

**LATVIJAS BIOZINĀTŅU UN TEHNOLOĢIJU
UNIVERSITĀTE
LAUKSAIMNIECĪBAS UN PĀRTIKAS TEHNOLOĢIJAS FAKULTĀTE
DZĪVNIEKU ZINĀTŅU INSTITŪTS**

**Nacionālajā gēnu bankā uzkrātā Latvijas vietējo
apdraudēto dzīvnieku šķirņu bioloģiskā materiāla gēnu
bankas papildināšana un izpēte**

PĀRSKATS

Projekta reģistrācijas numurs 25-00-S0INZ03-000016
Struktūrvienības kods S513

Projekta vadītāja: Dr. agr., prof.,

D. Jonkus

Jelgava, 2025

SATURS

IEVADS	3
1. PROJEKTA IZPILDĒ IESAISTĪTIE DARBINIEKI	5
2. PROJEKTA REZULTĀTI	6
2.1. Bioloģiskā materiāla paraugu vākšana un analīze	6
2.2. Latvijas baltās šķirnes cūku spermas dziļās sasaldēšanas metodikas precizēšana un aprobēšana	9
2.3. Latvijas brūnās vecā tipa un Latvijas zilās šķirnes govju ģenētisko analīžu rezultātu apkopojums un publicitāte	10
2.3.1. Recesīvo ģenētisko slimību izplatības analīze	11
2.3.2. Piena proteīna gēnu ģenētiskā polimorfisma analīze	11
2.3.3. Zinātniskā raksta gatavošana	13
2.4. Bioloģiskā materiāla ieguve no vietējo apdraudēto sugu un šķirņu dzīvniekiem	14
KOPSAVILKUMS	
ZM PROJEKTA IETVAROS VEIKTĀ PUBLICITĀTE	15
IZMANTOTĀ LITERATŪRA	16
PIELIKUMS	17
	18

IEVADS

Vietējo apdraudēto lauksaimniecības dzīvnieku šķirņu bioloģiskā materiāla vākšana un uzglabāšana Gēnu bankā tika uzsākta 2007. gadā. Katru gadu gēnu banku tiek papildināta ar saglabājamo sugu un šķirņu dzīvnieku bioloģisko materiālu.

Ģenētisko resursu dzīvniekus saglabāšanā, svarīgi, lai lēmumi tiktu pieņemti, pamatojoties uz pietiekamu un precīzu informāciju par saglabājamiem dzīvniekiem. Tādēļ svarīga ir informācija par šķirņu ģenētisko uzbūvi, ko var izmērīt molekulārā līmenī, raksturojot reprezentatīvu dzīvnieku paraugu skaitu. FAO jau 2011. gadā publicēja vadlīnijas par dzīvnieku ģenētisko resursu molekulārā ģenētiskā raksturojuma nepieciešamību (<https://www.fao.org/4/i2413e/i2413e00.htm>).

Šo vadlīniju par dzīvnieku ģenētisko resursu molekulāro raksturojumu mērķis ir palīdzēt valstīm plānot un īstenot efektīvu savu dzīvnieku ģenētiskās daudzveidības analīzi, lai iegūtā informācija varētu veicināt efektīvu ilgtspējīgas izmantošanas plāna izstrādi. Molekulārais raksturojums būtu jāveic kā daļa no visaptverošas valsts programmas ģenētisko resursu pārvaldībai un saglabāšanai kopā ar fenotipisko raksturojumu.

Veicot genoma analīzes iespējams pārliecināties, vai dzīvnieki (īpaši vaislinieki) nav iedzimto ģenētisko slimību recesīvo alēļu nesēji. Lai arī vietējo apdraudēto šķirņu dzīvnieku audzētāju organizāciju un valsts galvenais uzdevums ir saglabāt šķirnes pārstāvjus, tomēr katras valsts selekcionāri ir ieinteresēti saglabāt pēc iespējas kvalitatīvākus dzīvniekus.

Dzīvnieku audzētāju biedrībām jābūt ieinteresētām iespēju robežās saglabāt ģenētiski vērtīgākus vaislas dzīvniekus, kuri ne tikai vairo konkrētās šķirnes dzīvnieku skaitu, bet arī spēj uzlabot populāciju un rūpēties, lai konkrētajā populācijā nepalielinās tuvradniecība jeb inbrīdings.

Dzīvnieku vērtēšana tikai pēc fenotipiskajām pazīmēm un izcelšanās informācijas, kas apliecina dzīvnieka piederību konkrētās šķirnes saglabājamajam dzīvniekam, nedod iespēju saprast, vai dzīvnieks populācijā neizplata nevēlamas recesīvās alēles, kas laikā gaitā var novest pie homozigotu dzīvnieku parādīšanās ar nevēlamām pazīmēm, tādējādi samazinot populācijas dzīvnieku skaitu.

Vietējo apdraudēto dzīvnieku ģenētiskā izpēte ir svarīga arī tādēļ, lai skaidrotu, cik piemēroti ir dzīvnieki konkrētu nišas produktu ražošanai. Piemēram, Latvijas brūnās vecā tipa (BV) šķirnes un Latvijas zilās (LZ) šķirnes govīs A2A2 piena ražošanai, vai Latvijas tumšgalves vecā tipa aitas kvalitatīvas gaļas ražošanai.

Zemkopības ministrijas subsīdiju projekta “Nacionālajā gēnu bankā uzkrātā Latvijas vietējo apdraudēto dzīvnieku šķirņu bioloģiskā materiāla gēnu bankas papildināšana un izpēte” izstrādei **2025. gadā bija vairāki uzdevumi:**

1. Ievākt bioloģisko materiālu no Latvijas tumšgalves (vecā tipa) un Latvijas vietējās kazu šķirnes dzīvniekiem un veikt genoma analīzes.
2. Precizēt un aprobēt cūku spermas dziļās sasaldēšanas metodiku.
3. Apkopot un analizēt ģenētisko analīžu rezultātus par Latvijas brūnās vecā tipa un Latvijas zilās šķirnes govju iedzimto slimību sastopamību, sagatavot un publicēt zinātnisko rakstu Scopus vai Web of Science Core Collection datu bāzes žurnālā.

4. Sadarbībā ar šķirnes lauksaimniecības dzīvnieku audzētāju biedrībām iegūt bioloģisko materiālu no vietējo apdraudēto sugu un šķirņu lauksaimniecības dzīvniekiem.
5. Iegādāties vietējo saglabājamo šķirņu bulļu bioprodukta pētījumiem paredzētās devas un nodot glābšanā Gēnu bankā.

1. PROJEKTA IZPILDĒ IESAISTĪTIE DARBINIEKI

Projekta izpildē iesaistīti Latvijas Biozinātņu un tehnoloģiju universitātes Lauksaimniecības un pārtikas tehnoloģijas fakultātes Dzīvnieku zinātņu institūta pētnieki un vadošie pētnieki, doktorantūras studente, maģistrants, kā arī profesionālo organizāciju pārstāvji (1.tabula).

1. tabula

Projektā iesaistītie darbinieki

Nr. p.k.	Vārds, uzvārds	Amats, zinātniskais grāds	Institūcija	Pienākumi
1.	Daina Jonkus	Prof., vadošā pētniece, Dr. agr.	Dzīvnieku zinātņu inst.	Projekta vadīšana, pētījuma organizācija un vadīšana
2.	Līga Paura	Prof., vad. pētniece, Dr. agr.	Datoru sistēmu un datu zinātnes institūts, Dzīvnieku zinātņu inst.	Pētījuma datu apstrāde un zinātniskās publikācijas gatavošana
3.	Lāsma Cielava	Pētniece, Mg. agr.	Dzīvnieku zinātņu inst.	Biomateriāla sagatavošana nosūtīšanai uz laboratoriju, datu apstrāde
4.	Viktorija Ņikonova	Doktorante, Mg. agr.	Dzīvnieku zinātņu inst.	Līdzdalība publikācijas sagatavvošanā
5.	Didzis Dreimanis	Maģistrantūras 2. kursa stud., Bc. lauks.	Dzīvnieku zinātņu inst.	Biomateriāla sagatavošana, literatūras studijas publikācijai
6.	Dainis Ruņģis	Dr. biol.	Gēnu bankas vadītājs	Buļļu bioprodukta devu ievietošana gēnu bankā
7.	Aija Šneidere	Veterinārārste	Latvijas Aitu audzētāju asociācija	Aitu bioloģiskā materiāla iegūšana
8.	Kristīne Piliena	Asistente, Mg. agr.	Latvijas kazkopības biedrība	Kazu bioloģiskā materiāla iegūšana
9.	Sarmīte Arcimoviča	Projekta asistente	Siguldas CMAS	Cūku spermas kvalitātes pārbaude.

Projekta izpildei 2025. gadā tika piešķirti 30000.00 EUR.

Projekta uzsākšanas laiks ir no 01.04. 2025. gadā.

2. PROJEKTA REZULTĀTI

2.1. Bioloģiskā materiāla paraugu vākšana un analīze

Rakstot projekta pieteikumu, bija paredzēts ievākt bioloģisko materiālu no Latvijas tumšgalves (vecā tipa) (LTV) un Latvijas vietējās kazu (LVK) šķirnes dzīvniekiem un veikt genoma analīzes.

Komunikācijā ar NEOGEN laboratoriju noskaidrojām, ka piedāvātais *GGP ovine 50K* tests aitām pārbauda paternitāti un izstrādā genoma prognozes, bet kazām ar šo testu pagaidām ir iespējams noteikt tikai Skrepi genotipus. Zinot, ka Latvijas kazkopības biedrība Skrepi genotipus jau nosaka citā laboratorijā, pieņemām lēmumu uz NEOGEN laboratoriju nosūtīt tikai aitu bioloģisko materiālu (asins) paraugus, skaitu no 50 palielinot uz 100 paraugiem (2. tabula).

2.tabula

LTV aitu saraksts, kuru bioloģiskais materiāls nosūtīts uz Neogen laboratoriju

N0.	Sheep Blood sample, in total 100 samples Latvian Darkheaded Old Type					
	Barc0de	Animal N0	Sex	Breed	Sample Type	GGP Ovine 50K
1	122623022601	4099	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
2	122623022602	4021	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
3	122623022603	2013	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
4	122623022604	2168	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
5	122623022605	1151	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
6	122623022606	4047	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
7	122623022607	3942	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
8	122623022608	3748	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
9	122623022609	4127	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
10	122623022610	9927	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
11	122623022611	1160	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
12	122623022612	0243	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
13	122623022613	2180	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
14	122623022614	3865	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
15	122623022615	3770	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
16	122623022616	3987	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
17	122623022617	9960	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
18	122623022618	2158	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
19	122623022619	1640	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
20	122623022620	4162	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
21	122623022621	6236	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
22	122623022622	0170	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
23	122623022623	4040	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K

2. tabulas turpinājums						
24	122623022624	0165	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
25	122623022625	2055	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
26	122623022626	3747	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
27	122623022627	3732	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
28	122623022628	0466	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
29	122623022629	1641	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
30	122623022630	3755	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
31	122623022631	4181	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
32	122623022632	8126	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
33	122623022633	9806	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
34	122623022634	2040	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
35	122623022635	9234	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
36	122623022636	1973	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
37	122623022637	9251	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
38	122623022638	4092	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
39	122623022639	4090	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
40	122623022640	3761	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
41	122623022641	3959	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
42	122623022642	1136	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
43	122623022643	0129	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
44	122623022644	4115	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
45	122623022645	9987	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
46	122623022646	4069	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
47	122623022647	1137	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
48	122623022648	1121	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
49	122623022649	1612	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
50	122623022650	9579	M	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
51	122623022651	3916	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
52	122623022652	0150	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
53	122623022653	3868	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
54	122623022654	3997	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
55	122623022655	1165	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
56	122623022656	1155	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
57	122623022657	8491	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
58	122623022658	8340	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
59	122623022659	3864	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
60	122623022660	1631	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
61	122623022661	3791	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
62	122623022662	3951	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
63	122623022663	3815	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
64	122623022664	2154	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
65	122623022665	1552	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K

2. tabulas turpinājums						
66	122623022666	1614	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
67	122623022667	2925	M	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
68	122623022668	2458	M	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
69	122623022669	9444	M	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
70	122623022670	2683	M	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
71	122623022671	6197	M	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
72	122623022672	6583	M	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
73	122623022673	4812	M	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
74	122623022674	6484	M	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
75	122623022675	6597	M	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
76	122623022676	1070	M	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
77	122623022677	2924	M	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
78	122623022678	9287	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
79	122623022679	9254	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
80	122623022680	9211	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
81	122623022681	8281	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
82	122623022682	9231	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
83	122623022683	0135	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
84	122623022684	0056	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
85	122623022685	2160	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
86	122623022686	0007	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
87	122623022687	9908	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
88	122623022688	1551	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
89	122623022689	0212	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
90	122623022691	1920	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
91	122623022692	9961	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
92	122623022693	4039	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
93	122623022694	1115	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
94	122623022695	9979	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
95	122623022696	9297	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
96	122623022697	1157	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
97	122623022698	3993	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
98	122623022699	1956	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
99	122623022700	4081	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K
100	122623022690	2130	F	LTV	Blood	GGP Ovine 50K

Aitu asins paraugu iegūšana tika veikta septembra mēnesī SIA Mikaitas ganāmpulkā, kurā atrodas vairāk nekā 100 LTV aitas un teķi no vairākām saglabājamām līnijām. No 100 nosūtītajiem asins paraugiem 12 bija teķu asins paraugi, kuri pārstāvēja 5 līnijas: SĪMANIS 0195, IRBIS 0125, APOLONS 0302, SKARIS 0008 un EDŽIŅŠ 036.

Laboratorijā aitām un teķiem paredzēts veikt genoma analīzes, izmantojot SNP marķierus, un noskaidrot aitu genotipus pazīmēm, kas nosaka veselību, auglību un gaļas kvalitāti.

Uz 2025. gada 15. novembri no NEOGEN laboratorijas vēl nav saņemtas atbildes par visu nosūtīto dzīvnieku genoma analīžu rezultātiem.

Par 2025. gada aitu ģenētisko analīžu rezultātiem paredzēts ziņot 2026. gada februārī Lauksaimniecības un pārtikas tehnoloģijas fakultātes zinātniski praktiskajā konferencē “Līdzsvarota lauksaimniecība”, kā arī veikt ģenētiskās daudzveidības rādītāju aprēķinus un tos publicēt zinātniskajā žurnālā.

2.2. Latvijas baltās šķirnes cūku spermas dziļās sasaldēšanas metodikas precizēšana un aprobēšana

Pagājušajā, 2024. gadā Siguldas CMAS tika sasaldēts Lielās baltās šķirnes kuiļu bioprodukts no SIA “Ulbroka”, jo vietējās Latvijas baltās (LB) šķirnes cūkas atrodas saimniecībā Latgalē, kur gadu no gada aktuāls ir jautājums par biodrošību, sakarā ar Āfrikas cūku mēri.

Apkopojot un analizējot pieejamo informāciju par vaislas kuiļu spermas saldēšanu, tika pasūtīti Cryo Guard specializēti atšķaidītāji kuiļu spermas saldēšanai, un *Cryo Guard Thaw* spermas atkausēšanai. Pasūtījums veikts starptautiski pazīstamā firmā MINITUB.

Cūku spermas sasaldēšana ir nedaudz savādāka nekā buļļu spermas sasaldēšana, jo spermas plazma ir jāizņem un tā tiek sasaldēta ļoti augstā koncentrācijā.

Pēc savākšanas spermu atšķaida 1:1 ar parasto atšķaidītāju, ko izmanto svaigas spermas sēklošanai (to veic tūlīt pēc spermas ieguves).

Nosaka spermas koncentrāciju un kustīgumu ar sistēmu SPERM VISION, kas nodrošināta ar CASA programmatūru.

Saldēšanai tiek izmantota tikai labas kvalitātes sperma (>60% kustīguma un <20% patoloģisku šūnu).

- Spermu atdzesē līdz 17 °C dzesējamā kamerā.
- Centrifugē spermu 25 minūtes 900 x atdzesētā telpā 17 °C.
- Atdzesē spermu 90 minūtēs līdz 5 °C dzesējamā kamerā.

Pievieno atšķaidītāju 2:1 (2 daļas spermas + 1 daļa atšķaidītāja).

Safasē spermu 0.25 ml salmiņos un novieto tos uz režģiem.

Sasaldē spermu LN2 atdzesētā + ventilējamā saldēšanas iekārtā – režīmā - 9 minūtēs, sasniedzot -80 °C temperatūru.

Uzglabāt saldētu spermu šķidrā slāpekļī (LN2).

Sasaldētās spermas vērtēšana tika veikta 2025. gada vasarā. Pēc vērtēšanas secināts, ka sperma bija saglabājusi apmierinošu aktivitāti.

Cūku sēklošanai sperma netika izmantota, ņemot vērā problemātisko situāciju ar Āfrikas cūku mēri Latgalē. Jaunas spermas devas no LB šķirnes kuiļa (2025. gadā viens kuilis) netika iegūtas, jo sperma uz sasaldēšanu jānogādā īsā laikā. Turklāt kuilis tiek izmantots tikai dabiskajā lecināšanā, tādēļ tas nav apmācīts spermu atdot mākslīgi.

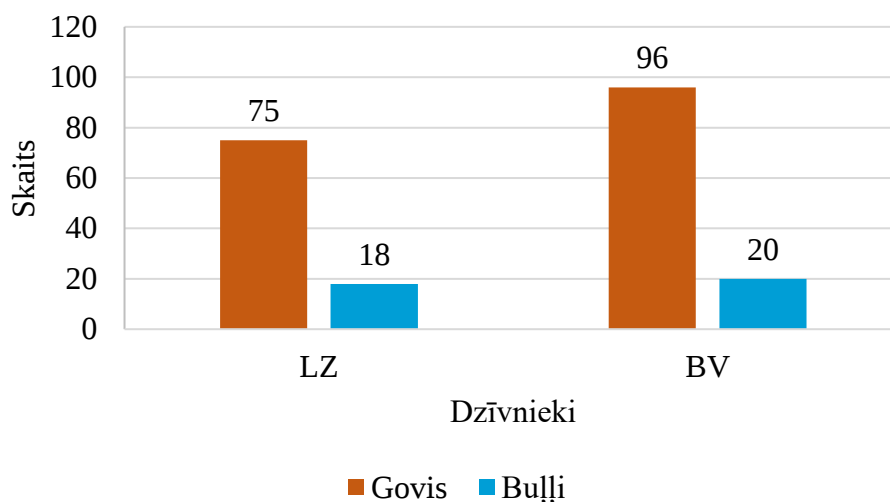
Situācija ar Latvijas baltās šķirnes cūku saglabāšanu ir kritiska, jo ar saglabāšanu nodarbojas vienā saimniecībā Latgalē, kur pēdējo 10 gadu laikā aktuāli ir ierobežojumi sakarā ar Āfrikas cūku mēra izplatību.

Pētnieki secina, ka kuīļa sperma ir jutīga pret zemu temperatūru un tikai labas kvalitātes sperma ir piemērota kriokonservācijai, jaunu kriokonservācijas protokolu izstrāde ir svarīga, jo šķidrā veidā spermu var uzglabāt 7 līdz 8 dienas, bet kriokonservētu spermu var uzglabāt daudz ilgāk un izmantot pēc nepieciešamības. Mūsdienās kuīļa spermas kriokonservācijai tiek izmantotas tradicionālās un automatizētās sasaldēšanas metodes (Pezo et al., 2023).

Projektā ir apgūta spermas tradicionālā sasaldēšana, tomēr lai to varētu izmantot un veikt spermas uzglabāšanu Ģēnu bankā ir nepieciešami kvalitatīvi LB šķirnes vaislas kuīļi.

2.3. Latvijas brūnās vecā tipa un Latvijas zilās šķirnes govju ģenētisko analīžu rezultātu apkopojums un publicitāte

Vietējo saglabājamo govju šķirņu bioloģiskā materiāla paraugi NEOGEN laboratorijā tika analizēti 2023. un 2024. gadā. No BV dzīvniekiem, kopā iegūti 116 paraugi, tajā skaitā 96 govju un 20 buļļu biomateriāls, un no LZ dzīvniekiem kopā 93 paraugi, tajā skaitā 75 govju un 18 buļļu paraugi. Kopējais paraugu skaits dots 1. attēlā.



1. att. LZ un BV govju un buļļu analizētā biomateriāla paraugu skaits.

Pētījumā analizēti 209 govju un vaislas buļļu bioloģiskā materiāla paraugi. LZ govis atradās vairākos Latvijas reģionos, kopā 18 dažādos ganāmpulkos, bet BV govis 4 ganāmpulkos. Lielākais BV govju skaits izvietots MPS “Vecauce” ganāmpulkā. Buļļu bioprodukts atradās Kurzemes (kopš 2024. gada AS Dimediun Latvija) un Vidzemes Ciltslietu un mākslīgās apsēklošanas stacijās.

Projekta uzdevums bija skaidrot govju un buļļu genotipus pēc iedzimtām letālām un nevēlamām ģenētiskām slimībām, auglību ietekmējošiem un holesterīna deficītu nosakošiem haplotipiem, pēc piena pārstrādei piemērotajiem kazeīna un beta laktoglobulīna,

kā arī beta kazeīna A1A2 genotipiem, kā arī vērtēt vietējo govju piemērotību kvalitatīvas gaļas produkcijas ieguvei.

2.3.1. Recesīvo ģenētisko slimību izplatības analīze

Lai noskaidrotu vai saglabājamās populācijās nav sastopamas recesīvās alēles tādām nevēlamām iedzimtām mutācijām kā liellopu leukocītu adhēzijas deficīts (BLAD), uridīna monofosfāta sintēzes deficīts (DUMPS), kompleksa mugurkaula malformācija (CVM), liellopu citrulinēmija (BC), holesterīna deficīts (HCD), agrīna muskuļu vājuma sindroma (HMW) u.c. Noteikti arī auglību ietekmējošie haplotipi HH1 līdz HH6.

Apkopojot iegūtos rezultātus, BV šķirnes populācijā netika konstatēta neviena slimību ierosinošā recesīvā alēle vai nevēlamais auglību ietekmējošais haplotips.

Savukārt LZ šķirnes populācijā tika konstatēti citrulinēmijas recesīvās alēles nesēji (heterozigoti genotipi). No analizētajām 75 govīm 6 tika novērots heterozigots genotips Cc, bet no 18 buļļiem viens bullis ir ar heterozigotu genotipu pēc citrulinēmijas gēna.

Literatūrā aprakstīts, ka pēc citrulinēmijas gēna homozigotiem teļiem 24 – 72 stundās pēc piedzimšanas parādās vājums, apātija, nespēja piecelties, krampji. Amonjaka uzkrāšanās asinīs izraisa komu, vēlāk nāvi 3.–5. teļa dzīves dienā. Heterozigoti teļi ir klīniski veseli, bet nodot slimību izraisīto alēli pēcnācējiem (Healy et al., 1990).

Kā lielākā daļa ģenētisko saslimšanu, arī citrulinēmija ir saistīta ar Holšteinas šķirni. Konkrētāk, ar mutāciju, kuras rezultātā radusies mutantā alēle, aizvietojot normālo, savvaļas tipa alēli (Dennis et al, 1989).

Būtu jāturpina LZ populācijas ģenētiskā uzraudzība arī nākotnē un pārošana jāveic, ņemot vērā ģenētisko analīžu rezultātus. Pētot slimo dzīvnieku izcelsmes datus, noskaidrojās, ka četrām no sešām slimajām govīm ir kopīgs priekštecis, bullis Rolviks, savukārt atlikušajām divām kopīgs priekštecis ir bullis Elisonas (asinība LZ 75.00 un HM 25.00%), kurš ir arī Rolvika tēvs. Pārējām analizētajām govīm tēvi ir Kripatiņš, Pipars, Samts, Darbonis u.c. No Lauksaimniecības datu centra informācijas uz 2024. gada 31. decembri dzīvajām LZ govīm, Elisons bija tēvs 55 govīm, bet Rolviks 48 govīm.

Veicot pāru atlasī, liela uzmanība jāpievērš vecāku genotipam pēc citrulinēmijas gēna.

2.3.2. Piena proteīna gēnu ģenētiskā polimorfisma analīze

Pētījuma ietvaros iegūti rezultāti par diviem piena kazeīnus kodējošiem gēniem, CSN2 (β-kazeīns) un CSN3 (κ – kazeīns, kappa kazeīns), kā arī par vienu sūkalu proteīnu BLG (β-laktoglobulīns) kodējošo gēnu BV un LZ govīm un buļļiem.

Viens no selekcijas uzdevumiem piena lopkopībā ir analizēt kazeīna gēnu ģenētisko polimorfismu. Dažādi kazeīna varianti ne tikai būtiski ietekmē piena izslaukumu un sastāvu, bet arī var ietekmēt cilvēku veselību, kā tas izpētīts par β-kazeīna A1 alēli, kas ietekmē piena sagremojamību (Antonopoulos et al., 2021).

Iegūtie rezultāti par β-kazeīna variantu genotipu biežumu LZ un BV šķirnes govīm un buļļiem redzami 3. tabulā.

Latvijas vietējo govju un buļļu skaits ar dažādu β -kazeīna genotipu

Šķirne	Genotips	Govis	Buļļi
		n	n
BV	A1A1	26	1
	A1A2	57	14
	A2A2	13	5
LZ	A1A1	34	8
	A1A2	30	9
	A2A2	11	1

Biežāk sastopamais genotips BV šķirnes govīm un buļļiem ir heterozigots A1A2, bet LZ šķirnes govīm homozigots A1A1 un buļļiem heterozigots A1A2.

Jāsecina, kas BV govju populācijā biežāk sastopama A1 alēle, 56% gadījumos, bet BV šķirnes buļļiem 60% gadījumu novērota vēlāmā A2 alēle. LZ šķirnes govīm un buļļiem biežāk sastopama A1 alēle, attiecīgi 65% un 69% gadījumu.

Otrs piena kazeīna gēns, kura polimorfisms bieži tiek analizēts dažādu valstu govju populācijās, ir CSN3 (κ kazeīns). Pētījumos novērots, ka BB genotips pozitīvi ietekmē piena tehnoloģiskās īpašības un palielina kopproteīna saturu pienā, kamēr AA genotips saistīts ar lielāku izslaukumu (Kucerova et al., 2006).

Ģenētisko analīžu rezultāti par κ kazeīna gēna polimorfismu vietējo govju un buļļu populācijās redzami 4. tabulā.

Latvijas vietējo govju un buļļu skaits ar dažādu κ - kazeīna genotipu

Šķirne	Genotips	Govis	Buļļi
		n	n
BV	AA	58	9
	AB	31	11
	BB	6	0
	BE	1	0
LZ	AA	22	7
	AB	40	7
	AE	2	2
	BB	10	1
	BE	1	1

BV govīm biežāk sastopams bija AA genotips (60%), un attiecīgi arī A alēle (77%). Otrs sastopamākais genotips ir AB, un tikai 6 govīm novērots homozigots BB genotips. Diemžēl nevienam BV šķirnes bullim nebija BB genotipa. Arī LZ šķirnes govīm un buļļiem biežāk novērots AB genotips. Turklāt LZ šķirnē 8% govju un buļļu novērota E alēle, kas vairāk raksturīga Holšteinas šķirnes dzīvniekiem un negatīvi ietekmē piena sastāvu.

Piena pārstrādē bez kazeīna gēniem, būtiska loma ir arī β – laktoglobulīnam, kas ir viens no galvenajiem sūkalu proteīniem. Pētījumos ir pierādīts, ka β – laktoglobulīna B alēlei ir labvēlīga ietekme uz piena koagulāciju un tā tālāko pārstrādi sierā (Kübarsepp et al., 2005).

BV un LZ dzīvnieku genotipu sadalījums pēc β – laktoglobulīna gēna redzams 5. tabulā.

5. tabula

Latvijas vietējo govju un buļļu skaits ar dažādu β – laktoglobulīna genotipu

Šķirne	Genotips	Govis	Buļļi
		n	n
BV	AB	23	6
	BB	73	14
LZ	AA	1	2
	AB	19	4
	BB	54	11

Rezultāti liecina, ka gan BV, gan LZ govīm un buļļiem izplatītākais ir β -laktoglobulīna BB genotips. BV šķirnē nav sastopams homozigots AA genotips, bet LZ šķirnei ar šādu genotipu ir tikai viens dzīvnieks. Kopumā abās šķirnēs pārliecinoši dominē vēlamā B alēle.

2.3.3. Zinātniskā raksta gatavošana

Zinātnisko rakstu, balstoties uz genoma analīzēm, sagatavojām par ģenētisko daudzveidību vietējo govju populācijās. Iepriekšējos gados BV un LZ liellopu ģenētiskā daudzveidība ir pētīta, izmantojot ciltsrakstu datus (Paura, Jonkus, 2020), tomēr nav analizēta izmantojot ģenētisko informāciju.

Ģenētisko daudzveidību populācijā var raksturot ar vairākiem parametriem, lai mērītu kopējo ģenētisko variāciju populācijā. Novērotā un paredzamā heterozigotība, inbrīdinga koeficients un efektīvais populācijas lielums ir bieži izmantoti parametri vietējo populāciju ģenētiskās daudzveidības analīzei (Reljanovic et al., 2015).

Arvien biežāk ģenētiskā daudzveidība dažādu valstu vietējo saglabājamo dzīvnieku populācijās tiek pētīta, izmantojot genoma datus.

Mūsu pētījuma mērķis ir novērtēt 1) Latvijas brūnā vecā tipa (BV) un Latvijas zilā (LZ) vietējo liellopu populāciju ģenētisko daudzveidību, izmantojot SNP genotipa datus, un 2) novērtēt BV un LZ govju produktivitāti un tuvradnieciskās krustošanas ietekmi uz govju produktivitāti.

Veicot ģenētiskās daudzveidības analīzi, noskaidrojām, ka heterozigotība abām šķirnēm bija mērena - aptuveni 0.4. Inbrīdinga koeficienti tika aprēķināti, pamatojoties uz homozigotības testiem (FROH), lai salīdzinātu pašreizējo un seno inbrīdēšanu BV un LZ populācijās. FROH aprēķināšanai ROH segmenti tika sadalīti četrās klasēs (> 1 Mb, > 4 Mb, > 8 Mb un > 16 Mb). Genomā dominēja īsāki ROH reģioni (ROH<4 Mb). ROH garums svārstījās no 16 līdz 32 Mb abās populācijās, aptverot vidēji 4–10%. Vidējais inbrīdinga koeficients aptuveni trīs paaudzēs (FROH>16) bija 2.30% un 4.87% BV un LZ govīm,

2.59% un 3.09% BV un LZ buļļiem. Pašreizējais pētījums pierāda, ka abās populācijās tuvradniecība ir palielinājusies no paaudzes paaudzē (FROH>16 ir augstāka salīdzinājumā ar FROH>8). Pašreizējais tuvradniecības līmenis LZ šķirnē ir augstāks salīdzinājumā ar BV šķirni. Tomēr kopējais tuvradniecības līmenis BV un LZ populācijās nav augsts, izņemot atsevišķus dzīvniekus. LZ un BV govju populācijās ir novērota tuvradniecības ietekme uz govju piena produktivitāti. Šķirnes dzīvnieku audzēšanas organizācijām ir jāuzrauga un jākontrolē tuvradniecības līmenis un jānovērš ģenētiskās daudzveidības zudums populācijās.

Sagatavotais raksts (1. pielikums) iesniegts MDPI zinātniskajā žurnālā *Animals*, kura citējamība pēdējo 7 gadu laikā atbilst Q1 (SJR 0.73 - 2024. gadā).

Recenzijas ir saņemtas 18. novembrī, un 10 dienu laikā ir jāveic precizējumi. Pēc precizējumu veikšanas rakstu žurnāls publicē parasti piecu dienu laikā.

2.4. Bioloģisko materiāla ieguve no vietējo apdraudēto sugu un šķirņu dzīvniekiem

Bioloģiskais materiāls gēnu bankas papildināšanai šogad iegūts no Latvijas tumšgalves aitām 100 asins paraugi (2. tabulu) un Latvijas vietējām kazām 48 paraugi.

Konsultējoties ar audzētāju organizācijām no Latgales Ciltslietu un mākslīgās apsēklošanas stacijas un no Dimedium (Kurzemes CMAS) ir iegādātas vietējo saglabājamo šķirņu buļļu bioprodukta pētījumiem paredzētās devas un nodotas glābšanā Gēnu bankā (6. tabula).

6. tabula

BV un LZ buļļu bioprojektu devas Gēnu bankai

Šķirne	CG_Nr	Vārds	Uz gēnu banku
BV	28785	Railis Ullors	30
BV	30337	Estēts Ullors	30
BV	32243	Ričus Ullors	33
BV	29298	Javors Potrimps	30
BV	30855	Epilogs Rudme	30
BV	28803	Viksis Odins	30
BV	32333	Grāfs Rudme	27
BV	29430	Ilūksts Ullors	30
BV	31788	Monro Ullors	20
BV	30948	Lins Potrimps	30
BV	31672	Vilnis Potrips	30
Kopā			320
LZ	80229	Lubāns fon Bufalo	30
LZ	32175	Dzintars	30
LZ	85013	Dzilnis	30
LZ	80233	Cibiņš	30

6. tabulas turpinājums			
LZ	80231	Dimants	30
LZ	85016	Vīnets Lietuvietis	30
LZ	32174	Džiburs	30
LZ	32134	Rolviks	30
LZ	32179	Dinārs	30
Kopā			270

Kopā iegādātas 320 BV šķirnes un 270 LZ šķirnes buļļu bioprodukta devas par kopējo summu 4269.12 EUR.

KOPSAVILKUMS

ZM projektā 2025. gadā plānotie uzdevumi kopumā ir izpildīti.

DNS izdalīšanai un genotipu noteikšanai ir ievākti 100 LTV aitu asins paraugi, objektīvu iemeslu dēļ nebija iespējams veikt uzdevumā paredzēto LVK kazu genotipēšanu. Aitu ģenētisko analīžu rezultāti tiks apkopoti un par tiem ziņosim zinātniski praktiskajā konferencē “Līdzsvarota lauksaimniecība” 2026. gada februārī.

Latvijas baltās cūku šķirnes saglabāšana ir problemātiska nelielā dzīvnieku skaita dēļ. Kuiļu spermas dziļā sasaldēšanā izmantotā metodika deva apmierinošu rezultātu, tomēr lai sasaldēšanu varētu īstenot nepieciešami kvalitatīvi vaislas kuiļi, kuru pagaidām LB šķirnē nav.

Ir noskaidrota Latvijas brūnās vecā tipa un Latvijas zilās šķirnes dzīvnieku iedzimto slimību recesīvo alēļu sastopamība. Projektā ieplānotais zinātniskais raksts ir sagatavots un iesniegts publicēšanai MDPI zinātniskajā žurnālā *Animals* (Q1).

Gēnu bankas papildināšanai ievākti 100 Latvijas tumšgalves vecā tipa aitu asins paraugi un 48 Latvijas vietējās kazu šķirnes ausu skrimšļa paraugi. Gēnu banka papildināta ar 320 BV šķirnes un 270 LZ šķirnes buļļu bioloģiskā materiāla paraugiem.

Vietējo šķirņu dzīvnieku bioloģiskā materiāla paraugi no jaunajiem dzīvniekiem jāvēc katru gadu kā arī jāturpina papildināt gēnu banka ar iepriekšējos gados dzimušo dzīvnieku bioloģisko materiālu, ja dažādu iemeslu dēļ paraugi nav ievākti.

Lai vietējo šķirņu populācijas būtu kvalitatīvas jāturpina veikt genoma analīzes, lai ne tikai saglabātu dzīvniekus, bet iespēju robežās veiktu izlasi un pārdomātu pāru atlasī, lai saglabātu ģenētisko daudzveidību un izvairītos no tuvradniecības pieauguma.

ZM PROJEKTA IETVAROS VEIKTĀ PUBLICITĀTE

Par Latvijas lauksaimniecības dzīvnieku vietējo apdraudēto BV un LZ dzīvnieku ģenētisko kvalitāti ziņots šādās konferencēs:

- Jonkus D., L. Paura, L. Cielava, D. Dreimanis, V. Ņikonova, D. Ruska. Latvijas vietējo slaucamo govju šķirņu saglabāšanas un ģenētiskās uzlabošanas iespējas. Zinātniski praktiskā konference “Līdzsvarota Lauksaimniecība 2025”, 20.-21.02.2025., LBTU, Jelgava, Latvija. Publicētas tēzes tēžu krājuma 52 lpp, pieejamas https://www.lptf.lbtu.lv/sites/lptf/files/2025-02/Tezes_2025.pdf
- Piliena K., D. Jonkus. Latvijas vietējās kazas vecā tipa (LVK) dzīvnieku fenotipiskais vērtējums. Zinātniski praktiskā konference “Līdzsvarota Lauksaimniecība 2025”, 20.-21.02.2025., LBTU, Jelgava, Latvija. Publicētas tēzes Tēžu krājumā 51 lpp, pieejamas https://www.lptf.lbtu.lv/sites/lptf/files/2025-02/Tezes_2025.pdf
- Dreimanis D., Jonkus D. Latvijas vietējo šķirņu govju populācijas saglabāšana un selekcija, izmantojot genoma analīzes. LPTF Studentu un maģistrantu zinātniskās konferences “Daudzveidīga lauksaimniecība” 2025. Tēžu krājums 9 lpp, pieejamas https://www.lptf.lbtu.lv/sites/lptf/files/2025-05/LPTF_Studentu_konf_TEZES_2025%20%283%29.pdf
- Jonkus D., L. Paura, L. Cielava, D. Dreimanis, V. Ņikonova. Impact of inbreeding on milk production traits in Latvian local cattle breed. Referāts 33rd International Symposium Animal Science Days, 23 to 26 September 2025 in Nitra, Slovakia.
- Paura L., Jonkus D., Cielava, D. Dreimanis, V. Ņikonova. Analysis of genomic inbreeding in Latvian local cattle breeds. Referāts 33rd International Symposium Animal Science Days, 23 to 26 September 2025 in Nitra, Slovakia.
- Izmantojot projektā iegūtos genoma analīžu datus D. Dreimanis 2025. gada jūnijā aizstāvēja maģistra darbu “LATVIJAS VIETĒJO GOVJU POPULĀCIJU SAGLABĀŠANA UN SELEKCIJA, IZMANTOJOT GENOMA ANALĪZES” un ieguva lauksaimniecības zinātņu maģistra grādu.

Iepriekšējo gadu ZM projektos iegūtie rezultāti apkopoti un 2025. gadā publicēta publikācija (kuras publicēšana apmaksāta no 2024. gada ZM projekta S 477)

Jonkus D., Paura L. (2025). Analysis of genetic diversity in Latvian Darkheaded sheep population. *Small Ruminant Research*. Vol. 242 article number 107403. (Ind. Web of Science, Scopus, Q2).

IZMANTOTĀ LITERATŪRA

1. Antonopoulos D., Vougiouklaki D., Laliotis G. P., Tsironi T., Valasi I., Chatzilazarou A., ... Houhoula D. (2021). Identification of polymorphisms of the CSN2 gene encoding β -casein in Greek local breeds of cattle. *Veterinary sciences*, 8(11), 257.
2. Dennis J. A., Healy P. J., Beaudet A. L., O'Brien W. E. (1989). Molecular definition of bovine argininosuccinate synthetase deficiency. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, Vol. 86(20), p. 7947-7951.
3. Healy P. J., Harper P. A. W., Dennis J. A. (1990). Bovine citrullinaemia: a clinical, pathological, biochemical and genetic study. *Australian Veterinary Journal*, Vol. 67(7), p. 255-258.
4. Kucerova, J., Matejicek, A., Jandurová, O. M., Sorensen, P., Nemcova, E., Stipkova, M., & Frelich, J. (2006). Milk protein genes CSN1S1, CSN2, CSN3, LGB and their relation to genetic values of milk production parameters in Czech Fleckvieh. *Czech Journal of Animal Science*. Vol. 51(6), p. 241-247.
5. Kübarsepp I., Henno M., Viinalass H., Sabre D. (2005). Effect of κ -casein and β -lactoglobulin genotypes on the milk rennet coagulation properties. *Agron. Res*, Vol. 3(1), p. 55-64.
6. Paura, L.; Jonkus D. (2020). Inbreeding Evaluation in Latvian Local Cattle Breeds. *Acta fytotechnica et zootechnica* 2020, 23 (Monothematic Issue), 52–57. <https://doi.org/10.15414/afz.2020.23.mi-fpap.52-57>.
7. Pezo, F., Zambrano, F., Uribe, P., de Andrade, A. F. C., & Sánchez, R. (2023). Slow Freezing of Preserved Boar Sperm: Comparison of Conventional and Automated Techniques on Post-Thaw Functional Quality by a New Combination of Sperm Function Tests. *Animals*, 13(18), 2826. <https://doi.org/10.3390/ani13182826>
8. Reljanovic, M.; Ristov, S.; Curik, C.V.; Cacic, M.; Ferencakovic, M.; Curik, I. (2015) Genealogical decomposition of the effective population size: a case study on Croatian autochthonous cattle breeds. *Poljoprivreda* 2015, 21, 52-5. <https://doi.org/10.18047/poljo.21.1.sup.11>

PIELIKUMS

Publicēšanai iesniegtā zinātniskā raksta fragments



Article

Genomic Analysis of Latvian Local Dairy Cattle Breeds by SNP Data

Daina Jonkus ¹, Lasma Cielava ², Didzis Dreimanis, Viktorija Nikonova ³ and Liga Paura ^{*4}

Latvia University of Life Sciences and Technologies, Liela street 2, Jelgava, LV 3001, Latvia

Simple Summary

In Latvia, two native dairy cattle breeds - the old-type Latvian Brown and the Latvian Blue - are presented with a small number of animals. Protection and breeding of these breeds, which are genetically adapted to traditional production systems, are very important. Using genome-wide SNP data, breed diversity and genetic variation were analysed. Regardless of the smaller number of bulls, the Latvian Blue breed had a much higher level of inbreeding than the old type Latvian Brown. The Latvian local cow breeds are not characterised by high milk yield, but they have a high content of dry milk matter.

Abstract

The conservation programmes for two local dairy cattle breeds Latvian Brown old type (BV) and Latvian Blue (LZ) was started in 2004. The aim of this study was to evaluate genetic diversity in the BV and LZ local cattle populations using SNP data. The study was based on genotyping data from 96 BV and 75 LZ cows and 20 BV and 18 LZ bulls. The SNPs were determined using the GGP 100K bovine SNP BeadChip. Quality control (QC) and genotype data analysis was performed using PLINK v1.9. The observed heterozygosity was moderate around 0.4 for both breeds. Inbreeding coefficients were estimated based on homozygosity runs (F_{ROH}) to compare recent and ancient inbreeding in the BV and LZ population. For the calculation of F_{ROH} , the ROH segments were divided into four classes (> 1 Mb, > 4 Mb, > 8 Mb and > 16 Mb). The shorter ROH regions ($ROH < 4$ Mb) predominated in the genome. The ROH lengths ranged from 16 to 32 Mb cover on average 4–10 % in both populations. The average inbreeding coefficient for approximately three generations ($F_{ROH > 16}$) was 2.30 % and 4.87 % for BV and LZ cows; 2.59% and 3.09% for BV and LZ bulls. The current study demonstrates that inbreeding has increased from generation to generation ($F_{ROH > 16}$ is higher compared to $F_{ROH > 8}$) in both populations. The