

Niektóre wyzwania współczesnych programów ochrony zasobów genetycznych bydła

Beata Prusak, Grzegorz Grzybowski

Instytut Genetyki i Hodowli Zwierząt PAN w Jastrzębcu

Ekonomiczna ranga hodowli bydła powoduje, że zwiększanie produkcji jest dominującym elementem współczesnych programów. Jednak w przedsięwzięciach ukierunkowanych na zintensyfikowanie produkcji uykają często uwadze inne problemy ściśle (choć pośrednio) związane z ekonomicznymi wskaźnikami gospodarowania. Dotyczy to m.in. programów ochrony zasobów genetycznych bydła i ochrony ras lokalnych, realizowanych poprzez prowadzenie hodowli zachowawczej. Wydaje się, że narosło w tym względzie szereg nieporozumień. Można na przykład spotkać się z opinią, że rasy bydła objęte hodowlą zachowawczą mają znaczenie marginalne i stanowią zbyt wiele zainteresowania nauka polska im poświęca. Należy podkreślić, że wprawdzie potrzeba podejmowania programów ochrony różnorodności biologicznej (ochrona lokalnych ras bydła jest jednym z ogniw) wynika z przesłanek genetycznych, to bezpośrednią motywacją aktualnie realizowanych w Polsce programów ochrony ras bydła są w istocie przesłanki ekonomiczne. Jednak dopiero spojrzenie na hodowlę w szerszym kontekście ukazuje ścisły związek między ochroną genomu i produkcją oraz umożliwia dostrzeżenie konieczności ochrony ras lokalnych jako naszego kulturowego dziedzictwa oraz tkwiącego w nich ekonomicznego potencjału.

Mając świadomość potrzeby szerszego upowszechniania wiedzy na temat współczesnych zadań i wyzwań dotyczących ochrony genomu zagrożonych gatunków zwierząt gospodarskich, celem niniejszego artykułu jest przybliżenie współczesnego stanu logistyki ochrony różnorodności biologicznej, scharakteryzowanie celów prowadzenia hodowli zachowawczej bydła jako podstawowego narzędzia ochrony zasobów genetycznych, a także przedstawienie informacji na temat perspektyw i możliwości wzbogacenia współczesnych programów wynikami badań polimorfizmu DNA.

Ochrona różnorodności biologicznej w legislacji

Jednym z głównych elementów problematyki zrównoważonego rozwoju jest ochrona różnorodności biologicznej ziemskiej flory i fauny. Współczesne działania z tego zakresu sprecyzowano m.in. w akcie normatywnym o ogólnoświatowym zasięgu, jakim jest „Konwencja o różnorodności biologicznej” sporządzona 5 czerwca 1992 r. w Rio de Janeiro (Dz.U. z 2000 r. nr 184, poz. 1532), która została przyjęta, ratyfikowana i podpisana przez Prezydenta i Ministra Spraw Zagranicznych RP dnia 13 grudnia 1995 r. W kontekście rozwijania badań naukowych uwagę zwraca następujący zapis zawarty w preambule i art. 12 Konwencji: *strony świadome powszechnej niedostatecznej ilości informacji i wiedzy dotyczącej różnorodności biologicznej oraz pilnej potrzeby rozwijania badań naukowych, technicznych oraz instytu-*

cjonalnych możliwości w celu zrozumienia podstaw tego zagadnienia (...) wspierają i zachęcają do prowadzenia badań naukowych (...) oraz podejmują współpracę w zakresie wykorzystania postępu naukowego uzyskanego w badaniach różnorodności biologicznej. Dlatego też inicjatywy badawcze dotyczące ochrony różnorodności biologicznej stanowią element wypełniania przez Polskę zobowiązań wynikających z ratyfikowania tego aktu normatywnego.

Polska przystąpiła w 1996 r. do inicjatywy podjętej przez FAO, określanej mianem Światowej Strategii Zachowania Zasobów Genetycznych Zwierząt. Minister Rolnictwa powołał Krajowy Ośrodek Koordynacyjny ds. Zachowania Zasobów Genetycznych i zatwierdził w 1999 roku 32 programy ochrony zasobów genetycznych, które obejmowały 75 ras, odmian i rodów zwierząt gospodarskich, w tym ryb.

Proces stałego uszczuplania zasobów genetycznych zwierząt gospodarskich jest alarmujący. Zgodnie z danymi FAO, do 2009 roku wyginęło na terenie Europy 690 ras zwierząt gospodarskich, a obecnie prawie półtora tysiąca zagrożonych jest wyginięciem. FAO kwalifikuje rasę jako zagrożoną wyginięciem wówczas, gdy liczba samic wynosi od 100 do 1000 osobników lub samców od 6 do 20. Są to wskaźniki znacznie niższe niż progowe normy przyjęte przez Unię Europejską, od których podejmuje się ochronę rodzimych ras zwierząt. Działania ochronne należy podejmować na tyle wcześnie, by nie doszło do dramatycznego uszczuplenia wielkości populacji i utraty zmienności genetycznej w obrębie rasy.

Ochrona zasobów genetycznych rodzimych ras bydła

Rasy rodzime są unikatowymi pulami genowymi, które w przyszłości mogą umożliwić rozwój produkcji zwierzęcej. Są więc swoistymi „polisami ubezpieczeniowymi” dla przyszłych pokoleń i winny być bezwzględnie chronione. Ważne jest też zachowanie charakterystycznej dla danej populacji puli genów (charakterystycznego genotypu) i wynikających stąd unikalnych właściwości, a także typu eksterierowo-użytkowego będącego żywym przykładem rodzimej tradycji hodowlanej. Najnowsze wyniki badań z dziedziny transkryptomiki wskazują, że nie sama liczba genów, lecz złożona sieć ich aktywacji oraz zachodzące interakcje są istotą somatycznej tożsamości organizmu i decydują o wszystkich właściwościach biologicznych. Rozpoznawanie wspomnianej sieci pod kątem poszczególnych właściwości jest w początkowej fazie i trudno przesądzić czy kiedykolwiek będzie możliwe selektywne oddziaływanie na sieć bez powodowania niepożądanych skutków ubocznych. Niezbędna jest więc ochrona genomu ras lokalnych jako zintegrowanej całości po to, aby zachować w niej elementy ukształtowane wielowiekowym oddziaływaniem procesów ewolucyjnych i zachować rezerwar pożądanych cech funkcjonalnych jako wspomnianej „polisy ubezpieczeniowej” dla przyszłych pokoleń. Wynikający z puli genów zbiór właściwości to w istocie element dziedzictwa kulturowego danej społeczności, ukształtowany nie tylko w wyniku działalności człowieka, lecz także w dużym stopniu w wyniku selekcji naturalnej i oddziaływań lokalnych warunków środowiskowych. Wiele autochtonicznych ras bydła na całym świecie poddawano przez długi czas krzyżowaniu z rasami wysoko produkcyjnymi, w celu poprawy ekonomicznych wskaźników produkcji. W wyniku tych praktyk wiele lokalnych populacji straciło unikalność swej puli genów i w konsekwencji utraciło w dużym stopniu potencjał tzw. cech funkcjonalnych.

Krajowe rasy bydła objęte ochroną

Pierwszą rasą bydła objętą krajowym programem ochrony była rasa polska czerwona. Nieformalne działania na tym polu rozpoczęto w pierwszej połowie lat 70. ubiegłego wieku, a w 1999 roku oficjalnie rozpoczęto realizowanie programu. W roku 2003 programem objęto bydło białogrzbięte, a w latach 2007 i 2008 kolejne krajowe populacje: bydło rasy polskiej czerwono-białej i polskiej czarno-białej.

Program ma na celu:

- odtworzenie i zachowanie populacji dawnego typu bydła;
- utrzymanie istniejącej zmienności genetycznej;
- obniżenie udziału genów obcych ras;
- odtworzenie i stabilizację cech genotypowych i genetycznych dawnego rodzimego bydła.

Potrzeby inicjowania programów ochrony wynikają także z potrzeb ekonomicznych. Można to zilustrować na przykładzie bydła czerwono-białego. Część hodowców utrzymujących bydło czerwono-białe zainteresowanych jest utrzymaniem krów w typie kombinowanym. Są to przede wszystkim hodowcy indywidualni z południowej części Polski, utrzymujący bydło mleczne w warunkach, w których uzyskanie bardzo dobrej jakościowo paszy jest trudne ze względu na ukształtowanie terenu oraz warunki klimatyczne. W takich warunkach środowiskowych trudno jest utrzymać bydło o wysokim udziale genów holsztyńsko-fryzjskich (<http://www.pfhb.pl>). Dlatego niezwykle istotne jest zachowanie odpowiednich proporcji cech mlecznych, mięsnych i jednocześnie eliminacja niepożądanego genotypu holsztyńsko-fryzjskiego. Podobne uwarunkowania produkcyjno-środowiskowe przyświecały zainicjowaniu ochrony bydła czarno-białego, które odpowiada fenotypowo bydłu w typie użytkowym mięsno-mlecznym. Można uznać, że po fiasku prób „doskonalenia” bydła polskiego czerwonego poprzez krzyżowanie z innymi rasami, zainicjowanie programu hodowli zachowawczej tej rasy wynikało także z przesłanek ekonomicznych.

Niektóre dylematy towarzyszące inicjowaniu i realizowaniu programu ochrony

Wykorzystywanie w minionych latach buhajów różnych ras do krzyżowania z krajowym materiałem sprawia, że realizacja kluczowych zadań programu ochrony, tj. obniżenie udziału genów obcych ras, oraz odtworzenie i stabilizacja cech genotypowych i genetycznych dawnego rodzimego bydła jest trudna do pełnego zrealizowania przy wykorzystaniu konwencjonalnych metod. Historia inicjowania w Polsce programu hodowli zachowawczej bydła wskazuje, że w początkowym okresie głównym kryterium wyboru zwierząt nie była czystorasowość, lecz zgodność eksterieru z przyjętym wzorcem oraz zapiski rodowodowe (jeśli w ogóle istniały). Mimo zainicjowania programu ochrony, świadomość „zanieczyszczenia” puli genowej populacji krajowych ras bydła niepożądanymi domieszkami pochodzącymi od innych ras bydła wydaje się powszechna. Na przykład, w programie hodowlanym (<http://www.pfhb.pl>) dla rasy polskiej czarno-białej i rasy polskiej czerwono-białej maksymalny dopuszczalny (!!!) dół krwi holsztyńsko-fryzjskiej dla urodzonych cieliczek i krów wpisywanych do ksiąg określono na 75%. Przykładem szczególnych trudności w ocenie udziału obcych ras w puli genowej populacji jest historia restytucji w Polsce bydła białogrzbiętego, uznanego w latach 70. XX wieku za prawie wymarłe. W połowie lat 90. zinventaryzowano jedynie około 50 osobników odpowiadających opisom tej rasy sprzed kilkudziesięciu lat, bez doku-

mentacji rodowodowo-hodowlanej lub jakichkolwiek zapisków przydatnych w hodowli. Podobne trudności, choć w znacznie mniejszej skali, występowały w początkowym okresie realizacji programu ochrony bydła rasy polskiej czerwonej.

Polimorfizm markerów DNA jako narzędzie badań i rekonstrukcji filogenetycznych relacji między populacjami i rasami

Mimo ogromnego postępu w dziedzinie badań genetyczno-hodowlanych, nie ma obecnie wystarczająco wiarygodnych kryteriów umożliwiających sprecyzowanie, co w istocie (na poziomie molekularnym) kryje się w genotypie danej rasy i jak należałoby dobierać osobniki do kojarzeń, aby zapewnić maksymalną „czystość” danego genotypu. Jednym z perspektywicznych kierunków działań jest rozwój technik molekularnych oraz procedur genetyczno-informatycznych, które umożliwiają badania z dziedziny filogenetyki molekularnej. Wyniki badań z dziedziny filogenetyki molekularnej dostarczają bowiem kluczowych danych pozwalających na wiarygodne określenie relacji między sekwencjami DNA populacji ze sobą spokrewnionych. Wyniki badań z tego zakresu mogą więc dostarczyć zobiektywizowanych wskaźników przydatnych nie tylko w rozpoznawaniu specyfiki puli genowych określonych populacji, lecz także pomóc we właściwym ukierunkowywaniu programów ochrony zasobów genetycznych bydła i innych gatunków zwierząt hodowlanych. Celowość podjęcia badań filogenetycznych i filogeograficznych wynika także z ryzyka postępującego zimbredowania chronionych w Polsce populacji bydła, które nie są liczne. Kontrolowany przepływ genów (dotyczy to zwłaszcza pokrewnych subpopulacji bydła czerwonego z państw wchodzących kulturowo i etnicznie w skład obszarów słowiańszczyzny) może być w przyszłości korzystny dla przeciwdziałania zimbredowaniu, a także ograniczyć skutki dryfu genetycznego w nielicznej stawce objętej ochroną.

W kontekście prowadzenia prac nad rozpoznaniem obecności w genomie bydła ras chronionych udziału genów obcych ras, należy zwrócić uwagę na polimorfizm markerów chromosomu Y. Chromosom Y – z wyjątkiem regionu pseudoautosomalnego, można traktować jak pojedynczy, nierekombinujący zbiór markerów dziedziczący się jako genetyczna jednostka (haplotyp). Jest to więc specyficzny dla samców, haploidalny materiał genetyczny, w którym zapisane są mutacje jakie zaszły w linii męskiej przodków. W odróżnieniu od markerów autosomalnych i DNA mitochondrialnego, markery chromosomu Y dają obraz genów dziedziczonych wyłącznie w linii ojcowskiej. Markery chromosomu Y znalazły jak dotąd szerokie zastosowanie w badaniach ewolucji człowieka i w innych dziedzinach badań populacyjnych i medycznych. Między innymi międzynarodowo zunifikowany zestaw markerów chromosomu Y stał się podstawą utworzenia pierwszej wersji Referencyjnej Bazy Danych Chromosomu Y (YHRD), zawierającej obecnie ponad 91 000 haplotypów (edycja 35. ze stycznia 2011 r.). Polimorficzne *loci* chromosomu Y o różnych częstościach mutacji Y-STR tworzą unikalny układ, pozwalający na śledzenie ewolucyjnych losów tej cząsteczki DNA w odniesieniu do różnych skal czasowych i ze zróżnicowaną rozdzielczością, a także rozpoznanie z dużym prawdopodobieństwem etnicznego pochodzenia anonimowych próbek DNA. W odniesieniu do procesów kształtowania specyfiki etnicznej ludzi oraz procesów formowania ras bydła istnieje wiele analogii, a sam model biologiczny, jakim jest polimorfizm markerów chromosomu Y, i metodologia badań są identyczne.

Rozpoznanie i scharakteryzowanie ojcowskiej genealogii w rasach bydła objętych programem hodowli zachowawczej oraz wyodrębnienie haplotypów charakterystycznych dla poszczególnych ras ułatwiłoby ukierunkowanie programu i podjęcie skutecznych działań, w celu sukcesywnego obniżania udziału obcych ras w rodzimych populacjach. W Polsce nie podejmowano dotychczas badań z zakresu filogenetyki molekularnej bydła oraz analiz filogeograficznych krajowego materiału z wykorzystaniem polimorfizmu sekwencji mikrosatelitarnych chromoso-

mu Y. Pierwsze na świecie informacje dotyczące zróżnicowania haplotypów chromosomu Y u autochtonicznych i światowych ras bydła ze wschodniej, północnej i południowo-wschodniej Europy, centralnej Azji i wschodniej Syberii opublikowano w 2009 roku. Wstępne wyniki badań własnych, podjętych na ograniczonym panelu markerów chromosomu Y u buhajów wybranych krajowych ras bydła wskazują, że w krajowym materiale występują unikalne haplotypy „prywatne” nie identyfikowane dotychczas u badanych światowych ras udomowionego bydła.

Wartość pokarmowa dawek z udziałem nasion Inu dla bydła mięsnego

Renata Klebaniuk, Maciej Bąkowski,
Grzegorz Rocki, Natalia Żakowska

Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie

Produkty żywnościowe pochodzenia zwierzęcego, głównie mięso, są bogatym źródłem podstawowych składników pokarmowych: pełnowartościowego białka oraz tłuszczu [9]. Zawierają również inne charakterystyczne składniki, m.in. cholesterol pokarmowy nieobecny w roślinach, który w optymalnych ilościach jest niezbędny do prawidłowego funkcjonowania organizmu człowieka. Są rezerwuarem wielu witamin m.in.: A, B₁, B₂, B₆, B₁₂, niacyny, stanowią również źródło łatwo przyswajalnych składników mineralnych, takich jak: żelazo, wapń, cynk, magnez.

Podwyższenie wartości pokarmowej oraz właściwości funkcjonalnych produktów żywnościowych pochodzenia zwierzęcego, również mięsa, w pewnym stopniu można uzyskać dostosowując dawki pokarmowe do potrzeb zwierzęcia, z uwzględnieniem oczekiwań konsumenta [2, 8, 13].

Celem pracy było opracowanie dawek pokarmowych z udziałem nasion Inu dla stada bydła mięsnego w okresie całorocznego żywienia w gospodarstwie indywidualnym.

Badania przeprowadzono w 2010 roku, w prywatnym 90-hektarowym gospodarstwie utrzymującym m.in. stado 20 krów mięsnej rasy limousine. Krowy kryte są w systemie haremowym, pozyskane jałoweczki wykorzystywane są do remontu i rozbudowy stada, zaś byczki na opas.



Fot. Objęte badaniami stado bydła w okresie żywienia pastwiskowego (fot. N. Żakowska)

Stado utrzymywane jest na pastwisku od maja do listopada, a w pozostałych miesiącach roku w oborze wolnostanowiskowej z dostępem do wybiegu. W okresie żywienia letniego podstawę dawki stanowi zielonka pastwiskowa (tab. 1), zastępowana w okresie żywienia zimowego kiszonką z kukurydzy i sianokiszonką. Dodatkowo, zarówno w okresie letnim jak i zimowym, skarmiane są siano oraz mieszanka treściwa gospodarska (tab. 2). Zwierzęta mają stały dostęp do lizawek i wody.

Tabela 1
Żywienie stada

Pasza	Żywienie letnie	Żywienie zimowe
Pastwisko	do woli	–
Siano	do woli	do woli
Mieszanka treściwa	2,5 kg/szt./dzień	2,5 kg/szt./dzień
Kiszonka z kukurydzy	–	4 kg/szt./dzień
Sianokiszonka	–	2 kg/szt./dzień

Tabela 2
Skład komponentowy mieszanki treściwej gospodarskiej

Wyszczególnienie	Udział (%)
Pszonżyto	47
Jęczmień	25
Owies	25
Dodatek mineralno-witaminowy	3

W czasie badań, dwukrotnie w okresie żywienia zimowego i średnio raz w miesiącu w okresie żywienia letniego, szacowano średnie dzienne pobranie pasz w dawkach. Jednocześnie pobierano próby pasz do analiz chemicznych [5]. W próbach pasz oznaczano zawartość podstawowych składników pokarmowych, zgodnie z AOAC [1]. Na podstawie wyników analiz oszacowano wartość pokarmową skarmianych pasz, wykorzystując program komputerowy WINWAR wersja 2.1. Przy wykorzystaniu programu komputerowego INRA-tion wersja 3.22 oszacowano wartość pokarmową stosowanych dawek pokarmowych, a następnie opracowano propozycję mieszanki treściwej z udziałem nasion Inu do stosowania w dawkach dla krów matek, jak i odchowywanych przy nich cieląt i opasów.

Skład chemiczny pasz skarmianych w gospodarstwie, a także ich wartość pokarmowa (tab. 3) były charakterystyczne dla ich rodzaju i zbliżone do danych z literatury [7, 11]. Jedynie zawartość suchej masy w kiszonce z kukurydzy była dość niska w porównaniu do średnich wartości podawanych w literaturze. Wynikało to prawdopodobnie z gorszych warunków pogodowych w czasie sporządzania kiszonki, a także z nieco wcześniejszego terminu zbioru zielonej masy. Kiszonka z kukurydzy sporządzana była z całych roślin we wczesnej fazie mleczno-woskowej dojrzałości ziarna. Mimo dość niskiej zawartości suchej masy, była dobrej jakości.