

Ocena genomowa zaistniała także w Polsce. Bezpośrednie prace naukowe były poprzedzone utworzeniem w 2004 roku Polskiego Banku DNA Buhajów w Katedrze Genetyki Zwierząt Uniwersytetu Warmińsko-Mazurskiego w Olsztynie, finansowanego w całości przez Stację Hodowli i Unasienniania Zwierząt w Bydgoszczy. Próbkę DNA zgromadzone od ponad 1200 buhajów pozwoliły na uruchomienie projektu badawczego w ramach Konsorcjum MASinBULL (Marker Assisted Selection in Bulls), koordynowanego przez Katedrę Genetyki Zwierząt UWM w Olsztynie, przy współpracy Uniwersytetu Przyrodniczego we Wrocławiu (prof. Joanna Szyda) oraz Instytutu Zootechniki w Balicach, projektu także finansowanego przez SHiUZ w Bydgoszczy. W ramach konsorcjum stworzono pierwszą populację referencyjną, stanowiącą ponad 2600 buhajów mających tradycyjną ocenę wartości hodowlanej w Polsce i jednocześnie zgenotypowanych mikromacierzą zawierającą 54 000 SNP-ów. Same obliczenia genomowej wartości hodowlanej buhajów [10] przeszły pozytywną weryfikację przez organizację INTERBULL już w 2010 roku. Dzięki pracy konsorcjum MASinBULL, Polska znalazła się w elitarniej grupie zaledwie 9 państw, które przeszły pierwszy test walidacyjny, potwierdzający poprawność obliczeń i ich odpowiednią jakość. W końcu listopada tego roku INTERBULL wydał pozytywną rekomendację dla krajowych ocen genomowych (w tym dla Polski), co skutkowało decyzją UE o oficjalnym uznaniu oceny genomowej, jako równoprawnej do oceny na podstawie potomstwa. Warunkiem było osiągnięcie dokładności oceny na poziomie 50% dla cech produkcyjnych. Poziom ten został osiągnięty w polskim programie genomowym już w 2011 roku, a obecnie kształtuje się na poziomie 65%.

Perturbacje prawne spowodowały, że w Polsce dopiero od sierpnia 2014 roku młode buhaje tylko z oceną genomową mogą być dopuszczone do inseminacji jako dawcy nasienia. Hodowcy mogą zatem korzystać z nasienia najnowszej generacji buhajów, bez oczekiwania na potwierdzenie ich wartości genetycznej na podstawie potomstwa. Jest to swoista rewolucja i u części hodowców może budzić niepewność. Jedynym czynnikiem, który może wzbudzać wahanie hodowców jest nieco niższa dokładność polskiej oceny genomowej od dokładności oceny buhajów z Holandii, Francji czy Niemiec. Różnice te dla cech produkcyjnych sięgają kilku procent. Musimy jednak zwrócić uwagę, że różnica ta może być zminimalizowana przez fakt, że w ocenie polskiej uwzględniona została specyfika środowiska (żywienie, utrzymanie, dobrostan *etc.*), w jakim oceniane były córki buhajów wchodzących w skład tzw. krajowej populacji referencyjnej. Populacja ta stanowi jądro oceny genomowej, gdyż służy do szacowania wpływu markerów genetycznych na poziom badanych cech. A wpływ ten zależy nie tylko od DNA, ale także od jego interakcji z warunkami środowiska, w którym córki i krewni buhaja funkcjonują. Tutaj należy upatrywać atutu krajowych ocen genomowych i zachować odpowiedni dystans w konfrontowaniu ich z ocenami buhajów z innych krajów. Drugim elementem, który wpłynie na podniesienie

dokładności oceny genomowej będzie powiększenie populacji referencyjnej buhajów o buhaje udostępnione Polsce przez inne kraje. Dzięki działalności Konsorcjum MASinBULL, Polska stała się członkiem Konsorcjum EuroGenomics (Francja, Holandia, Niemcy, kraje skandynawskie, Hiszpania, Polska) i zyskała prawo do wymiany wyników badań DNA buhajów, co wkrótce powinno doprowadzić do znaczącego zwiększenia dokładności krajowej oceny genomowej.

SNP-y wdzierają się także na arenę kontroli pochodzenia u bydła. Powszechnie dotychczas stosowane sekwencje mikrosatelitarne mają być zastąpione „snipami”. Wynika to z upowszechnienia ocen genomowych i chęci połączenia w ramach jednego badania obu celów: oceny wartości genetycznej i kontroli pochodzenia, co wydaje się bardziej opłacalne i technicznie prostsze. Międzynarodowe Towarzystwo Genetyki Zwierząt (ISAG) przeprowadziło pierwsze testy porównawcze, w którym wzięło udział 25 laboratoriów, w tym Laboratorium Genomiki Zwierząt SHiUZ w Bydgoszczy, umieszczone przy Katedrze Genetyki Zwierząt UWM w Olsztynie. Należy oczekiwać, że ze względów ekonomicznych, w najbliższych kilku latach mikromacierze będą służyły do jednoczesnego badania wartości hodowlanej, poprawności rodowodu i nosicielstwa defektów genetycznych.

Kariera jaką przeszły SNP-y w genetyce i hodowli bydła pokazuje, jak osiągnięcia technologiczne (mikromacierze) i odkrycia poznawcze (sekwencjonowanie genomu), umiejętnie połączone, mogą doprowadzić do rewolucyjnej zmiany w całej hodowli bydła. Ukazują także, jak odrębnie rozwijane gałęzie genetyki (populacyjna i molekularna) znalazły punkt zbieżny, w postaci nowego systemu oceny genomowej wartości hodowlanej. Jednocześnie jednak rozkład efektów markerów SNP dla prawie wszystkich cech użytkowych bydła ujawnił, że niezwykle rzadkością są pojedyncze geny o bardzo dużym wpływie na tak złożone cechy, jakimi są cechy ilościowe. Zasadą jest raczej, że na takie cechy jak wydajność mleczna czy liczba komórek somatycznych w mleku składają się małe efekty tysięcy genów.

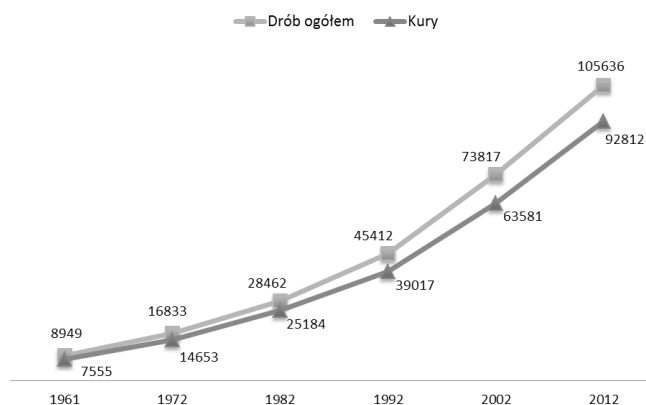
**Literatura:** 1. Czarnik U., Grzybowski G., Kamiński S., Prusak B., Zabolwicz T. 2007 – J. Appl. Genet. 48 (4), 375-377. 2. Grisart B., Coppiepers W., Farnir F., Karim L., Ford C., Berzi P., Cambisano N., Mni M., Reid S., Simon P., Spelman R., Georges M., Snell R. 2002 – Genome Res. 12, 222-231. 3. Kamiński S., 2002 – J. Appl. Genet. 43(2), 123-130. 4. Kamiński S., Ahman A., Ruś A., Wójcik E., Malewski T., 2005 – J. Appl. Genet. 46 (1), 45-58. 5. Kamiński S., Czarnik U., 1997 – J. Appl. Genet. 38(1), 51-55. 6. Kamiński S., Figiel I., 1993 – Pol. Genet. 34(1), 65-72. 7. Kamiński S., Grzybowski G., Prusak B., Ruś A. 2005 – J. Appl. Genet. 46(4), 395-397. 8. Meuwissen T.H., Hayes B.J., Goddard M.E. 2001 – Genetics 157(4), 1819-1829. 9. Ruś A., Hering D., Puckowska P., Barcewicz M., Kamiński S., 2013 – Pol. J. Vet. Sci. 16 (3), 579-581. 10. Szyda J., Żarnecki A., Suchocki T., Kamiński S., 2011 – J. Appl. Genet. 52, 363-366. 11. Zimin A.V., Delcher A.L., Florea L., Kelley D.R., Schatz M.C., Puiu D., Hanrahan F., Pertea G., Van Tassel C.P., Sonstegard T.S., Marçais G., Roberts M., Subramanian P., Yorke J.A., Salzberg S.L., 2009 – Genome Biol. 10 (4), R42.

## Genetyczne doskonalenie drobiu – sukces i co dalej?

Tomasz Szwaczkowski

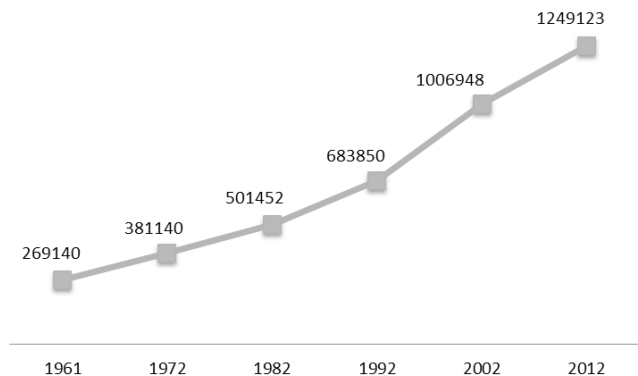
Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

Drobiarstwo należy do jednej z najprężniej rozwijających się gałęzi produkcji zwierzęcej, zarówno w skali globalnej, jak i wielu krajów, abstrahując od ich położenia geograficznego. Potwierdza to dynamika wzrostu produkcji brojlerów (rys. 1). Dane przedstawione na rysunku dotyczą tylko mięsa brojlerów kurzych. Jednak z drugiej strony, w niektórych rejonach świata udział mięsa pochodzącego od innych gatunków drobiu (szczególnie mięsa indyczego i kaczego) jest znaczny.



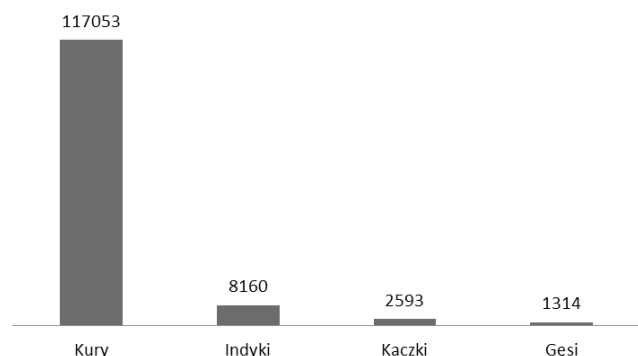
Rys. 1. Wielkość produkcji mięsa drobiowego (ogółem) i mięsa kurczego na świecie (w tys. ton), wg FAOSTAT [6]

W ciągu ostatniego pięćdziesięciolecia produkcja mięsa drobiowego wzrosła na świecie prawie dwunastokrotnie. Duży postęp odnotowano także w produkcji jaj: z 269 mld w 1961 roku do ponad 1,2 bln w 2012 roku (rys. 2). Zarówno produkcji mięsa, jak i jaj towarzyszyła znacząca poprawa wskaźników produkcyjnych w przeliczeniu na jednego osobnika.



Rys. 2. Produkcja jaj konsumpcyjnych na świecie w latach 1961-2012 (w mln szt.), wg FAOSTAT [6]

W świetle obowiązującego prawa gatunkami drobiu w Polsce są: kura (*Gallus gallus*), kaczka (*Anas platyrhynchos*), kaczka piżmowa (*Cairina moschata*), gęś (*Anser anser*), gęś gęgawa (*Anser cyngoides*), indyk (*Meleagris gallopavo*), przepiórka japońska (*Coturnix japonica*), perlica (*Numida meleagris*) oraz struś (*Struthio camelus*) – w warunkach fermowych. Analogicznie jak w świecie, również w Polsce obecna struktura populacji drobiu zdominowana jest przez kury. Wielkość populacji czterech najważniejszych gatunków przedstawiono na rysunku 3., pozostałe gatunki mają charakter niszowy.



Rys. 3. Struktura populacji drobiu w Polsce (w tys. szt.), wg GUS [8]

Notowany jest sukcesywny wzrost produkcji mięsa drobiowego w Polsce (w 2013 roku osiągnął poziom 2372,4 tys. ton, czyli o 0,5% więcej niż w roku 2012). Natomiast w produkcji jaj od 2012 roku obserwowany jest nieznaczny spadek, co ma związek ze zmianą systemu klatkowego. Mimo tego, nasz kraj zajmuje czwarte miejsce w Unii Europejskiej pod względem produkcji drobiarskiej. Obecnie jesteśmy największym producentem (i jednocześnie eksporterem) mięsa drobiowego w Europie, zajmując jednocześnie szóste miejsce pod względem produkcji jaj. Przedstawione skróte statystyki produkcji drobiarskiej niewątpliwie wpisują się w klimat sukcesu, także w kontekście sytuacji innych działów produkcji zwierzęcej w Polsce. Rodzą jednocześnie pytania o przyczyny, a przede wszystkim perspektywy – nie tylko w naszym kraju.

W modelowym ujęciu rozwój każdej nauki stosowanej determinowany jest głównie dwoma czynnikami: potrzebami praktyki oraz technicznymi możliwościami ich zaspokojenia. W przeciwieństwie do wielu gatunków zwierząt gospodarskich – ssaków

(takich jak chociażby bydło), dla ptaków gospodarskich natura okazała się wyjątkowo łaskawa. Drób odznacza się [11]: bardzo dobrą płodnością i jej ciągłością, krótkim odstępem między nie nakładającymi się pokoleniami, możliwością zautomatyzowania procesu inkubacji jaj i wylęgu piskląt, łatwością przechowywania zapłodnionych jaj, możliwością stymulacji produkcji dzięki stosowaniu programów świetlnych w okresie nieśności oraz dużym zdolnościom przystosowawczym do zmian w żywieniu i warunkach utrzymania. Ponadto, dzięki poznaniu cech zlokalizowanych w chromosomach płci, istnieje możliwość seksowania piskląt (czyli identyfikacji ich płci po wykluciu).

### Ewolucja celów hodowlanych i środków ich realizacji

Wymienione wyżej czynniki przyczyniały się do intensyfikacji postępu genetycznego w zakresie podstawowych cech produkcyjnych, takich jak przyrosty masy ciała (w przypadku brojlerów) czy liczba jaj i ich masa (w przypadku niosek). Jednak tak jednokierunkowa selekcja nie zawsze prowadzi do osiągnięcia wyłącznie pożądanego efektów. Notabene, doświadczenia te są nieobce nie tylko hodowcom i producentom drobiu. Patrząc na ewolucję celów hodowlanych, należy wskazać na aspekt ekonomiczny, szczególnie widoczny na tzw. rynkach wschodzących – w Chinach czy Brazylii. Nie oznacza to bynajmniej, że rentowność produkcji jest niedoceniana w innych częściach świata. Jak już wspomniano, intensywnej selekcji na cechy produkcyjne towarzyszy zwykle pogorszenie się tzw. cech funkcjonalnych. W fermach drobiarskich coraz częściej zaczęto borykać się z występowaniem chorób i defektów o podłożu genetycznym, w konsekwencji prowadzących do obniżenia efektywności ekonomicznej. Ponadto, „hodowlane przyspieszenie” prowadziło nierzadko do obniżenia jakości produktów drobiarskich, jak również zasygnalizowanego już pogorszenia dobrostanu ptaków – będącego nie tylko skutkiem chorób, lecz także sposobu utrzymania. Warto odnotować, że z punktu widzenia procesów technologicznych, ważną cechą produktów jest ich wyrównanie [30]. Z kolei efektem koncentracji produkcji w wielkich fermach są zagrożenia dla środowiska, a szczególnie emisja biogazów.

Osiąganie wyżej wymienionych celów (wprawdzie ze zmiennym skutkiem w różnych krajach) możliwe było i jest, oprócz stosowania nowoczesnych technologii utrzymania i żywienia, także dzięki implementacji metod genetyki ilościowej i molekularnej [2]. Pierwszym etapem tej drogi było wprowadzenie na początku ubiegłego stulecia selekcji masowej. Kolejnym kamieniem milowym okazało się zastosowanie w latach 30. XX wieku indywidualnej kontroli użyteczności (m.in. dzięki gniazdom zatraskowym). W następnym dziesięcioleciu proces genetycznego doskonalenia populacji drobiu poszerzony został o krzyżowanie populacji ukierunkowane na uzyskanie efektów heterozji, wynoszących nawet kilkanaście procent przewagi (w zakresie niektórych cech użytkowych) mieszańców nad liniami rodzicielskimi [15]. W drugiej połowie XX wieku zainicjowano wprowadzenie inseminacji (zwiększającej intensywność selekcji samców) oraz gromadzenie informacji rodowodowych, co z kolei umożliwiło wprowadzenie coraz bardziej zaawansowanych metod matematycznych, począwszy od indeksów selekcyjnych, a skończywszy na najlepszej liniowej nieobciążonej predykcji (BLUP – best linear unbiased prediction). Procesy te miały także miejsce w Polsce. Już pod koniec lat 70. zespół Instytutu Zootechniki w Balicach, kierowany przez Profesora Stanisława Wężyka, wprowadził do rutynowej oceny wartości hodowlanej kur (a czasem także innych gatunków drobiu) tzw. system SELEKT [23, 27]. Na przełomie lat 80. i 90. rozpoczęła się dyskusja na temat celowości stosowania w ocenie wartości hodowlanej drobiu metody BLUP. Mimo że pierwsze użycie tej metody miało miejsce w odniesieniu do bydła mlecznego w USA już w 1973 roku, to jednak jej szersza aplikacja dokonała się dopiero prawie 10 lat później. W dużej mierze przyczyniła się do tego propozycja wykorzystania w ocenie zwierząt macierzy spokrewnień między nimi [13]. Modelowanie tego typu danych zostało określone mianem modelu zwierzęcia [22]. Na pierwsze zastosowania nowego podejścia w populacjach kur trzeba było czekać do ostatniej dekady XX wieku. Nie brakowało sceptycznych opinii [12], w których już wówczas sukcesy hodowlane, dzięki wprowadzeniu metody BLUP, w populacjach bydła mlecznego przyjmowano jako mało realistyczne do osiągnięcia w stadach zarodkowych drobiu.

Niekiedy wyrażano także obawy, czy negatywne efekty kojarzeń wsobnych (inbredu), jako skutku „zbyt” intensywnej selekcji przy użyciu BLUP, nie będą większe aniżeli ewentualny postęp genetyczny [1]. Jednak coraz szersza implementacja tej metody nie tylko w populacjach bydła mlecznego, lecz także mięsnego, trzody chlewnej, owiec i kóz, a z czasem również koni, przyspieszała te procesy w hodowli kur. Osiągnięcie potencjalnych celów genetycznych wymagało jednak podniesienia poziomu szeroko rozumianej infrastruktury zootechnicznej, a przede wszystkim zaawansowanych technologii związanych z identyfikacją osobników i kontrolą ich użyteczności. Z satysfakcją należy odnotować, że prace z tego zakresu były intensywnie prowadzone również w Polsce [28]. Było to możliwe dzięki rozwojowi komputeryzacji i związanej z tym szybkością i dokładnością rejestracji danych, ich przesyłaniem i archiwizacją. Ukoronowaniem tych działań w Polsce było wprowadzenie, w jednej z dwóch ferm zarodowych kur nieśnych, oceny wartości hodowlanej metodą BLUP bazującej na modelu zwierzęcia.

Równolegle trwały prace nad poszerzeniem spektrum modelowania statystycznego cech. Oprócz efektów genetycznych addytywnych bezpośrednich prowadzono także szacowanie innych komponentów zmienności genetycznej cech: dominacyjnych, epistatycznych czy matczyńskich [24]. Coraz powszechniej zaczęły być stosowane metody gwarantujące precyzyjne oszacowania parametrów genetycznych, szczególnie eliminując te mieszczące się poza dopuszczalnymi zakresami. Standardem w tym zakresie stała się metoda największej wiarygodności z ograniczeniem (REML – Restricted Maximum Likelihood), której teoretyczne podstawy opisane zostały znacznie wcześniej [21]. Sprzyjało temu poszerzenie oferty informatycznej w formie łatwo dostępnych pakietów komputerowych [19].

Spośród wielu analizowanych cech, warto odnotować prace nad genetycznym uwarunkowaniem spożycia i wykorzystania paszy. Na marginesie należy przypomnieć, że koszty żywienia stanowią ok. 70% ogólnych kosztów [7]. Opisanym zostało w literaturze wiele mierników efektywności konwersji paszy i jej składników [10, 16]. Badania z tego zakresu prowadzono także w Polsce [33].

Kolejną ważną implementacją genetyki do hodowli zwierząt było zastosowanie markerów genetycznych I (produktów genów) i II klasy (sekwencji DNA). Niektóre z uzyskanych wyników selekcji opartej na tzw. markerach asystujących (MAS – marker assisted selection), nie tylko na drobiu, okazywały się bardzo obiecujące. Sformułowana wówczas prognoza zakładała, że metody oceny zwierząt bazujące na informacjach rodowodowych i klasycznej kontroli użyteczności zwierząt, a przede wszystkim metoda BLUP, mają swój niedługi kres. Generalnie jednak, mimo pewnych spektakularnych sukcesów sprowadzających się przede wszystkim do identyfikacji genów z dużymi efektami i ich wykorzystania w hodowli [18], MAS nie przyniosła pokładanych w niej nadziei na zrewolucjonizowanie strategii genetycznego doskonalenia drobiu. Było to spowodowane faktem, że zidentyfikowane regiony genu były z definicji fragmentaryczne. Ponadto, poznane *loci* charakteryzowały się zróżnicowanym polimorfizmem między populacjami, co znacznie limitowało ich kompleksowe wykorzystanie. Tezę tę potwierdzają także badania porównawcze efektów selekcji przeprowadzonej metodami tradycyjnymi oraz z wykorzystaniem informacji o polimorfizmie mikrosatelitarnego DNA [5].

Ogromne możliwości rekonstrukcji programów genetycznego doskonalenia zwierząt zarysowały się wraz z mapowaniem genomów gatunków zwierząt gospodarskich. Fundamentalnymi w tym zakresie okazały się wyniki opublikowane w pracy Meuwissena i wsp. [17]. Zaprezentowano tam alternatywę, aby zamiast poszukiwać kolejnych *loci* cech ilościowych z dużymi efektami, uwzględnić informacje o polimorfizmie całego genomu na poziomie pojedynczych nukleotydów, a następnie na tej podstawie dokonywać oceny potencjału genetycznego osobników. Kolejnym ważnym krokiem w genetyce drobiu było zmapowanie genomu kury [14]. W 2009 roku opublikowano uaktualnioną konsensusową mapę genetyczną kury, uwzględniającą 9268 zmapowanych markerów. Mapa stworzona była z wykorzystaniem 8599 markerów SNP oraz 669 innych markerów, głównie sekwencji mikrosatelitarnych, obejmujących 34 grupy sprzężeniowe, a jej łączna długość wynosiła 3228 cM [9]. Analogicznie jak w przypadku implementacji metody BLUP, tak również teraz impulsem do zastosowania selekcji

genomowej były przede wszystkim spektakularne osiągnięcia w doskonaleniu populacji bydła mlecznego. W genomie kury wykazano tysiące polimorficznych nukleotydów (SNP – single nucleotide polymorphism). Z oczywistych powodów liczba ta jest mniejsza w populacjach poddanych intensywnej selekcji aniżeli w stadach objętych programami ochrony zasobów genetycznych. Ta zmienność liczby SNP-ów sprawia, że pierwszym etapem selekcji genomowej jest utworzenie treningowej grupy, w której osobniki są genotypowane i jednocześnie prowadzona jest kontrola ich użyteczności. Następnie uzyskane wyniki uogólniane są na populację objętą programem genetycznego doskonalenia [31]. W praktyce predykcja tzw. wartości genomowej najczęściej odbywa się z wykorzystaniem zmodyfikowanej metody BLUP opartej na modelu zwierzęcia (G-BLUP), uwzględniającej macierz spokrewnień genomowych (na poziomie podobieństwa pojedynczych sekwencji nukleotydów). Zwykle w rutynowej ocenie wartości genomowej, oprócz informacji molekularnych (są to komercyjne chipy obejmujące kilkaset tysięcy SNP-ów), wykorzystywane są również klasyczne informacje rodowodowe. W literaturze opisanych zostało jednak więcej metod [20, 25].

Najważniejszymi atutami selekcji genomowej (udokumentowane na różnych gatunkach zwierząt gospodarskich) są: przyspieszenie oceny i zwiększenie jej dokładności, możliwość bardziej efektywnej selekcji pod względem cech trudno mierzalnych lub rejestrowanych tylko dla osobników jednej płci oraz wolniejsza akumulacja inbredu (wbrew wielu obawom) – mimo skrócenia odstępu między pokoleniami. Niewątpliwie czynnikiem sprzyjającym coraz szerszej implementacji selekcji genomowej jest ciągłe zmniejszenie kosztów genotypowania. Jednak w dalszym ciągu oscylują one na poziomie 50 dolarów amerykańskich w przeliczeniu na jednego osobnika. Jak podają Blasco i Toro [3], w zastosowaniu selekcji genomowej występują też inne ograniczenia. W przypadku niektórych gatunków zwierząt gospodarskich mogą wystąpić problemy z zapewnieniem odpowiedniej wielkości populacji referencyjnych. Z punktu widzenia teorii estymacji, problemem wydaje się być również dysproporcja między liczbą szacowanych parametrów a liczbą obserwacji (tzw. problem dużego „p” i małego „n”). Innym potencjalnym mankamentem mogą być ograniczenia w uwzględnieniu efektów nieaddytywnych (dominacyjnych i epistatycznych) SNP-ów.

### Wyzwania współczesności

Z pewnością jednym z najważniejszych wyzwań, przed którymi staje nie tylko drobiarstwo, lecz całe rolnictwo, jest zapewnienie wyżywienia wzrastającej liczbie ludności świata. Jak podaje Yahav [32], populacja ludności zwiększy się z ponad 7 mld obecnie o kolejne dwa miliardy do 2050 roku. Naturalną tego konsekwencją będzie wzrost zapotrzebowania na żywność. Obecnie średnie spożycie mięsa drobiowego na 1 mieszkańca naszej planety wynosi 13,6 kg [26]. Oznacza to przede wszystkim potrzebę istotnego wzrostu produkcji drobiarskiej, szczególnie w obszarach świata o największym wskaźniku przyrostu naturalnego. Jak już wspomniano, intensywna produkcja zwierzęca prowadzi do zwiększonej emisji biogazów. Należy podkreślić, że w przypadku ferm drobiarskich, w przeliczeniu na kilogram mięsa drobiowego, jest ona zdecydowanie mniejsza w porównaniu z produkcją wołowiny czy wieprzowiny [29]. Emisja biogazów wywiera nie tylko wpływ na środowisko. Mamy tu do czynienia ze sprzężeniem zwrotnym: wzrost emisji gazów cieplarnianych przyczynia się do podniesienia temperatury środowiska, co z kolei implikuje problemy osobników związane z ich termoregulacją. Warto też zauważyć, że jednym z efektów globalnego ocieplenia jest także postępujący proces pustoszczenia i degradacji gleb, redukujący ich użyteczność rolniczą. Obecnie jest to prawie połowa (47%) powierzchni lądowej Ziemi. Innym skutkiem intensywnej selekcji jest też występowanie tzw. syndromów fizjologicznych, np. wodobrzusza, defektów szkieletowych, syndromu nagłej śmierci itp. [32]. Ponadto, dotychczasowe doświadczenia europejskie jednoznacznie wskazują na rosnącą rangę dobrostanu ptaków w zmieniających się systemach użytkowania. Jest to szczególnie istotne w „pozakłatkowym” utrzymaniu drobiu, kiedy to dochodzi do ujawnienia się interakcji międzyosobniczych. Z metodologicznego punktu widzenia wykreowany został nowy typ interakcji: genotyp x genotyp



[4]. Wówczas do modelu oceny wartości genetycznej danego osobnika (dla cech behawioru) uwzględniane są efekty „genotypów sąsiadów”.

Należy odnotować także proces globalizacji hodowli drobiu. W świecie dominują obecnie trzy wielkie grupy koncernów drobiarskich. Sytuacja taka sprawia, że w firmach tych nie tylko odbywa się genetyczne doskonalenie populacji, lecz także prowadzone są nowatorskie badania zarówno o charakterze poznawczym, jak i aplikacyjnym. To sprawia, że właśnie tam odbywa się w pierwszym rzędzie implementacja osiągnięć do praktyki. Przykładem jest obecnie wprowadzana na dużą skalę selekcja genomowa. Jednak z drugiej strony, skutkiem postępującej globalizacji jest marginalizacja lokalnych populacji, często o unikalnych własnościach. Spośród wszystkich ras i odmian drobiu utrzymywanych na świecie tylko 25% ma status niezagrażonych, natomiast status aż 37% jest nieznan, 29% – zagrożony, a kolejne 7% uznane jest za wymarłe. W zasadzie wielkości te są zbliżone dla poszczególnych gatunków drobiu. Procent ras zagrożonych kształtuje się od 24 (dla kaczek) do 34 (dla indyków). Jak nietrudno wyrokować, sytuacja ta jest szczególnie dramatyczna w krajach rozwijających się (status aż 81% ras ptaków gospodarskich utrzymywanych w Ameryce Południowej i na Karaibach jest nieznan). Natomiast z satysfakcją należy odnotować fakt, że działania podjęte w ostatnich latach w Unii Europejskiej skutecznie przyczyniają się do hamowania tych niekorzystnych tendencji. Służy temu m.in. promocja produktów regionalnych, wymagająca opracowania odpowiednich programów hodowlanych, ukierunkowanych w dużej mierze na utrwalanie pożądaných cech zwierząt.

#### Podsumowanie

Na przestrzeni ostatnich dziesięcioleci w produkcji drobiarskiej dokonał się ogromny postęp genetyczny. Chociaż wymaga on niezrędko znacznych nakładów (np. związanych z genotypowaniem osobników), to jednak nawet niewielki zysk genetyczny na poziomie czystych linii ulega zwielokrotnieniu w wielopoziomowej strukturze. W tym kontekście niezwykle ważną jest precyzja oceny potencjału genetycznego zwierząt.

Objęcie kontrolą użyteczności coraz większej grupy cech, jak również lawinowo przyrastająca ilość informacji molekularnych (nie tylko dotycząca SNP-ów, lecz także ekspresji genów i ich modyfikacji), stawiają coraz większe wymagania dotyczące interdyscyplinarności badań łączących hodowlę zwierząt, genetykę, weterynarię, statystykę i coraz bardziej bioinformatykę. Wskazują jednak nade wszystko na potrzebę coraz większej integracji nauki z praktyką.

**Literatura:** 1. **Abplanalp H.**, 1990 – Inbreeding. In: Poultry Breeding and Genetics (ed. Crawford R.D.). Elsevier, Amsterdam, 955-984. 2. **Arthur J.A., Albers G.A.A.**, 2003 – Industrial perspective on problems and issues associated with poultry breeding. In: Poultry Genetics, Breeding and Biotechnology (ed. W.M. Muir, S.E. Aggrey). CABI Publishing, Wallingford, UK, 1-12. 3. **Blasco A., Toro M.A.**, 2014 – Livest. Sci. 166, 4-9. 4. **Bögelein S., Hurtado D.M., Kjaer J.B., Grashorn M.A., Bennewitz J., Bessei W.**, 2014 – Europ. Poult. Sci. 78, DOI 10.1399/eps. 2014.50. 5. **Boruszewska K., Łukaszewicz M., Zięba G., Witkowski A., Horbańczuk J., Jaszczak K.**, 2009 – Poultry Sci. 88, 932-937. 6. FAOSTAT <http://faostat.fao.org/> (5 lutego 2015). 7. **Flock D.K.**, 1998 – World Poultry Sci. J. 54, 225-239. 8. GUS <http://stat.gov.pl/GUS>, Warszawa (5 lutego 2015). 9. **Groenen M.A.M., Wahlberg P., Foglio M., Cheng H.H., Megens H.J., Crooijmans R.P.M.A., Besnier F., Lathrop M., Muir W.M., Wong G.K.S., Gut I., Andersson L.**, 2009 – Genome Res. 19, 510-519. 10. **Hagger C.**, 1992 – J. Anim. Sci. 70, 2045-2052. 11. **Hartmann W.**, 1989 – World Poultry Sci. J. 45, 5-26. 12. **Hartmann W.**, 1992 – World Poultry Sci. J. 48, 17-37. 13. **Henderson C.R.**, 1975 – J. Dairy Sci. 58, 1727-1733. 14. **Hillier L.W., Miller W., Birney E., Warren W., Hardison R.C., Ponting C.P., Bork P., Burt D.W., Groenen M.A., Delany M.E. i wsp., International Chicken Genome Sequencing Consortium**, 2004 – Nature 9, 695-716. 15. **Hyankova L., Dedkova L., Knizetova H., Hort J.**, 2002 – Brit. Poultry Sci. 43, 508-517. 16. **Luiting P.**, 1991 – The value of feed consumption data for breeding in laying hens. Ph.D. thesis. Wageningen University, The Netherlands. 17. **Meuwissen T.H.E., Hayes B.J., Goddard M.E.**, 2001 – Genetics 157, 1819-1829. 18. **Merat P.**, 1990 – Pleiotropic and associated effects of major genes. In: Poultry Breeding and Genetics (ed. Crawford R.D.). Elsevier, Amsterdam, The Netherlands. 19. **Misztal I.**, 1999 – Interbull Proc. Comput. Cattle Breed. '99 Bullet. 20, 33-42. 20. **Misztal I., Aggrey S.E., Muir W.M.**, 2013 – Poultry Sci. 92, 2530-2534. 21. **Patterson H.D., Thompson R.**, 1971 – Biometrika 58, 545-554. 22. **Quaas R.L., Pollak J.E.**, 1980 – J. Anim. Sci. 58, 1097-1106. 23. **Szewczyk A., Brągiel B.**, 1981 – Wyn. Prac Bad. Zakł. Hod. Drob. IZ Kraków 9, 33-49. 24. **Szwaczkowski T.**, 2003 – Use of mixed model methodology: estimation of genetic parameters. In: Poultry Genetics, Breeding and Biotechnology (ed. W.M. Muir, S.E. Aggrey). CABI Publishing, Wallingford, UK, 165-202. 25. **Van Raden P.M.**, 2008 – J. Dairy Sci. 91, 4414-4423. 26. **Vaarst M.**, 2014 – Proc. 14th Europ. Poultry Conf., Stavanger, Norway, 23-27 June 2014. 27. **Wężyk S.**, 1978 – Wyn. Prac Bad. Zakł. Hod. Drob. IZ Kraków 7, 7-22. 28. **Wężyk S., Zięba G.**, 1994 – Wyn. Prac Bad. Zakł. Hod. Drob. IZ Kraków 23, 127-140. 29. **Willems O.W., Miller S.P., Wood B.J.**, 2013 – World Poultry Sci. J. 69, 77-87. 30. **Wolc A., Lisowski M., Hill W.G., White I.M.S.**, 2011 – Brit. Poultry Sci. 52, 537-540. 31. **Wolc A.**, 2014 – World Poultry Sci. J. 70, 309-314. 32. **Yahav S.**, 2014 – Proc. 14th Europ. Poultry Conf., Stavanger, Norway, 23-27 June 2014. 33. **Zięba G.**, 2005 – Wykorzystanie zmienności genetycznej spożycia paszy w selekcji kur nieśnych. Rozprawy Naukowe AR w Lublinie, z. 299.

## Wyniki grudniowej wyceny wartości hodowlanej buhajów HF

**Tomasz Krychowski**

**Polska Federacja Hodowców Bydła i Producentów Mleka**

Druga wycena wartości hodowlanej buhajów na podstawie genomu została zrealizowana w grudniu 2014 roku, według takiej samej metodyki jak poprzednio. Można więc powiedzieć, że mamy w Polsce obecnie rutynową ocenę wartości hodowlanej (WH), uwzględniającą wyniki genotypowania buhajów w dwóch laboratoriach (UWM w Olsztynie i IZ-PIB w Balicach).

Ocena 2014/3 na podstawie genomu dotyczy 967 buhajów, w stosunku do 729 z poprzedniej wyceny, co stanowi wzrost populacji buhajów ocenionych tą metodą o 32,6%. Wzrost ten jest ważny, bo z jednej strony daje on znacznie większą możliwość selek-

cji buhajów dopuszczonych do rozrodu, a z drugiej strony wpływa na powiększenie precyzji wyników.

#### Jak są publikowane wyniki oceny wartości hodowlanej 2014/3

W ocenie 2014/3 przedstawiono wyniki szacowania krajowych i międzynarodowych genomowych wartości hodowlanych w ten sam sposób, jak poprzednio. Na podstawie różnych kryteriów wyboru można stworzyć listy buhajów ocenionych konwencjonalnie, jak i genomowo.

Wprowadzone kody opisują, dla każdej cechy, typ opublikowanej oceny wartości hodowlanej:

- EBV – krajowa konwencjonalna wartość hodowlana;
- MACE – międzynarodowa konwencjonalna wartość hodowlana;
- GPI – krajowa genomowa wartość hodowlana;
- GMACE – międzynarodowa genomowa wartość hodowlana.

Na stronie internetowej udostępniono ocenę 2014/3 przedstawiającą oficjalne wartości hodowlane buhajów rasy polskiej holsztyńsko-fryzyskiej odmiany czarno-białej i czerwono-białej. W wynikach oceny zamieszczono oszacowane wartości hodowlane dla cech wydajności mlecznej, pokroju, płodności, zawartości komórek somatycznych, długowieczności (przeżywalności) oraz obliczony na ich podstawie indeks PF wraz z podindeksa-