

UDK 636.27

Izvorni znanstveni članak
Original scientific paper**EFEKTIVNA VELIČINA POPULACIJE**
IZVORNE PASMINE GOVEDA BUŠA**M. Čačić, Marija Špehar, D. Janda, Vesna Bulić,**
Z. Ivkić, A. Kljujev, R. Jureković, Z. Barać**Sažetak**

Svrha istraživanja je procijeniti efektivnu veličinu populacije (Ne) izvorne pasmine goveda buša pomoću rodovničkih podataka. Brojno stanje populacije buše kontinuirano se povećava i krajem 2011. godine (HPA, 2012) broj rasplodnih grla iznosi 341, odnosno 33 bika i 308 krava. Prema međunarodnoj klasifikaciji ugroženosti (FAO), hrvatska populacija buša kategorizira se u 2011. godini kao "ugrožena – kategorija K3". U cilju vjerodostojnije procjene Ne korišteno je više metodologija i različitih tipova rodovnika. Aktualna genetska varijabilnost nije rezultat uspješnog konzervacijskog programa, nego slabe informativnosti (dužine) i kompletnosti rodovnika te malog broja poznatih generacija predaka što potvrđuje niska vrijednost ekvivalenta kompletnih generacija (1,41). Rezultati istraživanja Ne buše pomoću analize rodovnika daju korisne informacije u monitoringu genetske raznolikosti, ali potvrđuju i činjenicu da rodovnički podaci mogu vrlo često biti manjkavi u procjeni Ne, odnosno genetske varijabilnosti. U takvim slučajevima metode molekularne genetike jedine omogućavaju vjerodostojniju informaciju o genetskoj varijabilnosti na razini strukture DNA, pa tako i u slučaju izvorne pasmine goveda buša.

Ključne riječi: buša, efektivna veličina populacije, analiza rodovnika.

Uvod

Domestikacija domaćih vrsta i duga povijest migracije, selekcije i adaptacije, kreirala je veliki spektar pasmina i značajan je korak u demografskom i kulturnom razvoju čovječanstva (G r o e n v e l d i s u r., 2010). Kroz povijest stočarstva, mutacije, selektivan uzgoj, adaptacija, izolacija i genetski drift kreirali su veliku raznolikost lokalnih populacija. Uspješan menadžment farmskih animalnih genetskih resursa (FAnGR) zahtjeva opsežne spoznaje o pasminskim karakteristikama, uključujući podatke o veličini i strukturi populacije, geografskoj rasprostranjenosti i okolišnim čimbenicima te o genetskoj raznolikosti između i unutar pasmine.

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.

Očuvanje biološke raznolikosti izvornih pasmina domaćih životinja, značajno je s ekonomskog, znanstvenog i kulturnog stajališta (M i j i ć i s u r., 2009).

Efektivna veličina populacije (N_e) je osnovni parametar u populacijskoj biologiji i definiran je kao ukupan broj jedinki u populaciji, a s mikroevolucijskog stajališta pod veličinom populacije smatraju se samo jedinke koje aktivno sudjeluju u reprodukcijском procesu (L i i G r a u r, 1991). U istraživanju N_e domaćih i divljih životinja, pa tako i u studijama u kojima su predmet istraživanja demografski parametri populacija domaćih životinja, koriste se razni načini izračunavanja N_e . Možemo reći da je N_e broj raspodnih jedinki koji vodi do porasta aktualnog inbreedinga, ako doprinose jednako slijedećoj generaciji (G u t i é r r e z i s u r., 2003). Koncept N_e smatra idealnom veličinu populacije, N_e u kojoj svi roditelji imaju jednak doprinos u bilo kojoj progenoj jedinci (B e g o n i s u r., 2006). N_e je jedna od metoda za izražavanja veličine populacije i determiniranje ranjivosti populacije, a također je značajna za razumijevanje utjecaja promjenjivog broja muških i ženskih jedinki na varijabilnost genetskog drifta i inbreedinga (R a z m a i t e i Š v e i s t i e n e, 2003). Glavnim uzrokom reduciranja N_e smatra se intezivno korištenje istaknutih uzgojno vrijednih muških rasplodnjaka, posebice putem umjetnog osjemenjivanja (N o m u r a i s u r., 2001). Bez obzira o kojem uzroku se radi, reduciranje N_e ukazuje na rizik od povećaja inbreedinga, pojavu genetskog drifta i posljedično na gubljenje genetske varijabilnosti u populaciji (P e i x o t o i s u r., 2010).

Cilj istraživanja

Cilj istraživanja je utvrditi N_e izvorne pasmine goveda buša te trendove promjena istih parametara u cilju očuvanja genetske varijabilnosti unutar pasmine i sprječavanja pojave inbreeding depresija. Istraživanjem dobiveni rezultati o N_e biti će korisne informacije u dizajniranju dugoročnog uzgojnog programa, plana pripusta i konzervacijske strategije.

Materijali i metode

U istraživanju je korištena matična 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 rodovnika programski paket ENDOG v.4.8. (G u t i é r r e z i s u r., 2010). Baza podataka rodovnika pasmine (dalje u tekstu i *rodovnik buše*) je brojala 1020 grla. Referentna populacija u istraživanju broji 770 grla oteljenih od 2006. do 2011., uključujući i marginalne godine (dalje u tekstu i *referentna populacija*). Referentna populacija je određena prema dužini prosječnog generacijskog intervala (L) u referentnoj populaciji (5,97 godina).

Efektivna veličina populacije (N_e) izračunata je prema metodologiji F a l c o n e r a (1989) koja je međunarodno (FAO) prihvaćena u monitoringu izvornih i zaštićenih pasmina i populacija domaći i divljih životinja, a koja se temelji na ravnoteži i broju muških i ženskih rasplodnih jedinki u aktualnoj populaciji:

$$N_{e,FAO} = 4 \times \frac{Nm \times Nf}{Nm + Nf}$$

gdje je:

Nm – broj rasplodnih muških jedinki,

Nf – broj rasplodnih ženskih jedinki.

U cilju dobivanja što vjerodostojnije spoznaje o N_e iz rodovničkih podataka, u izračunu efektivne veličine populacije primjenjeno je nekoliko pristupa. Programski paket ENDOG v.4.8. (G u t i é r r e z i s u r., 2010) omogućava više metodologija izračuna N_e :

- 1) $N_{e,regGM}$ – regresijski koeficijent individualnog inbreeding koeficijenta u svim poznatim generacijama predaka (G u t i é r r e z i s u r., 2003),
- 2) $N_{e,regGK}$ – regresijski koeficijent individualnog inbreeding koeficijenta u svim kompletnim generacijama predaka (G u t i é r r e z i s u r., 2003),

- 3) Ne_{regGQ} – regresijski koeficijent individualnog inbreeding koeficijenta u ekvivalentu kompletnih generacija predaka (Gutiérrez i sur., 2003),
- 4) $Ne_{b(d)}$ – regresijski koeficijent inbreeding koeficijenta na datum rođenja (Gutiérrez i sur., 2003),
- 5) $Ne_{log b(d)}$ – logoritam regresije na datum rođenja (Pérez – Enciso, 1995),
- 6) Ne_{Fx} – individualni porast inbreedinga (Maignel i sur., 1996),
- 7) Ne_{logGQ} – logoritamska regresija na ekvivalent kompletnih generacija (realizirana Ne) (Gutiérrez i sur., 2008; 2009),
- 8) Ne_{Co} – individualni porast inbreedinga u rodbinstvu (Cervantes i sur., 2011),
- 9) Ne_{vif} – varijanca veličine familije (Hill, 1979).

Rezultati istraživanja i rasprava

Brojno stanje i monitoring populacije buše

Tablica 1. prikazuje brojčani razvoj populacije pasmine goveda buša koja vrlo jasno ukazuje na kontinuirano povećanje populacije kroz godine.

Tablica 1. PREGLED BROJNOG STANJA RASPLODNE POPULACIJE BUŠA KROZ GODINE (izvor HPA)
Table 1. REVIEW OF NUMERICAL STRENGTH OF BREEDING POPULATION OF BUSHA THROUGH YEARS

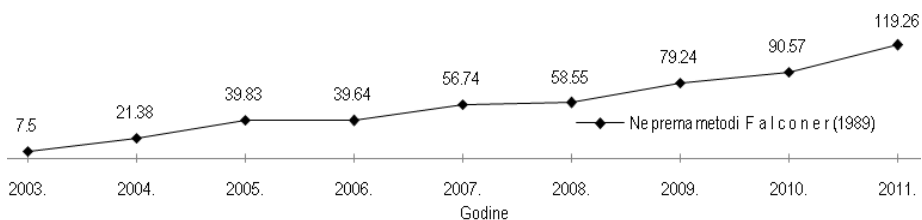
Kategorija	Godina								
	2003.	2004.	2005.	2006.	2007.	2008.	2009.	2010.	2011.
Bikovi	3	6	11	11	16	16	22	25	33
Krave	5	49	105	100	125	172	199	240	308
Ukupno	8	53	116	111	141	188	221	265	341

Hrvatska poljoprivredna agencija kao odgovorna instucija za vođenje registra pasmine, također je odgovorna i za monitoring svih izvornih i zaštićenih pasmina. Rezultat izračunavanja vrijednosti Ne utvrđene prema metodi Falconer (1989) je sastavni dio godišnjih izvješća kojima se državne, stručne i znanstvene institucije kao i šira javnosti informiraju o aktualnom brojnom stanju i drugim podacima

stočarstva Republike Hrvatske. Kroz godine uočava se povećanje vrijednosti N_e (graf 1). M i j i ć i s u r. (2009) prema međunarodnoj klasifikaciji (FAO) kategoriziraju nacionalnu populaciju buše "kritično ugroženom - kategorija K1" u prve dvije godine postojanja pasminskog registra (2003. - 2004.), a od 2005. do 2010. godine "ugroženom - kategorija K2". Prema podacima HPA i istoj kategorizaciji ugroženosti populacija (A l d e r s o n, 2003), aktualna populacija buše u 2011. godini ima vrijednost $N_{e,FAO}$ 119,26 i kategorizira se kao "ugrožena – kategorija K3".

Graf 1. EFEKTIVNA VELIČINA POPULACIJE PASMINE BUŠA KROZ GODINE (od 2003. do 2010. godine - izvor HPA; 2011. – ovo istraživanje)

Graf 1. EFFECTIVE POPULATION SIZE OF CATTLE BREED BUSHA THROUGH YEARS (from 2003. to 2010. – source CAA; 2011. – this study)



Efektivna veličina populacije

Obzirom na značaj N_e u konzervacijskoj genetici, tijekom istraživanja primjenjeno je više metoda izračuna N_e u cilju dobivanja vjerodostojnijih spoznaja o njejoj vrijednosti u nacionalnoj populaciji buše. Prosječan inbreeding u rodovniku buše iznosi 1,27%, a koeficijent povezanosti predaka u rodovniku 1,78%.

Prema tipu rodovnika, najveća vrijednost N_e utvrđena je u potpunim generacijama predaka, manja u svim poznatim generacijama i najmanja temeljem porasta individualnog inbreedinga u ekvivalentu potpunih generacija predaka (tablica 2). U rodovniku buše temeljem svih poznatih generacija predaka uočavaju se različite vrijednosti $N_{e,Fx}$ uspoređeno prema godinama (tablica 3).

U informativnijem rodovniku u brazilskoj pasmini goveda gyr, R e i s F i l h o i s u r. (2010) utvrđuju veće vrijednosti N_e u svim tipovima

generacija predaka (35,42, 308,30 i 67,38), ali i veliku varijaciju kroz generacije predaka u rodovniku svih poznatih generacija predaka pasmine. P e i x o t o i s u r. (2010) u brazilskoj pamini guzerat također u informativnijem rodovniku utvrđuju znatno veće vrijednosti Ne i prema tipu generacije i prema generacijama predaka.

Tablica 2. EFEKTIVNA VELIČINA POPULACIJE, INBREEDING I PROSJEČAN BROJ GENERACIJA ZA RAZLIČITE TIPOVE GENERACIJA
Table 2. EFFECTIVE POPULATION SIZE, INBREEDING AND AVERAGE NUMBER OF GENERATION FOR DIFFERENT TYPES OF GENERATIONS

Tip generacije *	Parametri **	Prosjeak
Kompletne ¹	$Ne_{,regGM}$	39,37
	$\Delta F_{\bar{x}}$	1,27%
	Prosječan broj svih poznatih generacija	1,62
Maksimum ²	$Ne_{,regGK}$	32,27
	$\Delta F_{\bar{x}}$	1,55%
	Prosječan broj kompletnih generacija	0,78
Ekvivalent ³	$Ne_{,regGQ}$	27,74
	$\Delta F_{\bar{x}}^*$	1,80%
	Prosječan ekvivalent kompletnih generacija	1,12

* *Kompletne* ¹ - broj generacija u kojima su poznati svi preci populacije; *Maksimum* ² - broj generacija u kojima su poznati svi preci jedinki individualno do njihovih predaka; *Ekvivalent* ³ - suma svih poznatih predaka izračunata kao suma od $(1/2)^t$, gdje je t broj generacija zasebno za svaku jedinki do svih poznatih predaka.

** G u t i é r r e z i s u r., (2003): $Ne_{,regGM}$ - regresijski koeficijent individualnog inbreeding koeficijenta u svim poznatim generacijama predaka; $Ne_{,regGK}$ - regresijski koeficijent individualnog inbreeding koeficijenta u svim kompletnim generacijama predaka; $Ne_{,regGQ}$ - regresijski koeficijent individualnog inbreeding koeficijenta u ekvivalentu kompletnih generacija predaka (realizirana Ne); $\Delta F_{\bar{x}}$ - prosječan koeficijent inbreedinga

Tablica 3. EFEKTIVNA VELIČINA POPULACIJE $Ne_{,Fx}$
Table 3. EFFECTIVE POPULATION SIZE $Ne_{,Fx}$

Generacija predaka	Broj jedinki po generaciji	$Ne_{,Fx}$ *	
		Sve poznate generacije predaka	Kompletne generacije predaka
0	169	-	-
1	294	-	29,8
2	339	27,6	37,5
3	189	90,4	
4	27	9,4	
5	2	4,1	

* $Ne_{,Fx}$ - individualni porast inbreedinga (M a i g n e l i s u r., 1996);

Tablica 4. prikazuje vrijednosti N_e izračunate pomoću šest različitih metodologija. Pregledom N_e kroz godine ne uočava se pravilnost povećanja vrijednosti kroz godine, izuzev u slučaju $N_{e,Co}$. S a n t a n a i s u r. (2012) veće vrijednosti $N_{e,logGQ}$ i $N_{e,Co}$ utvrđuju u brazilskim pasminama marchigiana (139,56 i 97,79) i bonsmara (325,36 i 54,57). U odnosu na ovo istraživanje, G u t i é r r e z i s u r. (2003) čija metodologija je primjenjena u izračunu $N_{e,regGM}$ buše, u osam španjolskih pasmina goveda utvrđuju vrijednosti od 21 do 123. Vrijednost $N_{e,regGM}$ buše bila je manja u odnosu na pasmine pirenaica, bruna dels pirineus, asturiana de los valles i avileña – negra ibérica, a veća u odnosu na preostale četiri pasmine. M a r t i n e z i s u r. (2012) utvrđuju veće vrijednosti $N_{e,b(d)}$ u četiri kolumbijske pasmine goveda. Najveći broj dostupnih istraživanja u cilju usporedbe s rezultatima ovog istraživanja se odnosio na utvrđivanje N_e individualnog porasta inbreedinga ($N_{e,b(d)}$). Utvrđena vrijednost $N_{e,b(d)}$ u populaciji buše niža je u odnosu na pasmine goveda koja istražuju M a i g n e l i s u r. (1996), S ø r e n s e n i s u r. (2005), S ö l k n e r i s u r. (1998), S ö l k n e r i F i l i p č i ć (1997), W o o l l i a m s i M ä n t y s a a r i (1995), M a r t í n e z i s u r. (2012) i B i o c h a r d i s u r. (1997). P é r e z T o r r e c i l l a s i s u r. (2002) u sve tri istražene pasmine goveda utvrđuju veću vrijednost efektivne veličine populacije, ali je za pasminu mucca pisana vrijednost $N_{e,b(d)}$ (19,91) iznosila vrlo blizu vrijednosti utvrđenoj u populaciji buše. N o m u r a i s u r. (2001) u pasmini japansko crno govedo utvrđuju vrijednost $N_{e,b(d)}$ od 17,2, i jedno je od rijetkih istraživanja u kojima je utvrđena manja vrijednost u odnosu na ovo istraživanje. S a n t a n a i s u r. (2012) u populacijama brazilskih pasmina goveda marchigiana i bonsmara utvrđuju u obje pasmine veće vrijednosti $N_{e,b(d)}$ (139,56 i 325,36) u odnosu na analiziranu populaciju buše. Osim $N_{e,b(d)}$, autori proučavaju i efektivnu veličinu populacije pomoću porasta individualnog inbreedinga u rodbinstvu ($N_{e,Co}$), a vrijednosti $N_{e,Co}$ u proučavanim pasminama iznose 97,79 i 54,57, i u obje pasmine vrijednosti su veće u odnosu na vrijednost $N_{e,Co}$ u pasmini buša.

Tablica 4. EFEKTIVNA VELIČINA POPULACIJE PASMINE GOVEDA BUŠA – RAZLIČITI PRISTUPI
 Table 4. EFFECTIVE POPULATION SIZE OF CATTLE BREED BUSHA – DIFFERENT APPROACHES

Godina	Metode izračuna N_e^*					
	$Ne_{b(d)}$	$Ne_{log b(d)}$	Ne_{Fx}	Ne_{logGQ}	Ne_{Co}	Ne_{regGQ}
Rodovnik buše	47,76	42,24	-	-	-	-
Referentna populacija	28,53	25,59	18,65	5,20	45,82	6,0
2006.	2,11	1,42	-	-	-	-
2007.	2,78	2,88	-	-	-	-
2008.	14,70	11,92	-	-	-	-
2009.	207,99	645,18	9,15	1,82	45,99	1,85
2010.	15,00	12,76	57,03	5,18	46,08	5,71
2011.	9,65	7,45	15,04	4,70	52,38	5,49

* $Ne_{b(d)}$ – regresijski koeficijent inbreeding koeficijenta na datum rođenja (Gutiérrez i sur., 2003),,

$Ne_{log b(d)}$ – logoritam regresije na datum rođenja (Pérez-Enciso, 1995),

Ne_{Fx} – individualni porast inbreedinga (Maignel i sur., 1996),

Ne_{logGQ} – logoritamska regresija na ekvivalent kompletnih generacija (realizirana Ne) (Gutiérrez i sur., 2008),

Ne_{Co} – individualni porast inbreedinga u rodbinstvu (Cervantes i sur., 2011),

Ne_{regGQ} – regresija na ekvivalent kompletnih generacija (Gutiérrez i sur., 2003),

Ne izračunata prema metodologiji Hilla (1979) (Ne_{vif}) koja se temelji na varijanci veličine familije, pokazuje trend nepravilan i pozitivan trend povećanja vrijednosti kroz godine (tablica 5). Pravilniji pozitivan trend povećanja Ne_{vif} uočava se promatranjem kroz petogodišnje intervale oteljenja grla buše registriranih u registar pasmine (tablica 6). Za Ne_{vif} treba napomenuti da ne uzima u obzir sve jedinke u populaciji, nego samo jedinke koje su bile aktivne u rasplodu, odnosno samo muška i ženska grla koja su imala potomstvo, ali ne i potomstvo koje nije bilo aktivno u rasplodu.

Tablica 5. EFEKTIVNA VELIČINA POPULACIJE UTVRĐENA POMOĆU VARIJANCE VELIČINE FAMILIJE (Ne_{vvt}) PREMA GODINAMA OTELJENJA
 Table 5. EFFECTIVE POPULATION SIZE DETERMINED BY VARIANCE OF FAMILY SIZE (Ne_{vvt}) BY YEAR OF CALVING

Godina oteljenja	Ne_{vvt}	Parametri veličina familija*			
		No	No_{sin}	Nm	$Nm_{kćer}$
1995.	22,67	1	1	10	2,3
1998.	30,30	1	22	5	1,4
1999.	26,64	1	1	7	2,3
2001.	42,45	2	19	14	2
2002.	30,83	2	12	9	1,4
2003.	27,75	1	1	6	1,5
2004.	27,75	2	19,5	9	1,2
2005.	70,03	4	6,5	16	1,4
2006.	32,39	1	3	13	1,2
2007.	47,81	3	4,7	6	1
2008.	24,24	1	1	1	1
Rodovnik buše	152,52	5	3,6	20	1,1

Tablica 6. EFEKTIVNA VELIČINA POPULACIJE UTVRĐENA POMOĆU VARIJANCE VELIČINE FAMILIJE (Ne_{vvt}) PREMA INTERVALIMA GODINA OTELJENJA
 Table 6. EFFECTIVE POPULATION SIZE DETERMINED BY VARIANCE OF FAMILY SIZE (Ne_{vvt}) BY INTERVALS OF YEAR OF CALVING

Intervali godina oteljenja	Ne_{vvt}	Parametri veličina familija*			
		No	No_{sin}	Nm	$Nm_{kćer}$
1987. – 1992.	0,00	0	-	10	2,1
1988. – 1993.	0,00	0	-	10	2,1
1989. – 1994.	0,00	0	-	12	2,0
1990. – 1995.	3,20	1	1	22	2,1
1991. – 1996.	3,91	1	1	24	2,0
1992. – 1997.	3,34	1	1	28	2,0
1993. – 1998.	4,72	2	11,5	30	1,9
1994. – 1999.	7,55	3	8	36	2,0
1995. – 2000.	7,59	3	8	41	2,0
1996. – 2001.	12,04	4	15,3	45	2,0
1997. – 2002.	15,31	6	14,2	48	1,9
1998. – 2003.	15,97	7	12,3	48	1,8
1999. – 2004.	15,05	8	12,9	52	1,8
2000. – 2005.	23,80	11	11,6	61	1,6
2001. – 2006.	25,98	12	10,9	67	1,5
2002. – 2007.	25,01	13	8,2	59	1,3
2003. – 2008.	22,64	12	7,0	51	1,3

* No – broj bikova očeva; No_{sin} – prosječan broj sinova po biku zadržanih u reprodukciji; Nm – broj krava majki; $Nm_{kćer}$ – prosječan broj kćerki po kravi zadržanih u reprodukciji;

Zaključak

Efektivna veličina populacije (N_e) je osnovni parametar u konzervaciji divljih i domaćih populacija životinja. Utvrđene vrijednosti N_e u populaciji buše bile su manje u odnosu na dosadašnja usporediva istraživanja i smatramo da niske vrijednosti N_e nisu rezultat uspješnog konzervacijskog programa kojim se održava genetska varijabilnost unutar relativno male populacije buše. Mišljenje temeljimo na rezultatima istraživanja rodovnika buše tijekom sistematizaciju uzgoja (Č a č i ć i s u r., 2012a), te analize rodovnika u cilju procjene genetske varijabilnosti pomoću parametara vjerojatnosti porijekla gena (Č a č i ć i s u r., 2012b) i koeficijenta inbreedinga (Č a č i ć i s u r., 2012c), u kojima je utvrđeno gubljenje genetske varijabilnosti od utemeljenja registra pasmine 2003. godine do danas. Nisku vrijednost N_e u populaciji buše objašnjavamo malim brojem godina postojanja pasminskog registra što za posljedicu ima slabu informativnost (dužinu) i kompletnost rodovnika. Mali broj poznatih generacija predaka potvrđuje niska vrijednost ekvivalenta kompletnih generacija od 1,41 (Č a č i ć i s u r., 2012b).

I ova studija potvrđuje da je rodovnik temeljni izvor informacija za dizajniranje uzgojnih programa, planske pripuste i konzervacijske strategije, kao i druga istraživanja genetske varijabilnosti populacija domaćih i divljih životinja. Posljednjih desetljeća razvijene su brojne laboratorijske metode temeljene na analizi molekularnih markera strukture DNA, a sve u cilju dobivanja vjerodostojnih spoznaja o genealoškim i genetskim podacima populacija ljudi, životinjskog i biljnog svijeta. Iste metode koriste se i za provjeru vjerodostojnosti rodovničkih podataka i verifikaciju roditeljstva prije upisa jedinke u pasminski registar i izrade rodovnika.

Spoznaje o veličini N_e i njenog trenda dobivene analizom rodovnika daju relevantne informacije za monitoring genetske raznolikosti u populacijama životinja. Ova studija daje korisne informacije o N_e pasmine goveda buša, koji mogu biti korisni u očuvanju pasmine, ali potvrđuje i činjenicu da su rodovnički podaci često manjkavi u procjeni

Ne i genske varijabilnosti, posebice kada se radi o ekstenzinim proizvodnim sustavima. U takvim slučajevima metode molekularne genetike jedine omogućavaju vjerodostojnu informaciju o genetskoj varijabilnosti populacije, pa tako i u slučaju izvorne pasmine goveda buša.

LITERATURA

1. Alderson, L. (2003): Criteria for the recognition and prioritisation of breeds of special genetic importance. *AGRI*, 33: 1-9.
2. Begon, M. J., L. Harper, C. R. Townsend (2006): *Ecology*. In Blackwell 3rd edn. Blackwell, London, United Kingdom.
3. Biochard, D., L. Maignel, E. Verrier (1997): The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. *Genetics, Selection and Evolution*, 29: 5-23.
4. Cervantes, I., F. Goyache, A. Molina, M. Valera, J. P. Gutiérrez (2010): Estimation of effective population size from the rate of coancestry in pedigreed populations. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 128 (1): 56-63.
5. Čačić, M., Z. Barać, V. Bulić, D. Janda, M. Špehar, Z. Ivkić, A. Kljujev, R. Jureković, I. Čurik (2012a): Sistematizacija uzgoja izvorne pasmine buša. *Stočarstvo*, u tisku.
6. Čačić, M., Z. Barać, V. Bulić, D. Janda, M. Špehar, Z. Ivkić, A. Kljujev, R. Jureković, I. Čurik (2012b): Procjena genetske varijabilnosti izvorne pasmine goveda buša pomoću vjerojatnosti porijekla gena. *Stočarstvo*, u tisku.
7. Čačić, M., Z. Barać, V. Bulić, D. Janda, M. Špehar, Z. Ivkić, A. Kljujev, R. Jureković, I. Čurik (2012c): Inbreeding izvorne pasmine goveda buša. *Stočarstvo*, u tisku.
8. Falconer, D. S. (1989): *Introduction to Quantitative Genetics*, Ed. 3. Longmans Green/John Wiley & Sons, Harlow, Essex, UK/New York.
9. Groeneveld, L. F., J. A. Lenstra, H. Eding, M. A. Toro, B. Scherf, D. Pilling, R. Negrini, E. K. Finlay, H. Jianlin, E. Groeneveld, S. Weigend and The GLOBALDIV Consortium (2010): Genetic diversity in farm animals – a review. *Animal Genetics*, 41(1): 6 – 31.
10. Gutiérrez, J. P., F. Goyache, I. Cervantes (2010): ENDOG v4.8 – A computer program for monitoring genetic variability of populations using pedigree information. November 10, 2010.
11. Gutiérrez, J. P., J. Altarriba, C. Díaz, R. Quintanilla, J. Cañón, J. Piedrafitá (2003): Pedigree analysis of eight Spanish beef cattle breeds. *Genetic, Selection and Evolution*, 35: 43-63.

12. Gutiérrez, J., I. Cervantes, A. Molina, M. Valere, F. Goyache (2008): Individual increase in inbreeding allows estimating realised effective sizes from pedigrees. *Genetics, Selection and Evolution*, 40: 359-378.
13. Gutiérrez, J., I. Cervantes, F. Goyache (2009): Improving the estimation of realised effective population size in farm animals. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 126: 327-332.
14. Hill, W. G. (1979): A note on effective population size with overlapping generations. *Genetics*, 92: 317-322.
15. Li, W. H., D. Graur D (1991): *Fundamentals of Molecular Evolution*. Sinauer Associates, Inc., Sunderland, MA.
16. Maignel, L., D. Boichard, E. Verrier (1996): Genetic variability of French dairy breeds estimated from pedigree information. Interbull Meeting, June 23-24. 1996., Veldhoven, Netherlands
17. 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.
18. Mijić, P., T. Bobić, V. Bulić, I. Klarić, M. Baban, M. Sakač, V. Bogdanović (2009): Assessment of the population effective size and threats to the original breed cattle in order to protect and utilize genetic resources in Croatia. *Biotechnology in Animal Husbandry*, 25 (5-6): 631-638.
19. Nomura, T., T. Honda, T. Mukai (2001): Inbreeding and effective population size of Japanese Black cattle. *Journal of Animal Science*, 79: 366-370.
20. Peixoto, M. G. C. D., R. S. Verneque, M. C. Pereira, M. A. Machado, M. R. S. Carvalho (2009): Impact of milk production breeding program on the Guzerat (*Bos indicus*) population parameters in Brazil. *Proceedings of the Interbull Meeting in Barcelona, Spain, August 21-24, 2009*
21. Peixoto, M. G. C. D., C. F. Poggian, R. S. Verneque, A. A. Egito, M. R. S. Carvalho, V. M. Penna, J. A. G. Bergmann, L. F. Viccini, M. A. Machado (2010): Genetic basis and inbreeding in the Brazilian Guzerat (*Bos indicus*) subpopulation selected for milk production. *Livestock Science*, 131: 168-174.
22. Pérez-Enciso, M. (1995): Use of the uncertain relationship matrix to compute effective population size. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 112: 327-332.
23. PérezTorrecillas, 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.
24. Razmaite, V., R. Šveistiene (2003): Minimal and effective population size of conserved Lithuanian farm animals. *Ekologija*, 1: 34-37.
25. ReisFilho, J. C., P. S. Lopes, R. daSilvaVerneque, R. deAlmeidaTorres, R. L. Teodoro, P. L. S. Carneiro (2010): Population structure of Brazilian Gyr dairy cattle. *Revista Brasileira de Zootecnia*, 39 (12): 2640-2645.

26. 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.
27. Šolknér, 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
28. Šolknér, 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.
29. Sørensen, A. C., M. K. Sørensen, P. Berg (2005): Inbreeding in Danish dairy cattle breeds. *Journal of Dairy Science*, 88: 1865-1872.
30. Tesio Power 5.0. by Sintax Software, Version 5.0.
31. Williams, J. A., E.A. Mantysaari (1995): Genetic contribution of Finnish ayrshire bulls over four generation. *Animal Science*, 61: 177-187.

EFFECTIVE POPULATION SIZE OF AUTOCHTHONOUS CATTLE BREED BUSHA

Summary

Purpose of research is to estimate effective population size (N_e) of autochthonous cattle breed busha with pedigree data. Numerical strength of busha population is continuously increasing and at the end of 2011 (CAA, 2012) the number of breeding heads is 341, i.e. 33 bulls and 308 cows. According to international classification of endangerness (FAO), Croatian population of busha breed is categorized in 2011 as „endangered – category K3“. With goal of more reliable estimation N_e , several methodologies and different types of pedigrees were used. Actual genetic variability is not result of successful conservation program, but poor informativity (length) and completeness of pedigree and small number of known ancestor generation which confirm low value of equivalent of complete generations (1,41). Results of research of busha N_e by pedigree analysis give useful informations in monitoring of genetic diversity, but also confirm the fact that pedigree data can often be defective in N_e estimation, i.e. genetic variability. In this cases, only methods of molecular genetic provide more reliable information about genetic variability on DNA structure level, and that is also the case with autochthonous cattle breed busha.

Key words: busha, effective population size, pedigree analysis.

Primljeno: 16.03.2012.