

[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.

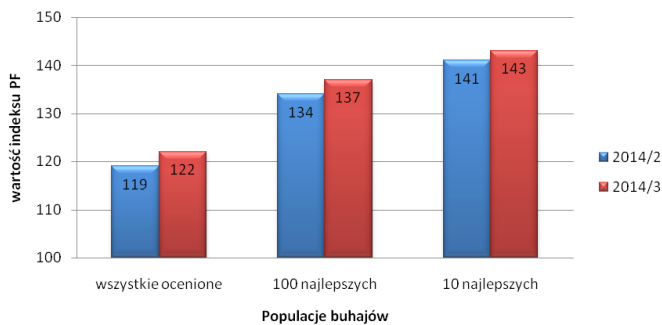
Na stronie internetowej udostępniono ocenę 2014/3 przedstawiającą oficjalne wartości hodowlane buhajów rasy polskiej holsztyńsko-fryzyskiej odmiany czarno-białej i czerwono-białej. W wynikach oceny zamieszczono oszacowane wartości hodowlane dla cech wydajności mlecznej, pokroju, płodności, zawartości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

mi. Wartość hodowlana dla danej cechy jest uznawana za oficjalną w przypadku spełnienia kryteriów podanych w metodach oceny.

Dla wszystkich cech podlegających ocenie, tj. cech wydajności mlecznej, zawartości komórek somatycznych, pokroju, płodności i długowieczności (przeżywalności) prezentowana jest ocena krajowa lub międzynarodowa, oszacowana przez INTERBULL. Jeżeli buhaj posiada ocenę międzynarodową, wówczas oceną oficjalną buhaja jest ocena międzynarodowa (TYP OCENY = MACE lub GMACE). Jeśli buhaj takiej oceny nie posiada, to prezentowana jest ocena krajowa (TYP OCENY = EBV lub GPI).

### Wzrost średniej wartości hodowlanej buhajów genomowych

Porównując wyniki średniej wartości hodowlanej populacji buhajów wycenionych w sierpniu i grudniu 2014 roku trzeba stwierdzić, że wartość ta wzrosła o 3 jednostki indeksu PF. Ten wzrost +3 występuje również w porównaniu populacji 100 najlepszych buhajów. W stawce czołowych 10 buhajów wzrost jest nieco mniejszy, bo o 2 jednostki wartości indeksu PF (rys. 1).



Rys. 1. Porównanie średniej wartości hodowlanej buhajów wycenionych na podstawie genomu podczas oceny sierpniowej 2014/2 i grudniowej 2014/3

Buhaje wycenione po raz pierwszy w grudniu i urodzone w 2013 i 2014 roku, których liczba bardzo się zwiększyła (+88 dla tych z rocznika 2014 oraz +55 dla rocznika 2013) podniosły tę średnią. Dzięki technologii genomowej, pozwalającej wycenić WH buhaja na podstawie analizy markerów zaraz po urodzeniu, te młode buhaje mogą być już użytkowane przez hodowców w 2015 roku. Czekając na wyniki potomstwa, buhaje te weszłyby do rozrodu dopiero w 2017-2018 roku. Redukując odstęp międzypokoleniowy znacznie powiększamy postęp genetyczny w hodowli.

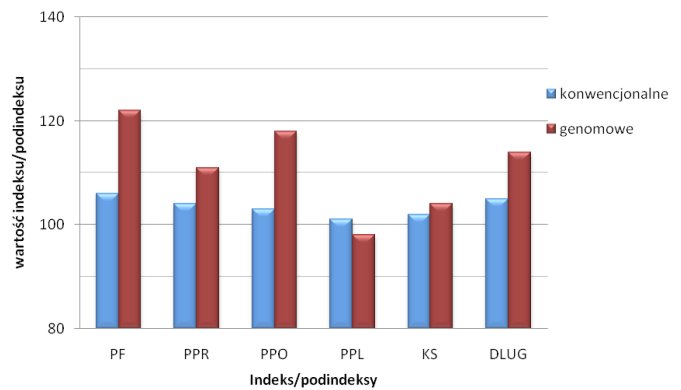
### Przewaga WH buhajów genomowych nie maleje

W artykule tym będziemy analizować WH buhajów wycenionych konwencjonalnie i na podstawie genomu, podobnie jak to uczyniliśmy po wycenie 2014/2 („Przegląd Hodowlany” nr 6/2014). W analizie tej porównujemy średnią WH:

- całej populacji buhajów zgenomowanych (967) z podobną co do wielkości populacją buhajów konwencjonalnych (967), sklasyfikowanych według indeksu PF (rys. 2);
- populacji 100 najlepszych według indeksu PF dla buhajów genomowych i konwencjonalnych, co stanowi liczbę buhajów użytkowanych w praktyce (rys. 3);
- 10 najlepszych buhajów genomowych i konwencjonalnych stanowiących ścisłą elitę (rys. 4).

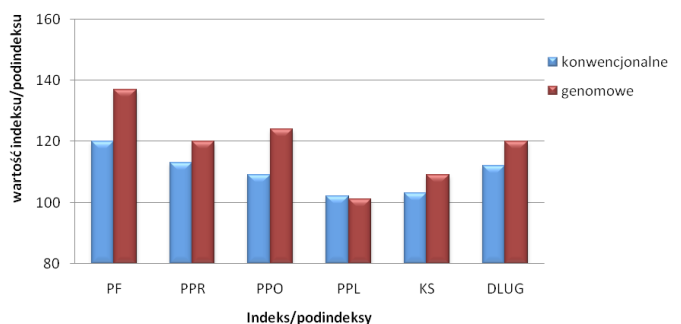
Trzeba stwierdzić, że analiza tych trzech populacji daje dużą przewagę buhajów genomowych, jeszcze większą, jeśli chodzi o średnią WH wyrażoną indeksem PF, będącym głównym kryterium selekcji w Polsce, niż ta zaobserwowana podczas oceny 2014/2. Różnica ta wynosi od +14 do +17 jednostek PF, co świadczy o ogromnej stracie w postępie genetycznym w populacji samic, które wędą do produkcji (poprzednio różnica ta mieściła się w przedziale od +11 do +14).

Jeśli chodzi o indeksy dotyczące innych ważnych cech, jak: produkcja, pokrój, liczba komórek somatycznych i długowiecz-



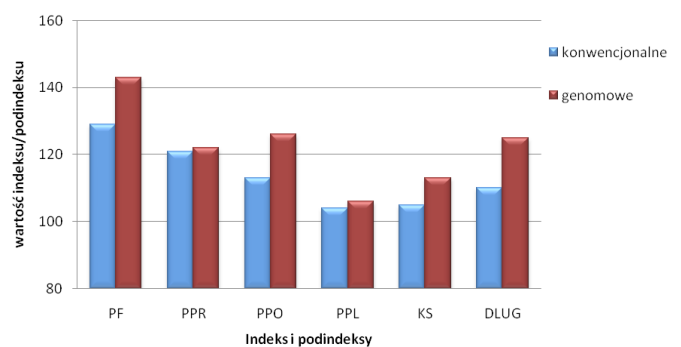
PF – indeks Produkcja i Funkcjonalność, PPR – podindeks produkcyjny, PPO – podindeks pokroju, PPL – podindeks płodności, KS – indeks komórek somatycznych, DLUG – indeks długowieczności

Rys. 2. Porównanie średnich wartości hodowlanych buhajów wycenionych na podstawie genomu i konwencjonalnie w sezonie 2014/3



PF – indeks Produkcja i Funkcjonalność, PPR – podindeks produkcyjny, PPO – podindeks pokroju, PPL – podindeks płodności, KS – indeks komórek somatycznych, DLUG – indeks długowieczności

Rys. 3. Porównanie średnich wartości hodowlanych 100 najlepszych buhajów wycenionych na podstawie genomu oraz 100 najlepszych buhajów ocenionych konwencjonalnie w sezonie 2014/3



PF – indeks Produkcja i Funkcjonalność, PPR – podindeks produkcyjny, PPO – podindeks pokroju, PPL – podindeks płodności, KS – indeks komórek somatycznych, DLUG – indeks długowieczności

Rys. 4. Porównanie średnich wartości hodowlanych 10 najlepszych buhajów wycenionych na podstawie genomu oraz 10 najlepszych buhajów ocenionych konwencjonalnie w sezonie 2014/3

ność, buhaje genomowe mają średnią WH również wyższą od średniej WH buhajów konwencjonalnych. Największa przewaga (od +5 do +15) jest w pokroju, a także w długowieczności (od +8 do +15). Tylko średnia WH dla płodności jest niższa dla buhajów genomowych w całej populacji (-3) i dla 100 najlepszych (-1), ale różnica ta zmniejszyła się znacznie. Poprzednio wynosiła -8 i -3. Średni indeks WH płodności dla czołówki 10 buhajów genomowych pozostaje wyższy od tej samej wartości dla buhajów ocenionych konwencjonalnie (+2).

Tabela

Wyniki oceny genomowej wartości hodowlanej 10 buhajów mających najlepszy indeks PF w sezonie 2014/3

Ranking 2014/3	Numer	Nazwa	Rok urodz.	Zmiana rankingu*	PF	PPR	PPO	PPL	KS	DLUG	Właściciel
1	PL005307070558	ODEON	2012	N	146	123	125	105	131	124	WCHiRZ
2	PL005303568950	INDIR	2012	↑	144	118	131	114	100	138	SHiUZ
3	PL005228264302	MONDOS	2010	BZ	143	124	131	93	118	119	WCHiRZ
4	FR4403436307	GEAR PM	2011	↓	143	126	118	115	109	121	SHiUZ
5	PL005263509925	DOBERPOL	2011	BZ	143	123	125	103	117	126	SHiUZ
6	PL005301848498	OLIWER	2012	↑	142	124	120	115	109	123	SHiUZ
7	PL005278743802	ORBITAL	2011	N	142	126	129	98	109	117	SHiUZ
8	PL005312838358	BORDER	2012	↓	142	116	137	94	117	132	SHiUZ
9	PL005226312753	NAPIER	2011	↓	141	119	121	116	103	135	WCHiRZ
10	PL005309114090	SPLENDOR	2013	N	141	124	123	107	117	111	MCHiRZ

PF – indeks Produkcja i Funkcjonalność, PPR – podindeks produkcyjny, PPO – podindeks pokroju, PPL – podindeks płodności, KS –indeks komórek somatycznych, DLUG – indeks długowieczności

\*Pozycja w rankingu w stosunku do wyceny 2014/2: N – nowość, ↓ – spadek, ↑ – wyżej, BZ – bez zmian

Hodowcy, którzy bardziej analizują wyniki poszczególnych buhajów niż średnie wartości będą mogli stwierdzić, że wybór właściwego rozplodnika w populacji buhajów genomowych jest coraz większy:

- 14 buhajów genomowych (poprzednio 7) posiada indeks PF o wartości powyżej 140, podczas gdy żaden buhaj oceniony konwencjonalnie tej wartości nie przekroczył;

- 131 buhajów genomowych (poprzednio 55) posiada indeks PF o wartości powyżej 133 i tylko 2 buhaje ocenione konwencjonalnie im dorównują.

Buhaje genomowe mające indeks PF powyżej 135, a jest ich 79 sztuk, stanowią wystarczającą populację do pokrycia większości jałowic i krów w polskich stadach.

Polskie stacje unasieniania w swoich katalogach zamieściły już od sierpniowej oceny buhaje genomowe, co pozwala polskim hodowcom na ich szybkie użytkowanie. Warto jak najszerzej korzystać z tej oferty, która poprawi postęp hodowlany, szczególnie jeśli chodzi o cechy funkcjonalne, tak ważne w obecnej koniunkturze ekonomicznej na rynku mleka. Poprawiając płodność i długowieczność oraz obniżając zawartość komórek somatycznych zmniejsza się jednocześnie koszty produkcji, co pozwala utrzymać marżę podczas spadku cen mleka.

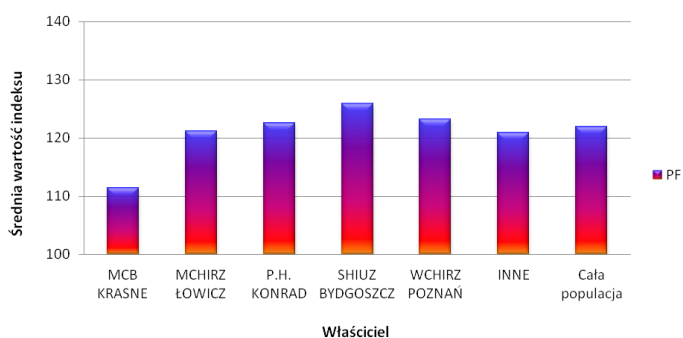
**Analiza wyników WH buhajów według właściciela**

Buhaje wycenione na podstawie genomu w grudniu 2014 należą, oprócz 4 stacji unasieniania w Bydgoszczy, Krasnem, Łowiczu i Tulcach, także do Przedsiębiorstwa Handlowego „Konrad”. Posiada ono najmniejszą liczbę zgenotypowanych i ocenionych buhajów, bo tylko 12 sztuk, w stosunku do 292 w Bydgoszczy, 215 w Tulcach, 182 w Łowiczu i 116 w Krasnem.

Analizując średnią WH buhajów genomowych według ich właściciela, buhaje ze SHiUZ w Bydgoszczy mają największy średni indeks PF z przewagą +3 jednostek niż indeks buhajów z WCHiRZ Poznań zs. w Tulcach i P.H. Konrad oraz przewagą +5 jednostek w stosunku do buhajów z MCHiRZ w Łowiczu i +15 jednostek do tych z MCB w Krasnem (rys. 5)

**Duże zmiany w stawce 10 najlepszych buhajów**

Jeśli chodzi o stawkę 10 najlepszych buhajów w krajowej ocenie genomowej (tab.) to liderem jest polski buhaj ODEON, będący własnością WCHiRZ Poznań, posiadający indeks PF o wartości 146. Warto zauważyć, że rozplodnik ten w rankingu międzynarodowym genomowej oceny wartości hodowlanej uplasował się na 20. pozycji. Buhaj francuski GEAR ze SHiUZ w Bydgoszczy, który w wycenie sierpniowej był numerem 1 jest obecnie z PF 143 w grupie 3 buhajów zajmujących pozycję 3., 4. i 5. Buhajem numer 2



Rys. 5. Średnie wartości indeksu PF dla buhajów ocenionych genomowo w sezonie 2014/3, według właściciela

jest również polski buhaj INDIR ze SHiUZ w Bydgoszczy, mający PF 144.

Trzeba podkreślić, że w tej stawce jest 9 buhajów urodzonych w Polsce, co świadczy o pracy hodowlanej realizowanej przez polskich hodowców, 6 buhajów ze SHiUZ w Bydgoszczy, 3 z WCHiRZ Poznań i jeden z MCHiRZ w Łowiczu

Stawka 10 najlepszych buhajów pochodzi od 8 różnych ojców, co w dużym stopniu ułatwia kojarzenia i wpływa na minimalizowanie inbrodu. Dwa buhaje pochodzą po buhaju WA DEL HYDEN US135695137, dwa po LONG-LANGS OMAN OMAN US135746776, pozostałe po 6 różnych ojcach.

**Podsumowanie**

Analiza drugiej publikacji wyników WH oceny genomowej buhajów pokazała jeszcze raz znaczną przewagę buhajów wycenionych na podstawie genomu od buhajów konwencjonalnych. Są to buhaje dużo młodsze, a także ilość ich jest znacznie większa, co pozwala na ostrzejszą selekcję.

Gdyby w Polsce od 2011 roku inseminowano samice nasieniem buhajów genomowych o dużo lepszych indeksach, szczególnie dla cech funkcjonalnych, które obniżają koszty produkcji, ich córki mające znacznie wyższy poziom genetyczny wchodziłyby do produkcji na przełomie 2014/2015 roku. Taka wartość genetyczna bardzo przydałaby się teraz, w okresie niskiej ceny mleka.

Tego już nie można zmienić, trzeba więc nadrobić czas, użytkując jak najszerzej buhaje genomowe spośród wachlarza ofert polskich stacji unasieniania.