

Tabela 6

Porównanie możliwości produkcyjnych populacji krów mlecznych objętych kontrolą użytkowości z mlecznością krów całej populacji krajowej [3, 8]

Rok	Populacja krów w kraju (tys. szt.)	Wydajność roczna mleka (kg)	Przeciętna liczba krów ocenianych (szt.)	Wydajność roczna mleka (kg)	Różnica do roku poprzedniego	Zawartość (%)	
						tłuszcz	białko
2000	3098	3668	387 645	5379	+352	4,12	3,26
2001	3005	3828	419 097	5597	+216	4,19	3,31
2002	2873	3902	448 050	5712	+115	4,19	3,28
2003	2898	3969	470 722	5851	+139	4,23	3,31
2004	2796	4082	481 334	6152	+301	4,23	3,28
2005	2795	4147	511 464	6508	+356	4,21	3,32
2006	2824	4200	520 666	6664	+156	4,18	3,32
2007	2787	4292	526 888	6688	+24	4,22	3,33
2008	2772	4360	567 477	6817	+129	4,14	3,34
2009	2585	4455	579 910	6935	+118	4,17	3,33
2010	2529	4487	598 402	6980	+45	4,18	3,35

skowych, zgodnie z obowiązującymi standardami technologicznymi zapewniającymi dobrostan.

użytkowej krów mlecznych, 2009 – Polska Federacja Hodowców Bydła i Producentów Mleka.

**Literatura:** 1. Broom DM., 1996 – Pig News and Information 17(4), 109N-114N. 2. Fiedorowicz G., 1998 – Efektywność chowu krów w oborach o różnej wielkości i rozwiązaniach technologicznych. IBMER, Warszawa, Prace Naukowo-Badawcze nr 2. 3. GUS, Roczniki Statystyczne 2000-2011. 4. Herbut E., 2009 – Dobrostan zwierząt i jego wpływ na efekty produkcyjne. 1 Kongres Nauk Rolniczych IUNG Puławy. 5. Jugowar J.L., 2008 – Wybrane aspekty aktualnych uwarunkowań środowiskowych i przyszłościowych technik w produkcji zwierzęcej. IBMER, Warszawa. 6. Systemy utrzymania bydła. Poradnik (praca zbiorowa), 2005 – IBMER Warszawa, Duńskie Służby Doradztwa Rolniczego. 7. Ważna-Zwierzyńska G., 2006 – Wpływ stanu technicznego urządzeń do pozyskiwania i schładzania mleka oraz transportu mleka na jego jakość. Rozprawa doktorska. Prace Naukowe IBMER, Warszawa 1 (9), 81-100. 8. Wyniki oceny

## Nowe wyzwania związane z oceną genomową

Anna Siekierska

Polska Federacja Hodowców Bydła i Producentów Mleka

Wzrost zainteresowania oceną genomową i podejmowanie przez coraz więcej krajów na świecie prac w tym kierunku przyspieszyło opracowanie przez INTERBULL (międzynarodowa organizacja odpowiedzialna za standaryzację oceny genetycznej bydła) metody walidacyjnej – sprawdzającej poprawność i zgodność z zadanymi kryteriami, skutecznej w odniesieniu do międzynarodowych oszacowań na podstawie genomów. Pierwszy oficjalny test walidacyjny ocen genomowych odbył się latem 2010 roku. W teście wzięło udział 7 krajów: Kanada, Francja, Niemcy, Polska, Nowa Zelandia, Holandia i Stany Zjednoczone. Dotyczył on buhajów rasy holsztyńskiej i jersey. Test walidacyjny był ograniczony do wydajności białka. W ciągu kolejnego roku przeprowadzono kolejne walidacje, a do testu w sierpniu 2011 roku przystąpiło już 14 krajów z trzech kontynentów. Rozszerzyła się też gama ras bydła mlecznego, dla których na świecie wykonuje się selekcję genomową. Do holsztyńskich i jersey dołączyły buhaje rasy simentalskiej, brown swiss i montebeliarde. Polska nadal znajduje się w światowej awangardzie. Jednak już wielki czas na to, aby selekcja genomowa z uczelnianych gabinetów i laboratoriów trafiła „pod strzechy” i by polscy hodowcy zaczęli odczuwać jej praktyczne aspekty w codziennej pracy hodowlanej w swoich stadach.

**Nowe narzędzie hodowlane – genomika**

Wprowadzenie oceny genomowej dostarczyło branży inseminacyjnej nowego narzędzia, które może przynosić zupełnie nowa-

torskie rozwiązania. Konsekwencje tego są wielorakie, a opisano je niedawno w miesięczniku „Holstein International” (nr 4/2011). Najważniejszą z nich jest szybszy postęp genetyczny. Ważne jest też zrozumienie, z czego wynikają korzyści tej nowości i nauczenie się właściwego ich wykorzystywania. Co kryje się za liczbami genomowych ocen? W tym momencie centralnym punktem zainteresowania staje się baza danych referencyjnych, o której zawsze się mówi w kontekście oceny genomowej.

Gdy tylko opisane zostały naukowe podstawy tego odkrycia, natychmiast rozpoczęły się próby wprowadzenia genomiki do praktyki. Gdy po raz pierwszy opublikowano wyniki ocen genomowych – najpierw w USA i Nowej Zelandii, a potem w krajach Europy, gdzie jest największa hodowla bydła holsztyńskiego, organizacje hodowlane i stacje inseminacyjne zareagowały, wprowadzając istotne zmiany w strategii swojej działalności. Największa i najważniejsza korzyść wynikająca z genomiki to wyraźnie wyższa dokładność oszacowań dla młodych zwierząt w porównaniu do indeksu rodowodowego (tzw. PA, czyli z ang. parent average). Już dla osobników żeńskich i męskich nie legitymujących się własną produkcją lub nie posiadających informacji o córkach, znajomość potencjału genetycznego oceniona na podstawie ich genomu jest wystarczająco wiarygodna, aby selekcja dokonana w młodym wieku była skuteczna. W konsekwencji coraz młodsze jałówki są dziś używane w kojarzeniach jako potencjalne komponenty w programach hodowlanych. Podobnie młode buhaje z wysokimi ocenami genomowymi, ale bez własnych córek, są często wybierane na ojców przyszłego pokolenia rozplodników. Takie skrócenie odstępu międzypokoleniowego oraz wyższa intensywność selekcji są największą korzyścią „rewolucji genomowej”. Ma to praktyczny wpływ na strategię organizacji hodowlanych, które, wykorzystując wspomniane czynniki, znacznie redukują liczbę buhajów kupowanych do testowania. Niektóre z nich, radykalizując działanie, zamierzają w ogóle zaprzestać tradycyjnego testowania buhajków, łącznie z pominięciem kompleksowego procesu zbierania danych. Czy słusznie?

Konkurencja na międzynarodowym rynku nasienia i szeroko rozumianej genetyki wyraża się we wzroście znaczenia indeksów (tzw. total merit index) – określających liczbowo podstawowe kryteria selekcyjne w odniesieniu do pojedynczego osobnika. Oceny genomowe, w tym także indeksy, odnoszone są do bazy danych referencyjnych, reprezentujących poszczególne populacje. Baza referencyjna nie jest statyczna. Zmiany, które w niej zachodzą, są przede wszystkim zależne od córek najbardziej intensywnie użytkowanych buhajów ocenionych. Wysoka wiarygodność oceny tych buhajów ma zasadniczy wpływ na dokładność oszacowań efektów 50 000 SNP lub markerów, które są obecnie używane w ocenie genomowej.

### **Indeks nie opisuje genu**

Aby pokazać, jak ważna jest zmienność w zbiorze danych referencyjnych dla przyszłości rozwoju hodowli, trzeba się zagłębić w podstawy indeksów genomowych, wykorzystujące zasady genetyki molekularnej. Bardzo ważne jest zrozumienie, że indeksy genomowe nie opisują bezpośrednio genów i ich efektów. Stosując duże uproszczenie: wyrażają one wartość markera (leżącego blisko lub na miejscu danego genu) w odniesieniu do indeksu oszacowanego metodą konwencjonalną, w ujęciu statystycznym. Można powiedzieć, że marker określa niższą lub wyższą zwierzęcia dla danej cechy w stosunku do średniej populacji, ale nie wyjaśnia, dlaczego powstała ta różnica. Tak więc nawet w „erze genomowej” stale przywołuje się pojęcia z genetyki populacji w tradycyjnym rozumieniu, choć ma się na myśli elementy genetyki molekularnej.

Można to zilustrować na przykładzie produkcji mleka. Przykładowy buhaj ma oszacowaną genomową wartość hodowlaną dla tej cechy +500 kg. Ten indeks oznacza potencjał genetyczny buhaja dla produkcji mleka w odniesieniu do średniej wartości tej cechy w populacji, reprezentowanej przez zbiór danych referencyjnych. Jednakże indeks genomowy nie odpowiada na pytanie, w jaki sposób gen reprezentowany przez marker wytworzył tę przewagę. To są procesy bardzo skomplikowane. Być może ten gen, poprzez jego charakter, na przykład wpływa na twardość racicy, co będzie miało pozytywny wpływ na genomową ocenę produkcji mleka w sposób pośredni, przez lepszą lokomocję zwierzęcia i możliwe wyższe pobranie suchej masy przez to zwierzę. Budowa racicy nie jest cechą związaną bezpośrednio z produkcją mleka. Tak więc możliwe, że gen, wstępnie inicjujący cechę pokroju, w obliczaniu indeksu genomowego opisuje cechę genetyczną związaną z pozytywnym wpływem na produkcję mleka. Liczne korelacje między cechami, używane w klasycznej ocenie wartości hodowlanych, potwierdzają tę tezę. Szczególna zaleta oszacowań genomowych wartości genetycznych polega na tym, że może ona też opisywać cechy jeszcze trudniejsze w ocenie. Pozytywny indeks łatwości wycieleń u znanego buhaja O-Man mógł być obliczony częściowo na podstawie znajomości silnego genetycznego powiązania tej cechy z krótszym okresem trwania ciąży u jego córek. Za pomocą oceny genomowej ta cecha może być udokumentowana dla osobnika, który jeszcze nie ma dostępnych bezpośrednich badań na potomstwie.

### **Naukowcy są zgodni**

Co wynika z podanego przykładu? Zasadniczo nie powinno mieć znaczenia dla hodowców praktyków lub firm hodowlanych, jakie średnie wartości były przyjęte do obliczania oszacowań. Najważniejsze jest bowiem to, czy baza danych referencyjnych,

na podstawie których wykonuje się szacowanie wartości genomowych, dobrze reprezentuje aktualną zmienność genetyczną w obrębie populacji. Naukowcy z Uniwersytetu Stanowego w Iowa oraz francuskiego centrum obliczeniowego INRA są zgodni co do tego, że znajomość dokładnego genotypu danego osobnika byłaby korzystna, ale jeśli marker lub kombinacja markerów leży dostatecznie blisko interesującego nas genu to informacja, której dostarcza jest równie wartościowa z punktu widzenia poprawności szacowania wartości genetycznej. Płytki SNP50K o dużej gęstości markerów pozwala na wnioskowanie o potencjale genetycznym zwierzęcia z dość dużą dokładnością. Ale nie ulega kwestii, że badania naukowe muszą być kontynuowane. Zdaniem badaczy, markery pojedynczych polimorfizmów nukleotydów (tzw. SNP) używane dzisiaj są bardzo dobrze rozłożone na genomie i dobrze go reprezentują. W przypadku wielu buhajów ich genomowa wartość hodowlana została już potwierdzona w kolejnych obliczeniach z uwzględnieniem klasycznej oceny na podstawie córek. Jednak czasem w tych oszacowaniach występują niepokojące różnice. To dlatego naukowcy uważają, że lepszym i mniej ryzykownym dla hodowców rozwiązaniem jest używanie nasienia grupy młodych buhajów mających podobne oceny genomowe niż wyszukanie jednego, najwyższej ocenionego buhaja „gwiazdy” i krycie nim większej liczby samic w stadzie.

### **Możliwe skutki**

Pozytywne podejście naukowców do jakości oceny genomowej jest uzasadnione. Dane referencyjne używane dzisiaj, leżące u podstaw genomowych oszacowań, korzystają z wysokiej zmienności genetycznej powstałej w czasach, gdy były używane wyłącznie konwencjonalne metody testowania buhajów. Wówczas wśród testowanych buhajów były, potocznie mówiąc, „plus warianty” i „minus warianty”. Paleta genotypów tworzących dzisiejszą bazę referencyjną jest więc bardzo różnorodna, reprezentująca zmienność genetyczną. Ale jak będzie wyglądać zmienność bazy referencyjnej za 8 lub 10 lat? Już wcześniej historia hodowli pokazywała, że czasem buhaj z wysoką oczekiwaną wartością hodowlaną obliczoną na podstawie danych rodowodowych wcale nie docierał do pierwszych pozycji na listach rankingowych, a jakiś inny buhaj niespodziewanie osiągał sukces, oczywiście za sprawą swoich córek. Tak samo bywało z ojcami buhajów używanymi w przeszłości. Z perspektywy czasu można powiedzieć, że pod względem popularności obecnie przeważają buhaje, których cechy uzupełniają cechy buhajów najchętniej używanych w poprzednim okresie. Nasuwa się pytanie: czy mocno rosnąca intensywność selekcji utrzyma zmienność w populacji referencyjnej? Teoretycznie przecież do rozplodu mogą trafiać wybrane na podstawie oceny genomowej osobniki reprezentujące tylko pozytywne wartości cech. Wartość markera genetycznego – SNP, zależy od tego, czy do przyszłej bazy referencyjnej będą dodawane osobniki mające różne potencjały genetyczne. Wartość hodowlana +500 kg dla produkcji mleka nie jest wartością daną arbitralnie. Jest to prawdopodobny rezultat kojarzenia, którego można oczekiwać, nawet jeśli szacunki oparte na genomie zapowiadają się niżej. Dobrym przykładem jest tu buhaj Goldwyn, który najprawdopodobniej nie trafiłby do testowania (niezbyt wysoka spodziewana wartość hodowlana dla produkcji mleka), gdyby nie jego już wówczas dostępne oceny genomowe dotyczące innych cennych cech, szczególnie pokrojowych.

Trzeba podkreślić, że utrzymanie zmienności genetycznej w populacji referencyjnej nie jest zadaniem naukowców. To jest zadanie dla firm prowadzących programy hodowlane. To one muszą być pewne tego, że nie wszystkie młode buha-

je dodawane do przyszłej bazy referencyjnej reprezentują dzisiaj wyłącznie najwyższe poziomy genetyczne. Natomiast jeśli jest wśród nich jakiś nowy Goldwyn – to naukowcy muszą umieć go wskazać.

## Krzyżowanie towarowe bydła w Polsce – znaczenie i wyniki

**Zygmunt Litwińczuk**

**Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie**

Polska należy do tych nielicznych krajów, w których prawie cała produkcja wołowiny oparta jest na rasach użytkowanych mlecznie. W przeszłości zdecydowanie dominowało bydło o użytkowości kombinowanej z dobrze zaznaczonymi cechami mięsnymi. Od połowy lat 70. XX wieku trwa ekspansja bydła holsztyńsko-fryzyskiego, od tego czasu krajowe bydło czarno-białe i czerno-białe podlega przekształceniu w kierunku mlecznym.

Prostym zabiegiem hodowlanym, dającym znaczną poprawę cech mięsnych, jest krzyżowanie towarowe. Zostało ono zapoczątkowane w Wielkiej Brytanii w czasie drugiej wojny światowej. Zwiększenie zapotrzebowania na wołowinę spowodowało w następnych latach jego rozwój. Krzyżowanie towarowe jest metodą hodowlaną pozwalającą na wykorzystanie efektów dziedziczenia pośredniego cech rodzicielskich oraz ewentualnej heterozji, będącej efektem nieaddytywnego działania genów. Pozwala na szybką, doraźną poprawę cech ilościowych i jakościowych. Warunkiem jego realizacji, a równocześnie mankamentem, jest posiadanie licznej populacji krów, z których tylko ta część jest przeznaczona do krzyżowania towarowego, która nie jest wykorzystywana do remontu stada.

W Polsce historia krzyżowania towarowego bydła sięga początku lat 60., kiedy to w 1960 i 1961 roku sprowadzono buhaje i jałówki ras hereford, aberdeen-angus i charolaise. W realizacji krzyżowania towarowego w Polsce można wyodrębnić trzy etapy:

- pierwszy (w latach 60.), kiedy rozpoczęto krzyżowanie i dokonano oceny przydatności do jego realizacji rasy hereford, aberdeen angus i charolaise;
- drugi (obejmujący lata 70. i 80.), to intensywny rozwój krzyżowania towarowego z użyciem rasy charolaise i simentalskiej, a następnie limousine i blonde d'aquitaine;
- trzeci (lata 90.), to wprowadzenie do krzyżowania towarowego ras włoskich i innych oraz realizacja programu rozwoju hodowli bydła mięsnego.

### WYNIKI BADAŃ

Badania Kaczmarka i wsp. (1966), Łappy i wsp. (1966), Skolaśńskiego (1966), Seidlera i wsp. (1967) wykazały, że mieszańce po buhajach aberdeen angus charakteryzowały się:

- mniejszą masą ciała przy urodzeniu i dużą łatwością ocieleń;
- mniejszą końcową masą ciała i dobowymi jej przyrostami oraz większym zużyciem paszy na kg przyrostu masy ciała;

- wyższą wydajnością rzeźną;
- lepszym umięśnieniem, ale równocześnie dużym przetłuszczeniem, co jest szczególnie widoczne przy opasie do masy ciała ponad 400 kg;

– większą predyspozycją do opasu pastwiskowego lub półintensywnego, prowadzonego do umiarkowanej masy ciała.

W doświadczeniach Jakóbca i wsp. (1971) oraz Seidlera i wsp. (1967) oceniono efekty krzyżowania krów polskich czerwonych z rasą hereford. Mieszańce te wyróżniały się:

- większą (o ok. 6 kg) masą ciała przy urodzeniu;
- większym przyrostem dobowym masy ciała i mniejszym zużyciem paszy na przyrost kg masy ciała;
- wyższą wydajnością rzeźną, ale równocześnie znacznym przetłuszczeniem tuszy.

W badaniach Chmielnika i wsp. (1966), Łappy i wsp. (1966), Furche i wsp. (1967), Kaczmarka i wsp. (1970), Lewińskiej i wsp. (1971), Zalewskiego i wsp. (1971) pochodzące po buhajach rasy charolaise mieszańce charakteryzowały się:

- większą masą ciała przy urodzeniu i, w zależności od buhaja, bardziej lub mniej zwiększoną frekwencją ciężkich porodów;
- wyższym tempem wzrostu i dużą przydatnością do intensywnego opasu „ciężkiego”;
- dobrym wykorzystaniem paszy;
- bardzo dobrym umięśnieniem całego tułowia, a zwłaszcza grzbietu, łędźwi i zadu;
- wysoką wydajnością rzeźną, dużym udziałem mięsa i małym udziałem tłuszczu w tuszy;
- większą przydatnością jałówek do opasu prowadzonego do większej masy ciała (ok. 420 kg).

W latach 90. badania z zakresu krzyżowania towarowego zostały skoncentrowane na ocenie przydatności włoskich ras mięsnych. Realizowano je pod kierunkiem prof. H. Jasiorowskiego na bardzo dużą, niespotykaną dotychczas skalę. W ich realizacji, przy współpracy z jednostkami naukowymi i związkami hodowców bydła z Włoch, uczestniczyły niemalże wszystkie ośrodki naukowe w kraju, zajmujące się hodowlą bydła. Strona włoska przekazała wykonawcom badań 7491 porcji nasienia pochodzącego od 30 buhajów (ok. 250 porcji od każdego buhaja). Oceniano przydatność 3 ras – piemontese, chianina i marchigiana, wykorzystując nasienie 10 buhajów z każdej rasy.

Za najważniejsze można uznać następujące wyniki:

- nie odnotowano większej częstotliwości trudnych porodów;
- w prawie wszystkich ośrodkach i w różnych systemach opasu mieszańce z rasami włoskimi odznaczały się większym tempem wzrostu; najlepsze przyrosty uzyskiwały mieszańce po buhajach piemontese i chianina;
- stwierdzono wyraźną przewagę mieszańców z udziałem rasy piemontese w zakresie większości cech rzeźnych, w tym głównie zawartości mięsa (wyższa) i tłuszczu (niższa) w tuszy.

Ocena przydatności do krzyżowania towarowego francuskich ras mięsnych, głównie limousine i w znacznie mniejszym stopniu blonde d'aquitaine, to badania Romera i wsp. (z połowy lat 70.), a przede wszystkim prace z drugiej połowy lat 90. prowadzone