Selekcja genomowa bliżej hodowców

Tomasz Krychowski

Polska Federacja Hodowców Bydła i Producentów Mleka

Wiarygodność selekcji genomowej w doskonaleniu bydła mlecznego w ogromnym stopniu zależy od liczby buhajów ocenionych na podstawie potomstwa. Liczba ta składa się na bazę danych zawierających genotypy tych buhajów. Dlatego poszczególne kraje łączą swoje bazy genotypów buhajów, aby były one jak największe.

Po dwóch stronach Oceanu Atlantyckiego, w Europie i w Stanach Zjednoczonych, dyskusje o łączeniu krajowych baz genotypów buhajów przybrały już realne kształty. W Europie swoje bazy połączyły: Holandia, Francja, Niemcy i wspólną bazę kraje skandynawskie – Dania, Szwecja i Finlandia. Kraje te utworzyły w roku 2009 konsorcjum pod nazwą EuroGenomics. Dwa lata później do tej organizacji przystąpiła Hiszpania.

EuroGenomics dysponuje największą na świecie bazą genotypów ponad 20 000 buhajów, pozwalającą na obliczenie wartości hodowlanej buhajów i jałówek dla ponad 30 cech z dokładnością ponad 70% dla cech produkcyjnych i pokrojowych oraz ponad 60% – dla cech funkcjonalnych. Dokładność ta jest równa uzyskiwanej przy ocenie wartości hodowlanej buhajów na podstawie 40 córek i przewyższa znacznie dotychczasową dokładność oceny wartości hodowlanej materiału żeńskiego. W ramach EuroGenomics rozwija się także współpraca naukowa, umożliwiająca wypracowanie nowych metod doskonalenia genetycznego bydła mlecznego.

Genomika Polska

W Polsce prace nad opracowaniem selekcji genomowej w hodowli bydła mlecznego rozpoczęto w konsorcjum MASinBULL. Wiodącą rolę odgrywała w nim Stacja Hodowli i Unasieniania Zwierząt w Bydgoszczy, współpracująca z Małopolskim Centrum Biotechniki w Krasnem, profesorem Stanisławem Kamińskim z Uniwersytetu Warmińsko-Mazurskiego w Olsztynie i profesor Joanną Szydą z Uniwersytetu Przyrodniczego we Wrocławiu oraz z Instytutem Zootechniki w Balicach. System obliczania przez polskie konsorcjum genomowej wartości hodowlanej buhajów za pomocą chipa 54k otrzymał pozytywną ocenę Interbull w sierpniu 2010 roku. Nasz kraj wszedł w ten sposób do wąskiej grupy krajów dysponujących tą technologią. Ale dokładność tej oceny wynosiła tylko około 50%, gdyż polska baza liczyła mniej niż 2000 buhajów. Było to program, którego wykorzystanie w praktyce hodowlanej było stosunkowo małe, w porównaniu z krajami stosującymi selekcję genomową w Europie Zachodniej, USA czy Kanadzie.

Ocena tej sytuacji skłoniła Polską Federację Hodowców Bydła i Producentów Mleka do zaproponowania, aby przekształcić konsorcjum MASinBULL w organizację krajową, do której dołączyłaby PFHBiPM, reprezentująca hodowców zainteresowanych genotypowaniem materiału żeńskiego, oraz pozostałe spółki inseminacyjne, czyli WCHiRZ w Tulcach i MCHiRZ w Łowiczu. Tak przekształcone konsorcjum nazwano Genomika Polska, w którym Polska Federacja Hodowców Bydła i Producentów Mleka pełni rolę wiodącą w Komitecie Sterującym, a Instytut Zootechniki w Balicach – w Platformie Technologicznej (patrz schemat).

Tak utworzone konsorcjum Genomika Polska stało się 26 października 2012 r. członkiem europejskiego konsorcjum EuroGenomics.

Problemy do rozwiązania

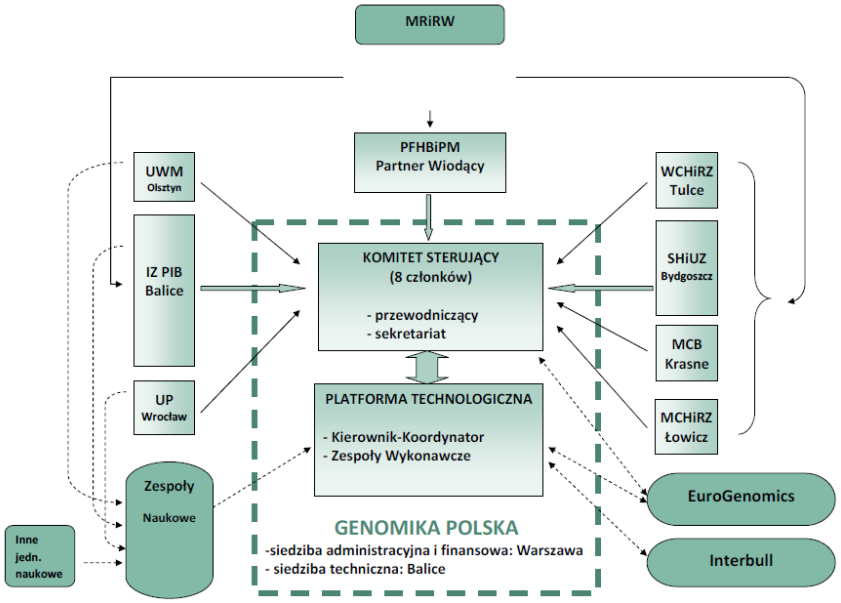
W roku 2012 zakończyło się budowanie struktury organizacyjnej Genomiki Polskiej i przyjęcie Polski do grupy krajów przodujących w hodowli bydła mlecznego w Europie i na świecie. To na pewno punkt pozytywny. Ale teraz dopiero rozpoczyna się ciężka praca, by w szybkim tempie zacząć wdrażać technologię genomową do polskiej hodowli i jak najszybciej nadrobić czas stracony dla postępu hodowlanego. W tych działaniach można wyróżnić trzy obszary problemowe.

Po pierwsze, należy wystąpić ponownie do Ministerstwa Rolnictwa i Rozwoju Wsi o zmianę ustawy hodowlanej, w celu umożliwienia wykorzystywania buhajów mających tylko genomową ocenę wartości hodowlanej. Jest to już od 2 lat stosowane w innych krajach.

Po drugie, należy opracować wspólnie ze spółkami inseminacyjnymi nowe programy hodowlane, wykorzystujące selekcję genomową. Polskie organizacje prowadzące programy selekcji buhajów czeka prawdziwa rewolucja, o czym przekonują doświadczenia z ostatnich trzech lat w innych krajach Europy Zachodniej.

Po trzecie, należy zacząć szeroki program genotypowania materiału żeńskiego, który z jednej strony pozwoli na optymalizację wyboru matek buhajów, a z drugiej – na optymalizację zarządzania stadem pod względem selekcji materiału żeńskiego i doboru buhajów do kojarzeń. Konieczne jest w tym wypadku finansowe wsparcie państwa w ramach funduszu postępu biologicznego, podobne do tego, z jakiego korzystali hodowcy w wielu różnych krajach Europy Zachodniej. W tym miejscu trzeba podkreślić, że genomika rewolucjonizuje ścieżkę żeńską w kreowaniu postępu hodowlanego, gdyż dokładność oceny materiału żeńskiego jest taka sama jak materiału męskiego.

Przystąpienie naszego kraju do europejskiego konsorcjum EuroGenomics powinno stać się dla polskich organizacji hodowlanych podobnym bodźcem, jak organizacja w Polsce EURO 2012 w piłce nożnej. Jak najszybciej trzeba przekazać hodowcom technologię genomową, w celu jej praktycznego wykorzystania. Nie można tracić więcej czasu, jeżeli polska hodowla nie chce stać się wyłącznie producentem mleka, lecz również być uczestnikiem globalnego postępu w hodowli bydła mlecznego.



Rys. Struktura organizacyjna Centrum Naukowo-Przemysłowego „Genomika Polska"