

Biery D.N., Smith G.K., Mantz S.L., 2000 – J. Am. Vet. Med. Assoc. 217, 1678-1680. 14. Malm S., Strandberg E., Danell B., Audell L., Swenson L., Hedhammar A., 2007 – Preventive Veterinary Medicine 78, 196-209. 15. Ostrander E.A., Giniger E., 1997 – Am. J. Hum. Genet. 61, 475-480. 16. Richardson D.C., 1992 – Vet. Clin. North Am. Small. Anim. Pract. 22, 529-540. 17. Smith G.K., 1997 – J. Am. Vet. Med. Assoc. 210 (10), 1417-1418. 18. Traas A.M., Casal M., Haskins M., Henthorn P., 2006 – Theriogenology 66, 599-605. 19. Tsai K.L., 2005 – Genetic analysis of canine hip dysplasia. A Dissertation, Texas A&M University. 20. Willis M.B., 1992 – Poradnik dla hodowców psów. Genetyka w praktyce. PWRiL, Warszawa. 21. Wood J.L.N., Lakhani K.H., Dennis R., 2000 – Preventive Veterinary Medicine 46, 75-86. 22. Wood J.L.N., Lakhani K.H., Hemley W.E.,

2004 – The Vet. Journ. 168, 14-27. 23. Zhu L., Zhang Z., Friedenberg S., Jung S-W., Phavaphutanon J., Vernier-Singer M., Corey E., Mateescu R., Dykes N., Sandler J., Acland G., Lust G., Todhunter R., 2009 – The Vet. J. 181, 97-110. 24. [http://omia.angis.org.au/adv\\_search\\_results.shtml?field1=sci\\_name&query1=Canis+familiaris](http://omia.angis.org.au/adv_search_results.shtml?field1=sci_name&query1=Canis+familiaris) 25. <http://research.vet.upenn.edu/pennhip/GeneralInformation/WhatisPennHIP/tabid/3232/Default.aspx> 26. <http://research.vet.upenn.edu/pennhip/PennHIPMethod/DistractioindexMeasuringLaxity/tabid/3335/Default.aspx> 27. <http://research.vet.upenn.edu/pennhip/PennHIPMethod/tabid/3328/Default.aspx> 28. <http://www.fci.be/presentation.aspx> 29. [http://www.offa.org/hd\\_grades.html](http://www.offa.org/hd_grades.html) 30. [http://www.offa.org/stats\\_hip.html](http://www.offa.org/stats_hip.html)

## Nowe technologie w ocenie wartości użytkowej bydła

Danuta Radzio

Polska Federacja Hodowców Bydła i Producentów Mleka

Międzynarodowy Komitet do spraw Oceny Wartości Użytkowej Zwierząt, którego członkiem jest Polska Federacja Hodowców Bydła i Producentów Mleka, organizuje co roku warsztaty techniczne poświęcone nowym technologiom rozwijającym na potrzeby rolnictwa i oceny wartości użytkowej. W tym roku odbyły się one 22-24 czerwca w Bourg-en-Bresse we Francji. Wzięło w nich udział 290 uczestników z 37 krajów.

### Nowe technologie pomiarowe

Coraz nowocześniejsze i wszechstronniejsze czujniki, które instaluje się zwierzętom w celu monitorowania ich stanu, dostarczają nowych i precyzyjniejszych danych o poziomie żywienia, trawienia, aktywności czy temperaturze ciała, w celu wczesnej detekcji zdarzeń reprodukcyjnych oraz problemów zdrowotnych. Za pomocą kardiobolusów wszczepionych krowom można mierzyć częstotliwość akcji serca, zaś analizatory aktywności alarmują o rui.

Samo gromadzenie dużej ilości danych o krowach nie jest już celem samym w sobie. Na obecnym etapie w polu zainteresowania naukowców i firm dostarczających nowe rozwiązania technologiczne jest sposób połączenia wielu źródeł informacji i maksymalne ich wykorzystanie. Stąd też coraz istotniejsza staje się kwestia umożliwienia wymiany danych pomiędzy różnymi bazami, co warunkowane jest poprzez używanie kompatybilnych standardów zapisu danych.

Zastosowanie w ocenie wartości użytkowej takiej technologii, jak identyfikacja radiowa (RFID) do identyfikacji zwierząt, rejestracji zdarzeń, ich wydajności, stanu zdrowotnego czy fazy laktacji, w obrębie elektronicznych systemów do zarządzania stadem daje możliwość szybkiego zgromadzenia kompletu informacji. Identyfikacja RFID ma również zastosowanie w handlu, przy weryfikacji pochodzenia produktu. Stosowanie dobrowolnego systemu identyfikacji RFID skutkuje rozmnożeniem i pomieszaniem różnych technologii dostępnych na rynku RFID (kolczyki, bolusy podskórne, chipy w zastrzykach, opaski na nogi, transpondery szyjne, a do tego jeszcze kolczyki tradycyjne). Może to powodować trudności w spójności i odczycie danych nie tylko w ramach kraju czy pomiędzy krajami, ale biorąc pod uwagę szybkość rozwoju różnych technologii, nawet w ramach jednego rozbudowującego się stada.

W Unii Europejskiej identyfikację elektroniczną RFID stosuje się obowiązkowo dla kóz i owiec, dla bydła jej stosowanie jest dobrowolne (tylko w Danii wprowadzono od 2010 roku obowiązkową identyfikację elektroniczną). Niemniej jednak, na przykładzie innych krajów, np. Kanady czy Australii, podkreśla się jej

pozytywny wpływ na usprawnienie zarządzania stadem, jak również na prowadzenie oceny, szczególnie w zakresie przyspieszenia automatyzacji gromadzenia danych. Zdecydowanie jest to też system bardziej przyjazny dla zwierzęcia.

Na potrzeby duńskiego zespołu specjalistów do spraw korekcji racic krow zostało stworzone oprogramowanie, które zawiera wszystkie zidentyfikowane problemy z racicami (36 objawów klinicznych), możliwość rejestracji sposobu leczenia, dane o ostatnim badaniu lub leczeniu oraz umożliwia połączenie z centralną bazą danych. Urządzenie, w postaci tabletu PC z oprogramowaniem, zamontowane jest do ramy poskromu, w którym zwierzę ma korygowane racice. Specjalista w czasie korekcji, korzystając z opcji menu, może określić w czasie rzeczywistym stan racic oraz sposób leczenia. Wszystkie objawy są następnie analizowane i grupowane zespoły, np. w zespół problemów wynikających ze stanu skóry, związanych z budową racicy, uszkodzenia itd. Hodowca ma oczywiście możliwość wykorzystania na bieżąco zgromadzonych danych. Obecnie około połowa duńskich techników korekcji racic używa tego systemu.

### Genomika funkcjonalna

Na etapie, kiedy selekcja genomowa znalazła już praktyczne zastosowanie do szacowania wartości hodowlanej bydła, nauka poszukuje nowych metod zastosowania tych narzędzi. Wydaje się, że wiele korzyści przynieść może wykorzystywanie genomiki do mapowania genów odpowiedzialnych za konkretne cechy fenotypowe, np. związane z płodnością, rozrodem czy z ogólnym zdrowiem krow.

Zanim zacznie się powszechnie korzystać z selekcji genomowej należy zwrócić uwagę na dwie zasadnicze kwestie. Jeśli nadal podążać się będzie w selekcji genomowej za cechami o najwyższej dokładności, pozostawiając samym sobie cechy mniej odziedziczalne, można o wiele szybciej pogorszyć cechy związane z płodnością i zdrowiem zwierząt niż w tradycyjnym modelu selekcji. Dlatego teraz właśnie jest moment, aby dokładnie zbadać mechanizmy genomiczne dla cech związanych ze zdrowiem i płodnością, aby przysłać modele selekcji genomowej w należyty stopniu uwzględniały też i te cechy funkcjonalne. Mając do dyspozycji narzędzie, jakim jest genomika, jest szansa naprawić to, co zostało utracone w efekcie kilkudziesięciu lat jednokierunkowej selekcji na wydajność mleka. Wracając do korzeni oceny wartości użytkowej trzeba pamiętać, że powstała ona, aby dać hodowcom narzędzie do lepszego zarządzania stadem, ułatwiające podejmowanie decyzji. Na tym etapie uznać można, że szacowanie wartości hodowlanej powstało jako „efekt wtórny”. Dziś mamy do dyspozycji genomikę, która umożliwia określenie wartości hodowlanej młodego buhaja, o którym nie mamy jeszcze żadnych danych fenotypowych co do jego możliwości produkcyjnych. Zatem obecnie sytuacja częściowo została odwrócona.

Na potrzeby badań genomicznych w zakresie mapowania kolejnych cech fenotypowych zasadniczą kwestią jest precyzyjne ich opisanie. Tym bardziej, że chodzi o cechy nieprodukcyjne trudno odziedziczalne, takie jak: zdolności adaptacyjne i podatność na stres, żywienie i sposób wykorzystania paszy, przyrosty, gruczoł mleczny i produkcja mleka, system reproduk-

cji i płodność, ogólnie zdrowie zwierząt, instykt mateczny itd. Bardzo istotną sprawą w morzu danych fenotypowych jest niezwykle precyzyjne i spójne określanie tych samych cech, aby były one porównywalne pomiędzy bazami danych. Do tego celu naukowcy starają się opracować nowe narzędzie – ontologię, czyli systematykę opisywania cech fenotypowych i relacji między grupami cech. Zadaniem tej gałęzi nauki będzie uporządkowanie i ujednoczenie sposobu opisywania cech. W ontologii zakłada się również możliwość określenia wpływu środowiska na daną cechę – co jest niezwykle trudne do bardzo precyzyjnego usystematyzowania. Zarówno cechy zdrowotności zwierząt, jak i płodność są bardzo nisko odziedziczalne, stąd niezwykle duża ilość danych kompatybilnie opisywanych jest niezbędna, w celu odnalezienia relacji fenotypu z genotypem.

W przypadku reprodukcji, na efekt finalny w postaci wycielenia składa się wiele powiązanych ze sobą cech zarówno po stronie matecznej, jak i ojcowskiej, poczynając od tworzenia się pęcherzyków z oocytami w jajnikach (czy plemników w jądrach), przez ich dojrzewanie, zapłodnienie, wędrowkę z jajowodu do macicy i zagnieżdżenie zygoty w ścianie macicy. Złożoność interakcji tego procesu tworzy swoistą mozaikę. W czasie tych przeobrażeń dosłownie wszystko może mieć wpływ na pomyślny przebieg ciąży lub jej utratę. Niezwykle trudno diagnozować i wyizolować konkretny czynnik mający wpływ na rozwój ciąży. W efekcie ostatnich badań w rasie holsztyńskiej odkryto przewagę występowania wczesnej śmiertelności embrionów o podłożu genetycznym (ok. 37% poronień). Zastosowanie takich osiągnięć nauki, jak zapłodnienie i hodowla *in vitro*, transkryptomika i proteomika, umożliwiło prześledzenie każdej fazy całego mechanizmu tworzenia się komórek rozrodczych wraz z powstaniem i rozwojem zygoty oraz wysledzenie genów zaangażowanych w ten proces. W efekcie transkrypcji genów na trzecim chromosomie zlokalizowano geny odpowiedzialne za cechy płodnościowe. Te odkrycia oraz dalszy rozwój badań mają na celu wyeliminowanie w przyszłości genetycznego podłoża niepłodności.

### Przyszłość genomiki

Poza zasadniczą korzyścią jaka płynie z selekcji genomowej, czyli oszacowania wartości hodowlanej młodych buhajów bez czekania na wydajność córek – narzędzie to, dzięki poszerzeniu zbioru młodych buhajów z wyceną na podstawie genomiki, umożliwia obniżenie inbrodu w populacji.

W przyszłości możliwe będzie odczytanie kompletnego genotypu każdego indywidualnego zwierzęcia. Przewidzenie efektu fenotypowego genu jest możliwe dzięki poznaniu zależności genotyp-fenotyp w dobrze znanej, ocenianej populacji referencyjnej. Aby jednak do tego doszło, dwie kwestie muszą być rozwiązane: ocena nowych cech (nieprodukcyjnych) oraz objęcie nią całej populacji.

Dla dalszego rozwoju genomiki niezwykle istotne jest utrzymanie i poszerzenie wielkości populacji referencyjnej, dlatego bazy danych poszczególnych krajów powinny się łączyć. Kraje, które chcą rozpocząć ocenę genomiczną młodych buhajów muszą mieć najpierw uwiarygodnioną międzynarodowo ocenę konwencjonalną.

Niezwykle istotny dla powodzenia tych planów będzie spójny i porównywalny system opisywania fenotypu. Z punktu widzenia organizacji prowadzących ocenę – członków ICAR, ważne jest by zdawać sobie sprawę, jakie może być potencjalne zastosowanie technologii genomicznej i na jakiej zasadzie może stać się to praktyczną częścią usługi świadczoną hodowcom.

Przykładowe możliwości zastosowania genomiki teraz i w przyszłości, poza szacowaniem wartości hodowlanej, to:

- identyfikacja zwierząt i uznanie pochodzenia;
- skanowanie jałowizny – preselekcja do chowu;
- określanie podatności na szczepionki i leki;
- dawki żywieniowe „skrojone” na miarę profilu genetycznego;
- śledzenie pochodzenia produktu;
- indywidualny dobór do kojarzeń;

- skanowanie na wady genetyczne;
- identyfikacja i eliminacja nowych wad genetycznych;
- określanie predyspozycji chorobowych, np. na szczepy odporne na szczepionki oraz do innych celów medycznych;
- wpływ na środowisko – emisja gazów i jej ograniczanie.

### Nowe podejście w zarządzaniu oceną wartości użytkowej

Organizacje prowadzące ocenę w różnych krajach nierzadko zmagają się z podobnymi problemami. Korzystając z osiągnięć nauki starają się uatrakcyjnić swoją ofertę, zarówno poprzez dostarczanie nowych analiz, jak i umożliwienie jednoczesnego korzystania z wielu różnych baz danych.

W okresie kiedy większość organizacji korzystających z dotacji państwowych stoi przed widmem ich utraty lub znacznego ograniczenia, organizacje prowadzące ocenę muszą dążyć do podnoszenia konkurencyjności usługi i dostarczenia farmerowi gotowego narzędzia, które będzie mógł wykorzystać przy podejmowaniu decyzji dotyczących stada, aby produkować lepiej i bardziej ekonomicznie.

Amerykanie w stanie Wisconsin doszli do wniosku, że pomocnym narzędziem będzie porównanie ich stada z podobnymi stadami z danego terenu. Hodowca może odnaleźć swoje stado na tle średniej regionalnej w danej grupie, zarówno pod względem wydajności, jak i cech reprodukcyjnych, zdrowia, stanu wymienia, wielkości remontu stada. W pracy hodowcy niezwykle istotne jest wczesne sygnalizowanie i diagnozowanie potencjalnych problemów w stadzie, a tego rodzaju analizy porównawcze mogą pomóc w ich wczesnym dostrzeżeniu.

W celu usprawnienia zarządzania działalnością w zakresie oceny wartości użytkowej francuskie organizacje z południowo-wschodniej części kraju postanowiły zainwestować w projekt, który uwzględnia: elektroniczną identyfikację zwierząt, elektroniczną identyfikację fiolek wielokrotnego użytku, dostosowanie dostępnych narzędzi do potrzeb lokalnych organizacji oceny wartości użytkowej bydła.

W ramach tego projektu wprowadzono PDA jako środek gromadzenia i transmisji danych, co wyeliminowało papier i usprawniono pracę, eliminując część błędów. Spadły koszty papieru, ale wzrosły koszty transmisji danych. W tym systemie Francuzi stosują urządzenia PDA, które mają czytnik kodów RFID oraz możliwość transmisji danych poprzez GPRS. Aby możliwe było wprowadzenie tego modelu hodowcy musieli zainwestować w elektroniczną identyfikację stada – zwykle są to paski na nogę. W laboratoriach oceny mleka również zainwestowano – zakupione zostały aparaty do mycia, suszenia i automatycznego zadawania bronopolu. Integracja wielu źródeł danych skutkuje szybszą dostępnością kompletnych wyników obrazujących stan stada, dostępnych dla hodowcy poprzez wybraną drogę komunikacji elektronicznej. System ten zbiera pozytywne oceny i będzie też wdrażany w północnych regionach kraju.

Posiadanie danych z oceny wartości użytkowej jest podstawą do wszelkich dalszych działań, mających na celu poprawienie zarządzania stadem. Mając taką bazę i chcąc poprawić ekonomikę produkcji, należy analizować paszę w celu dopasowania dawek pokarmowych do potrzeb zwierząt. Standardowa analiza laboratoryjna zajmuje kilka dni, natomiast przy zastosowaniu aparatu AgriNIR wyniki analizy paszy otrzymuje się po około 5 minutach. Uzyskane rezultaty wpisuje się w równania i kalkulacje systemu INRA, w celu zoptymalizowania dawek pokarmowych. Badania pokazują, że skład pasz zmienia się w zależności od czasu przechowywania i warunków środowiskowych, dlatego niezwykle istotne jest bardzo częste pobieranie próbek do analizy. Wyniki uzyskane za pomocą aparatu AgriNIR nie mają dokładności laboratoryjnej, ale dają hodowcy bieżącą informację o poziomie składników w paszy i jej aktualnej jakości. Liczy się tu czas i częstotliwość badań. Mając to narzędzie do dyspozycji można na bieżąco dopasowywać dawki pokarmowe grupom zwierząt i śledzić skutki tych zmian, korzystając z danych z oceny.