

Od praw Mendla do inżynierii genetycznej – genetyka u progu XXI wieku

Marek Świtoński

AR w Poznaniu

U progu XXI wieku imponujące osiągnięcia genetyki molekularnej i wyływające z tego duże nadzieje, ale także i obawy, zajmują uwagę wielu z nas. Coraz większe możliwości nie tylko opisywania, ale i modyfikowania informacji genetycznej drobnoustrojów, roślin, zwierząt i człowieka wywołują dyskusje o charakterze etycznym i prawnym.

A wszystko zaczęło się przecież tak niewinnie – od kolorowych kwiatów grochu. Wielkie zróżnicowanie w świecie ożywionym oraz dostrzegalne podobieństwa między cechami rodziców i ich potomstwa już bardzo dawno wywołało zainteresowanie dziedziczeniem cech. Formułowane były różne poglądy i teorie próbujące tłumaczyć ten proces, jednak genetyka, czyli nauka o dziedziczeniu i zmienności cech, wyodrębniła się dopiero na początku XX wieku. Było to efektem dynamicznego rozwoju wiedzy biologicznej w wieku XIX. Przelomowe teorie, takie jak np. o komórkowej budowie organizmów czy doborze naturalnym, przysłoniły odkrycie morawskiego zakonnika z Brna – Grzegorza Mendla – wskazujące, że informacja genetyczna w postaci zawiązków dziedziczności przechodzi w postaci niezmienionej za pośrednictwem gamet od rodziców do potomstwa. Grzegorz Mendel opublikował wyniki swoich obserwacji nad dziedziczeniem niektórych cech grochu w pracy pt. „Badania nad mieszańcami roślin”, która ukazała się w 1866 r. w lokalnym czasopiśmie naukowym. Właściwy wybór rośliny modelowej (groch jest rośliną samopylną), dobrze zaplanowane eksperymenty krzyżowania oraz skrupulatna analiza uzyskanych wyników pozwoliły na sformułowanie uogólnień o podstawowym znaczeniu dla przyszłej genetyki. A przecież w tamtym czasie, mimo postępu nauk przyrodniczych, nie wiadano jeszcze, że jądro komórkowe zawiera chromosomy, i że podlega podziałom – mitozie lub mejozie. Dokonania Grzegorza Mendla docenione zostały dopiero na początku XX wieku, kiedy eksperymenty przeprowadzone przez innych badaczy doprowadziły do tych samych wniosków, które wcześniej sformułował Mendel. Od tego momentu sprawy potoczyły się już bardzo szybko, chociaż nie brakowało również okresów pewnych zahamowań.

W 1906 roku wprowadzono pojęcie „genetyka”, a w ślad za nim – w 1909 roku – „gen”. W latach 1902-1910, głównie dzięki pracom Suttona i Morgana, powstała chromosomowa teoria dziedziczenia. Głosiła ona, że geny ułożone są liniowo w chromosomach, a każdy z nich ma ściśle określone miejsce. Wskazanie na szczególną rolę chromosomów w procesach dziedziczenia wywołało duże zainteresowanie tymi strukturami, ale postęp wiedzy nie był z początku zbyt olśniewający. Wystarczy wspomnieć, że dopiero w 1956 roku ostatecznie ustalono, że człowiek ma 46 chromosomów, a nie 48, jak wcześniej twierdzono. W roku 1958 po raz pierwszy zidentyfikowano trisomię chromosomu 21 pary u chłopca z zespołem Downa, a rok później wskazano na kluczową rolę chromosomu Y w determinacji płci męskiej człowieka i innych ssaków.

Zainteresowanie budową i funkcjonowaniem chromosomów nie przesłaniało jednak celu głównego, jakim było poznanie molekularnego podłoża procesu dziedziczenia cech. Rolę DNA, jako nośnika informacji genetycznej, wykazała dopiero w 1944 roku grupa badaczy amerykańskich pod przewodnictwem Oswalda Avery’ego. Poznanie struktury DNA nastąpiło w 1953 roku dzięki 25-letniemu amerykańskiemu stypendyście Jamesowi Watsonowi oraz nieco starszemu badaczowi brytyjskiemu – Francisowi Crickowi. Opisanie budowy przestrzennej DNA otworzyło drzwi do poznania kodu genetycznego, czyli udzielenia odpowiedzi na pytanie: w jaki sposób nukleotydy występujące w DNA zapisują informację o budowie białek. Kod ten został ostatecznie rozszyfrowany w połowie lat sześćdziesiątych.

Aplikacja osiągnięć genetyki w hodowli roślin i zwierząt, a także medycynie człowieka pojawiła się bardzo wcześnie, ale zakres jej wykorzystania zależał oczywiście od postępu wiedzy o komórkowych i molekularnych mechanizmach dziedziczenia cech. Poznawanie podłoża dziedzicznego cech wcześniej doprowadziło badaczy do dość deprymującej konkluzji, że wiele cech interesujących hodowcę zwierząt czy roślin, a także lekarza zależy od bliżej nieznannej liczby współdziałających genów. Co gorsze, efekt pojedynczego genu pozostawał praktycznie nieuchwytny, a wpływ czynników środowiskowych na kształtowanie się cechy był znaczący. Odpowiedzią na ten dylemat stał się dynamiczny rozwój, począwszy od lat dwudziestych naszego wieku, metod matematycznych i statystycznych, które pozwalały na szacowanie parametrów genetycznych, takich jak odziedziczalność i powtarzalność cechy czy wartości hodowlanej pojedynczego osobnika. Należy wyraźnie stwierdzić, że właśnie te metody pozwoliły na osiągnięcie ogromnego postępu w selekcji roślin i zwierząt. To dzięki konsekwentnej aplikacji tych metod w selekcji możemy obecnie osiągać, niewyobrażalne sto lat temu, wydajności mleka w ciągu 305-dniowej laktacji krowy rzędu 15 tys. kg mleka i więcej.

Rozwój wiedzy o molekularnym podłożu procesów dziedziczenia umożliwił przejście od rozważań nad poznaniem natury informacji genetycznej do prac nad jej modyfikowaniem przy pomocy technik molekularnych, czyli rozpoczęcia

Przypominamy, że w Redakcji można zamówić prenumeratę „Przeglądu Hodowlanego” na dowolny okres (także egzemplarze archiwalne po obniżonej cenie). Na str. 25 zamieszczamy przekaz.

ery inżynierii genetycznej. Nastąpiło to już na początku lat siedemdziesiątych. Początkowo skoncentrowano się na manipulowaniu informacją genetyczną drobnoustrojów. Szybki postęp, przy jednoczesnym stosunkowo słabym poznaniu organizacji informacji genetycznej mikroorganizmów, które poddawano manipulacjom, wywołał zachwyt i nadzieję, ale i obawy, przede wszystkim o bezpieczeństwo stosowania technik rekombinacji DNA, a głównie ryzyko wydostania się zrekombinowanych drobnoustrojów poza laboratorium. Na problem ten zwróciła uwagę w 1974 roku grupa czołowych biologów molekularnych w ogłoszonym, na łamach dwóch prestiżowych czasopism naukowych – Science oraz Nature, apelu o ograniczenie tych badań. Apel nie powstrzymał rozwoju inżynierii genetycznej, spowodował jednak, że w wielu laboratoriach wprowadzono zabezpieczenia, których celem była poprawa bezpieczeństwa prowadzonych prac. Wkrótce dynamicznie rozwijająca się inżynieria genetyczna przyniosła praktyczne efekty. Udało się między innymi uzyskać bakterie produkujące ludzkie białka o trudnym do przecenienia znaczeniu terapeutycznym. Przykładem niech będzie insulina czy hormon wzrostu.

Inżynieria genetyczna ponownie zaabsorbowała uwagę naukowców oraz opinii publicznej na początku lat osiemdziesiątych, kiedy to wyprodukowano pierwsze transgeniczne ssaki, czyli zwierzęta, do których informacji genetycznej wprowadzono przy pomocy technik molekularnych obcy gen. W jednym z pierwszych eksperymentów uzyskano myszy, których informację genetyczną wzbogacono o gen hormonu wzrostu szczura. Efekt tego eksperymentu wywołał ogromne wrażenie – transgeniczne myszy osiągnęły rozmiary większe o ponad 50% w porównaniu z normalnymi myszami. Okazało się, że geny można przenosić także między organizmami wyższymi – od człowieka do zwierząt, od człowieka do roślin, od zwierząt do zwierząt, od roślin do roślin itd. Tym samym człowiek posiadał umiejętność modyfikowania genomu praktycznie każdego organizmu.

Postęp w modyfikowaniu genetycznym różnych organizmów nie przysłonił prawdy oczywistej, że stale zbyt mało wiemy o organizacji i funkcjonowaniu informacji genetycznej organizmów wielokomórkowych: człowieka, zwierząt i roślin. Postęp na tym polu ma podstawowe znaczenie dla coraz szerszej aplikacji genetyki.

Genetyka zajęła bardzo znaczące miejsce w medycynie człowieka i nie dlatego, aby udzielić odpowiedzi na pytanie: czy możemy mieć córkę o niebieskich oczach, ale żeby poznać podłoże genetyczne wrodzonych wad rozwojowych, chorób metabolicznych czy rozwoju procesu nowotworowego. Wysiłki zmierzające do poszerzenia tej wiedzy warte są podkreślenia. W połowie lat osiemdziesiątych pojawiła się idea powołania wielkiego programu badawczego, którego celem było ustalenie sekwencji nukleotydów w DNA tworzącym genom człowieka. Jednym z animatorów tego przedsięwzięcia był James Watson – współodkrywca struktury DNA. Genom to informacja zawarta w gamecie, mówiąc inaczej to zbiór wszystkich genów oraz sekwencji niekodujących, które występują w haploidalnym zestawie chromosomów. DNA stanowiące genom człowieka, podobnie jak innych ssaków, zbudowany jest z ok. 3 miliardów par nukleotydów, przy czym tylko kilka procent tego DNA to geny, a reszta, to niekodujące sekwencje. Sekwencjonując DNA całego genomu będzie można zidentyfikować, a następnie ustalić strukturę molekularną ok.

80 tys. genów, które zawarte są w naszym genomie. Projekt pod nazwą HUGO (Human Organization Genome Project) został uruchomiony w 1991 roku i przewiduje się, że na początku przyszłego wieku – być może już w 2001 lub 2002 roku – zostanie zakończony, czyli poznamy sekwencję ok. 3 mlrd par nukleotydów składających się na genom człowieka.

A jak rozwijają się badania genomów roślin uprawnych i zwierząt gospodarskich? Na początku lat dziewięćdziesiątych powołano pod auspicjami Wspólnoty Europejskiej projekt mapowania genomu świni (PiGMap), a rok później genomu bydła (BovMap). Cele tych projektów były skromniejsze aniżeli programu HUGO, bowiem w tych oraz innych projektach poświęconych genomom zwierząt gospodarskich celem nie jest ich sekwencjonowanie, ze względu na ogromne koszty takiego przedsięwzięcia, ale zlokalizowanie jak największej liczby markerów genetycznych, a następnie genów, które wpływają znacząco na użytkowość zwierząt. Postęp tych badań pozwolił już na identyfikację szeregu genów wpływających na ważne cechy hodowlane. Na przykład poznano podłoże molekularne, czyli opisano na poziomie sekwencji DNA, mutacje odpowiedzialne za takie cechy, jak: hipertrofia mięśniowa (tzw. podwójne umięśnienie) u niektórych ras bydła mięsnego, odporność świń na chorobę obrzękową wywołwaną przez patogenne szczepy pałeczki okrężnicy (*E. coli*), czy podatność świń na stres, która pociąga za sobą drastyczne obniżenie przydatności mięsa do przerobu technologicznego. Podobnych przykładów można by przytoczyć znacznie więcej.

Badania z zakresu mapowania genomów prowadzone są niestety w nielicznych ośrodkach naukowych w Polsce. Na podkreślenie zasługuje przedsięwzięcie dotyczące genomu świni. W latach 1993-1997 realizowane były dwa duże projekty dotyczące mapowania genów cech ilościowych świni, w których uczestniczyły trzy ośrodki: Instytut Genetyki i Hodowli Zwierząt PAN w Jastrzębcu, Instytut Zootechniki w Bałicach oraz Katedra Genetyki i Podstaw Hodowli Zwierząt Akademii Rolniczej w Poznaniu. Udział polskich zespołów badawczych w międzynarodowych projektach mapowania genomów zwierząt domowych jest również skromny. Instytut Genetyki i Hodowli Zwierząt PAN w Jastrzębcu uczestniczy w pracach nad zbudowaniem mapy sprzężeniowej genomu konia oraz bierze udział w międzynarodowych badaniach nad genomem świni. W międzynarodowym programie mapowania genomu konia bardzo silnie jest zaangażowany Zakład Hodowli Koni Akademii Rolniczej w Poznaniu. Z kolei w międzynarodowym projekcie dotyczącym genomu psa (DogMap) uczestniczy Katedra Genetyki i Podstaw Hodowli Zwierząt AR w Poznaniu. Celem tych badań jest zbudowanie fizycznej mapy genomu tego gatunku.

Co nas czeka w rozpoczynającym się już niebawem XXI wieku? Trzeba sobie jasno powiedzieć, że nawet jeśli zostanie zakończony projekt HUGO oraz inne projekty mapowania genomu zwierząt i roślin, to nasza wiedza o genomach organizmów wyższych nadal będzie dość powierzchowna. Poznanie funkcji białek kodowanych przez zmapowane geny, rozszyfrowanie bardzo złożonych procesów regulacji ekspresji poszczególnych genów, czy rozpracowanie interakcji pomiędzy środowiskiem i genotypem, to tylko niektóre wyzwania. Pamiętajmy, że w genomie ssaków funkcjonuje ok. 80 tys. genów, z których kilkanaście tysięcy jest czynnych we wszystkich komórkach, a pozostałe podlegają tkankowo specyficz-

nym procesom włączania i wyłączenia ich ekspresji. Są one uzależnione z jednej strony od stadium rozwoju osobniczego, a z drugiej strony od oddziaływania bardzo różnych bodźców środowiskowych. Niektóre z genów podlegają procesowi piętnowania podczas powstawania gamet, co oznacza, że ten sam gen będzie działał lub nie zależnie od tego czy pochodzi od ojca, czy od matki. Ale czy ogrom i złożoność zadań badawczych oznacza, że genetycy się poddadzą? Z pewnością nie, a ich działania będą przebiegać dwutorowo. Niektórzy będą chcieli zgłębić jak najwięcej tajemnic, a inni będą się poświęcali działaniom zmierzającym do modyfikowania tego, co jeszcze nie do końca jest poznane. Dynamiczny rozwój genetyki molekularnej i inżynierii genetycznej jest nieuchronny, przynajmniej z trzech powodów. Pierwszym jest trudna do okiełznanania ciekawość badacza. Po drugie, w prace nad aplikacją inżynierii genetycznej zainwestowano ogromne środki finansowe w dużych prywatnych firmach farmaceutycznych i biotechnologicznych. Wydatkowane na badania kwoty powinny się zwrócić inwestorom z zyskiem. Wreszcie po trzecie, ludzie oczekują, że przy pomocy nowych technik inżynierii genetycznej będzie można pokonać wiele chorób trapiących człowieka, a żywność będzie tańsza i zdrowsza. W XXI wieku coraz więcej dóbr i usług będzie wynikiem stosowania osiągnięć genetyki molekularnej i inżynierii genetycznej. Coraz bardziej dostępne staną się testy molekularne, które umożliwią wczesne wykrycie choroby genetycznej czy określenie ryzyka rozwoju procesu nowotworowego. W przypadku niektórych chorób o podłożu dziedzicznym, głównie chorób nowotworowych, rozwinię się terapia genu, której celem jest naprawianie defektów genów bądź leczenie przy pomocy obcych genów. Do chwili obecnej opracowano już kilkaset protokółów takiej terapii, które są na różnych etapach klinicznej oceny skuteczności działania. Można przewidywać, że do praktyki zostaną wprowadzone szczepionki produkowane przez transgeniczne rośliny, a niektóre leki będą produkowane przez transgeniczne zwierzęta, co będzie uzupełnieniem bogatej już oferty leków uzyskiwanych od modyfikowanych genetycznie bakterii. Coraz realniejsza wydaje się perspektywa wykonywania ksenotransplantacji, czyli przeszczepiania organów od zwierzęcia (dawcy) do człowieka (biorcy). Najbardziej przydatne będą prawdopodobnie transgeniczne świnie, które będą miały tak zmodyfikowany genom, aby znieść czy istotnie ograniczyć ostrą reakcję odrzutu przeszczepu przez biorcę.

A co nas czeka w zakresie produkcji żywności? Selekcja zwierząt w coraz większym stopniu będzie się opierała na bezpośrednim ustalaniu genotypu zwierząt. Intensywne poszukiwania genów z dużymi efektami działania, które wpływają na kształtowanie się tzw. cech ilościowych zwierząt i roślin, powinny przynieść wkrótce efekty pod postacią testów molekularnych, które będą wykorzystywane do oceny genotypu zwierząt czy roślin. Prawdopodobnie uzyskane będą wkrótce zwierzęta o nowych, zmodyfikowanych właściwościach użytkowych, np. krowy produkujące mleko o składzie zbliżonym do mleka ludzkiego lub szybciej rosnące tuczniaki czy brojlery. Uprawa wielu roślin będzie wymagała mniejszych nakładów na ich ochronę, dzięki wprowadzeniu do obrotu roślin transgenicznych odpornych na niektóre patogeny. Paleta transgenicznych roślin o nowych właściwościach (tolerancja na niektóre herbicydy, mrozoodporność, przedłużona trwałość produktów, zmodyfikowany skład substancji zapasowych w nasionach itp.) zostanie niewątpliwie poszerzo-

na. Jednym z dowodów, pokazującym ogromny potencjał komercyjny związany z uprawą roślin transgenicznych, jest odmiana soi, do genomu której wprowadzono gen odpowiedzialny za tolerancję na silny herbicyd Roudoup. W ubiegłym roku ponad połowa arealu uprawy soi w USA była obsiana takimi nasionami. Dostępna jest także odmiana ziemniaków odporna na żerowanie stonki ziemniaczanej. Cechę tę uzyskano przez wprowadzenie do genomu ziemniaka genu bakteryjnego produkującego białko toksyczne dla owadów.

Czy naszkicowane perspektywy oznaczają, że genetyka molekularna całkowicie zmieni oblicze medycyny, hodowli zwierząt i roślin? Oczywiście nie. Genetyka molekularna staje się coraz ważniejszym ogniwem w procesie leczenia człowieka, hodowli zwierząt i roślin, czy przetwórstwie żywności. Nie udziela jednak odpowiedzi na wszystkie pytania. Przykładowo, wśród wrodzonych wad rozwojowych u człowieka aż 60% ma nieustalone podłoże, a następne 20% wad uwarunkowanych jest wieloczynnikowo (tzn. przez nieznaną liczbę genów oraz słabo rozpoznane wpływy środowiskowe). Jedynie 6% wad zależy od zmian identyfikowanych na poziomie chromosomów, a niecałe 8% spowodowane jest przez mutacje w pojedynczych genach.

Spójrzmy na hodowlę zwierząt i roślin. Podstawą pracy hodowlanej jest selekcja prowadzona w celu doskonalenia tzw. cech ilościowych, takich jak: wydajność mleka, tempo przyrostu masy ciała, plenność, wielkość plonu. Są to cechy o bardzo złożonym uwarunkowaniu genetyczno-środowiskowym. Obecnie prowadzone badania zmierzające do identyfikacji tzw. genów głównych mogą doprowadzić do lepszego poznania tylko części zmienności genetycznej, ale nie zastąpią one dotychczas stosowanych metod, jak np. szacowania wartości hodowlanej zwierząt przeznaczonych na rodziców następnego pokolenia.

Jeśli genetyka, a także inżynieria genetyczna stwarza nadzieję na poprawę warunków życia człowieka, to dlaczego często spotykamy się z obawami, lękami, czy wręcz niechęcią do wykorzystywania wiedzy genetycznej? Wydaje się, że wynika to raczej z niewiedzy, niż rzetelnie rozpoznanych zagrożeń. Genetyka molekularna, a zwłaszcza inżynieria genetyczna stały się szeroko eksploatowanymi tematami medialnymi. Niejednokrotnie opinie na ten temat wypowiedane są przez osoby, których wiedza z tego zakresu jest niewielka, niepełna lub wręcz błędna. Jeśli tak jest w istocie, to tylko szeroko zakrojona edukacja może zmienić nastawienie opinii publicznej do celowości rozwijania tych obszarów wiedzy biologicznej. Rola wyższych uczelni jest w tym dziele oczywista.

Trzeba jednak zaznaczyć, że strona etyczna i prawna stosowania nowych technologii genetycznych nie jest do końca rozwiązana. Sporo kontrowersji związanych jest oczywiście z ich stosowaniem w medycynie człowieka. Dostępność informacji o nosicielstwie genów odpowiedzialnych za choroby dziedziczne, zakres stosowania terapii genowej, dostępność diagnostyki prenatalnej (czyli przedurodzeniowej), patentowanie poznanych sekwencji genów, to niektóre kwestie budzące spory. O wadze tych problemów niech świadczy fakt, że w budżecie wspomnianego projektu poznania genomu człowieka (HUGO) wyodrębniono 3-procentową pulę środków finansowych na opracowania i dyskusje o charakterze etycznym.

Nie brakuje też obaw dotyczących wykorzystania roślin i zwierząt o zmodyfikowanym genomie. Czy żywność wypro-

dukowana z organizmów transgenicznych może mieć podwyższone właściwości alergenne lub wręcz toksyczne? W jakim stopniu uwzględnić problem dobrostanu zwierząt transgenicznych? Czy organizmy o zmodyfikowanym genomie mogą w nieprzewidywalny sposób zakłócić równowagę w środowisku? Stawiając to ostatnie pytanie warto pamiętać, że w hodowli roślin i zwierząt od dawna wykorzystywane są techniki przełamujące bariery międzygatunkowe, poprzez krzyżowanie oddalone. Przykładem niech będzie triticale, czyli krzyżówka żyta i pszenicy, czy krzyżówki bydła domowego z bydłem zebu. Ponadto, już kilkadziesiąt lat temu sztucznie generowano zmienność genetyczną roślin na drodze mutagenyzy z użyciem promieniowania jonizującego czy substancji chemicznych – np. kolchicyny, którą wykorzystywać można do wywoływania poliploidalności u roślin.

Tworzenie postępu technologicznego w różnych dziedzinach, a w tym w inżynierii genetycznej oraz biotechnologii,

a także umiejętność korzystania z jego dobrodziejstw oraz oceny ewentualnych zagrożeń, wymaga poniesienia znaczących nakładów na badania naukowe i oświatę. Stać na to tylko kraje bogate oraz takie, które pomimo niezbyt wielkiej zamożności prowadzą dobrą politykę naukową i edukacyjną. Trzeba pamiętać, że zainwestowane pieniądze powrócą pod postacią nowych produktów i usług przede wszystkim do tych społeczeństw, które zainwestowały. Pozostali postęp będą musieli bardzo drogo kupić, albo z niego zrezygnować. Jaką wizję dostępu do nowych technologii pragniemy zaproponować samym sobie i następnym pokoleniom u progu XXI wieku? Odpowiedź na to pytanie dla wielu osób jest oczywista i prosta – większe nakłady na naukę i oświatę, to gwarancja szybszego postępu. Wiadomo przecież, że kraje, które nie nadążają za postępem tracą niewspółmiernie dużo. Czy możemy się zatem spóźnić?

Stan i przyszły rozwój krajowej hodowli bydła a perspektywy inseminacji

Henryk Jasiorowski

SGGW

Ponad 50 lat działalności inseminacji w Polsce nie można przecenić. Dzięki ofiarnej pracy i wysokiemu poziomowi kompetencji szerokiej rzeszy specjalistów, którzy poświęcili swe życie zawodowe tej nowej technice rozrodu zwierząt, uzyskaliśmy imponujący wskaźnik procentowy krów objętych sztucznym unasienianiem i to przy tak rozdrobnionej hodowli. W pierwszym okresie technika inseminacji przyczyniła się do opanowania i kontroli szalejących po wojnie chorób rozrodu bydła, następnie do ulepszenia pogłowia poprzez szerokie wykorzystanie buhajów z importu (głównie z Holandii), a ostatnio umożliwiła wprowadzenie obiektywnych, nowoczesnych metod oceny buhajów i ich selekcji. Wkład inseminacji w Polsce w postęp hodowlany jest ogromny. Niestety nie dysponujemy naukowo opracowanymi wskaźnikami rzeczywistego postępu genetycznego w kraju, ale na pewno nie jest to wina ludzi pracujących w inseminacji.

Z racji mojego zawodu i specjalizacji naukowej mogę zająć się głównie bazą oddziaływania inseminacji, tj. hodowlą bydła – jej stanem obecnym i perspektywami rozwoju w Polsce. Nie jest to zadanie łatwe ze względu na następujące okoliczności:

♦ W ostatnich latach nastąpił wyjątkowo silny kryzys w polskim rolnictwie, co odbiło się silnie także na hodowli bydła.

♦ Obecnie jesteśmy w trakcie reorganizacji zarządzania polską hodowlą, która ma być oparta na zasadach decentralizacji i prywatyzacji. Innymi słowy wzrosnąć ma rola związków hodowców, zmniejszyć rola państwa w podejmowaniu hodowlanych decyzji, a laboratoria i SHiUZ mają być sprywa-

tyzowane. Dokładniejszy kierunek, zakres i tempo tych zmian pozostają niewiadomymi.

♦ Przyszłość rozwoju hodowli bydła w Polsce nie będzie jednak zależała wyłącznie od warunków wewnętrznych, ale w ogromnym stopniu od warunków, na jakich zostaniemy przyjęci do Unii Europejskiej. Tu również jest wiele niewiadomych.

Przemiany ustrojowe, które miały miejsce w Polsce na przełomie lat osiemdziesiątych i dziewięćdziesiątych, wycisnęły swe głębokie piętno na sytuacji krajowego rolnictwa, a w tym i na hodowli bydła. Na skutek nakładających się na siebie kilku przyczyn, takich jak: spadek dochodu narodowego i związane z tym zmniejszenie popytu na mleko i mięso, nadmierny liberalizm w handlu zagranicznym dopuszczających na nasz rynek dotowane produkty z Zachodu bez dostatecznych restrykcji celnych oraz przyspieszona likwidacja większości państwowych gospodarstw rolnych, doprowadziły m.in. do katastrofalnego spadku pogłowia bydła, w tym krów mlecznych oraz produkcji mleka i mięsa wołowego. I tak w latach 1989-1999 pogłowie krów obniżyło się o ponad 30%, produkcja mleka o około 25%, a produkcja żywca wołowego prawie o połowę. W tym okresie przeciętna roczna mleczność krów zwiększyła się stosunkowo niewiele, bo z 3260 kg do 3550 kg.

Przeciętne spożycie mleka na 1 mieszkańca spadło z 260 kg w roku 1989 do 204 kg w 1998 (łącznie z mlekiem przeznaczonym na przetwory, ale bez mleka przeznaczonego na produkcję masła). Spożycie mięsa wołowego obniżyło się też znacznie. Spadł również nasz eksport mleka i jego przetworów oraz mięsa i żywca wołowego. Są to wskaźniki deprymujące, szczególnie, gdy weźmie się pod uwagę nasze możliwości. Obrazuje to najlepiej obsada krów mlecznych na 100 ha użytków rolnych. Podczas gdy w Polsce wskaźnik ten wynosi obecnie 24 sztuki, to w Niemczech 43 sztuki.

W zakresie problemów pracy hodowlanej nad bydłem obserwujemy w ciągu ostatniej dekady też bardzo niekorzystny trend. Mogą go charakteryzować dwa podstawowe wskaźniki. W latach 1989-1998 liczba krów mlecznych objętych oceną użyteczności mlecznej spadła z 758 906 do 379 394 sztuk, w stosunku do całego pogłowia z 15,2 do 10,7%. Podobnie spadł wskaźnik krów objętych sztucznym unasienianiem – z