

# Rozwój metod oceny wartości hodowlanej zwierząt na przykładzie bydła mlecznego, w ujęciu retrospektywnym

Ewa Ptak, Aleksandra Barć, Wojciech Jagusiak

Uniwersytet Rolniczy w Krakowie

Praca hodowlana jest świadomym działaniem hodowcy, mającym na celu genetyczne doskonalenie zwierząt z pokolenia na pokolenie. W wyniku prowadzonej pracy hodowlanej następuje postęp hodowlany, czyli uzyskuje się pokolenie potomstwa lepsze od pokolenia rodzicielskiego pod względem doskonalonej cechy. Na poprawę cech użytkowych mogą złożyć się dwa czynniki: poprawa wartości hodowlanej zwierząt, będąca efektem pracy hodowlanej i poprawa warunków środowiska, w których przebywają zwierzęta. Hodowcy zwykle starają się doskonalić obie grupy czynników, ponieważ w większości przypadków zwierzęta o wysokiej wartości hodowlanej w pełni wykorzystują swój potencjał tylko w optymalnych warunkach środowiskowych. Pierwszym i bardzo ważnym etapem pracy hodowlanej jest ocena wartości hodowlanej zwierząt pod względem doskonalonej cechy. Na efektywność pracy hodowlanej w dużym stopniu wpływa dokładność oceny wartości hodowlanej, ponieważ na podstawie tej oceny przeprowadzana jest selekcja, czyli wybór najlepszych zwierząt na rodziców następnego pokolenia, a później dobór wybranych zwierząt w pary do kojarzeń.

W klasycznym ujęciu wartość hodowlana (genetyczna) definiowana jest jako suma efektów genów wchodzących w skład genotypu zwierzęcia [27]. W praktyce, na rodziców warto wybierać te zwierzęta, które posiadają dobre założenia genetyczne (tzn. wysoką addytywną wartość genetyczną) i mogą je przekazywać potomstwu. Osobnik posiadający nawet najbardziej wartościowy genotyp, ale nieplodny, nie posiada w powyższym rozumieniu żadnej wartości hodowlanej [18].

Cechy użytkowe zwierząt hodowlanych są w większości cechami ilościowymi, warunkowanymi przez wiele genów, często o nieznanych efektach, zatem bezpośrednia ocena wartości hodowlanej jest niemożliwa, chociaż przy obecnym stanie wiedzy i możliwościach technicznych genotypowania zwierząt coraz bardziej prawdopodobna. Przez wiele lat wartość hodowlana zwierzęcia pod względem jakiejś cechy była szacowana pośrednio na podstawie jego fenotypu oraz fenotypów zwierząt z nim spokrewnionych.

Ocena wartości hodowlanej bydła mlecznego, jako podstawowego gatunku zwierząt gospodarskich, datuje się od początku ubiegłego wieku. Metody oceny wartości hodowlanej zwierząt rozwijały się i zmieniały przez lata, przy czym powodem zmiany jednej metody na inną było zwykle to, że przestawały obowiązywać założenia wcześniejszej stosowanej metody lub pojawiały się nowocześniejsze i dokładniejsze metody oceny.

Już tysiące lat temu zauważono, że na ogół potomstwo po wysoko wydajnych rodzicach też charakteryzuje się wyższą wydajnością. Pierwsze metody oceny wartości hodowlanej, oparte na naukowych podstawach, pojawiły się w XIX wieku. Początkowo wartość hodowlaną zwierząt oceniano na podstawie analizy rodowodowej, a pod koniec tego stulecia duński hodowca H. Branth zaproponował ocenę wartości genetycznej rozplodników na podstawie testu na potomstwie. Szwedzki hodowca G. Sedelholm kontynuował badania Brantha: porównując zawartość tłuszczu w mleku córek kilku buhajów z zawartością tłuszczu w mleku ich matek wykazał, że buhaje miały bardzo duży wpływ genetyczny na swoje córki [1]. Kilka lat później, w 1913 roku, także szwedzki hodowca N. Hansson zaproponował pierwszy indeks służący do genetycznej oceny ojców. Wartość tego indeksu (I) obliczano jako

podwojoną średnią wydajność córek (C) ocenianego buhaja pomniejszoną o średnią wydajność ich matek (M), czyli  $I = 2C - M$ . Taki sam indeks zaproponował w 1924 roku W. Yapp na dorocznym spotkaniu Amerykańskiego Towarzystwa Produkcji Zwierzęcej (American Society of Animal Production). Indeks ten, zwany indeksem Hanssona-Yappa, był skonstruowany przy założeniu, że dziedziczalność cechy wynosi 1. Wydajności córek i ich matek były poprawiane m.in. na średnią wydajność stada, w celu wyeliminowania wpływów środowiskowych. Aby usunąć wpływ „lepszyc” czy „gorszych” matek na ocenę ojca konieczne było założenie losowego kojarzenia buhajów z krowami. Po pewnym czasie w doskonalonych populacjach występowały wyraźne trendy: genetyczny i środowiskowy, które spowodowały, że średnia stada dla córek była znacznie większa od średniej stada za okres produkcyjności matek. Poza tym, przy obliczaniu średniej wydajności stada uwzględniany był nie tylko wpływ środowiska, ale również wpływ ojca, bo do średniej włączone były wydajności córek buhaja. Próby korygowania indeksu na wyżej wymienione efekty doprowadziły do powstania szeregu metod pochodnych, opartych na skomplikowanych założeniach i trudnych do stosowania wzorach. Mimo wielu niedoskonałości, indeks ten w owym czasie dobrze spełnił swoją rolę, zaniechano jego stosowania po pojawieniu się doskonalszych metod [12].

W latach 40. XX wieku podstawową metodą oceny wartości hodowlanej rozplodników była metoda stacyjna (duńska), którą jako pierwszy zastosował H. Larsen w 1945 r. w Danii. Nieco później wprowadziły ją w życie prawie wszystkie kraje europejskie, w tym również Polska. Metoda stacyjna polegała na porównaniu wydajności krów – córek różnych buhajów, w oborach (tzw. stacjach), w których wszystkie krowy miały zapewnione takie same warunki środowiskowe [18]. Zakładano, że dzięki ujednolicenemu środowisku istnieje duże prawdopodobieństwo, iż buhaje – ojcowie córek o wyższej średniej wydajności będą posiadać wyższą wartość hodowlaną. Ze względu na ograniczoną wielkość stacji, w jednym obiekcie można było porównać jednocześnie córki co najwyżej kilku buhajów. Poważnym problemem w stosowaniu tej metody w hodowli bydła mlecznego był wysoki koszt utrzymania stacji i mała liczba buhajów objętych oceną stacyjną.

W 1943 roku L.N. Hazel zaproponował nową metodę oceny wartości genetycznej – tzw. indeks selekcyjny, która zrewolucjonizowała hodowlę wielu gatunków zwierząt. Metoda ta pozwoliła wyrazić oszacowanie wartości hodowlanej, opartej na wielu źródłach informacji, w postaci jednego wskaźnika. Do czasu upowszechnienia się metod oceny wartości hodowlanej opartych na teoretycznych podstawach BLUP, indeks selekcyjny był uważany za pewnego rodzaju ideał na ówczesnym etapie wiedzy genetycznej [12, 18]. Indeks selekcyjny, oprócz możliwości jednoczesnego wykorzystania wielu źródeł informacji, umożliwia ocenę zwierzęcia pod względem kilku cech, z uwzględnieniem wag ekonomicznych oraz korelacji genetycznych i fenotypowych między cechami.

W polskiej hodowli bydła elementy indeksu selekcyjnego wykorzystano w metodyce oceny CC Robertsona, a w latach 1989-1998 równoległe z oceną buhajów za pomocą metody BLUP – model ojca obliczano tzw. indeks krowy, będący podstawą wyboru kandydatów na matki buhajów. Obecnie najważniejszym narzędziem oceny krów i buhajów polskiego bydła holsztyńsko-fryzyskiego jest tzw. indeks PF (Produkcja i Funkcjonalność), obejmujący cechy produkcyjne i funkcjonalne. Jest to indeks syntetyczny, gdyż wagi dla cech w nim uwzględnionych nie są obliczane według formuły podanej przez Hazela [3], a mają charakter negocjowany.

Kolejne metody oceny wartości hodowlanej pojawiły się w latach 50. XX wieku. Zmiany w ocenie wiązały się m.in. z wprowadzeniem w latach 30. i 40. ubiegłego wieku w Europie Zachodniej i w Ameryce Północnej sztucznego unasienniania krów. Hodowcy zainteresowani byli buhajami o wysokim potencjale genetycznym, które zapewniały uzyskanie większego postępu hodowlanego i większą opłacalność produkcji mlecznej. Inseminacja przyczyniła się do zwiększenia liczby córek przypadających na jednego ojca i w konsekwencji umożliwiła dokładniejszą ocenę wartości hodowlanej buhajów.

W 1954 roku, w Wielkiej Brytanii, A. Robertson opracował metodę oceny rozplodników zwaną metodą CC (Contemporary Comparison). Ocena CC polegała na porównaniu wydajności có-

rek ocenianego buhaja z wydajnością rówieśnic w warunkach polowych. W tym samym czasie w Stanach Zjednoczonych podobną metodę zaproponowali C.R. Henderson i wsp. [7]. Obie metody oparte były na tych samych założeniach. W metodzie Hendersona, po zastosowaniu poprawek na wiek, do oceny wykorzystywano informacje ze wszystkich dostępnych laktacji córek buhaja oraz ich rówieśnic ze stada. W metodzie Robertsona korzystać jedynie z pierwszej laktacji córek buhaja i ich rówieśnic w stadzie. Jako rówieśnice traktowano krowy – córki innych buhajów, będące w podobnym wieku i wycielone w tym samym sezonie roku, co córki ocenianego buhaja. Warunkiem poprawności metody był losowy dobór krów do kojarzeń z ocenianymi buhajami oraz założenie, że rówieśnice pochodzą po co najmniej trzech ojcach. Ocenę CC otrzymywały wszystkie buhaje, które miały co najmniej 10 córek użytkowanych w różnych oborach [18]. Porównywanie wydajności córek ocenianego buhaja z rówieśnicami w tym samym stadzie skutecznie eliminowało wpływy środowiskowe i ewentualne różnice między stadami. Omawiana metoda zyskała popularność szczególnie tam, gdzie sztuczne unasienianie było stosowane na szeroką skalę. Przez wiele lat była ona głównym sposobem oceny wartości hodowlanej bydła w zakresie użyteczności mlecznej. Wdrożono ją w wielu krajach, od 1962 roku również w Polsce, gdzie była używana przez ponad 20 lat [12, 26].

Wprowadzenie metody CC dało możliwość dokładniejszej i nieobciążonej błędem oceny wartości hodowlanej buhajów. W konsekwencji, w wielu krajach opracowano programy hodowlane dla bydła mlecznego przewidujące ostrą selekcję rozplodników przeznaczonych do użytkowania w sztucznym unasienianiu. Intensywna selekcja buhajów spowodowała w tych krajach znaczny wzrost postępu genetycznego (do 2% średniej wydajności mleka na rok) [26].

W latach 80. XX wieku, w rezultacie ciągłego wzrostu wartości genetycznej doskonalonych populacji bydła mlecznego oraz nieodosowanego kojarzenia najlepszych buhajów z najlepszymi krowami, złamane zostały założenia leżące u podstaw metody CC. Silny trend genetyczny, różnicujące się pod względem genetycznym populacje oraz preferencyjne traktowanie krów – matek buhajów, spowodowały stopniowe zaniechanie stosowania tej metody i konieczność wprowadzenia zmian w metodyce oceny wartości hodowlanej.

Przełomowe w tym względzie okazały się opublikowane w 1966 i 1973 roku przez C.R. Hendersona dwie prace, zawierające teoretyczne podstawy i opis metody BLUP (Best Linear Unbiased Prediction) [4, 5]. Skrót BLUP oznacza najlepsze, liniowe, nieobciążone błędem przewidywanie. Skrót ten opisuje statystyczne własności metody. Jest to „przewidywanie” (tzn. predykcja), ponieważ wartość hodowlana szacowana jest z wykorzystaniem informacji o znanej strukturze macierzy wariancji-kowariancji efektów losowych w modelu (w odróżnieniu od estymacji). Jest to „najlepsze” przewidywanie, ponieważ charakteryzuje się najmniejszym błędem predykcji; „liniowe”, gdyż predyktory są liniową funkcją wydajności i „nieobciążone błędem”, bo wartość oczekiwana oszacowanej wartości hodowlanej jest równa prawdziwej wartości hodowlanej.

Z obliczeniowego punktu widzenia metoda BLUP polega na tworzeniu tzw. układu równań najmniejszych kwadratów na podstawie przyjętego modelu liniowego, a następnie układu równań mieszanych, zgodnie z teorią podaną przez Hendersona [5]. Ze względu na wielkość, układ równań jest rozwiązywany najczęściej metodą iteracji na danych, a przewidywana wartość hodowlana buhaja obliczana jest na podstawie uzyskanych rozwiązań.

Zasadnicza przewaga tej metody nad wcześniej stosowanymi metodami szacowania wartości hodowlanej polega na tym, że w metodzie BLUP każda obserwacja (wydajność) jest analizowana z uwzględnieniem zarówno efektów genetycznych, jak i środowiskowych. Istnieją 3 warianty metody BLUP, które były stosowane w dotychczasowej ocenie bydła: BLUP – model ojca, BLUP – model zwierzęcia oraz BLUP – model zwierzęcia z losowymi regresjami. W modelu liniowym stosowanym powszechnie w ocenie bydła mlecznego podstawowym efektem środowiskowym jest stado-rok-sezon wycielenia krowy, a efekt genetyczny stanowi wpływ grupy genetycznej ojca oraz wpływ ojca (w modelu ojca – sire model) lub wpływ zwierzęcia (w modelu zwierzęcia – animal model).

W czasie, gdy C.R. Henderson pracował nad zastosowaniem metody BLUP w ocenie wartości hodowlanej zwierząt, nie było technicznych możliwości rozwiązywania układów równań liniowych składających się z tysięcy, a w przypadku modelu zwierzęcia – setek tysięcy, a nawet milionów równań. Dopiero szybki postęp w rozwoju techniki komputerowej w ostatnich dwóch dziesięcioleciach ubiegłego wieku i coraz powszechniejszy dostęp do maszyn o dużej mocy obliczeniowej, wyposażonych w duże i coraz szybsze pamięci operacyjne, pozwoliły na praktyczne zastosowanie metody BLUP w ocenie buhajów. W latach 80. metodę BLUP w najprostszym wariantcie (model ojca) zastosowano do szacowania wartości hodowlanej buhajów na podstawie wydajności córek – pierwiastek. W Polsce metoda ta wdrożona została w 1989 roku do oceny buhajów rasy czarno-białej pod względem cech wydajności mlecznej [26].

Ważnym krokiem w rozwoju nowoczesnych metod oceny genetycznej było opracowanie i opublikowanie w 1975 roku przez C.R. Hendersona prostej i bezpośredniej metody konstruowania macierzy odwrotnej do macierzy spokrewnień addytywnych między zwierzętami (tzn.  $A^{-1}$ ) [6]. To odkrycie pozwoliło ominąć początkowo niemożliwy, z uwagi na wielkość pamięci operacyjnej komputerów, a potem zbyt czasochłonny, proces odwracania wielkich macierzy. Dlatego też, gdy tylko pod koniec lat 80. ubiegłego wieku pojawiły się techniczne możliwości, metoda BLUP – model zwierzęcia (termin wprowadzony przez Quaasa i Pollaka [17]) została wdrożona w wielu krajach o rozwiniętej hodowli bydła mlecznego [2]. Główną przewagą tej metody nad dotychczas stosowanymi było optymalne wykorzystanie informacji o wszystkich dostępnych spokrewnieniach między zwierzętami. Pozwoliło to zwiększyć dokładność oceny i – co ważne – jednocześnie szacować wartości hodowlane buhajów i krów. W Polsce BLUP – model zwierzęcia zastosowano po raz pierwszy w 1993 roku do oceny buhajów rasy czarno-białej na podstawie wydajności krów-pierwiastek [9, 10]. W roku 1998 wdrożono tzw. wieloocchowy model zwierzęcia, wykorzystujący wydajności mleka, tłuszczu i białka z trzech pierwszych laktacji krów – córek ocenianych buhajów [8].

Podstawowym źródłem informacji do oceny wartości hodowlanej bydła mlecznego za pomocą dotychczas omówionych metod były laktacyjne wydajności krów. Obliczano je na podstawie wykonywanych co miesiąc próbnych udojów, zazwyczaj metodą Fleischmanna, a więc analizie statystycznej podlegały stosunkowo nieduże zbiory danych. Pozwalało to stosować nieco prostsze metody statystyczne, wymagające komputerów o mniejszej mocy obliczeniowej. Oparcie oceny na wydajnościach laktacyjnych nie pozwalało uwzględnić szeregu czynników, wpływających na wydajność mleczną krowy w dniu próbnego udoju lub przez krótki okres laktacji i wymagało założenia, że czynniki środowiskowe wpływają średnio w takim samym stopniu na każdą dzienną wydajność w okresie trwania laktacji.

Na początku lat 90. XX wieku rozpoczęto w Kanadzie badania nad wykorzystaniem wydajności z udojów próbnych bezpośrednio do szacowania wartości genetycznej bydła i opracowano tzw. model dla próbnych udojów (Test Day Model) [15]. Metoda oceny oparta na tym modelu umożliwiała wykorzystanie rzeczywistych wartości cech (tj. dziennych wydajności), a nie wartości oszacowanych (tj. wydajności laktacyjnych). Wśród najważniejszych zalet tej metody należy wymienić: uwzględnienie indywidualnego przebiegu krzywej laktacji krów (tzw. losowe regresje), uśrednionego przebiegu krzywej laktacji grup krów (tzw. stałe regresje), jak również dokładniejsze modelowanie wielu efektów środowiskowych poprzez uwzględnienie wpływu czynników panujących w stadzie w dniu próbnego udoju, szczególnie tych, których wpływ zmienia się w czasie laktacji, np. stan zdrowia krowy, warunki atmosferyczne, dzień laktacji. Ponadto można było włączyć do oceny krowy, które dopiero rozpoczęły laktację i ocenić młode buhaje [16]. Modelowanie losowego efektu zwierzęcia za pomocą tzw. regresji krzywoliniowej, stanowiącej funkcję matematyczną opisującą przebieg krzywej laktacji krów, stanowiło kolejny etap badań nad modelem dla próbnych udojów i przyczyniło się do opracowania metody BLUP-RRM, tzn. BLUP – model zwierzęcia z losowymi regresjami [20]. Jako regresje krzywoliniowe w modelach dla próbnych udojów stosowane są najczęściej modele krzywych laktacji, takie jak krzywa Wilminka, Ali-Schaeffera, Wooda oraz wielomiany Legendre'a.

Olbrymi postęp w technice komputerowej umożliwił wdrożenie metody BLUP-RRM na początku XXI wieku. Najwcześniej (w 2000 roku) wdrożono tę metodę w Kanadzie. W Polsce ocenę wartości hodowlanej bydła mlecznego rasy polskiej holsztyńsko-fryzyskiej na podstawie próbnich udojów rozpoczęto w 2007 roku i jest używana do dziś [22].

W okresie ostatnich 15 lat dokonano olbrzymiego postępu w dziedzinie tzw. genotypowania zwierząt, czyli wykorzystania różnych technik molekularnych do zidentyfikowania określonej liczby SNP (Single Nucleotide Polymorphism) w obrębie genomu. Dostępność tej nowej technologii spowodowała zmiany w hodowli bydła, wynikające z możliwości wczesnego szacowania tzw. genomowej wartości hodowlanej. Znajomość wyników genotypowania oraz ocen fenotypowych odpowiednio dużej grupy zwierząt (tzw. populacji referencyjnej) pozwala na określenie związku między genotypami a wydajnością własną lub wydajnością potomstwa. Związek ten można wyrazić w postaci tzw. równań predykcji, służących do szacowania genomowej wartości hodowlanej (DGV) łączonej później z indeksem rodowodowym PI (Pedigree Index) [25], albo uwzględnić go w równaniach ssGBLUP (single step Genomic BLUP) obejmujących zarówno dane rodowodowe, jak i genomowe [11, 14]. W obu przypadkach otrzymane oszacowania wartości hodowlanej zgenotypowanych buhajów i jałówek charakteryzują się znacznie większą dokładnością niż stosowany wcześniej sam indeks rodowodowy (PI). Z kolei dostępność relatywnie dokładnych oszacowań wartości hodowlanej młodych zwierząt pozwala na wcześniejsze przeprowadzenie selekcji, zarówno wśród kandydatek na matki buhajów, jak i wśród kandydatów na ojców krów i ojców buhajów. W konsekwencji następuje zmniejszenie odstępów międzypokoleniowych i nawet dwukrotne zwiększenie oczekiwanego postępu genetycznego, co przedstawiono w tabeli.

#### Tabela

**Postęp genetyczny dla programów hodowlanych opartych na konwencjonalnej (klasycznej) i genomowej ocenie wartości hodowlanej (wg Simianer i wsp. [21])**

Ścieżka	Ostrość selekcji (%)	Standaryzowana różnica selekcyjna	Selekcja			
			klasyczna		genomowa	
			$r_{11}$	L	$r_{11}$	L
Ojcowie buhajów	5	2,1	0,99	6,5	0,75	1,8
Ojcowie krów	20	1,4	0,75	6,0	0,75	1,8
Matki buhajów	2	2,4	0,60	5,0	0,75	2,0
Matki krów	85	0,3	0,50	4,3	0,50	4,3
Postęp genetyczny w jednostkach $\sigma_a$				0,22		0,47

$r_{11}$  – dokładność oceny, L – odstęp międzypokoleniowy,  $\sigma_a$  – genetyczne standardowe odchylenie w populacji

Początki dużego zainteresowania zastosowaniem oceny genomowej w praktyce hodowlanej bydła związane były z opublikowaniem dwóch przełomowych prac: Meuwissena i wsp. [13] oraz Schaeffera [19]. W 2006 roku w USA rozpoczęto realizację zapla-

nowanego na dużą skalę, pierwszego projektu poświęconego ocenie i selekcji genomowej bydła mlecznego. Doświadczenie zdobyte w ramach tego projektu pozwoliło na zaplanowanie i wdrożenie programu hodowlanego, uwzględniającego elementy selekcji genomowej m.in. w USA i w Kanadzie.

Prace nad rozwojem systemu oceny genomowej w Polsce rozpoczęto w 2008 roku, wraz z utworzeniem konsorcjum MASin-BULL [23]. W 2012 roku konsorcjum, w poszerzonym składzie, zmieniło nazwę na Genomika Polska, a w 2013 roku zostało członkiem międzynarodowego konsorcjum EuroGenomics. Warto podkreślić, że Polska aktywnie uczestniczyła w kolejnych etapach rozwoju międzynarodowej genomowej oceny buhajów prowadzonej przez Interbull, a polskie buhaje uwzględniane były we wszystkich przebiegach implementacyjnych i pilotażowych. Od połowy 2014 roku także w Polsce publikowane są przez Instytut Zootechniki w Balicach wyniki genomowej oceny wartości hodowlanej buhajów [24].

**Literatura:** 1. **Bonnier G.**, 1936 – *Hereditas* 22, 145-166. 2. **Grosu H., Schaeffer L.R., Oltenacu P.A., Norman D., Powell R., Kremer V., Banos G., Mrode R., Carvalho J., Jamrozik J., Draganescu C., Lungu S.**, 2013 – History of genetic evaluation methods in dairy cattle. The Publishing House of the Romanian Academy, Bucarest. 3. **Hazel L.N.**, 1943 – *Genetics* 28, 476-489. 4. **Henderson C.R.**, 1966 – Sire evaluation method which accounts of unknown genetic and environmental trends, herd differences, seasons, age effects, and differential culling. Proc. Nat. Symp. On Estimating Breeding Values of Dairy Sires and Cows. USDA Mimeo, Washington, DC. 5. **Henderson C.R.**, 1973 – Sire evaluation and genetic trends. Proceedings of the Animal Breeding and Genetics Symposium in Honor of J.L. Lush. ASAS, Champaign, Ill. 6. **Henderson C.R.**, 1975 – *J. Dairy Sci.* 58, 1727-1730. 7. **Henderson C.R., Carter H.W., Godfrey J.T.**, 1954 – *J. Animal Sci.* 13, 959. 8. **Jagusiak W., Żarnecki A.**, 2000 – *J. Appl. Gen.* 41(3), 171-179. 9. **Jamrozik J.**, 1992 – Zeszyty Naukowe AR w Krakowie, Rozprawa habilitacyjna nr 172. 10. **Jamrozik J., Żarnecki A., Strzałkowski W., Morek-Kopeć M.**, 1994 – Ocena wartości hodowlanej przy pomocy modelu zwierzęcia. Ocena wartości hodowlanej buhajów pod względem wydajności mlecznej. IZ Kraków, 7-8, 1-17. 11. **Legarra A., Aguilar I., Misztal I.**, 2009 – *J. Dairy Sci.* 92, 4656-4663. 12. **Maciejowski J., Zięba J.**, 1982 – Genetyka zwierząt i metody hodowlane. PWN. 13. **Meuwissen T.H.E., Hayes B.J., Goddard M.E.**, 2001 – *Genetics* 157, 1819-1829. 14. **Misztal I., Legarra A., Aguilar I.**, 2009 – *J. Dairy Sci.* 92, 4648-4655. 15. **Ptak E., Schaeffer L.R.**, 1993 – *Livestock Prod. Sci.* 34, 23-34. 16. **Ptak E., Strabel T.**, 1999 – *Przegląd Hod.* 5, 9-11. 17. **Quaas R.L., Pollak E.J.**, 1980 – *J. Anim. Sci.* 51, 1277-1287. 18. **Radomska M.J.**, 1982 – Metody i kierunki doskonalenia zwierząt (wyd. II). PWN. 19. **Schaeffer L.R.**, 2006 – *J. Anim. Breed. Genet.* 123, 1-6. 20. **Schaeffer L.R., Dekkers J.C.M.**, 1994 – Proc. 5th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Guelph, Canada, 18, 443-446. 21. **Simianer H., Chen J., Erbe M.**, 2011 – Book of Abstracts of the 62. Annual Meeting of the European Federation of Animal Science. Session 11, p. 76. 22. **Strabel T., Szyda J., Ptak E., Jamrozik J.**, 2005 – *J. Dairy Sci.* 88, 3688-3699. 23. **Szyda J., Żarnecki A., Kamiński S.**, 2009 – *Interbull Bulletin* 39, 47-50. 24. **Szyda J., Żarnecki A., Suchocki T., Kamiński S.**, 2011 – *J. Appl. Genet.* 52, 363-366. 25. **Van Raden P.M.**, 2008 – *J. Dairy Sci.* 91, 4414-4423. 26. **Żarnecki A.**, 1985 – *Nowe Rolnictwo* 6, 29-33. 27. **Żuk B.**, 1973 – Metody genetyki populacji w hodowli zwierząt. PWRiL.

## Inbred w doskonalonych i chronionych populacjach zwierząt gospodarskich

**Andrzej Filistowicz**

Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu

Do początków XX wieku pojęcie inbrodu i jego negatywnych skutków nie było powszechnie znane, natomiast znana była zasada, że „podobne rodzi podobne”, stąd w uznanych hodowlach często prowadzono kojarzenia w bliskim pokrewieństwie, aby uzyskać

wybitne zwierzęta kumulujące najlepsze cechy przodków. Klasycznym przykładem jest byk Comet rasy shorthorn z hodowli braci Roberta i Charlesa Colling'ów, zimbredowany w znacznym stopniu, sprzedany w 1810 roku za rekordową cenę 1000 gwinei. Również jego ojciec – byk Durham Ox i inni przodkowie pochodzili z kojarzeń krewniaczych, często kazirodznych [<http://www.beefshorthorn.org/index.php/the-breed>].

Inbred w populacjach zwierząt gospodarskich nie stanowił większego problemu do połowy XX wieku, ale stał się wyzwaniem wraz z wprowadzeniem sztucznego nasieniania zwierząt. W Polsce już w połowie lat 50. XX w. nadzór hodowlany podjął działania zmierzające do ograniczenia kojarzeń krewniaczych w hodowli zwierząt gospodarskich. W hodowli bydła wprowadzono rejonizację ras, podzielono obszar ich występowania na rejonu inseminacyjne i wprowadzono rotację grup genetycznych buhajów w rejonach inseminacyjnych [72]. Rozwiązanie to nie zawsze spełniało swoje zadanie, stąd wprowadzono także inne działania