

# Utjecaj selekcije na genetsku raznolikost i očuvanje domaćih životinja

---

Sić, Nives

Master's thesis / Diplomski rad

2021

*Degree Grantor / Ustanova koja je dodijelila akademski / stručni stupanj:*

**Josip Juraj Strossmayer University of Osijek, Faculty of Agrobiotechnical Sciences Osijek /  
Sveučilište Josipa Jurja Strossmayera u Osijeku, Fakultet agrobiotehničkih znanosti Osijek**

*Permanent link / Trajna poveznica:* <https://urn.nsk.hr/urn:nbn:hr:151:862303>

*Rights / Prava:* [In copyright](#)/[Zaštićeno autorskim pravom.](#)

*Download date / Datum preuzimanja:* **2025-02-02**



Sveučilište Josipa Jurja  
Strossmayera u Osijeku

**Fakultet  
agrobiotehničkih  
znanosti Osijek**

*Repository / Repozitorij:*

[Repository of the Faculty of Agrobiotechnical  
Sciences Osijek - Repository of the Faculty of  
Agrobiotechnical Sciences Osijek](#)



SVEUČILIŠTE JOSIPA JURJA STROSSMAYERA  
FAKULTET AGROBIOTEHNIČKIH ZNANOSTI OSIJEK

Nives Sić

Diplomski studiji Agroekonomika

**UTJECAJ SELEKCIJE NA GENETSKU RAZNOLIKOST I OČUVANJE  
DOMAĆIH ŽIVOTINJA**

**Diplomski rad**

**Osijek, 2021.**

SVEUČILIŠTE JOSIPA JURJA STROSSMAYERA U OSIJEKU

**FAKULTET AGROBIOTEHNIČKIH ZNANOSTI OSIJEK**

Nives Sić

Diplomski studij Agroekonomika

**UTJECAJ SELEKCIJE NA GENETSKU RAZNOLIKOST I OČUVANJE  
DOMAĆIH ŽIVOTINJA**

**Diplomski rad**

Povjerenstvo za ocjenu i obranu diplomskog rada:

1. Izv. prof. dr. sc. Nikola Raguž, predsjednik
2. Doc. dr. sc. Boris Lukić, mentor
3. Izv. prof. dr. sc. Sonja Petrović, član

**Osijek, 2021.**

## SADRŽAJ

1. UVOD .....	1
2. PREGLED LITERATURE .....	3
2.1. Domestikacija animalnih vrsta.....	3
2.1.1. Neolitska revolucija .....	6
2.1.2. Britanska revolucija .....	8
2.1.3. Zelena revolucija .....	11
2.2. Od ishodišnih oblika do suvremenih hibrida .....	11
2.2.1. Govedo .....	12
2.2.2. Svinja .....	15
2.2.3. Ovca.....	17
2.2.4. Koza.....	18
2.2.5. Konj .....	19
2.2.6. Kokoš.....	21
2.3. Genetska raznolikost.....	23
2.4. Pristupi u istraživanju genetske raznolikosti .....	24
2.4.1 Genetski markeri i metode utvrđivanja genetske raznolikosti .....	26
3. ZAKLJUČAK .....	30
4. POPIS LITERATURE .....	32
5. SAŽETAK.....	38
6. SUMMARY .....	39
7. POPIS TABLICA.....	40
8. POPIS SLIKA .....	41
9. POPIS GRAFIKONA .....	42

## 1. UVOD

Čovjek je počeo stvarati pasmine koristeći principe umjetne selekcije prije približno 250 godina (Olenbroek i van der Waaij, 2015.). Kao rezultat, danas postoji nekoliko stotina pasmina goveda, svinja, ovaca, koza i kokoši. U današnje vrijeme, uzgoj visoko produktivnih životinja, primjerice, svinja, goveda i kokoši u rukama je multinacionalnih kompanija koje ulažu velika financijska sredstva u njihove uzgojne programe. Ono što je zajedničko prvotnim praksama u uzgoju domaćih životinja prije nekoliko stotina godina i današnjim suvremenim uzgojnim programima, je uzgojni cilj, odnosno selekcijom unaprijediti važna proizvodna svojstva čovjeku, poput količine mlijeka, količine mesa, nesivosti itd. Te osobine definirane su uvjetima i željama ljudskih zajednica, a često su se mijenjale kroz vrijeme.

Razlikujemo dvije vrste selekcije, prirodnu i umjetnu. Prirodna selekcija je proces u kojemu životinje koje se bolje prilagođavaju okolišu imaju veće šanse za preživljavanje i veću reproduktivnu sposobnost, tj. one ostavljaju više potomstva budućim generacijama od životinja koje nisu prilagodljive. Svaka sljedeća generacija je u prosjeku, prilagođenija nego prethodna. Umjetnom selekcijom gospodari čovjek, time što on odlučuje kojoj je životinji omogućeno razmnožavanje, a kojoj nije. Uzgoj životinja definiran je ciljanom selekcijom od strane ljudi, no prirodna selekcija i dalje ima važnu ulogu. Prirodna će selekcija uvijek djelovati, ponekad čak i u suprotnom smjeru od umjetne selekcije. U tim slučajevima, bez djelovanja čovjeka, životinje s poželjnim kvalitetama bile bi manje uspješne u preživljavanju ili proizvodnji.

Djelovanjem ovih mehanizama selekcije kroz dulje vremensko razdoblje, kao i utjecajem promjenjene okoline u uzgoju životinja, čovjek je izmijenio pojedine životinjske vrste nakon čega su se one počele značajno razlikovati od svojih divljih ishodišnih oblika, procesom koji se zove domestikacija. Rezultat domestikacije podrazumijeva proces u kojemu životinja postaje ovisna o čovjeku, te njen gubitak mogućnosti života u divljini. Prva domesticirana životinja bio je pas, prije otprilike 12.000 godina (Olenbroek i van der Waaij, 2015.), dok neka istraživanja pokazuju da je bilo i značajno prije.

Prema Loftusu i sur. (1994.) postoje dvije podvrste goveda: *Bos taurus* (europska ili taurina goveda) i *Bos indicus* (azijska ili zebu goveda). Njihov zajednički predak bio je *Bos primigenius Bojanus* od kojeg su u dva, ili čak tri (Pitt i sur. 2017) neovisna događaja razdvojile podvrste taurus i indicus. Danas imamo 250 pasmina goveda (Caput, 1996.).

Dijelimo ih prema njihovim sposobnostima na mliječna goveda od kojih su najvažniji predstavnici holštajn- frizijsko govedo i Jersey govedo, zatim mesne pasmine u koje ubrajamo belgijsko plavo govedo, Limousin, hereford, šarole i dr., te kombinirane pasmine gdje ubrajamo simentalca, smeđe govedo, pincgavsko govedo i dr.

Prema najnovijim spoznajama Frantza i sur. (2019.) o porijeklu svinje (*Sus scrofa*) prihvaćeno je da su u Europu prve domaće svinje uvezene iz Bliskog istoka dolaskom prvih stočara početkom neolitika prije ~10500 godina, te da je Europska domaća svinja potomak ovih Azijskih domaćih svinja i Europskih divljih svinja. Danas je poznato preko 300 pasmina svinja u svijetu, od kojih je najvažnije istaknuti nekoliko najutjecajnijih suvremenih pasmina kao što su veliki jorkšir, landras, pietren, durok, hempšir i neke kineske pasmine.

Prema Larsonu (2013.) ishodišni oblik današnje ovce (*Ovis aries*), je Azijski muflon (*Ovis musimon*) čija je domestikacija započela u jugozapadnoj Aziji prije otprilike 11.000 godina. Danas samo u Hrvatskoj uzgajamo 15 pasmina ovaca, što naših lokalnih što uvoznih, a to su: cigaja, creska ovca, dalmatinska pramenka, dubrovačka ovca, istarska, krčka, lička pramenka, paška ovca, rapska, istočnofrizijska, Merinolandschaf, romanovska ovca, solčavsko- jezerska, suffolk i travnička pramenka.

Koza (*Capra hircus*) potječe od bezoar koze (*Capra aegagrus*) (Gootwine, 2020.), dok je danas u svijetu poznato oko 500 različitih pasmina koza koje se dijele prema tipovima i pasminskim skupinama.

S obzirom da je divlji ishodišni predak konja izumro, pretpostavlja se da su današnji konji nastali od divljih konja na području današnje Ukrajine i Kazahstana, uz mogućnost dodatnih domestikacijskih područja koji uključuju Pirinejski poluotok te Kavkaz i Anatoliju (Librado, 2016.). Danas u svijetu postoji oko 150 pasmina konja, koje se dijele u punokrvne, čistokrvne, hladnokrvne i toplokrvne.

Kokoš (*Gallus domestica*) nastala je od svog ishodišnog oblika divlje kokoši (*Gallus gallus*) (Linnaeus, 1758.) na području Azije. Pasmine kokoši se dijele na: ukrasne i patuljate pasmine, borce, lake pasmine, teške pasmine i kombinirane. Danas se suvremena peradarska proizvodnja temelji na proizvodnji hibrida.

## 2. PREGLED LITERATURE

### 2.1. Domestikacija animalnih vrsta

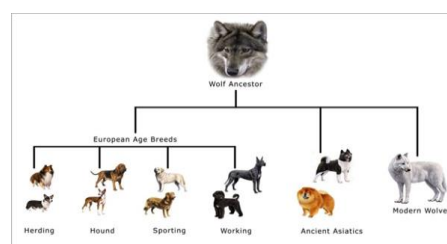
Charles Darwin promatrajući raznovrsnost fenotipa u prirodi postao je inspiriran da razvije teoriju evolucije služeći se primarno utjecajima prirodne selekcije. Njegovo istraživanje trajalo je 20 godina prije nego što je objavio svoju knjigu *On the Origin of Species by Means of Natural Selection*, dok je u međuvremenu skupljao podatke kojima će dokazati svoju teoriju. Selektivni uzgoj farmskih životinja osigurao mu je veliku količinu tih podataka (Andersson i Georges, 2004.). Promjene fenotipa koje je vidio na tim životinjama služile su kao dokaz njegovih principa i teorije. Također, Darwin je sam radio uzgojne eksperimente na golubovima koje je objavio u knjizi *The Variation of Animals and Plants under Domestication*. Primijetio je sličnost između domestikacijskih učinaka uslijed djelovanja čovjeka i učinaka prirodne selekcije te da je u oba procesa vrlo jasno vidljiva ishodišna ili izvorna vrsta.

Nakon Darwinove teorije, Mendel je svojim istraživanjima na grašku došao do novih otkrića genetskih modela. Mendel monohibridnim križanjem naziva križanje jedinki koje se razlikuju u jednom paru alela, kao što je npr. boja graška. Homozigotna zigota nastaje sparivanjem muških i ženskih gameta koje nose alele s istim učinkom na neko svojstvo. Gamete koje nose alele različitog učinka nazivamo heterozigotnima. Prvi Mendelov zakon ili zakon o dominantnosti ili uniformnosti  $F_1$  generacije tvrdi da križamo li dvije jedinke koje se međusobno razlikuju u oznakama jednog svojstva (obje su različite i homozigotne), svi potomci  $F_1$  generacije će biti fenotipski slični zbog dominantnog tijeka nasljeđivanja ovisno o genotipu. Drugi Mendelov zakon ili zakon segregacije ili razdvajanja svojstava u  $F_2$  generaciji kaže da prilikom monohibridnog križanja heterozigota, u  $F_2$  generaciji nastaje razdvajanje roditeljskih oznaka za isto svojstvo. Potomstvo će fenotipski biti 25% nalik jednom (homozigoti), 25% nalik drugom roditelju početne generacije (također homozigoti), a 50% ih je nalik jedinkama  $F_1$  generacije (heterozigoti). Način nasljeđivanja kada se dominantno svojstvo prenosi, naziva se dominantni tip nasljeđivanja, gdje se međusobnim parenjem jedinki  $F_1$  generacije dobiju potomci  $F_2$  generacije koji se razlikuju u primjerice boji dlake, prema principu razdvajanja svojstava roditelja. Treći Mendelov zakon ili zakon nezavisnosti, utvrdio je dihibridnim, trihibridnim ili polihibridnim križanjem. U ovom su slučaju pojedini parovi alela nezavisni jedan od drugoga, te se nezavisno kombiniraju.

Nezavisno kombiniranje alela u dihibridnom i polihibridnom križanju Mendel je nazvao principom nezavisnosti.

Zahvaljujući mutacijama i selekciji, domaće životinje sposobne su prilagoditi se nepovoljnim okolišnim uvjetima svojom promjenom fenotipa i genetskom prilagodbom. Populacije domaćih životinja imaju bogatu kolekciju mutacija uzrokovane brojnim unutarnjim ili vanjskim utjecajima.

Domestikacija podrazumijeva proces pretvorbe divljih u domaće životinje. Domesticirane životinje općenito žive u zajednici s ljudima i time postaju pripitomljene, prema tome trebaju ispuniti očekivanja svojih vlasnika kako bi ih oni zadržali u reprodukciji. Očekivanja vlasnika su se mijenjala s vremenom, slijedeći promjene i potrebe čovjeka, te s vremenom domesticirane životinje postaju drugačije od svojih divljih srodnika. Prva domesticirana životinja bio je pas i to prije 12.000 godina (Olenbroek i van der Waaij, 2015.), dok neka istraživanja pokazuju da se to dogodilo i značajno prije. Proces pripitomljavanja započeo je naseljavanjem ljudi u sela, početkom uzgoja životinja i akumuliranjem otpada. Na primjeru pasa, pitomiji i čovjeku privrženiji vukovi bili su snalažljivi i počeli se hraniti iz otpada, te si tako osigurali stalni izvor hrane uz zamjenu za slobodu. Izvršavanjem zadataka čovjeku kao što su upozorenje na opasnost, pomoć u lovu, osiguranje zaštite, koje je postavio čovjek, dok čovjek psu osigurava hranu, započela je simbioza čovjeka i psa. Takav odnos još je uvijek prisutan u Africi i Aziji i nekim južnim europskim zemljama (Olenbroek i van der Waaij, 2015.). Simbioza čovjeka i pretka psa prilično je jedinstvena, jer su druge životinje domesticirane uz više različitih utjecaja. Zarobljene u zatvoren prostor ili vezane (barem tijekom noći), dok su im paša i traženje hrane dopušteni isključivo pod nadzorom čovjeka. Čovjek je odabirao samo životinje koje nisu bile agresivne ni preplašene te su se s vremenom uspjele prilagoditi novim uvjetima okruženja. Selektivni uzgoj značajno je ovisio o temperamentu životinja.

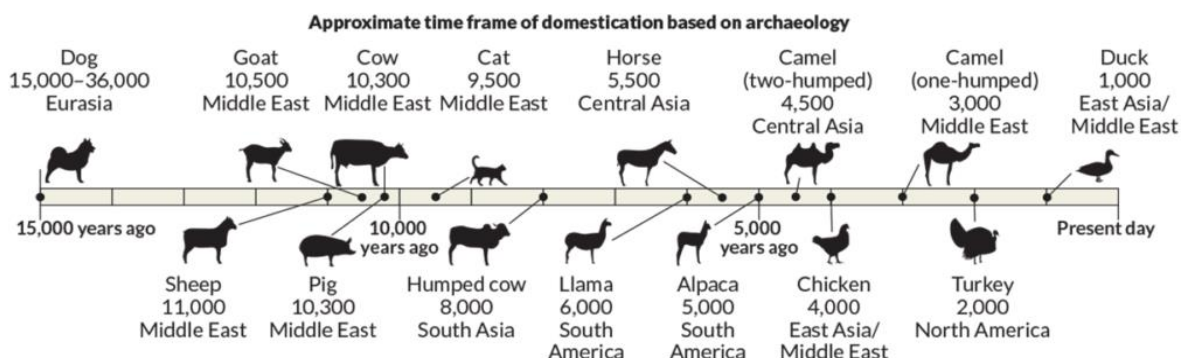


Slika 1. Evolucija psa

Izvor: <https://flay-agility.webnode.sk/nieco-o-psoch/>



Lakše razumijevanje vremenskog perioda domestikacije omogućit će lenta vremena i tablica prikazana u nastavku rada.



Slika 2. Lenta vremena domestikacije animalnih vrsta

<https://www.sciencenews.org/article/dna-evidence-rewriting-domestication-origin-stories>

Tablica 1. Vremenski prikaz domestikacije animalnih vrsta

Vrsta	Latinski naziv	Vrijeme	Mjesto
Pas	<i>Canis lupus familiaris</i>	>30.000 god. pr. Kr.	Euroazija
Ovca	<i>Ovis orientalis aries</i>	11.000- 9.000 god. pr. Kr	Jugozapadna Azija
Svinja	<i>Sus scrofa domestica</i>	9.000 god. pr. Kr	Bliski Istok, Kina, Njemačka
Koza	<i>Capra aegagrus hircus</i>	8.000 god. pr. Kr	Iran
Taurina goveda	<i>Bos primigenius Taurus</i>	8.000 god. pr. Kr	Indija, Srednji Istok, Sjeverna Afrika
Zebu goveda	<i>Bos primigenius indicus</i>	8.000 god. pr. Kr	Indija
Kokoš	<i>Gallus gallus domesticus</i>	6.000 god. pr. Kr	Indija, Jugoistočna Azija
Konj	<i>Equus ferus caballus</i>	4.000 god. pr. Kr	Euroazijske stepe

Izvor: <https://wiki.groenkennisnet.nl/display/TAB/Chapter+1.3+Domestication+and+anima+l+breeding>

Ovim složenim procesima kroz dugo vremensko razdoblje od više tisuća godina, uzgojem domaćih životinja stvoreni su različiti fenotipovi i pasmine. Prema Larsonu (2014.), skup fenotipa koji se sastoji od varijabilnosti u boji i teksuri dlake ili krzna, poslušnosti gospodaru, te sezonama parenja, morfoloških promjena u obliku lubanje, zubi te patuljastim i divovskim oblicima posebno intrigira znanstvenike zadnjih 150 godina. Prema Anderssonu i Georgesu (2004.), domaće životinje čine zbir jedinstvenog resursa za razumijevanje genetske baze varijacije fenotipa. U današnje vrijeme kada su genomske sekvence domaćih životinja postale dostupne i omogućile identifikacije mutacija, stvorena je podloga za egzaktno utvrđivanje pretvorbi divljih u domaće vrste životinja.

Pripitomljavanje raznih vrsta biljaka i životinja na odvojenim lokacijama svijeta, započelo je prije približno 12.000 godina o čemu osim genetskih istraživanja, postoji i puno arheoloških istraživanja. O tome najbolje govore navodi povjesničara o neolitskoj te narednim revolucijama. Neolitska revolucija ili Prva poljoprivredna revolucija označava promjenu u načinu života od lova i skupljanja hrane do početka rada u poljoprivredi i izgradnje trajnih naselja. Drugu poljoprivrednu revoluciju ili Britansku revoluciju karakterizira porast poljoprivredne proizvodnje u Britaniji koji je uzrokovao povećanje rada i produktivnosti zemlje između sredine 17. i završetkom 19. stoljeća. Treća poljoprivredna revolucija ili Zelena revolucija nastala je kao rezultat istraživanja transfera tehnologije između 1950. i 1960. godine zbog čega dolazi do eksponencijalnog rasta poljoprivredne proizvodnje i posljedično industrijalizacijom poljoprivrede uključujući visokoprinosne sorte žitarica, posebno patuljastu pšenicu i rižu te nove visokoproizvodne pasmine i hibride domaćih životinja.

### **2.1.1. Neolitska revolucija**

Domestikacija domaćih životinja je započela u fazi Neolitske revolucije na Bliskom istoku te se može podijeliti na dva dijela ili dvije faze, koje uključuju različite procese vezane za biljke i životinje. Prva faza odnosi se na razvoj društva, dok druga označava prijelaz na novu vrstu poljoprivrede. Sam proces domestikacije započeo je prije otprilike 12.000 godina u jugozapadnoj Aziji, ili po preciznijim navodima u Zagrosu (Hole, 1984.), na planinama Taurusa, a uključuje i centar Azije. Neolitsku revoluciju obilježava prijelaz načina života iz lovačkog i sakupljačkog u početak bavljenja poljoprivredom i trajnim naseljima, zatim miješana ekonomija, početak domestikacije biljaka i životinja, rast populacije, te

kolonijalizam. Neolitska revolucija dovela je do jakog suženja raznolikosti dostupne hrane, što je rezultiralo padom kvalitete čovjekove prehrane. Također, u ovu revoluciju uključeno je usvajanje ograničenog niza tehnika proizvodnje hrane.

Interes za domestikaciju životinja, započeo je zanimanjem za uglavnom tri vrste papkara. Koze i ovce bile su u središtu poljoprivrednog načina života u Južnozapadnoj Aziji, a nešto kasnije i goveda. Hole (1984.) navodi da istraživanja ukazuju da koze preferiraju višlja, kamenita staništa, ovce niža, dok se njihova staništa općenito preklapaju. Prema Zeuneru (1963.) ovce se hrane travom i preferiraju područja otvorenih šuma u kojima si osiguravaju skloništa, dok koze pretražuju i preferiraju grmovita područja. Koze jedu i pustinjske grmove, dok ih ovce nerado jedu. Schmidt-Nilsen (1964.) ističe da ovce lakše podnose ekstremnu vrućinu i nestašicu vode. Goveda su se uzgajala na otvorenim, šumskim pašnjacima, a staništa su im bila ograničena tek nakon nekoliko godina. Divlje vrste ovaca i koza kako bi se prehranile, premještale su se s mjesta na mjesto, tražeći hranu koja im je povoljna, te su upravo tom osobnošću utjecale na aktivnosti domestikacije i uzgoja od strane ljudi. S druge strane, goveda su više stacionirane životinje, potrebna im je veća količina ispaše, te preferiraju područja gdje nema puno hladnih područja prekrivenih snijegom. Zbog njihove veličine, temperamenta, brzine i spretnosti goveda su čovjeku bila teža za gospodarenje i iskorištavanje nego ovce i koze. Lovci su u to vrijeme bili orijentirani na nekoliko vrsta, gazele, onagere ili divlje magarce, koze i jelene.

Koze i ovce su u odnosu na goveda, bile uzgajane zbog proizvodnje mesa, mlijeka, ali isto tako i zbog kože, odnosno vune. Zeuner (1963.) naglašava da korištenjem ovčje vune ljudi mogu preživjeti i najhladnija razdoblja. Koze također imaju iskoristivu dlaku, plodne su i daju dovoljno mlijeka, a njihova koža pokazala se najboljom za izradu torbi. Krave su također proizvođači mlijeka, odnosno njihova sposobnost proizvodnje mlijeka je najveća, no njihov karakter je u počecima domestikacije bio zahtjevan. Još jedna od vrijednosti goveda je njihova teška i izdržljiva koža.

Najvažniji napredak neolitske revolucije je prijelaz sa skupljanja hrane na proizvodnju hrane. Nastanku poljoprivrede doprinjele su promjene tri čimbenika, klimatske promjene, porast gustoće stanovništva i poboljšanje tehnike. Društvena jedinica sastojala se od više obitelji zbog potreba lova na velike životinje, za što se koristio luk i strijela. Iz ovog razdoblja poznate su i špilje sa karakterističnim zidnim umjetničkim djelima koja su označavala mjesto sastanka skupina kako bi sudjelovale u ritualima. Na području Plodne doline nalazila su se

velika krda divljih ovaca, koza i goveda, te područja gusto prekrivena divljom pšenicom i ječmom. Početak neolitika označava ratarstvo koje mijenja način organizacije ljudskog društva te služi kao pokretač neolitske revolucije. Kultivacija biljaka započela je prije približno 8.500 god. pr. Kr., na Bliskom istoku kada je kultivirana pšenica, zatim prije 7.000 god. pr. Kr. ječam i leća i do prije 3.000 god. pr. Kr. leća, grašak i raž. U neolitiku nastaju sljedeća oruđa: žetlački nož ili srp za rezanje divljih trava, kameni noževi, kamene sjekire s drškom od kosti, čekići, pijuci, kameni batovi, kameni vrhovi za koplja i strijele. Za potrebe transporta koristile su se životinje, one koje su domesticirane među posljednjima, magarac, ljama, konj i deva, no njihova upotreba nije zabilježena do 2.000 god. pr. Kr. Najstarija plovila su izdubljena velika debla koja datiraju iz razdoblja 9.000 god. pr. Kr. Za neolitik je karakteristična proizvodnja predmeta od bakra i keramike, te poznavanje tkanja. Prva strateška tehnika bila je metalurgija koja je omogućila napredak u području tehnike. Prva kovina koju su ljudi koristili bila je bakar. Prvi grad bio je Jerihon koji je do 7.350 god. pr. Kr. već imao oko 2.000 stanovnika. Nastanak sumeranskih gradova i pojava prvog pisma iz razdoblja od prije 3.500 god. pr. Kr. označavaju kraj neolitske revolucije.

### **2.1.2. Britanska revolucija**

Britanska ili Druga poljoprivredna revolucija predstavlja razdoblje između sredine 17. stoljeća i kraja 19. stoljeća. Poljoprivredna proizvodnja rasla je značajno brže nego populacija ljudi, što je rezultiralo skoro udvostručavanjem ljudske populacije u Engleskoj i Walesu od 1700. do 1800. godine, sa približno 5 na 9 milijuna ljudi. Kao bitna promjena u poljoprivrednim metodama ističe se primjena sustava uzgoja u plodoredu s četiri rotacije umjesto odmora tla ili ugara.

Prema knjizi Simpsona, u poglavlju *European farmers and the British agricultural revolution*, O' Brien (1976), ističe da su engleski poljoprivrednici 1800. godine posjedovali značajno više životinjske radne snage po radniku, u usporedbi sa poljoprivrednicima u Francuskoj. Kalkulacije proizvodnje, određivanje optimalne veličine stada, određivanje primarnog cilja u iskorištavanju životinja u smislu rada, proizvodnje mlijeka ili mesa samo su neki od problema s kojima su se susretali poljoprivrednici 18. stoljeća. U ovom su se razdoblju ovi problemi uočili te je započeto razdoblje njihovog rješavanja, nakon čega je uzgoj životinja u Britaniji značajno unapredovao.

Sredinom 18. stoljeća, dva britanska poljoprivrednika, Robert Bakewell, kojeg mnogi smatraju utemeljiteljem planskog uzgoja domaćih životinja, i Thomas Coke uvode selekcijski uzgoj kao znanstvenu disciplinu i koriste inbriding kako bi stabilizirali određene kvalitete i smanjili genetsku raznolikost. Bakewellov najvažniji uzgojni program bio je sa ovčama. Koristio je izvorne pasmine i bio je u mogućnosti brzo izabrati veliku ovcu fine konstitucije s dugačkom i sjajnom vunom. U prošlosti su se goveda primarno uzgajala za vuču pluga ili za proizvodnju mlijeka, dok se meso koristilo isključivo od bikova koji nisu više bili potrebni za rad. Bakewell je križanjem prvi uzgojio govedo koje se primarno koristilo za proizvodnju mesa, Dishley Longhorn. Sve više i više poljoprivrednika slijedilo je Bakewellovu teoriju, što je rezultiralo ogromnim povećanjem stočnog fonda i poboljšanjem veličine i kvalitete životinja u stadu.

Prema Lushu (1943.), Robert Bakewell stvorio je okvir za suvremeni model uzgoja životinja, te se smatra utemeljiteljem uzgoja životinja. Za Bakewellov rad pročulo se kada je počeo upravljati gospodarstvom u Dishleyu 1760. godine. Bio je dobar promatrač i izvrstan student anatomije, te je dobro procjenjivao proizvodne osobine stoke. Ključni element njegova rada bilo je namjerno i intenzivno korištenje inbridinga, iako je u to vrijeme postojalo mnogo predrasuda. Bakewellovi vlastiti uzgojni radovi bili su na Longhorn govedima, Leicester ovčama i Shire konjima. Uspjeh Bakewellovog rada isticao se visokom potražnjom njegovih životinja za rasplod (Lush, 1943). Prvi je počeo iznajmljivati svoje ovnove, u vrijeme tjeranja ovaca, za pripust, ali ih nije prodavao. Time je ostvario veliki financijski uspjeh. Bakewellov uspjeh privukao je mnoge imitatore, koji su odlazili na njegovu farmu proučavati njegove metode. Zahvaljujući Bakewellu, diljem Engleske pojavile su se grupe životinja, koje su bile usko povezane i sličnih karakteristika. Bakewell najveći doprinos uzgojnim metodama polaže u svoju procjenu i činjenice da je inbriding efektivniji alat za proizvodnju i poboljšanje pasmine. Svojom voljom i znanjem o anatomiji, te ogromnim interesom odredio je koje su pasmine životinja najbolje za ostvarenje određenih ciljeva. Zbog ekonomske situacije u to vrijeme, rastao je interes za uzgojem oplemenjenih životinja. Napredak Bakewella i njegovih sljedbenika s vremenom je postajao sve veći, a rezultati njegovog uzgoja postali su poznati i u drugim zemljama, što je u konačnici osiguralo značajan izvor prihoda Britanskim stočarima.

Prema Lushu, (1943.), korištenje rodovnika ili pedigrea u uzgoju započelo je u ruralnom dijelu Engleske, krajem 18. stoljeća, dok su se općenito evidencije i registri pasmina razvili sredinom 19. stoljeća. Dokle god su uzgajivači djelovali lokalno, privatni zapisi o uzgoju

bili su dovoljni za njihove potrebe i mali genetski napredak. S vremenom i rastom broja uzgajivača, rastao je i broj životinjskih generacija zapisanih u rodovnik. Osim ostvarenja uzgojnih ciljeva, matične knjige osnovane su i sa ciljem prenošenja znanja i prevencije od nesavjesnih trgovaca tijekom trgovine životinjama. Centralne matične knjige utemeljene su u vrijeme značajnog porasta izvozne potražnje. Lush (1943.), navodi da je prva matična knjiga bila „*An Introduction to the General Stud Book*“ za punokrvne konje 1791. godine, u kojoj su zabilježeni rodovnici konja koji su bili pobjednici važnih utrka. Matična knjiga Shorthorn, nastala 1822. godine bila je oblikovana kao primjer suvremenih matičnih knjiga, koje uključuju rodovnike svih životinja uzgojenih u čistoj pasmini. Engleska Hereford matična knjiga objavljena je 1846. godine, a Polled (bezrožna goveda) matična knjiga 1862. godine. Prvu matičnu knjigu svinja objavila je „*American Berkshire Association*“ 1876. godine. U kontinentalnim zemljama Europe, uzgoj i registracija čistih pasmina organizirani su kasnije nego u Britaniji. U Njemačkoj i susjednim zemljama veliki naponi ulagali su se u očuvanje i razvoj prvenstveno uzgoja ovaca, zatim konja i uzgoj goveda. Prve matične knjige sadržavale su samo rodoslovlje i službene odredbe usmjerene na uzgoj u čistoj pasmini, dok se s vremenom matične knjige proširuju sa životinjskim karakteristikama, produktivnosti, konstitucijom, reproduktivnom sposobnošću i životnim vijekom. Uzgojna udruženja upisivala su jedinku po rođenju, privremeno, dok su se u starosti ili nakon smrti upisivali podaci o životnim dostignućima, osvojenim nagradama, ocjenama jedinke itd. Prva organizacija testiranja krava utemeljena je 1892. godine u Danskoj (Lush, 1943.). Osnovno pravilo bilo je da krave za korištenje u budućem rasplodu moraju biti potomci elitnih vrhunskih registriranih bikova, te posjedovati izvanredne individualne performanse. Stavljajući naglasak na čisti uzgoj sljedećih pasmina, Berkshire svinje, holštajn- frizijska i Ayrshire goveda, Hampshire ovce, čije su matične knjige utemeljene u Sjedinjenim Američkim Državama. Registracija peradi nikada nije zaživjela, jer je zbog njihova kratkog životnog vijeka i niske vrijednosti jedinke u to vrijeme bila neisplativa.

Osim u Velikoj Britaniji, velike promjene u stočarskoj proizvodnji odvijale su se i u Španjolskoj. U srednjoj i južnoj Španjolskoj niska naseljenost područja i mala brojnost populacije ljudi odgovarala je uvjetima ekstenzivnog ovčarstva, a niske cijene žitarica do 1750. godine omogućile su povećanja stada, što je rezultiralo povećanjem broja ovaca sa 1.6 miliona 1630. godine, na više od 4 milijuna ovaca 1740. godine (Phillips i Phillips, 1997). Od 18. stoljeća uslijed povećanog izvoza i rasta populacije dolazi do povećanja cijena vune i žitarica, radi čega se produktivnost španjolskog ovčarstva iskazivala s količinom vune po

ovci, ili s dostupnim pašnjacima.

### **2.1.3. Zelena revolucija**

Između 1950. i 1960. godina prošlog stoljeća, trajala je Zelena ili Treća poljoprivredna revolucija. Osim istraživanja tehnoloških transfera i povećanja poljoprivredne proizvodnje u pojedinim dijelovima svijeta, Zelenu revoluciju karakterizira pojava kemijskih gnojiva, agrokemikalija, navodnjavanja, te novije metode kultiviranja, uključujući mehanizaciju. Ključni elementi koje ova revolucija uključuje su: korištenje najnovije tehnologije i kapitalnih ulaganja u farmerski uzgoj životinja i mehanizaciju, prilagodba na moderne znanstvene metode u poljoprivredi, korištenje visokoprinosnih sorti i pasmina, pravilno korištenje kemijskih gnojiva i okrupnjavanje zemljišnih posjeda. Zelena revolucija specifično se odnosi na povećanje prinosa nekoliko vrsta žitarica razvijenih 1960. godine zajedno sa korištenjem pesticida i gnojiva te označava početak revolucije proizvodnje hrane. Znanstvena su istraživanja omogućila neophodne temelje za napredak stočarstva, te donijela znanja o genetici i selekciji najelitnijih rasplodnjaka i plotkinja, njihovoj reprodukciji i dijagnosticiranju bolesti potrebnih za povećanje produktivnosti te hranidbi životinja.

## **2.2. Od ishodišnih oblika do suvremenih hibrida**

Prema Jovanovac (2012.), sve vrste domaćih životinja potječu od divljih predaka od kojih većina još i danas živi (vuk, magarac, divlji konj, koza, ovca, divlja svinja, mačka, kunić, neke vrste peradi i bivol). Izumrli su samo predci goveda i teških pasmina konja. Prema Jovanovac (2012.), divlji predci su zapravo ishodišni oblici i smatraju se primarnim građevnim elementima odnosno genotipovima, od kojih su se tijekom procesa domestikacije postepeno razvijali nasljedni tipovi današnjih vrsta i pasmina. Novija filogenetska istraživanja koja se temelje na primjeni molekularne genetike potvrđuju da su ishodišnim i domesticiranim vrstama neka svojstva još uvijek zajednička.

U navodima Jovanovac (2012.) *Principi uzgoja životinja*, opisane su definicije različitih autora, tako Adametz (1861.- 1941.) drži da je glavna karakteristika domaćih životinja redovito i pravilno razmnožavanje, te oplemenjivanje pod zaštitom čovjeka. S druge strane,

Wilckens (1834.- 1941.) je mišljenja da je glavna značajka definicije domaće životinje pružanje gospodarske koristi čovjeku. Ogrizek (1891.-1970.) vjeruje da su za proces udomaćivanja bile spremne samo one životinje koje su pokazivale plahost i manje divlji temperament u blizini čovjeka. Keller (1848.-1928.) ističe da se domaćim životinjama mogu smatrati sve životinje koje žive u simbiozi sa čovjekom trajno i redovno se razmnožavaju, te čovjeku donose gospodarsku korist. Iz svih navedenih definicija prihvaćena je ona koja kazuje da su domaće životinje sve one koje je čovjek pripitomljavanjem, selekcijom i uzgojem prilagodio svojim potrebama i gospodarskom cilju. Jovanovac (2012.) iznosi da domaće životinje imaju tri glavna obilježja, a to su: trajna privrženost i poslušnost čovjeku, redovno razmnožavanje pod nadzorom čovjeka i posjedovanje svojstava koja su čovjeku korisna s gospodarske strane. Proces domestikacije nije gotov proces nego traje još i danas. Sukladno tome, možemo očekivati povećanje broja domaćih životinja.



Slika 3. Prije i poslije domestikacije

Izvor: <https://www.dailymail.co.uk/sciencetech/article-3459168/From-giant-GM-salmon-buffed-Belgian-Blue-cattle-animals-eat-looked-like-humans-began-breeding-food.html>

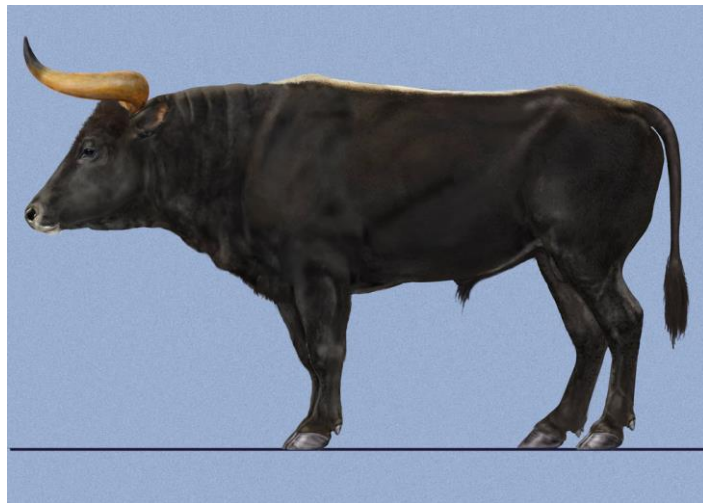
### 2.2.1. Govedo

Goveda pripadaju redu *Artiodactyla*, podredu *Ruminantia*, porodici *Bovinae*, podporodici *Bovidae* (šupljorošci), rodu *Bos* i vrsti *Bos taurus* (Garrick i Ruvinsky, 2014.). Rod sadrži



šest različitih vrsta, koje su bile rasprostranjene u Paleoartiku, Neoartiku i Indomalajskim regijama.

*Bos primigenius* je izumro u divljini, ali u kasnom Pleistocenu prije više od 11.700 godina nastanjivao je područje od Zapadne Europe do Istočne Azije i Indije. Zadnji divlji oblik uginuo je 1627. godine u Jakotrowu u Poljskoj (Garrick i Ruvinsky, 2014.). Prvi domesticirani oblik nastao je u dolini Eufrata i Tigrisa od izvorne podvrste *Bos primigenius primigenius*, oko 8.500 godina prije Krista. Dva domesticirana oblika označena su kao *Bos taurus*- taurino govedo i *Bos indicus*- zebu govedo.



Slika 4. *Bos primigenius primigenius*

Izvor: <https://paleoillustration.tumblr.com/post/52573867947/aurochs-illustrated-by-phantom-in-case-anyone>



Slika 5. *Bos taurus*



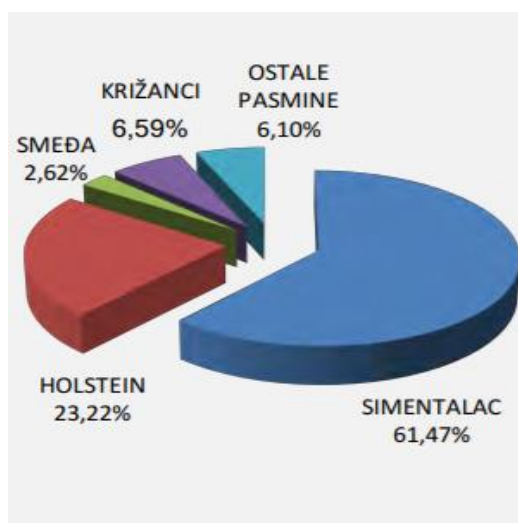
Slika 6. *Bos indicus*

Izvor: <https://www.flickr.com/photos/> Izvor: <http://www.bosindicuscattleco.com.au/>

Domesticirano taurino govedo prvi put se pojavljuje u sjevernim i zapadnim dijelovima Plodne doline u Južnozapadnoj Aziji. Najstariji dokaz domesticiranog taurinog goveda (*Bos taurus*) nađen je na objema stranama Tursko- sirijske granice sjevernoistočno od Aleppa i datira od 8.850- 8.350 godina prije Krista (Ho i Shapiro, 2011; Vigne, 2011; Bollongino i sur., 2012.). Zebu govedo (*Bos indicus*) javlja se u dolini Indusa, odvojenom domestikacijom dviju različitih podvrsta (Fuller, 2006). Prema arheološkim podacima domestikacija zebu goveda počela je 2.000 godina nakon domestikacije taurinog goveda.

Od početka domestikacije prije 8.000 godina goveda su se prilagodila široko rasprostranjenim područjima i višenamjenskim uzgojnim ciljevima. Danas postoji oko 250 pasmina goveda (Caput, 1991.). Razlikujemo mliječne pasmine, korištene za proizvodnju mlijeka, tovne pasmine, korištene za proizvodnju mesa i kombinirane pasmine. Najpoznatije pasmine goveda su: holštajn-frizijsko govedo, Angus, Charolais, crveno švedsko govedo, Hereford, Limousin, simentalsko govedo, siva pasmina, smeđa pasmina itd.

Prema podacima izvješća Hrvatske poljoprivredne agencije (2018.) u Hrvatskoj prevladavaju sljedeće pasmine: simentalska (62%), i holštajn- frizijska pasmina (23%). Najveći udio zauzimaju mliječne i kombinirane pasmine koje čine 85% ukupnog postotka.



Grafički prikaz 1. Pasminski sastav goveda u RH 2018. godine

Izvor: Godišnje izvješće za govedarstvo, Hrvatska poljoprivredna agencija, 2018.

<https://hpa.mps.hr/wp-content/uploads/2019/05/gi-2018-govedarstvo.pdf>

### 2.2.2. Svinja

Prema klasifikaciji svinja pripada razredu *Artiodactyla*, porodici *Suidae*, podredu *Suinae* koji označava svejede odnosno nepreživačke sisavce (Rothschild i Ruvinsky, 2011.). Podred *Suinae* je raznolik i sastoji se od šest rodova sa 18 ili 19 prepoznatih vrsta, ovisno o izvoru informacija. Većina ovih vrsta živi u Južnoistočnoj Aziji, a ostale su raspoređene po Euroaziji, dok je nekoliko vrsta pronađeno i u Africi. Porodica *Suidae* uključuje široko rasprostanjene vrste nepreživača, papkara, poznate kao svinje.

Porodica nastaje u vrijeme Eocena, na Tajladu prije 30-40 tisuća godina, ili kasnije (Ducrocq, 1994.). Prema Pickfordu (1993.,2006.) tijekom Neogena iz porodice svinja razvija se 30 raznolikih rodova. Porodica svinja broji 15 vrsta grupiranih u sljedeće rodove: *Sus* (domesticirane i divlje svinje) nastale u Euroaziji, *Porcula* (pigmejska svinja) nastala u sjevernoj Indiji, *Babirusa* (baborusa), *Potamocheilus* (bush svinja i crvena riječna svinja), *Phacoceros* (pustinjska bradavičasta svinja) i *Hylocheilus* (šumska svinja) (Grubb, 1993.).

Ishodišni oblici domaćih svinja (*Sus scrofa domestica*) poznati su kao *Sus scrofa ferus*-europska divlja svinja i *Sus scrofa vittatus*- azijska divlja svinja (Frantz i sur., 2019.). Prema Van der Made (1999.) i Franzen i sur. (2000.), najraniji fosil *Sus scrofa* u Europi datira iz vremena ranog Pleistocena, prije otprilike 78.000 godina. Današnje vrste postoje u četiri oblika, a to su: domaća svinja, domesticirana poludivlja svinja, feral i divlja svinja (Genov, 2004.). *Sus scrofa* prostire se prirodnim teritorijima na području Europe i Azije. Ove vrste uvedene su u Sjevernu i Južnu Ameriku, Australiju i Oceaniju. Domaća svinja je jedna od najraširenijih vrsta među sisavcima, a *Sus scrofa* je primarni predak domaćih svinja, iako možda uključuje i druge vrste. Broj podvrsta još uvijek nije siguran i ovisi o definiciji podvrste. Moguće je odvojiti najmanje 16 ili više podvrsta.



Slika broj 7. *Sus scrofa ferus*

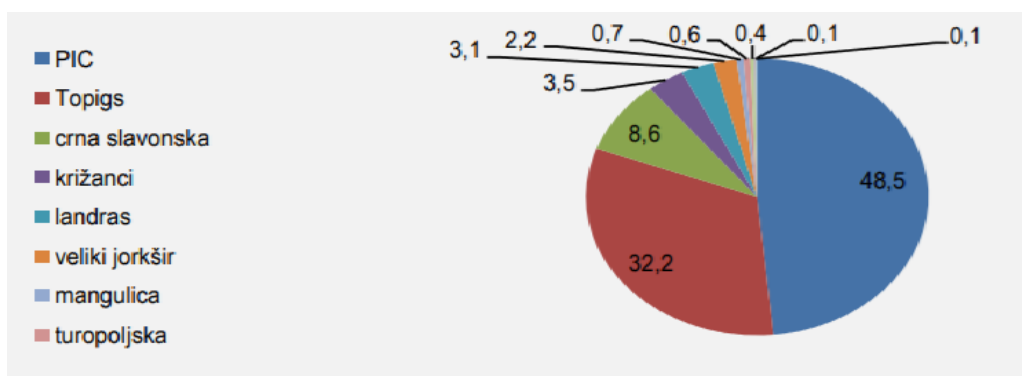
Izvor: <https://pixers.hk/stickers/sus-scrofa-ferus-25289981>



Slika broj 8. *Sus scrofa domestica*

Izvor: <https://www.ivis.org/library/comparative-placentation/domestic-pig-sus-scrofa-domestica>

Pasmine svinja dijele se prema postanku na: primitivne, prijelazne i plemenite. Primitivne pasmine nastale su pod utjecajem prirodne selekcije bez čovjekova utjecaja. Mangulica, turopoljska svinja, bagun i šiška pripadaju primitivnim pasminama svinja. Prijelazne pasmine oplemenjivale su se čovjekovim utjecajem, odabiranjem i križanjem domaćih pasmina. U prijelazne pasmine ubrajamo: crnu slavonsku svinju, berkšira itd. Plemenite pasmine nastale su isključivo pod utjecajem čovjeka, a glavna karakteristika im je visoka produktivnost i plodnost, ali slabija otpornost. Plemenitim pasminama pripadaju: danski landras, švedski landras, njemački i belgijski landras, pietren, hempšir, durok itd. U današnjoj suvremenoj proizvodnji najviše se koriste hibridi. Najpoznatiji hibridi su: Danbred, Hypor, PIC, Segers, Topigs, Norsvin itd..



Grafički prikaz 2. Pasminski udjel krmača u kontroli proizvodnosti u RH, 2019. godine

Izvor: Godišnje izvješće, HPA, Svinjogojstvo, 2019.

<https://hpa.mps.hr/wp-content/uploads/2019/05/gi-2018-svinjogojstvo.pdf>

U grafičkom prikazu 2. prikazan je pasminski udjel krmača u kontroli proizvodnosti, te možemo primjetiti kako su upravo hibridi najzastupljeniji u hrvatskoj svinjogojskoj proizvodnji. Hibridi zauzimaju više od 80% pasminskog udjela.

### 2.2.3. Ovca

Ovce klasificiramo u red *Artiodactyla*, porodicu *Bovidae*, rod *Ovis* i vrstu *Ovis aries* (Linnaeus, 1758.). Mufloni su ishodišni oblici kratkorepih ovaca, te od njega potječu i neki sojevi pramenke.

Od njihove domestikacije, prije 11.000 godina, ovce i koze raširile su se po svijetu. Pokazale su se njihove ekstremne genetske raznolikosti za meso, mlijeko i vunu. Ovce su domesticirane u Južnozapadnoj Aziji, sa Azijskim muflonima koji su ujedno i njihovi predci (Gootwine, 2020.).



Slika broj 9. *Ovis musimon*

Izvor: [https://www.naturephoto-cz.com/ovis-musimon-photo\\_lat-12467.html](https://www.naturephoto-cz.com/ovis-musimon-photo_lat-12467.html)



Slika broj 10. *Ovis aries*

Izvor: [https://www.naturephoto-cz.com/ovis-aries-photo\\_lat-11944.html](https://www.naturephoto-cz.com/ovis-aries-photo_lat-11944.html)

Prema Gootwine (2020.), moderne metode uzgoja ovaca i koza počinju u Europi, u 18. stoljeću, i uključuju definiranje uzgojnih ciljeva, individualnu identifikaciju, praćenje obiteljskog stabla odnosno pedigreea, praćenje performansa i razvoj uzgojnih matičnih knjiga.

Jedan od načina klasifikacije ovaca je prema primarnom ekonomskom cilju. Awassi ovca na Srednjem Istoku uzgajana je za sve vrste proizvodnje, proizvodnju mesa, mlijeka i vune. Neke pasmine, kao što je Romney ovca na Novom Zelandu korištena je za proizvodnju mesa



i vune, dok su se neke pasmine uzgajale karakteristično za jednu proizvodnju, kao što je Texel ovca samo za proizvodnju mesa, Istočna frizijska ovca za mlijeko i Merino ovca za vunu.

Prema Scherfu (2015.), uz pomoć umjetne selekcije razvijeno je 1.155 pasmina ovaca, koje se koriste za različite namjene. Sve pasmine ovaca klasificiraju se prema proizvodnji u kojoj se koriste, a to su: vuna, meso, mlijeko, koža ili kombinirano. Najpoznatije pasmine ovaca su u Hrvatskoj: cigaja, creska ovca, dalmatinska pramenka, dubrovačka ruda, istarska ovca, istočnofrizijska ovca, njemački merino, krčka ovca, kupreška pramenka, lička pramenka, paška ovca i ostale.

#### 2.2.4. Koza

Prema klasifikaciji, koza (*Capra hircus*) se svrstava u red *Artiodactyla*, porodicu *Bovidae*, potporodicu *Caprinae*, rod *Capra* i vrsta *Capra aegagrus* (Linnaeus, 1758.). Koza se razvila od bezoar koze (*Capra aegagrus*)(Gootwine, 2020.).



Slika 11. *Capra aegagrus*



Slika 12. *Capra hircus*

Izvor: <https://pixels.com/featured/wild-goat-capra-aegagrus-11-eyal-bartov.html>

Izvor: [https://commons.wikimedia.org/wiki/File:Capra\\_aegagrus\\_hircus\\_qtl2.jpg](https://commons.wikimedia.org/wiki/File:Capra_aegagrus_hircus_qtl2.jpg)

Koza je jedna od najranije domesticiranih životinja. Mnoge genetske analize potvrđuju arheološke dokaze da je divlja bezoar koza iz planina Zagrosa, jedinstveni predak današnje domesticirane koze. Najraniji ostaci domesticirane koze datiraju iz 10.000 godina prije nove

ere i nađeni su u Iranu. Koze su domesticirane, zajedno sa ovacima, prije otprilike 11.000 godina u Južnozapadnoj Aziji. Rana selekcija uključuje mogućnost uzgoja u zatvorenom prostoru i morfološke promjene u formi roga, veličine tijela i pigmentacije vune ili vlakna. Prema Scherfu (2015.), prirodnom a usporedno i umjetnom selekcijom za morfološka, reproduktivna, bihevioralna i svojstva dobrobiti, zatim miješanjem populacija, inbridingom, genetskim driftom i novim mutacijama, razvijeno je 1.155 pasmina ovaca i 576 pasmina koza.

Gospodarska namjena koza je raznolika. Koriste se za proizvodnju mesa, mlijeka i vlakana. Dije se na pasmine za proizvodnju mesa, pasmine za proizvodnju mlijeka, pasmine za proizvodnju vlakana i kombinirane pasmine. Pasmine za proizvodnju mlijeka koje se mogu izdvojiti su: sanska koza, njemačka bijela koza, alpska koza, njemačka srnasta koza itd. Jedini predstavnik pasmine koza za proizvodnju mesa je Boer ili burska koza. Koze imaju dva sloja dlake, dugu dlaku u vanjskom sloju koji prikriva kraću i kvalitetniju dlaku. Kašmir koze imaju više krzna od ostalih pasmina, dok kod Angora koza podlaka postaje duža i grublja tvoreći dlaku. Stoga se ove dvije pasmine ubrajaju u pasmine za proizvodnju vlakana uz orenburšku i pridonsku kozu.

Prema podacima Hrvatske poljoprivredne agencije (2020.), u Hrvatskoj se uzgaja oko 70.000 koza, a uzgojno- selekcijski rad provodi se na 7.000 grla. Uzgojno- selekcijski rad temelji se na tri inozemne pasmine, a to su: sanska, alpina i burska koza i tri izvorne hrvatske pasmine: hrvatska šarena koza, hrvatska bijela koza i istarska koza.

### **2.2.5. Konj**

Konj je domesticiran prije približno 5.500 godina, nakon psa, goveda, svinja, ovaca i koza (Librado i sur., 2016.). Prema Outram i sur. (2009.), najraniji dokaz domestikacije nađen je prije 5.500 godina na arheološkom nalazištu u Botai (današnjem Kazahstanu). Konji se nisu koristili samo kao izvor mesa i mlijeka, nego su svojom izdržljivošću i brzinom promijenili način ratovanja i putovanja.

Prema klasifikaciji, konj se svrstava u red *Perissodactyla*, porodicu *Equidae*, rod *Equus*, vrstu *Equus caballus* (Linnaeus, 1758.). Kao ishodišni oblici konja navode se mongolski divlji stepski konj, (*Equus ferus pallas*), poznat kao *Equus Przewalski* (po istraživaču koji ga je otkrio) i tarpan (*Equus gmelini*).



Slika 13. *Equus ferus* (Prezelwaski)



Slika 14. *Equus gmelini* (tarpan)

Izvor: <https://www.cms.int/cami/en/species/equus-ferus-przewalskii-0> Izvor: <http://www.theequinest.com/breeds/tarpan/>

Ljudske aktivnosti direktno ili indirektno prouzročile su drastično smanjenje divljih konja. Nakon izumiranja Tarpana 1909. godine koji je nastanjivao Istočnu Europu nekoliko stoljeća ranije, jedini preživjeli divlji rod bio je *Equus Przewalski*, koji je bio ugrožen (Librado i sur., 2016.). Zahvaljujući uspješnim programima za očuvanje vrste, Przewalski konji preživjeli su u zatočeništvu, gdje se od početnog krda sa 12- 16 grla, broj jedinki podigao na 2.000. Prema FAO izvješću (2015.), 87 pasmina konja je već izumrlo, a jedna četvrtina od ostalih 905, bila je u riziku od izumiranja. Domesticirani konji pokazuju velike varijacije u boji dlake.

Porodica *Equidae* pojavila se prije 55 milijuna godina u Sjevernoj Americi, gdje se diverzificirala u nekoliko skupina različitih prema načinu hranjenja. Kasnije, migracijskim procesima dolazi do njihovog proširenja u Južnu Ameriku i Stari Svijet (McFadden, 2005.). Porodica *Equidae* većinski se sastojala od roda *Equus genus* koji se ovisno o taksonomskim klasifikacijama sastoji od 7 do 9 vrsta uključujući zebre, magarce i konje.

Enciklopedija konja navodi da postoji oko 150 pasmina konja, uključujući i drevne pasmine koje više ne postoje, ali se smatraju ishodišnim oblicima mnogih pasmina (Jones, 2016.). Pasmine konja dijelimo na punokrvne, čistokrvne, hladnokrvne i toplokrvne. Ovakva podjela nema veze sa temperaturom krvi što sam naziv sugerira, nego se odnosi na temperament konja. Za hladnokrvne pasmine konja karakterističan je flegmatičan karakter, teške su građe i kao takvi koristili su se za teške radove u polju, dok su toplokrvni konji živahniji, finije građe, te su pogodni za korištenje u konjičkom sportu.



Prema Jovanovac (2012.), pretpostavlja se da zapadnjačke hladnokrvne pasmine konja potječu od *Equus abeli*, *Equus woldrichi*, *Equus mosbachensis*, *Equus sussexbornesis*, koji su živjeli u Pleistocenu. Hladnokrvne pasmine konja su: Shire, Percheron, ardenski konj, belgijski tegleći konj, itd. Autohtone hrvatske pasmine konja su: hrvatski hladnokrvnjak, međimurski konj i hrvatski posavac koji također pripadaju hladnokrvnim pasminama konja. U Hrvatskoj, postoji jedna pasmina konja koja ne pripada autohtonim pasminama konja, nego se vodi kao zaštićena pasmina, a to je lipicanac koji se ubraja u toplokrvne pasmine konja. Toplokrvne pasmine konja su: lipicanac, alkhatekinac, andaluzijac, angloarap, oldenburg, hanoveranac, Holstein, KWPN, orlov kasač, Appalosa, trakener, slovački toplokrvnjak, njemački toplokrvnjak, arap i ostali.

Kako bi se istaknule razlike u vanjskom izgledu i građi između pasmina, u nastavku rada prikazane su slike za usporedbu. Slika 15. prikazuje hrvatskog posavca, kao predstavnika hladnokrvne i naše autohtone pasmine, a slika 16. toplokrvnu, hanoveransku pasminu.



Slika 15. Hrvatski posavac

Izvor: <http://www.sshp.hr/karakteristike-konja-hrvatski-posavac/>



Slika 16. Hanoveranac

Izvor: <https://lt.farmforage.com/7731-hannover-horse-breed.html>

### 2.2.6. Kokoš

Kokoš se klasificira u razred *Aves* (ptice), red *Galliformes*, porodicu *Phasianidae*, rod *Gallus* i vrstu *Gallus gallus* (Linnaeus, 1758.).

Stvaranje visoko produktivnih pilića brojlera (za proizvodnju mesa) i kokoši nesilica (za proizvodnju jaja) omogućilo je uvođenje životinjskih proteina u svakodnevnu prehranu ljudi,

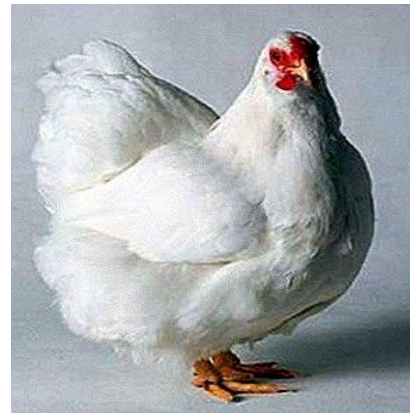
a time se značajno unaprijedila svjetska ekonomija. Meso peradi i proizvodnja jaja preuzeli su veći dio potrošnje proteina dobivenih iz životinjskog mesa (Athrey, 2020.). Prema Athreyevom radu, *Poultry genetics and breeding* (2020.), godine 1960. potrošnja mesa peradi po stanovniku u SAD- u bila je 10 kg, dok je 2020. godine potrošnja porasla na više od 50 kg po stanovniku. Svjetska proizvodnja mesa peradi 1960. godine bila je 8,92 miliona tona, dok se 2013. godine podigla na 109,02 miliona tona. Ako uključimo pure, patke i guske, proizvodnja i potrošnja povećavaju navedeni iznos za 7 miliona tona. Od 2018. godine više od 90% svjetske proizvodnje jaja dolazi od nesilica. Izvedba navedenih promjena rezultat je visokog razvoja i strukturirane prirode moderne peradarske proizvodnje. Stalno poboljšanje proizvodnje pasmina temeljenih na genetskoj selekciji rezultiralo je sa više od 85% financijskog uspjeha, ako promatramo brojere i nesilice. Komercijalna proizvodnja brojlera i nesilica počela je tijekom prošlog stoljeća. Od komercijalne proizvodnje brojlera, 1930. godine, nastali su hibridi, Barred Plymouth Rocks, Rhode Island i Red Croos (Athrey, 2020.). Današnji hibridi rastu brzo i životni vijek im je kratak (7-8 tjedana), sve dok njihove noge nisu u mogućnosti nositi težinu njihova tijela, zbog čega se javljaju i ozbiljni metabolički problemi. Kod kokoši nesilica izraženi su poremećaji u ponašanju, kao što su kanibalizam i agresivnost, što uzrokuje visoku stopa mortaliteta. Strategija uzgoja mora biti precizno definirana, uzimajući u obzir mnogobrojne čimbenike uključujući ponašanje i dobrobit životinja, što ovisi o različitim okolinama uzgoja (Arthey, 2020.).

Danas, peradarsku proizvodnju u Republici Hrvatskoj karakterizira visok stupanj industrijalizacije. Visoku proizvodnju mesa i jaja u velikim peradarskim sustavima omogućuju visoki genetski potencijali peradi. Suvremena proizvodnja temelji se na proizvodnji hibrida kao što su: Anak, Arbor Acres, Cobb, Ross, Hubbard, Hybro, Isa Brown, Lohman i dr.. Kokoš hrvatica je hrvatska autohtona pasmina, koja pripada kombiniranim pasminama kokoši. Pasmine kokoši dijele se na: ukrasne i patuljaste pasmine, borbe, lake pasmine, teške i kombinirane.



Slika 17. Kokoš hrvatica

Izvor: <https://gospodarski.hr/rubrike/domace-i-fino-opet-u-trendu-koka-hrvatica/>



Slika 18. Ross

Izvor: <https://hr.besthomemaster.com/4162276-708>

### 2.3. Genetska raznolikost

Domestikacija životinja bila je od esencijalne važnosti za demografski i kulturni razvoj čovječanstva. Tijekom kasnije povijesti i razvojem novih pasmina domaćih životinja, glavne evolucijske snage mutacije, selektivnog uzgoja, prilagodbe i drifta stvorili su ogromnu raznolikost lokalnih populacija. Groeneveld i sur. (2010.) ističu kako su ove promjene u prošlom stoljeću kulminirale formiranjem mnogih precizno definiranih pasmina korištenim u raznim svrhama sa različitom učinkovitosti. Tijekom prošlog desetljeća, razvijeni su iznimno učinkoviti selekcijski programi koji su ubrzali genetsko poboljšanje brojnih pasmina. Umjetno osjemenjivanje i embrio transferi olakšali su širenje genetskog materijala (Groeneveld i sur., 2010.). Visoko produktivne pasmine zamijenile su lokalne diljem svijeta. FAO (2007.) ističe da ovakav razvoj dovodi do nepoželjnih posljedica, odnosno erozije genetskih resursa dok genetska raznolikost niskoproduktivnih pasmina otežava očuvanje budućih uzgojnih ciljeva. Učinkoviti menadžment genetskih resursa domaćih životinja zahtjeva opširno poznavanje pasminskih karakteristika, uključujući podatke o veličini populacije, strukturi populacija, zemljopisnoj rasprostranjenosti i okolišu uzgoja pasmina. Skup ovih podataka predstavlja kompletnu sliku bioraznolikosti između pasmina i olakšava uspostavu učinkovitog menadžmenta (Groeneveld, 2010.). Ovi ciljevi usvojeni su u jednoj od četiri strategija, *Strategic Priority Areas of the Global Plan of Action for Animal Genetic Resources* priznatih u 109 zemalja na prvoj međunarodnoj tehničkoj konferenciji animalnih genetskih resursa u Interlakenu u Švicarskoj 2007. godine, te potvrđena na FAO konferenciji

iste godine. Na sekciji o genetskoj karakterizaciji domaćih životinja sažeto su izložena trenutna znanja vezana uz procese domestikacije i raznovrsnosti pasmina na svjetskoj i lokalnoj razini za goveda, vodene bivole, ovce, koze, konje, svinje, deve, jakove i kokoši.

Prema Groeneveld i sur. (2010.), podaci o veličini populacije osnovni su za procjenu rizičnih statusa pasmina, te su ovisni o nekoliko faktora. Prvi je povezivanje veličine i strukture populacije, dok se drugi odnosi na sadašnje i predviđanje budućih uzgojnih okolnosti populacija. Proces nadziranja i praćenja trendova veličine populacija i njihovih struktura ograničeni su nedostatkom redovitih ažuriranja prikupljenih podataka.

Također, do nedavno nedostupni, a danas cjenovno prihvatljivi molekularni podaci generirali su dodatne informacije iz povijesti uzgoja individualnih pasmina. Glavna odrednica genetske konstitucije pasmine je njezin stupanj izolacije od drugih pasmina kao i moguće povišeni stupanj inbridinga.

Prema Groeneveld i sur. (2010.), postoji nekoliko baza koje redovito prikupljaju podatke, a to su: GenBank (National Center for Biotechnology Information), EMBL- Bank (European Molecular Biology Laboratory Bank) i DDBJ (DNA Databank of Japan). Za evidenciju jedinki domaćih životinja koriste se tri baze podataka, a to su: AVIANDIV za kokoši, CaDBase za goveda i PigDBase za svinje.

## **2.4. Pristupi u istraživanju genetske raznolikosti**

Prema Anderssonu i Georgesu (2014.), komparativna analiza genoma različitih domesticiranih vrsta jedna je od najučinkovitijih načina analize genetske i fenotipske varijabilnosti. Visoku pozornost za proučavanje privukli su različiti fenotipovi te ograničena genetska varijabilnost među pasminama. Napredak u mapiranju gena i identifikaciji otežao je nedostatak genomskih resursa domesticiranih životinja u usporedbi sa drugim vrstama kao što je čovjek. No, radom i detaljnim proučavanjem, dolazi do razvoja, a samim time i do završetka analize genomskih sekvenci značajnih domaćih životinja. Otkrivanje kompletnih kodova sekvenci, njihove kromosomske lokacije, broja genetskih markera, te mogućnost analiza istih unaprijedilo je genetska saznanja životinja. Napredak u razvoju i istraživanju genetike dovodi do mogućnosti iskorištavanja punog genetskog potencijala domaćih životinja.

Prirodna selekcija je fenomen u kojemu jedinke specifičnog genotipa posjeduju različite

sposobnosti koje će se prenositi na sljedeće generacije (Falconer i Mackay, 1996.). Odgovorom na okolišne pritiske i djelovanjem na promjenu frekvencije alela i genotipa, prirodna selekcija može djelovati u pozitivnom ili negativnom smjeru, ili biti u ravnoteži. Pozitivna selekcija ukazuje na nastanak nove mutacije, koja je korisna u selekciji radi čega se povećava učestalost tih mutacija u populaciji (Kaplan i sur. 1989.). U negativnoj selekciji pojavljuju se nepovoljne mutacije u populaciji čije se frekvencije smanjuju te se na taj način održava genetska ravnoteža (Charlesworth i sur., 1993.). Uravnotežena selekcija vodi do povećanja genetske varijabilnosti, te je kao takva poželjna (de Simoni Gouviela i sur. 2014.).

Selekcijske oznake mogu biti „jake“, „slabe“, djelomične i cjelovite ovisno o podrijetlu, tipu i učestalosti mutacija. Kada su selekcijske oznake „jake“ učestalost korisnih mutacija ubrzano raste, s vremenom postaju stalne u populaciji, te se smanjuje genetska raznolikost populacije (Saravanan i sur., 2020.). „Slabe“ selekcijske oznake djeluju značajno slabijim intenzitetom, manje utječu na smanjenje genetske varijabilnosti te ih je značajno teže utvrditi. One mogu nastati djelovanjem uslijed jedne ili više korisnih mutacija.

Tijekom 1960-ih godina razvijeno je nekoliko testova za istraživanje genetske raznolikosti, kao što su  $D_N/D_S$ , Hundson Kreitman Aguande (HKA) test, McDonald Kreitman test (MKT) koji su bazirani na usporedbi uzroka supstitucije i odstupanja gena na razini vrste (Goldman i Yang, 1994.; Nielsen, 2005.).  $D_N/D_S$  pokazuje omjer stope supstitucije na sinonimnim mjestima (Goldman, Yang, 1994). Omjer veći od 1 označava pozitivnu, dok omjer manji od 1 označava negativnu selekciju. Selekcija sa omjerom jednakim 1 označava neutralnu selekciju. Pristup se koristi za klasifikaciju selekcijskih događaja iz daleke prošlosti, a prezentira se mikroevolucijskim obrascima koji nastaju kao rezultat različitosti selekcije među vrstama (Kryazhimskiy i Plotkin, 2008.). MKT test se u početku koristio za detekciju traga adaptivne molekularne evolucije između vrsta baziranoj na različitosti nukleotida (McDonald i Kreitman, 1991.), ali se napretkom razvio u napredni multilokus MKT test za usporedbu različitosti nukleotida na različitim mjestima DNA unutar vrste (Egea i sur., 2008.).

Korištenje selekcijskih pristupa ovisi o metodama selekcije na razini populacije. Fokus tradicionalne genetike populacije usmjeren je na usporedbu određenog skupa genetskih markera unutar i između populacija, za koje se koriste brojni statistički ili eksperimentalni modeli. Za istraživanje genetske raznolikosti među populacijama ključan je napredak u sekvencioniranju i SNP genotipskim tehnologijama koji zapravo dovodi do mogućnosti skeniranja cijelog genoma.

### 2.4.1 Genetski markeri i metode utvrđivanja genetske raznolikosti

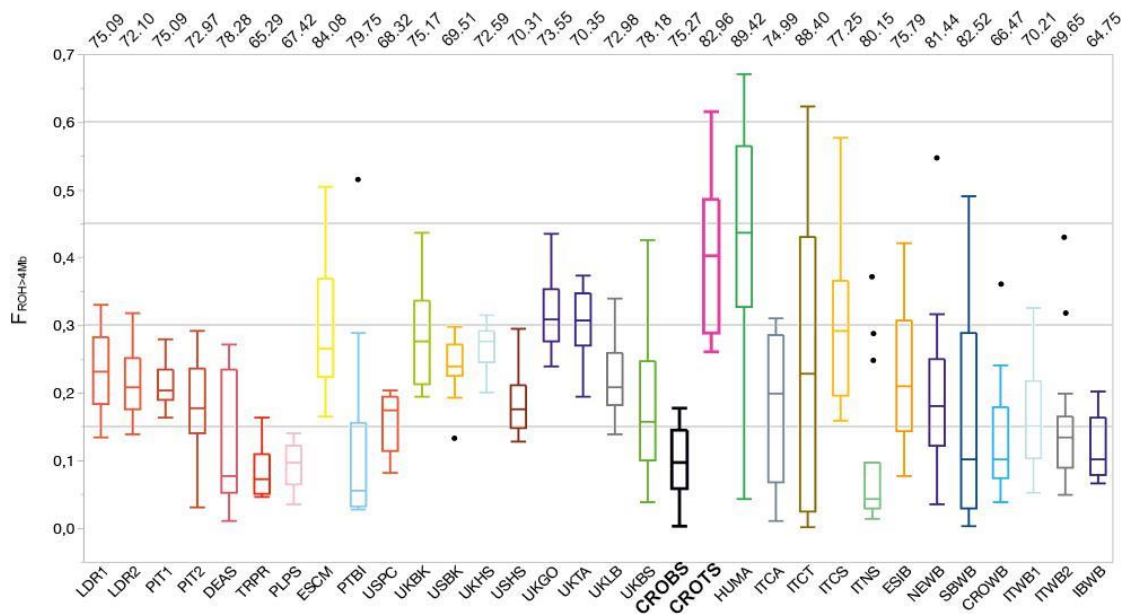
Različite statističke metode razvijene su za identifikaciju selekcijskih oznaka koristeći sekvence DNA ili SNP genotipske podatke u populacijama domaćih životinja (Saravanan i sur., 2020.). Metode se dijele u dvije grupe, statistiku unutar populacije i statistiku između populacije. Statistika unutar populacije, kao što joj i ime govori, odvija se unutar populacije, te traži tragove selekcije usporedbom genomskih podataka. Obuhvaća tri metode, metoda koja se temelji na varijabilnosti pojedinog mjesta sekvence (od engl. Site frequency spectrum; SFS), povezanosti uslijed bliskosti (od engl. Linkage disequilibrium ili LD) i smanjenoj lokalnoj varijabilnosti (Weigand i Leese, 2018.). Statistika između populacije oslanja se na stupanj razlike uslijed frekvencije alela specifičnog lokusa (Zhao i sur., 2015).

Metode bazirane na varijabilnosti pojedinog mjesta sekvence (SFS) temelje se na distribuciji frekvencije alela u populaciji (Achaz, 2009.; Ronen i sur., 2013.). Seleksijske oznake predstavljaju povećanje broja alela visoke ili niske frekvencije i smanjenje broja alela srednje frekvencije (Achaz, 2009.). Ispitivanje neutralnosti zasnovano na frekvenciji alela uključuje Tajima D (Tajima, 1989), Fay i Wuov H statistiku (Fay i Wu, 2000.) i CLR test (Lindsay, 1988.). Klasični Tajima D test (Tajima, 1989.) služi za usporedbu razlike između prosjeka broja različitih nukleotida i broja segregirajućih mjesta procijenjenih iz podataka o polimorfizmima (Carlson i sur., 2005.). Pozitivna selekcija (ili seleksijske oznake) znači da će mutacije koje smanjuju heterozigotnost biti rijetke, time će D vrijednost biti negativna, i obrnuto (Tajima, 1989.). CLR test služi za statističku ocjenu asimetričnosti frekvencije spektra alela preko višestrukih lokusa, te uključuje rekombinaciju stope diferencijacije selekcije (Nielsen, 2005.). Temelji se na hipotetskom testiranju koje uspoređuje neutralni spektar mjesta frekvencije sa modelom selekcijskih oznaka (Chen i sur., 2018.). Osjetljiv je pri otkrivanju signala pozitivne selekcije preko višestrukih mjesta u populaciji (Williamson i sur., 2007.).

Seleksijske oznake temeljene na LD-u uzimaju u obzir duge homozigotne regije s visoko učestalim haplotipovima (Sabeti i sur., 2002.). Metode temeljene na LD-u posebno su korisne u otkrivanju varijanti pod djelomičnim ili „slabim“ selekcijskim oznakama. Sabeti i sur., (2002.) predložili su metodu proširene haplotipske homozigotnosti (EEH) koja se temelji na LD-u za otkivanje selekcijskih oznaka unutar populacije. EEH označava vjerojatnost da par kromosoma nosi homozigotne izvorne haplotipove. Metoda relativno proširene haplotipske homozigotnosti (rEHH) koristi se za identifikaciju područja na

kromosomu koja su nedavno prošla pozitivnu selekciju, te ne zahtijevaju opis ancestralnog alela. Kao nastavak EHH testa Voight i sur., (2006.) razvili su integrirani haplotipni zbir (iHS). iHS je razvijen uključivanjem rekombinacijske udaljenosti u statistički parametar. Integrirani rezultat haplotipa služi za mjerenje neuobičajenosti haplotipova oko pojedinog SNPa u usporedbi sa cijelim genomom (Voight i sur., 2006.). Moguće je dobiti ekstremno negativne vrijednosti ( $iHS < -2$ ) koje ukazuju na proširenije haplotipe oko deriviranih alela u usporedbi s haplotipovima povezanih s ancestralnim alelima, dok ekstremno pozitivne vrijednosti ( $iHS > 2$ ) sugeriraju da je ancestralni alel „pometen“ u populaciji (Weigand i Leese, 2018.). Za razliku od SFS metoda, ova metoda zahtjeva „fazirane“ haplotipove, rekombinacijsku mapu, genomski položaj i informacije o ancestralnim alelima za svaki SNP. Ova metoda koristi se za otkrivanje selekcijskih oznaka kada su selektirani aleli srednjih frekvencija. U iHS metodi utjecaj demografskih čimbenika je minimalan te je vjerojatnost pojave lažno pozitivnih rezultata manja nego u rEEH metodi (Voight i sur., 2006.).

Metode bazirane na smanjenju lokalne varijabilnosti usmjerene su identifikaciji genomskih područja smanjene varijabilnosti u odnosu na genomski prosjek. Uključuje metode kao što su regije s visokim udjelom homozigotnosti (od engl. Runs of homozigosity; ROH) (McQuillan i sur., 2008.). ROH su duge regije neprekinutog homozigotnog genotipa koje se pojavljuju unutar jedinke kada dva haplotipa dijele nedavne zajedničke predke (Rebelato i sur., 2018.). Ima značajnu ulogu u korištenju za izračun genomskog inbridinga, strukturu populacije i demografsku povijest populacije (Curik i sur., 2014.). Mogu se koristiti i za identifikaciju selekcijskih oznaka jedinki koje su prošle kroz selekcijske procese tijekom povijesti (Rebelato i sur., 2018.).



Slika 19. Raspodjela koeficijenta inbridinga ROH za odabrane 32 populacije domaćih i divljih svinja

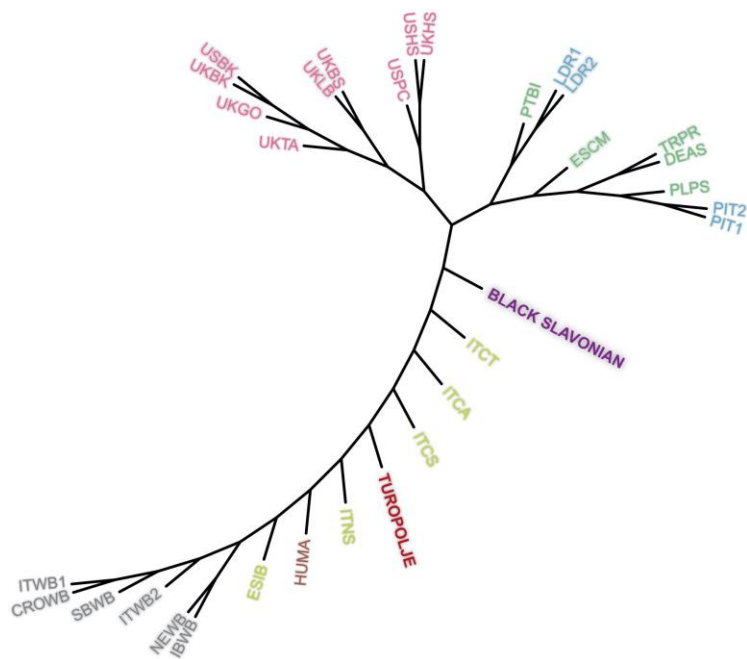
Izvor: [https://www.frontiersin.org/files/Articles/470316/fgene-11-00261-HTML/image\\_m/fgene-11-00261-g003.jpg](https://www.frontiersin.org/files/Articles/470316/fgene-11-00261-HTML/image_m/fgene-11-00261-g003.jpg)

Metode na temelju razlika u frekvencijama pojedinog lokusa uključuju fiksacijski indeks  $F_{ST}$  (Wright, 1949.) i FLK (Bonhomme i sur., 2010) parametrijski test. Fiksacijski indeks ( $F_{ST}$ ) mjeri različitost frekvencija alela između populacija (Wright, 1949.). Vrijednosti fiksacijskog indeksa su u rasponu između 0 i 1. Pozitivna selekcija podrazumijeva visoku različitost alela između populacija na određenom lokusu, dok niska vrijednost  $F_{ST}$  podrazumijeva negativnu selekciju (Zhao i sur., 2015.). Wrightov fiksacijski indeks pretpostavlja beskonačno veliku populaciju, stoga se u izračunima ovog parametra na malim uzorcima može doći do precjenjivanja  $F_{ST}$  vrijednosti. Viša gustoća SNP čipa ili ukupan broj utvrđenih SNP genotipova povećava učinkovitost utvrđivanja genetske različitosti čak i u malim uzorcima. FLK je zapravo primjena originalnog LK (od engl. Likelihood test) statističkog testa (Lewontin i Krakauer, 1973.) koji uspoređuje stvarne i očekivane varijance  $F_{ST}$  procijenjenih iz podataka te kroz omjer varijanci uz pretpostavku neutralnosti. FLK koristi filogenetsku procjenu matrice srodstva populacije (F matrica) i uključuje dinamične promjene u efektivnoj veličini populacije kao i hijerarhijsko grananje (Bonhomme i sur., 2010.). FLK je poznat kao snažan parametrijski test koji vrlo jednostavno pokazuje genetsku



raznolikost koristeći genotipske podatke između populacija.

Hijerarhijska struktura populacije može se izračunati korištenjem Reynoldsove genetske udaljenosti (Reynolds i sur., 1938.) između populacija. Reynoldsova udaljenost između populacija računa se za svaki SNP i prosječne vrijednosti cijelog genoma te zatim pretvara u matricu srodstva.



Slika 20. Stablo Reynoldsove genetske udaljenosti za odabrane 32 populacije svinja i divljih svinja

Izvor: [https://www.frontiersin.org/files/Articles/470316/fgene-11-00261-HTML/image\\_m/fgene-11-00261-g004.jpg](https://www.frontiersin.org/files/Articles/470316/fgene-11-00261-HTML/image_m/fgene-11-00261-g004.jpg)

Korištenjem metoda za utvrđivanje genetske raznolikosti razvijeni su programi za analizu podataka. Neki od programa koji su djelomično razvijeni za pretvorbu podataka su: PDG Spider (Lischer i Excoffier, 2012.) koji su u mogućnosti upravljati širenjem raspona ulaznih i izlaznih formata. Za opću kontrolu kvalitete i filtriranje SNP podataka mogu se koristiti softverski programi kao što su: PLINK, SNPQC, JMP Genomics, SNP and variation suite (SVS) i VCFtools (Saravanan, 2020.). Za metode kao što su iHS, XP-EEH i LRH potrebni su programi koji traže umetanje genotipske i haplotipske faze koja nedostaje. Odgovarajući programi za ove metode su: Beagle, IMPUTE2, fastPHASE i ALPHAPHASE (Nicolazzi i sur 2015.)

### 3. ZAKLJUČAK

Domestikacija je proces koji je započeo još prije 12.000 godina, no još uvijek nije završen. Proces domestikacije životinja odigrao je bitnu ulogu i u životu ljudi. Definicija domestikacije, sažeto rečeno je proces pretvorbe divljih u domaće životinje. Domestikacijom su životinje promijenile svoje ponašanje, što je direktno utjecalo na početak njihova života u zajednici s ljudima. Prva domesticirana životinja bio je pas, prije 12.000 godina.

Početak domestikacije životinja veže se uz Prvu poljoprivrednu ili Neolitsku revoluciju, o kojoj postoji mnoštvo arheoloških i suvremenih genetskih istraživanja. Glavna značajka ove revolucije bila je prijelaz s lova i skupljanja hrane na poljoprivredu, čime se promijenio način života. U središtu domestikacije životinja, osim psa koji je prvi domesticiran, bile su ovce, koze i krave. Drugom poljoprivrednom ili Britanskom revolucijom zabilježen je porast poljoprivredne proizvodnje u Britaniji uz povećanje rada i produktivnosti zemlje. Radom Roberta Bakewella i Tomasa Cokea selekcijski uzgoj uveden je u znanstvene discipline. Robert Bakewell stvorio je okvir za suvremeni model uzgoja životinja, te se smatra utemeljiteljem uzgoja životinja. Slijedio je svoje stajalište o tome kako je inbriding učinkovit alat za proizvodnju i poboljšanje pasmina, što se pokazalo vrlo uspješnim. Zelena revolucija ili Treća poljoprivredna revolucija uključuje korištenje najnovije tehnologije i kapitalnih ulaganja u farmerski uzgoj životinja i mehanizaciju, moderne znanstvene metode u poljoprivredi, korištenje visokoprinosnih sorti i pasmina, pravilno korištenje kemijskih gnojiva i okrupnjivanje zemljišnih posjeda.

Svaka domaća životinja potječe od svog divljeg pretka koji su zapravo njihovi ishodišni oblici i kao takvi se smatraju primarnim građevnim elementom, odnosno genotipovima, od kojih su se postupno razvile pasmine suvremenih vrsta. Zahvaljujući radu stručnjaka i znanstvenika danas imamo veliki broj pasmina životinja. Selekcijom su nastale suvremene pasmine domaćih životinja, a samim time došlo je do unaprjeđenja njihovih proizvodnih svojstava. Razvojem selekcijskih programa ubrzano je genetsko poboljšanje brojnih pasmina, dok je umjetnim osjemenjivanjem i embrio transferima omogućeno širenje genetskih materijala značajno brže nego do tada. Upravo zbog toga danas imamo veliki broj visoko produktivnih pasmina.

Visokoproduktivne pasmine postale su najpoželjnije u uzgojnom smislu. Time se smanjila zastupljenost lokalnih pasmina, odnosno pasmina sa slabijim proizvodnim sposobnostima. Selekcijom su oplemenjena svojstva domaćih životinja, te je povećan stupanj proizvodnosti,

no još uvijek postoje i niskoproduktivne pasmine koje ne posjeduju sve najpoželjnije karakteristike, a bitne su u očuvanju genetske raznolikosti. Važno je očuvati pasmine koje se trenutno nalaze u opasnosti od izumiranja, te su programi očuvanja i pomoć od države neophodni za njihov daljnji opstanak.

Posljedično svemu navedenom, u današnje vrijeme, prisutna je pojava erozije genetskih resursa, stoga je genetsku raznolikost nisko produktivnih pasmina važno očuvati primjenom najsuvremenijih pristupa i alata genetike i genomike.

#### 4. POPIS LITERATURE

Knjige:

1. Caput, P. (1991.): Govedarstvo. Celeber d.o.o., Zagreb.
2. Darwin, C. (1859.): On the Origin of Species by Means of Natural Selection. Murray, London.
3. Darwin, C. (1868.): The Variation of Animals and Plants under Domestication. Murray, London.
4. Falconer, D.S. i Mackay, T.F.C. (1996.): Introduction to Quantitative Genetics. Longman, Essex.
5. Garrick, D.J. i Ruvinsky, A. (2014.): The Genetics of Cattle. CABI, Oxfordshire.
6. Giridhar, A. (2020.): Poultry genetics and breeding. U: Bazer, F., Lamb, C. i Wu, G. (ur.) Animal Agriculture. Academic Press. Cambridge, 317-331.
7. Gootwine, E. (2020.): Genetics and breeding of sheep and goats. U: Bazer, F., Lamb, C. i Wu, G. (ur.) Animal Agriculture. Academic Press. Cambridge, 183-198.
8. Grubb, P. (1993): Order Artiodactyla. U: Wilson, D.E. i Reeder, D.M. (ur.) Mammalian Species of the World: a taxonomic and geographic reference. Smithsonian Institution Press, Washington, DC, 374–414.
9. Hartley Edwards, E. (2016.): The Horse Encyclopedia. DK, London.
10. Jovanovac, S. (2012.): Principi uzgoja životinja. Sveučilište Josipa Jurja Strossmayera u Osijeku, Osijek.
11. Linnæus, C. (1758.): Systema naturæ per regna tria naturæ, secundum classes, ordines, genera, species, cum characteribus, differentiis, synonymis, locis. Tomus I. Editio decima, reformata. Holmiæ. Salvii L.
12. Lush, J.L. (1943.): Animal Breeding Plans. Copy Right by Iowa State Collage Press, Iowa.
13. Oldenbroek, K. i van der Waaij, L. (2015.): Textbook of animal breeding and genetics for BSC students. Centre for genetic resources the Netherlands and Animal Breeding and Genomics Centre, Wageningen. Dostupno na:  
(<https://wiki.groenkennisnet.nl/display/TAB/Chapter+1.3+Domestication+and+animal+breeding>). Pristupljeno 02.07.2021.
14. Rothshild, M. i Ruvinsky, A. (2011.): The genetics of the Pig. University of New England, Australia.

15. Schmidt – Nielson, K. (1964.): *Desert Animals*. Clarendon Press, Oxford.
16. Simpson, J. (2004.): European farmers and the British 'agricultural revolution'. U: Simpson, J. I Escosura, L. (ur.) *Exceptionalism and industrialisation Britain and its European Rivals*. Cambridge University Press. Cambridge, 69-85.
17. Zeuner, F.E. (1963.): *A history of domesticated animals*. Hutchinson, London.

Znanstveni članci:

1. Achaz, G. (2009.): Frequency Spectrum Neutrality Tests: One for All and All for One. *Genetics*, 183:249–258.
2. Andersson, L. (2001.): Genetic Dissection of phenotypic diversity in farm animals. *Genetics*, 2:132-138.
3. Andersson, L. i Georges, M. (2004.): Domestic-animal genomics deciphering the genetics of complex traits. *Genetics*, 5:202-2012.
4. Bollongino, R., Burger, J., Powell, A., Mashkour, M., Vigne, J.D. i Thomas, M.G. (2012.): Modern taurine cattle descended from small number of Near-Eastern founders. *Molecular Biology and Evolution*, 29:2101–2104.
5. Bonhomme, M., Chevalet, C., Servin, B., Boitard, S., Abdallah, J., Blott, S. i sur. (2010.): Detecting Selection in Population Trees: The Lewontin and Krakauer Test Extended. *Genetics*, 186:241–262.
6. Carlson, C.S. (2005.): Genomic regions exhibiting positive selection identified from dense genotype data. *Genome Res.*, 15:1553–1565.
7. Charlesworth, B., Morgan, M.T. i Charlesworth, D. (1993.): The effect of deleterious mutations on neutral molecular variation. *Genetics*, 134:1289-1303.
8. Chen, M., Wang, J., Wang, Y., Wu, Y., Fu, J. i Liu, J. (2018.): Genome-wide detection of selection signatures in Chinese indigenous Laiwu pigs revealed candidate genes regulating fat deposition in muscle. *BMC Genet*, 19:31.
9. Curik, I., Ferenčaković, M. i Sölkner, J. (2014.): Inbreeding and runs of homozygosity: A possible solution to an old problem. *Liv. Sci*, 166:26–34.
10. de Simoni Gouveia, J.J., da Silva, M.V.G.B., Paiva, S.R. i de Oliveir, S.M.P. (2014.): Identification of selection signatures in livestock species. *Genetics and Molecular Biology*, 37(2):330-342.
11. Ducrocq, S. (1994.): An Eocene peccary from Thailand and the biogeographical origins of the artiodactyl family Tayassuidae. *Palaeontology*, 37:765–779.

12. Egea, R., Casillas, S. i Barbadilla, A. (2008.): Standard and generalized McDonald-Kreitman test: a website to detect selection by comparing different classes of DNA sites. *Nucleic Acids Res*, 36:W157–W162.
13. FAO (2015.): The Second Report on the State of the World's Animal Genetic Resources for Food and Agriculture. (ur.) Scherf, B.D. i Pilling, D. FAO Commission on Genetic Resources for Food and Agriculture Assessments, Rome. Dostupno na: (<http://www.fao.org/3/a-i4787e/index.html>.) Pristupljeno 01.09.2021.
14. FAO. (2007.): Global Plan of Action for Animal Genetic Resources and the Interlaken Declaration. Dostupno na: (<http://www.fao.org/docrep/010/a1404e/a1404e00.HTM>.) Pristupljeno 01.09.2021.
15. Fay, J.C. i Wu, C.I. (2000.): Hitchhiking under positive Darwinian selection. *Genetics*, 155:1405–1413.
16. Frantz, L., Bradley, D. G., Larson, G. i Orlando, L. (2020.): Animal domestication in the era of ancient genomics. *Nature reviews. Genetics*, 21(8):449–460.
17. Frantz, L., Haile, J., Lin, A. T., Scheu, A., Geörg, C., Benecke, N. i sur. (2019.): Ancient pigs reveal a near-complete genomic turnover following their introduction to Europe. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 116(35):17231–17238.
18. Franzen, J.L., Gliozzi, E., Jellinek, T., Scholger, R. and Weidenfeller, M. (2000.): Die spätaltpleistozäne Fossilagerstätte Dorn-Dürkheim 3 und ihre Bedeutung für die Rekonstruktion der Entwicklung des rheinischen Flußsystems [The late early Pleistocene fossil lagerstaette(n?) Dorn-Dürkheim 3 and its significance for reconstructing the development of the Rhenish fluvial system]. *Senckenbergiana Lethaea*, 80:305–353.
19. Fuller, D.Q. (2006.): Agricultural origins and frontiers in South Asia: a working synthesis. *World Prehistory*, 20:1–86.
- Genov, P.V. (2004.): Craniometric characteristics of the subgenus *Sus* Linnaeus, 1758 and a systematic conclusion. *Galemys*, 16:9–23.
20. Goldman, N. i Yang, Z. (1994.): A codon-based model of nucleotide substitution for protein-coding DNA sequences. *Mol. Biol. Evol.*, 11:725–736.
21. Groeneveld, L.F., Lenstra, J.A., Eding, H., Toro, M.A., Scherf, B., Pilling, D. i sur. (2010.): Genetic diversity in farm animals – a review. *Animal Genetics*, 41(1):6-13.
22. Harris, E.E. i Meyer, D. (2006.): The molecular signature of selection underlying human adaptations. *Am J Phys Anthropol*, 131(S43):89-130.

23. Ho, S.Y. i Shapiro, B. (2011.): Skyline-plot methods for estimating demographic history from nucleotide sequences. *Molecular Ecology Resources*, 11:423–434.
24. Hole, F. (1984.). A reassessment of the neolithic revolution. *Paleorient*, 10(2):49-60.
25. Kaplan, N.L., Hudson, R.R. i Langley, C.H. (1989.): The “Hitchhiking Effect” revisited. *Genetics*, 123:887-899.
26. Kryazhimskiy, S. i Plotkin, J.B. (2008.): The population genetics of dN/dS. *PLoS Genet*, 4:e1000304.
27. Larson, G. i Fuller, D.Q. (2014.): The Evolution of Animal Domestication. *Annu. Rev. Ecol. Evol. Syst.*, 45:115-136.
28. Lewontin, R.C. i Krakauer, J. (1973.): Distribution of gene frequency as a test of the theory of the selective neutrality of polymorphisms. *Genetics*, 74:175–195
29. Librado, P., Fages, A., Gaunitz, C., Leonardi, M., Wagner, S., Khan, N. i sur. (2016.): The evolutionary Origin and Genetic Makeup of Domestic Horses. *Genetics*, 204:423-434.
30. Lindsay, B.G. (1988.): Composite likelihood methods. *Contemp. Math.*, 80:221–239.
31. Lischer, H.E.L. i Excoffier, L. (2012.): PGDSpider: an automated data conversion tool for connecting population genetics and genomics programs. *Bioinformatics*, 28:298–299.
32. Loftus, R.T., Machugh, D.E., Bradley, D.G., Sharp, P.M., Cunningham, P. (1994.): Evidence of two independent domestications of cattle. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 91:2757-2761.
33. Lukić, B., Ferenčaković, M., Šalamon, D., Čačić, M., Orehovački, V., Iacolina, L. i sur. (2020.): Conservation Genomic Analysis of the Croatian Indigenous Black Slavonian and Turopolje Pig Breeds. *Front. Genet.*, 11:261. Dostupno na (<https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fgene.2020.00261/full>).  
Pristupljeno 10.09.2021.
34. MacFadden, B. J. (2005.): Fossil Horses - Evidence for Evolution. *Science*, 307:1728–1730.  
McDonald, J.H. i Kreitman, M. (1991): Adaptive protein evolution at the Adh locus in *Drosophila*. *Nature*, 351:652–654.
35. McQuillan, R., Leutenegger, A.-L., Abdel-Rahman, R., Franklin, C.S., Pericic, M., Barac Lauc, L. i sur. (2008.): Runs of Homozygosity in European Populations. *Am. J. Hum. Genet*, 83:359–372.

36. Nicolazzi, E.L., Biffani, S., Biscarini, F., Orozco ter Wengel, P., Caprera, A. i sur. (2015.): Software solutions for the livestock genomics SNP array revolution. *Anim. Genet.*, 46:343–353.
37. Nielsen, R. (2005.): Molecular signatures of natural selection. *Annu. Rev. Genet.*, 39:197–218
38. O'Brien, P. i Mathias, P. (1976.): Taxation in Britain and France, 1715-1810. A comparison of the social and economic incidence of taxes collected for the central governments. *Journal of European Economic History*, 5(3):601.
39. Outram, A. K., Stear N. A., Bendrey, R., Olsen, S., Kasparov A., i sur. (2009): The Earliest Horse Harnessing and Milking. *Science*, 323:1332–1335.
40. Pickford, M. (1993.): Old World suoid systematics, phylogeny, biogeography and biostratigraphy. *Paleontologia i Evolucio*, 26(27):237–269.
41. Pickford, M. (2006.): Synopsis of the biochronology of African Neogene and Quaternary Suiformes. *Transactions of the Royal Society of South Africa*, 16:51–62.
42. Pitt, D., Sevane, N., Nicolazzi, E.L., MacHugh, D., Park, D.E.S., Colli, L. i sur. (2017.): Domestication of cattle: Two or three events?. *Evolutionary Applications*, 12:123-136.
43. Rebelato, A.B. i Caetano, A.R. (2018.): Runs of homozygosity for autozygosity estimation and genomic analysis in production animals. *Pesqui. Agropecu. Bras.*, 53:975–984.
44. Reynolds, J., Weir, B.S. i Cockerham, C.C. (1983.): Estimation of the coancestry coefficient: basis for a short-term genetic distance. *Genetics*, 105:767–779.
45. Ronen, R., Udpa, N., Halperin, E. i Bafna, V. (2013.): Learning natural selection from the site frequency spectrum. *Genetics*, 195:181–193.
46. Roshyara, N.R. i Scholz, M. (2014.): fcGENE: A versatile tool for processing and transforming SNP datasets. *PLoS One*, 9:e97589.
47. Sabeti, P.C., Reich, D.E., Higgins, J.M., Levine, H.Z.P., Richter, D.J., Schaffner, S.F. i sur. (2002.): Detecting recent positive selection in the human genome from haplotype structure. *Nature*, 419:832–837.
48. Saravanan, K.A., Panigrahi, M., Kumar, H., Bhushan, B., Dutt, T., Mishra, B.P. (2020.): Selection signatures in livestock genome: A review of concepts, approaches and applications. *Livestock Science*, 241:1-11.
49. Scherf, B.D., Pillip, D. (2015.): The Second Global Assessment of Animal Genetic Resources. FAO; 2015. Dostupno na: (<http://www.fao.org/publications/sowanr/en/>). Pristupljeno 01.09.2020.



50. Tajima, F. (1989.): Statistical method for testing the neutral mutation hypothesis by DNA polymorphism. *Genetics*, 123:585–595.
51. van der Made, J. (1999.): Ungulates from Atapuerca TD6. *Journal of Human Evolution*, 37:389–413.
52. Vigne, J.D. (2011.): The origins of animal domestication and husbandry: a major change in the history of humanity and the biosphere. *Comptes Rendus Biologies*, 334:171–181.
53. Voight, B.F., Kudaravalli, S., Wen, X. i Pritchard, J.K. (2006.): A map of recent positive selection in the human genome. *PLoS Biol*, 4:e72.
54. Weigand, H. i Leese, F. (2018.): Detecting signatures of positive selection in non-model species using genomic data. *Zool. J. Linn. Soc.*, 184:528–583.
55. Williamson, S.H., Hubisz, M.J., Clark, A.G., Payseur, B.A., Bustamante, C.D. i Nielsen, R. (2007.): Localizing recent adaptive evolution in the human genome. *PLoS Genet*, 3:e90.
56. Wright, S. (1949.): The genetical structure of populations. *Ann. Eugen.*, 15:323–354.
57. Zhao, F., McParland, S., Kearney, F., Du, L., Berry, D.P. (2015.): Detection of selection signatures in dairy and beef cattle using high-density genomic information. *Genet. Sel. Evol.*, 47:49.

Internet stranice:

1. Hrvatska agencija za poljoprivredu i hranu. Godišnje izvješće o stanju uzgoja goveda u Republici Hrvatskoj za 2018. godinu. 03.2019.  
(<https://hpa.mps.hr/wp-content/uploads/2019/05/gi-2018-govedarstvo.pdf>).  
Pristupljeno 05.08.2021.
2. Hrvatska agencija za poljoprivredu i hranu. Godišnje izvješće za 2019. godinu. 2020.  
(<https://hpa.mps.hr/wp-content/uploads/2019/05/gi-2018-svinjogojstvo.pdf>)  
Pristupljeno 10.08.2021.
3. Hrvatska poljoprivredna agencija. Program uzgoja koza. 2020.  
(<https://hpa.mps.hr/stocarstvo-ovcarstvo-i-kozarstvo/uzgojni-programi/program-uzgoja-koza/>). Pristupljeno 12.08.2021.

## 5. SAŽETAK

Od početka procesa domestikacije do nastanka suvremenih i lokalnih pasmina i hibrida, provedena su mnoštva istraživanja i selekcijski procesi. To dokazuje promjena životinjskih vrsta pod utjecajem selekcije. Prirodnom selekcijom pod utjecajem prirodnih zakonitosti, koje okolina potiče na odabir jedinki koje se uspjevaju prilagoditi životnoj sredini. Metode umjetne selekcije domaćih životinja pod kontrolom su čovjeka-uzgajivača. U tom smislu selekcija je uzgojni postupak kojim uzgajivač promišljeno odabire muške i ženske roditelje za stvaranje budućih generacija. Za razliku od prirodne selekcije, uzgajivač u populacijama domaćih životinja planskim odabirom muških i ženskih životinja za daljnju reprodukciju utječe na promjenu frekvencija gena, s posebnim naglaskom na posljednjih 10 godina, od kako se primjenjuje genomska selekcija. Ovaj pristup umjesto podataka o pedigreu koristi podatke o genomskim markerima (SNP markeri) odnosno podatke o utjecaju gena na svojstva od interesa, koji je dodatno unaprijedio i povećao rast proizvodnje s jedne strane, te dodatno umanjio parametre genetske raznolikosti s druge strane. Kao rezultat ovih pristupa, danas je u svijetu poznato nekoliko tisuća pasmina domaćih životinja, koje je s obzirom na negativan utjecaj čovjeka na ekosustav i klimatske promjene, neophodno očuvati.

Ključne riječi: domestikacija, selekcija, genomski markeri, pasmine, genetska raznolikost

## **6. SUMMARY**

From the start of the domestication process to the creation of contemporary and local breeds and hybrids, there have been many pieces of research and selection processes performed. This is proven by the change in animal species under the influence of selection. Using natural selection under the influence of laws of nature encourages the selection of units able to adapt to their environment. The methods of artificial selection of domestic animals are under the control of breeders i.e., people. In that sense, selection is a breeding process which the breeder uses to carefully select male and female parents for the creation of future generations. Unlike natural selection, the breeder influences changing gene frequencies in the populations of domestic animals using planned selection of male and female animals, with a special highlight on the 10 prior years since genome selection has been applied. This approach, unlike the data on the pedigree, uses data on genome markers (SNP markers) i.e. data on the influence of genes on the properties of interest, which further advanced and enlarged the growth of production on one hand and further reduced the parameters of genetic diversity on the other. As a result of these approaches, there are several thousand breeds of domestic animals today which, considering the negative influence of man on the eco-system and climate change, need to be preserved.

Key words: domestication, selection, genomic markers, breeds, genetic diversity

## 7. POPIS TABLICA

<b>REDNI BROJ</b>	<b>NAZIV TABLICE</b>	<b>STRANICA</b>
1.	Vremenski prikaz domestikacije animalnih vrsta	5.

## 8. POPIS SLIKA

<b>REDNI BROJ</b>	<b>NAZIV SLIKE</b>	<b>STRANICA</b>
1.	Evolucija psa	4.
2.	Lenta vremena domestikacije animalnih vrsta	5.
3.	Prije i poslije domestikacije	12.
4.	Bos primigenius primigenius	13.
5.	Bos taurus	13.
6.	Bos indicus	13.
7.	Sus scrofa ferus	16.
8.	Susu scrofa domestica	16.
9.	Ovis musimon	17.
10.	Ovis aries	17.
11.	Capra aegragrus	18.
12.	Capra hircus	18.
13.	Equus ferus (Przewalski)	20.
14.	Equus gmelini (tarpan)	20.
15.	Hrvatski posavac	21.
16.	Hanoveranac	21.
17.	Kokoš hrvatica	22.
18.	Ross	22.
19.	Raspodjela koeficijenta inbridinga ROH	28.
20.	Stablo Reynoldsove genetske udaljenosti	29.

## 9. POPIS GRAFIKONA

<b>REDNI BROJ</b>	<b>NAZIV GRAFIKONA</b>	<b>STRANICA</b>
<b>1.</b>	Pasminski sastav goveda u RH 2018. godine	14.
<b>2.</b>	Pasminski udjel krmača u kontroli proizvodnosti u RH 2019. godine	16.

## TEMELJNA DOKUMENTACIJSKA KARTICA

Sveučilište Josipa Jurja Strossmayera u Osijeku

Fakultet agrobiotehničkih znanosti Osijek

Diplomski rad

Sveučilišni diplomski studij: **Agroekonomika**

Smjer: Agroekonomika

### UTJECAJ SELEKCIJE NA GENETSKU RAZNOLIKOST I OČUVANJE DOMAĆIH ŽIVOTINJA

Nives Sić, sveučilišni prvostupnik agronomije

#### Sažetak

Od početka procesa domestikacije do nastanka suvremenih i lokalnih pasmina i hibrida, provedena su mnoštva istraživanja i selekcijski procesi. To dokazuje promjena životinjskih vrsta pod utjecajem selekcije. Prirodnom selekcijom pod utjecajem prirodnih zakonitosti, koje okolina potiče na odabir jedinki koje se uspjevaju prilagoditi životnoj sredini. Metode umjetne selekcije domaćih životinja pod kontrolom su čovjeka-uzgajivača. U tom smislu selekcija je uzgojni postupak kojim uzgajivač promišljeno odabire muške i ženske roditelje za stvaranje budućih generacija. Za razliku od prirodne selekcije, uzgajivač u populacijama domaćih životinja planskim odabirom muških i ženskih životinja za daljnju reprodukciju utječe na promjenu frekvencija gena, s posebnim naglaskom na posljednjih 10 godina, od kako se primjenjuje genomski selekcija. Ovaj pristup umjesto podataka o pedigreu koristi podatke o genomskim markerima (SNP markeri) odnosno podatke o utjecaju gena na svojstva od interesa, koji je dodatno unaprijedio i povećao rast proizvodnje s jedne strane, te dodatno umanjio parametre genetske raznolikosti s druge strane. Kao rezultat svih ovih pristupa, danas je u svijetu poznato nekoliko tisuća pasmina domaćih životinja, koje je s obzirom na negativan utjecaj čovjeka na ekosustav i klimatske promjene, neophodno očuvati.

**Rad je izrađen za:** Fakultet agrobiotehničkih znanosti u Osijeku

**Mentor:** doc. dr. sc. Boris Lukić

**Broj stranica:** 42

**Broj grafikona, slika i shema:** 22

**Broj tablica:** 1

**Broj literaturnih navoda:** 77

**Jezik izvornika:** hrvatski jezik

**Ključne riječi:** domestikacija, selekcija, genomski markeri, pasmine, genetska raznolikost

**Datum obrane:**

**Stručno povjerenstvo za obranu:**

Povjerenstvo za ocjenu i obranu diplomskog rada:

1. Izv.prof.dr.sc. Nikola Raguž, predsjednik
2. Doc.dr.sc. Boris Lukić, mentor
3. Izv.prof.dr.sc. Sonja Petrović, član

**Rad je pohranjen u:** Knjižnica fakulteta agrobiotehničkih znanosti u Osijeku, Sveučilištu Josipa Jurja Strossmayera u Osijeku, Vladimira Preloga 1

## **BASIC DOCUMENTATION CARD**

**Josip Juraj Strossmayer University of Osijek**

**Faculty of Agrobiotechnical Sciences Osijek**

**Graduate thesis**

University Graduate Studies, Agroecology

Course: Agroecology

### **THE IMPACT OF SELECTION ON GENETIC DIVERSITY AND CONSERVATION OF DOMESTIC ANIMALS**

Nives Sić, BSc

#### **Abstract:**

From the beginning of the domestication process until today and creation of contemporary breeds and hybrids, there have been many researches about the selection processes and its effects. This is observable by the phenotypic change in animal species under the influence of artificial selection, and also the natural selection which encourages the selection of individuals who are able to better adapt to their environments. The methods of artificial selection of domestic animals are under the control of breeders. In that sense, selection is a breeding process in which the breeder uses carefully selected male and female parents for the future generations. Unlike natural selection, the breeder influences the gene frequencies in domestic animal populations using planned selection, especially in the last 10 years, since the genomic selection has been applied. This approach, unlike the selection based on pedigree, utilizes data on genomic markers (SNP markers) i.e. with the specific effects on the traits of interest, which further advanced the performance and growth on one hand, and further reduced the genetic diversity on the other. As a result of all these processes, several thousand breeds of domestic animals exist today, which considering the negative influence of humans on the eco-system and climate change, need to be preserved.

**Thesis performed at:** Faculty of Agrobiotechnical Sciences Osijek

**Supervisor:** Ph. D. Boris Lukić

**Number of pages:** 42

**Number of figures:** 22

**Number of tables:** 1

**Number of references:** 77

**Original in:** Croatian

**Key words:** domestication, selection, genomic markers, breeds, genetic diversity

**Thesis defended on date:**

**Reviewers:**

1. Associate.Prof. Ph. D. Nikola Raguž, president of the Commission
2. Assistant Prof. Boris Lukić, mentor
3. Associate.Prof. Ph. D. Sonja Petrović, member of the Commission

Thesis deposited at: Library, Faculty of Agrobiotechnical Sciences Osijek, Josip Juraj Strossmayer University of Osijek, Vladimira Preloga 1