CSR 247		MAF65		McM 527		DRB2		Oar49T		INR172		MMP9		BP28	
1586	meita	94	108	140	142	188	192	267	271	99	101	134	140	227	227	125	135	164	168	271	273	100	100	138	162	189	193	227	233
968	māte	108	108	140	140	186	192	267	271	89	101	134	134	227	227	125	129	168	172	269	273	92	100	152	162	189	193	211	233
806	tēvs	94	108	142	142	188	190	267	271	91	99	140	154	227	237	131	135	164	164	269	271	80	100	138	162	191	193	217	227

Secinājums: derīgs vaislai!

DNS profili un izcelsmes atbilstība

Dzīvn. Nr.	Radniecība	DNS profili																																																					
		1.		2.		3.		4.		5.		6.		7.		8.		9.		10.		11.		12.		13.		14.																											
		Oar128	TGLA53	D5S2	BP33	Oar20	INRA49	CSR 247	MAF65	McM 527	DRB2	Oar49T	INR172	MMP9	BP28																																								
1622	meita	108	108	148	148	186	186	192	192	247	247	269	269	93	93	101	101	134	134	140	140	227	227	127	127	127	127	168	168	168	168	269	269	271	271	100	100	100	100	154	154	158	158	189	189	189	189	199	199	211	211	221	221		
1326	māte	108	108	142	148	192	192	192	192	247	247	255	255	91	93	93	93	134	134	134	134	227	227	125	127	127	127	166	166	166	166	269	269	269	269	100	100	100	100	154	154	164	164	189	189	189	189	199	199	211	211	221	221		
991	tēvs	94	108	142	154	192	192	192	192	255	255	273	273	93	93	99	99	134	134	136	136	227	227	237	237	125	125	131	131	164	166	166	166	263	263	269	269	100	100	100	100	138	138	164	164	189	189	189	189	195	195	211	211	221	221

Secinājums: vaislai neizmanto!



4. Skrepi rezistentu aitu selekcija.

Tā ir ģenētiski novērtētu aitu izlase izturībai pret transmisīvās sūkļveida encefalopātijas ierosinātāju (uzsākta 2012. gadā)

Ministru kabineta noteikumi Nr. 337

Rīgā 2018. gada 19. jūnijā (prot. Nr. 29 16. §)

Skrepi slimības uzraudzības, kontroles un apkarošanas kārtība

*Izdoti saskaņā ar Veterinārmedicīnas likuma
25. panta 17. punktu*



Zemkopības ministrija

Priona proteīna genotipu klases un novērtējums aitu izmantošanas nosacījumi atbilstoši genotipu klasei

Nr. p. k.	Priona proteīna genotips	Genotipu klases	Genotipu novērtējums	Izmantošanas nosacījumi
1.	ARR/ARR vai ALRR/ALRR	R1	Rezistents	Izmantot ciltsdarbam un audzēšanai
2.	ARR/ARQ vai ALRR/ALRQ	R2	Daļēji rezistents	Izmantot ciltsdarbam un audzēšanai
3.	ARR/ARH vai ALRR/ALRH			
4.	ARR/AHQ vai ALRR/ALHQ			
5.	ARQ/ARQ vai ALRQ/ALRQ	R3	Mazrezistents	Izmantot ciltsdarbam (atbilstoši ciltsdarba programmai) vai audzēšanai, ja ir maza attiecīgās šķirnes aitu populācija (mazāk nekā 50 000 konkrētās šķirnes dzīvnieku)
6.	ARQ/AHQ vai ALRQ/ALHQ			
7.	ARH/ARH vai ALRH/ALRH			
8.	ARQ/ARH vai ALRQ/ALRH			
9.	AHQ/AHQ vai ALHQ/ALHQ			
10.	ARR/VRQ vai ALRR/VLRQ	R4	Uzņēmīgs pret skrepi	Neizmantot ciltsdarbam un audzēšanai
11.	ARQ/VRQ vai ALRQ/VLRQ	R5	Ļoti uzņēmīgs pret skrepi	Neizmantot ciltsdarbam un audzēšanai
12.	AFRR/ALRR			

Piezīme: Priona proteīna genotipu alēlēs esošo aminoskābju kodi un to atšifrējums:

A – alanīns; R – arginīns; H – histidīns; Q – glutamīns; V – valīns; L – leicīns; F – fenilalanīns (genotipu, kas satur fenilalanīnu, neizmanto ciltsdarbam un audzēšanai, jo tas palielina risku saslimt ar *skrepi* atipisko formu)

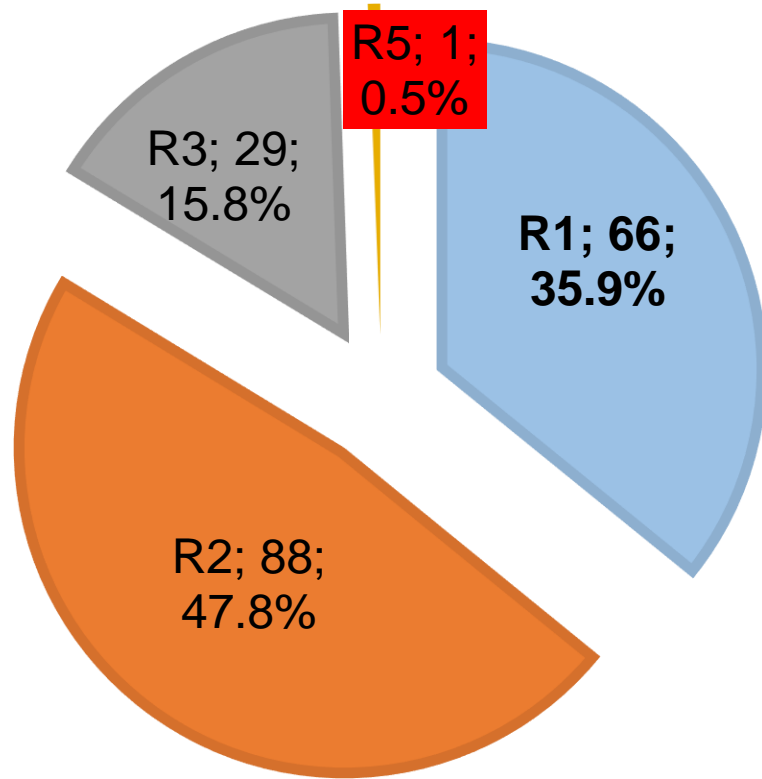
Dažādu priona proteīna genotipu klases vecāku sapārošanas rezultāts pēcnācējos

Nr. p. k.	Priona proteīna genotips teķim	Genotips aitu mātei	Genotips pēcnācējam	Genotipu klases
1.	ALRR/ALRR (R1)	ALRR/ALRR (R1)	ALRR/ALRR	R1
2.	ALRR/ALRR (R1)	ALRR/ALRQ (R2)	ALRR/ALRR	R1
	ALRR/ALRR (R1)	ALRR/ALRQ (R2)	ALRR/ALRQ	R2
3.	ALRR/ALRR (R1)	ALRR/ALRH (R2)	ALRR/ALRR	R1
	ALRR/ALRR (R1)	ALRR/ALRH (R2)	ALRR/ALRH	R2
4.	ALRR/ALRQ (R2)	ALRR/ALRH (R2)	ALRR/ALRR	R1
	ALRR/ALRQ (R2)	ALRR/ALRH (R2)	ALRR/ALRH	R2
	ALRR/ALRQ (R2)	ALRR/ALRH (R2)	ALRQ/ALRH	R3

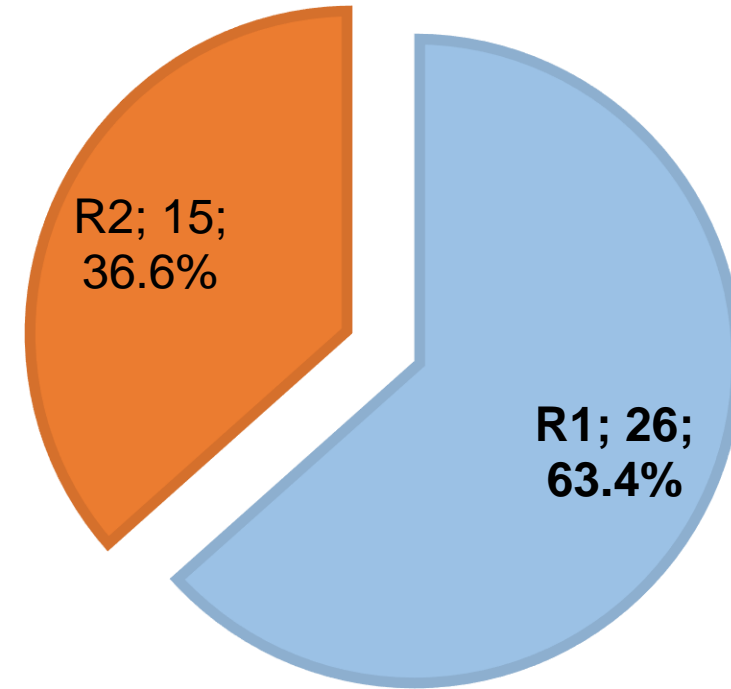
Selekcijas programmas īstenošanā iekļauto Latvijā tumšgalves šķirnes aitu Skrepi genotips pa dzimumiem 2023. gadā

Šķirne	Skrepi genotips					
	R1		R2		R3	
	S	V	S	V	S	V
LT	699	42	494	30	115	7
LTV	61	8	39	7	11	0
Kopā	760	50	533	37	126	7
% no paraugiem	53.6	53.2	37.6	39.4	8.8	7.4

Kopā: 1513, no tām 1419 aitas (93.8%) un 94 teķi (6.2%)

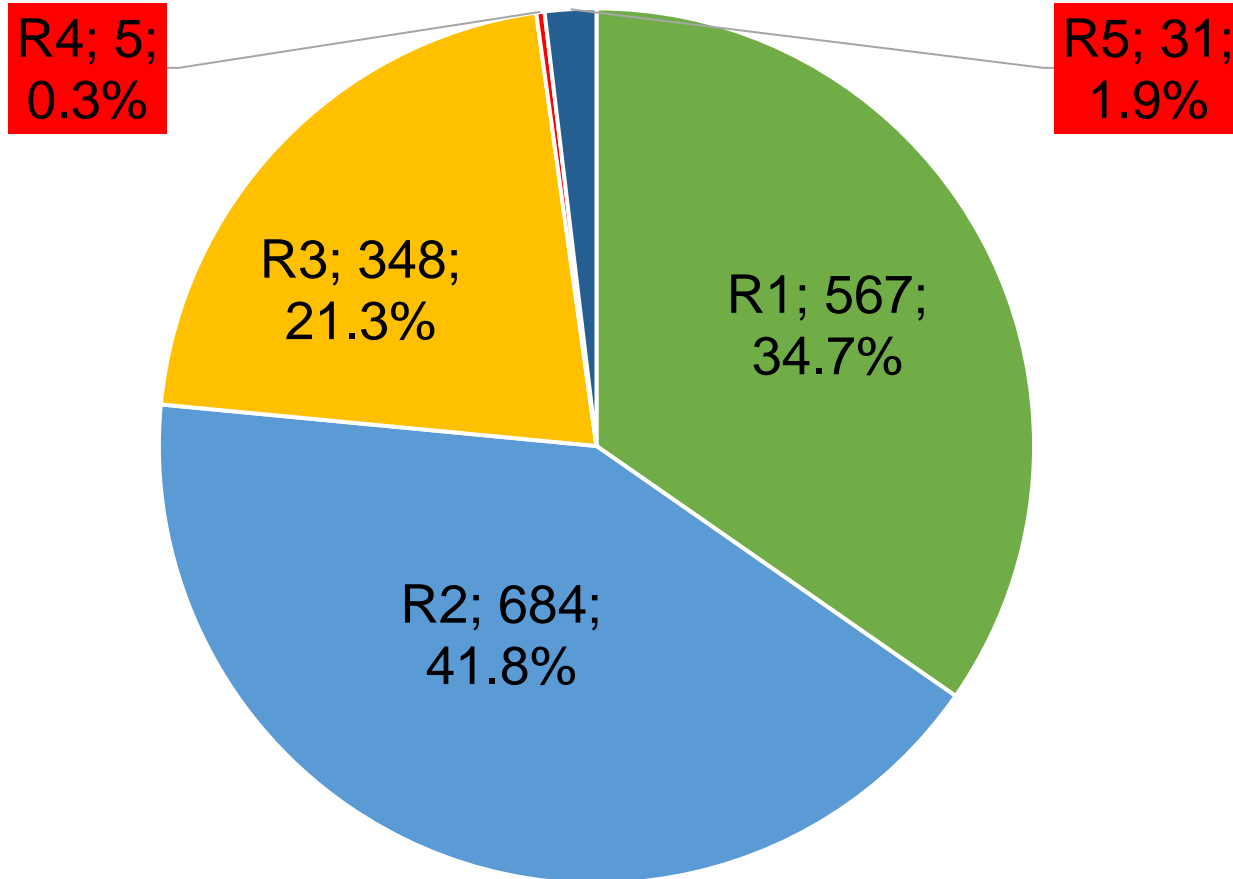


4. a. Visā programmas īstenošanas periodā.

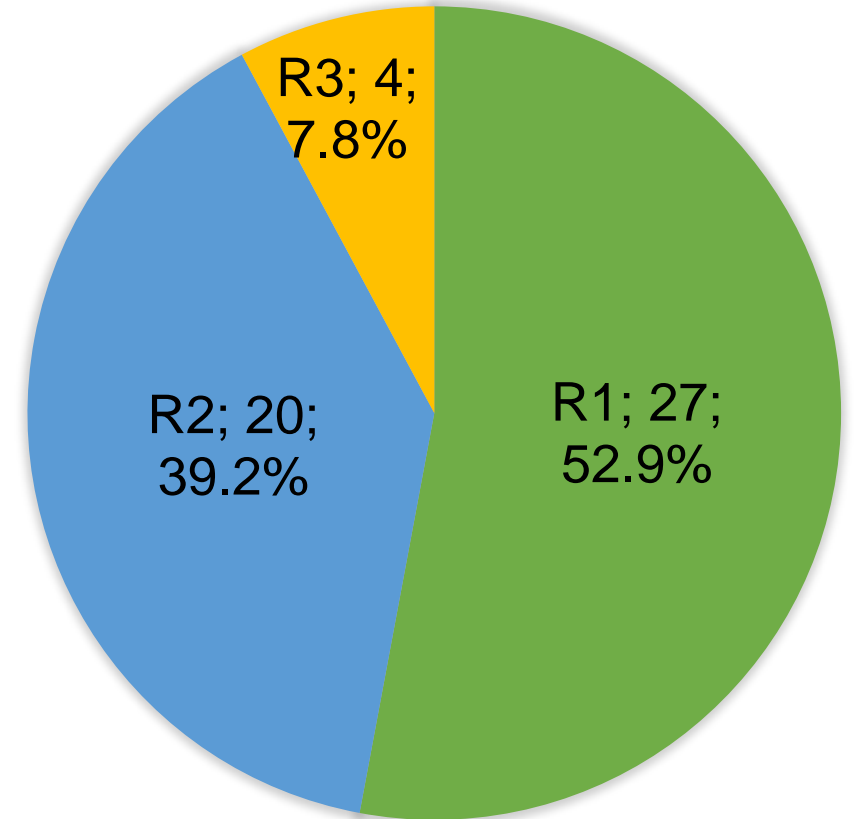


4. b. 2022. pārraudzības gadā.

4. att. LT vecā tipa aitu šķirnes programmā iekļauto vaislas teķu Skrepi genotipa klases, skaits un to procentuālais sadalījums



5. a. Visā programmas īstenošanas periodā.



5. b. 2022. pārraudzības gadā.

5. att. LT aitu šķirnes vecā tipa programmā iekļauto aitu māšu Skrepi genotipa klases, skaits un to procentuālais sadalījums

5. Barības izmantošanas efektivitāte, ekonomiskas saimniekošanas pamats.



6. att. Jēri nobarošanas boksā uz spraugu grīdas.



Zemkopības ministrija

- ◆ ZM Līgumprojekts „Barības līdzekļu un barības vielu sagremojamības pētījumi (konversija) jēriem, lietojot dažādas barības līdzekļu izbarošanas tehnoloģijas” no 2019. līdz 2021. gadam.
- ◆ ZM Līgumprojekts “Dažādu šķirņu aitu un to krustojumu piemērotība kvalitatīvu liemeņu un jēra gaļas ieguvei” ” no 2013. līdz 2018. gadam.

Latvijas tumšgalves šķirnes vaislas teķu pēcnācēju barības patēriņš kontrolnobarošanas laikā

Teķa id. Nr.	Viena kg dzīvmasas pieauguma ieguvei, kg		Spēkbarības izmaksas 1 kg pieauguma ieguvei, euro	Spēkbarības izmaksu starpība 1 kg pieauguma ieguvei euro
	spēkbarība	starpība ar labāko		
LV...0592	4.064	x	2.24	x
LV...2196	4.185	0.121	2.30	0.07
LV...2392	4.387	0.323	2.41	0.18
LV...2220	4.477	0.413	2.46	0.23
LV...1813	4.602	0.538	2.53	0.30
LV...1249	4.672	0.608	2.57	0.33
LV...0587	4.815	0.751	2.65	0.41
LV...0039	5.161	1.097	2.84	0.60
LV...9444	5.311	1.247	2.92	0.69
LV...1860	5.337	1.273	2.94	0.70
LV...8615	5.366	1.302	2.95	0.72
LV...4175	5.487	1.423	3.02	0.78
LV...0570	5.578	1.514	3.07	0.83
Vidēji	4.852		2.67	

Kā skaidrot iegūtās fenotipiskās atšķirības?

6. Barības izmantošanas efektivitāti ietekmējošo gēnu pētniecība.



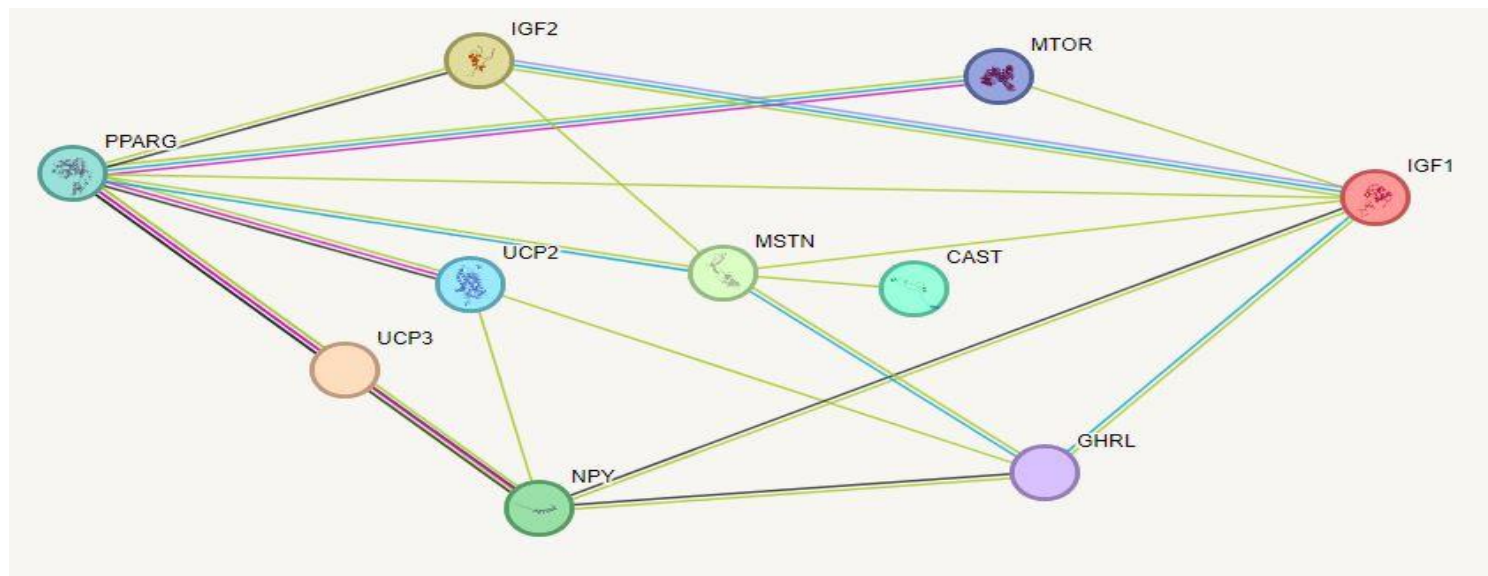
SADARBĪBA AR LU
GENOMIKAS UN BIOINFORMĀTIKAS LABORATORIJU

**LZP “Novatoriskas pieejas izstrāde,
lai identificētu bioloģiskos
noteicošos faktorus, kas saistīti ar
dzīvnieku barības efektivitātes
atšķirībām aitkopībā” Nr. Izp-2021/1-
0489 (tēma R127, īstenošanas laiks:
03.01.2022.-31.12.2024.).**



7. att. Kopā ar LZP projekta pētnieku grupu 2023. gada Profesionāļu dienās, stacijā «Klimpas».

Projektā atlasītie proteīni/gēni



7. tabula

Proteīns	Muskuļu audu veidošanās /attīstībā	Gaļas kvalitāte	Taukaudu veidošanās /attīstība	Barības uzņemšana jeb vielmaiņas /enerģijas metabolisms	Augļa attīstība
CAST (kalpasteīns-muskuļu veidošanās, gaļas nobriešana)	+	+			
GHRL (gerlahīns-apetītieun ar to saistītā vielmaiņu)	+		+	+	
MSTN (mīostatīns – muskuļu veidošanāsprocess)	+				
IGF1	+		+	+	+
IGF2	+		+		+
MTOR	+			+	
NPY	+		+	+	
UPC2			+	+	
UPC3	+		+	+	
PPARG				+	

Jēru DNA paraugos sekvencētajos gēnos identificētie lokusi

Gēns	CAST (69 SNP)		GHRL (43 SNP)		MSTN (15 SNP)		IGF1 (5 SNP)		MTOR (47 SNP)		NPY (34 SNP)		IGF2 (11 SNP)		UPC3 (50 SNP)		UPC2 (39 SNP)		PPARG (21 SNP)		
	LT	A22	LT	A22	LT	A22	LT	A22	LT	A22	LT	A22	LT	A22	LT	A22	LT	A22	LT	A22	
Pazīme																					
FE	1	0	0	10	0	0	0	1	1	1	2	1	0	0	6	5	2	5	0	0	
FCR	1	0	0	11	0	0	0	1	0	1	1	1	0	0	6	4	2	2	0	0	
RGR	0	0	1	4	0	1	0	0	0	3	1	2	0	0	1	0	0	1	0	0	
KR	0	0	1	2	0	1	0	0	0	3	1	1	0	0	2	2	0	1	0	0	
RFI	8	9	1	15	1	0	1	1	3	2	0	10	0	0	2	9	4	5	0	0	
RWG	2	0	0	19	0	0	0	1	1	12	0	2	1	0	11	8	6	3	0	0	
RIG	3	2	0	20	1	0	0	1	2	2	0	9	1	0	13	9	8	5	0	0	

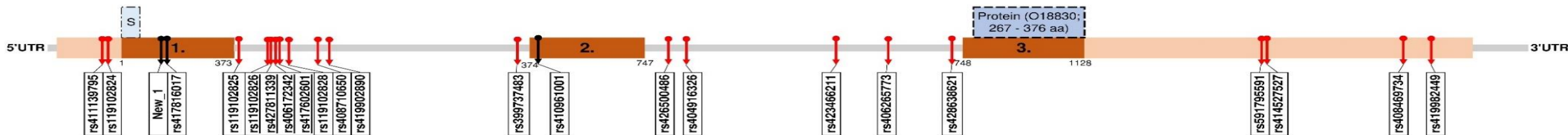
Kopā **10** sekvencētajos **gēnos** ir identificēti **627** **variabli lokusi**, no kuriem **statistiski** nozīmīga saistība iegūta **110** lokusiem.

GHRL (garlahīna gēns – apetīti rosinošais) SNP **rs589210006 (G> C/A)** jeb c.223-362G>C/A

GG genotips ir biežāk sastopamais Latvijā audzētajām aitām (gandrīz 90%).

Labākais BIE un BKK rezultāti iegūti jēriem ar CC genotipu, kas biežāk sastopams DOR šķirnes jēriem.

MSTN gēna multi-lokusu saistības analīze



	Promoter + 1ex				1.introns									2ex	2.introns					3'UTR																													
	Ms1	Ms2	Ms3	Ms4	Ms5	Ms6	Ms7	Ms8	Ms9	Ms10	Ms11	Ms12	Ms13	Ms14	Ms15	Ms16	Ms17	Ms18	Ms19	Ms20	Ms21	Ms22	Ms23																										
	C>A	rs411139795	C>T	rs119102824	G>A	New_1	A>G	rs417816017	G>T	rs119102825	T>C	rs119102826	G>A	rs427811339	T>C	rs406172342	T>C	rs417602601	G>T	rs119102828	G>A	rs408710650	G>A	rs419902890	C>T	rs399737483	A>G	rs410961001	A>G	rs426500486	T>A	rs404916326	C>T	rs423466211	A>C	rs406265773	C>T	rs428638621	DelT (T>-)	rs591795591	A>C	rs414527527	G>A	rs408469734	G>A	rs419982449			
LT	X	X			X	X	X	X		X	X	X	X							X	X	X	X																										
IF	X	X			X	X	X	X		X	X	X	X							X	X	X	X																										
TEX	X	X			X	X	X	X		X	X	X	X							X	X	X	X																										
SA	X	X			X	X	X	X	X	X	X	X	X							X	X	X	X																										
DOR	X	X			X	X	X	X		X	X	X	X							X	X	X	X																										
VMV	X		X	X	X	X	X	X		X	X	X	X							X	X	X	X																										

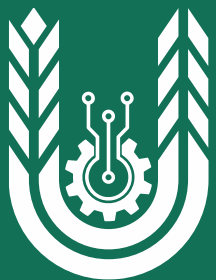
Haplotypes																							
H1	C	T	G	A	G	T	G	T	t	G	g	G	c	a	A	T	C	A	c	t	a	G	g
H2	A	T	G	A	T	C	A	T	t	T	a	G	c	a	G	T	T	C	c	c	a	G	g
H3	A	T	G	A	T	T	G	T	t	T	g	G	c	a	G	A	T	A	c	t	a	G	g
H4/5	A	C	G	A	T	T	A	C	t/c	T	g	A	t	a	G	T	T	C	c/t	t	c/a	G	g/a
H6	C	T	G	A	G	T	G	T	t	G	g	G	c	a	A	T	C	A	c	t	a	A	g
H7	A	T	G	A	T	C	A	T	t	G	a	G	c	a	G	T	T	C	c	c	a	G	g
H8	A	C	G	A	T	T	A	C	t	G	g	A	t	a	G	T	T	C	c	t	a	G	g
H9	A	T	G	A	G	T	G	T	t	G	g	G	c	a	A	T	C	A	c	t	a	G	g
H10	C	T	G	G	G	T	G	T	t	G	g	G	c	a	A	T	C	A	c	t	a	G	g
H11	C	T	A	A	G	T	G	T	t	G	g	G	c	a	A	T	C	A	c	t	a	G	g
H12	A	C	G	A	T	T	A	C	t	G	g	A	t	g	A	T	T	C	c	t	a	G	g
H13	A	T	G	A	T	T	G	T	t	T	g	G	c	a	G	T	T	A	c	t	a	G	g
H14	C	T	G	A	T	T	A	C	t	G	g	G	c	a	A	T	C	C	c	t	a	A	g
H15	C	T	G	A	T	T	A	C	t	T	g	A	t	a	G	T	C	C	c	t	a	G	g
H16	A	T	G	A	T	T	A	T	t	T	g	G	c	a	A	T	C	A	c	t	a	G	g

		All		LT	
		68	44.74	49	51.04
		15	9.87	14	14.58
		15	9.87	15	15.63
		14	9.21	8	8.33
		12	7.89	0	0.00
		7	4.61	2	2.08
		6	3.95	5	5.21
		6	3.95	2	2.08
		2	1.32	0	0.00
		2	1.32	0	0.00
		1	0.66	0	0.00
		1	0.66	1	1.04
		1	0.66	0	0.00
		1	0.66	0	0.00
		1	0.66	0	0.00
		1	0.66	0	0.00
		152		96	



Galvenie secinājumi:

- 1) Gēnu analīze palīdz precizēt dzīvnieku izcelsmi, kas ir svarīga, lai nepieļautu tuvradniecisko pārošanu;
- 2) Skrepi genotipi tiek izmantoti rezistentu aitu un teķu pavairošanai, kā arī paplašina tirdzniecības iespējas;
- 3) Motivē modernu pāru atlases programmu veidošanu;
- 4) Veicina izpratni par šķirnes dzīvnieku nozīmi ekonomiskas lopkopības kontekstā;
- 5) Ļauj uzkrāt ģenētisko informāciju kopējā datu bāzē, turpmākai to pētniecībai.



Latvijas
Biozinātņu un
tehnoloģiju
universitāte



LATVIJAS
UNIVERSITĀTE

Paldies par uzmanību!



"Ražas svētki Vecaucē - 2024: Māksla izdzīvot" 2024. gada 7. novembris