

owych” – P. Ptak (2004 r.). Jest godne podkreślenia, że zarówno za rządów Ignacego Jaworowskiego, jak i Jerzego Białoboka studenci AR w Krakowie mogą liczyć na życzliwe przyjęcie na praktyki dyplomowe.

Kontynuatorzy szkoły hodowlanej Dyrektora Jaworowskiego – Państwo Jerzy i Urszula Białobokowie hołdują zasadzie w hodowli arabów: „piękne i dzielne”, a w hodowli bydła jersey: „wydajne i piękne”.

Model pracy hodowlanej prowadzonej w kierunku zwiększenia genetycznej oporności owiec na *scrapie* w Holandii

Ewa Strzelec, Roman Niżnikowski

SGGW

Scrapie u owiec oraz choroba Creutzfeldta-Jakoba (CJD) u ludzi należą do grupy pasażowalnych encefalopatii gąbczastych (TSE), wywoływanych przez priony, które atakują centralny system nerwowy i zawsze prowadzą do śmierci. Opracowanie danych literaturowych dotyczących problematyki chorób prionowych, ze szczególnym uwzględnieniem *scrapie*, zostało przedstawione przez Strzelec i Niżnikowskiego [15].

Stwierdzono, że wrażliwość owiec na *scrapie* jest uwarunkowana genetycznie [3]. W obrębie genu białka prionowego występują trzy podstawowe mutacje w kodonach [1]: 136 – alanina (A) i walina (V); 154 – arginina (R) i histydyna (H); 171 – arginina (R) i glutamina (Q), które odpowiadają za zmianę aminokwasu i struktury białka. Dlatego też różne genotypy prionów mogą być sklasyfikowane w cztery grupy genotypów o różnym stopniu wrażliwości na *scrapie*. Genotypy wrażliwe – to VRQ/VRQ, VRQ/ARQ, VRQ/AHQ i VRQ/ARR; neutralne – ARQ/ARQ, ARQ/AHQ i ARQ/ARR; neutralnie-niewrażliwe – AHQ/AHQ i AHQ/ARR; oraz niewrażliwe – ARR/ARR.

Białko prionowe, będąc czynnikiem zakaźnym, pokonało barierę gatunkową, czego przykładem jest powiązanie przypadków zachorowań na BSE u bydła i CJD u ludzi [13]. Podobną chorobą do BSE jest *scrapie* u owiec. Jednym ze sposobów ograniczenia ryzyka rozprzestrzeniania się chorób prionowych u ludzi (CJD) jest dążenie do uzyskania owiec

Literatura: 1. Biznesplan dla Stadniny Koni Michałów Spółka z o.o. na lata 2004-2008 wraz z programem inwestycyjnym. 2004 (maszynopis). 2. Szarek J. – Protokoły z lustracji stanu hodowli bydła w SK Michałów (maszynopisy). 3. Śnieć W., Zielińska E., Wasilewski M., 2003 – Wademekum polskiej hodowli. Wyd. Pol-Press Sp. z o.o., ANR OT w Warszawie. 4. Tischner M., 2004 – Życiorys mgr inż. Ignacego Jaworowskiego przedstawiony w dniu 14 maja 2004 roku w czasie uroczystości nadania Ignacemu Jaworowskiemu tytułu doktora *honoris causa*.

genetycznie opornych na *scrapie*, czyli posiadających genotyp ARR/ARR.

Dlatego też w krajach Unii Europejskiej podjęto szczegółowe badania nad ustaleniem frekwencji odpowiednich alleli genu prionowego oraz opracowano programy, których celem jest osiągnięcie pogłowia owiec o genotypie zawierającym tylko i wyłącznie allel ARR w obu locus. Dodatkowo stworzono regulacje prawne w postaci Rozporządzenia Parlamentu Europejskiego i Rady (WE) nr 999/2001 z 22 maja 2001 r., dotyczące zapobiegania, kontroli i eliminacji pewnych postaci zakaźnego gąbczastego zwyrodnienia mózgu, które jest obowiązkowe dla każdego kraju UE.

Jednym z rozwiązań hodowlanych jest holenderski program zwalczający *scrapie* u owiec, który został rozpoczęty we wrześniu 1998 roku. Początkowo był to dziesięcioletni dobrowolny program, ale w lutym 2001 roku czas trwania tego programu został skrócony o cztery lata. Nowa wersja programu stała się także obowiązkowa dla każdego holenderskiego hodowcy owiec. Celem tego programu hodowlanego jest wytworzenie populacji owiec, która zawierałaby tylko zwierzęta o genotypie ARR/ARR.

Pierwszy etap zakładał usunięcie z populacji osobników o najbardziej wrażliwych na *scrapie* genotypach. W następnych etapach eliminowano zwierzęta o neutralnych i neutralnie-niewrażliwych genotypach. Wkrótce pojawiło się pytanie: Czy skrócony czas programu „wytępienia” *scrapie* u owiec prowadzi do wzrostu stopnia inbrodu, zwłaszcza w małych populacjach?

Wiadomo, że zimbredowanie osobników wpływa negatywnie na przeżywalność populacji, ponieważ wzrasta poziom depresji inbredowej, wzrasta dryft genetyczny, zwiększa się frekwencja genów letalnych oraz obniża się różnica genetyczna. Zatem stopień inbrodu w populacji musi być kontrolowany podczas selekcji na genotypy niewrażliwe na *scrapie*. Ponieważ duże znaczenie ma właściwy poziom cech produkcyjnych, podczas pracy hodowlanej w małych populacjach ważne jest także zachowanie równowagi między selekcją na oporność na *scrapie* a utrzymaniem właściwego poziomu cech produkcyjnych.

Postępując się programem symulującym SelAction postanowiono sprawdzić, jaki wpływ na wyżej wymienione aspekty

hodowlane ma selekcja na allel ARR w trzech populacjach owiec o małych rozmiarach populacji.

W Holandii występuje ponad 40 ras owiec, zarówno importowanych jak i krajowych. Osiem z rodzimych ras holenderskich – to małe populacje, mające poniżej 6000 zarejestrowanych zwierząt [6]. Wśród tych 8 holenderskich ras frekwencja genotypu ARR/ARR jest niska, gdyż wynosi 10-14% [10].

Do przeprowadzenia symulacji użyto trzy rasy owiec o małych populacjach: wschodniofryzjską owcę mleczną, black blazed sheep oraz blue texel. Populacje dwóch ostatnich ras mają tendencje wzrostowe, zaś pogłowie wschodniofryzjskiej owcy mlecznej można uznać za stabilne [19]. Różne cele hodowlane stawiane zwierzętom tych trzech ras są przyczyną uwzględniania w selekcji różnych cech i parametrów. Aby uprościć indeksy selekcyjne, określona została niezbędna liczba cech, tj. wielkość miotu przy urodzeniu (płodność), całkowita wydajność mleczna, masa ciała oraz badana ultrasonograficznie głębokość mięśnia najdłuższego grzbietu – *m.l.d.* (budowa ciała). Inne cechy (np. właściwe umaszczenie lub punkty za pokrój) są także ważne w selekcji tych trzech holenderskich ras, nie ma jednak dostępnych danych lub ich zastosowanie w indeksach selekcyjnych nie jest proste. W preselekcji we wszystkich trzech rasach główną cechą jest genetyczna oporność na *scrapie*.

Wschodniofryzjska owca mleczna jest rasą owiec używaną do produkcji mleka. Całkowita, szacowana liczba zwierząt tej rasy wynosi 1552, w tym 1500 matek i 52 tryki, a więc na jednego tryka przypada około 29 maciorek. Średnia wielkość miotu wynosi 2,1 jagnięcia przy urodzeniu. Średni wiek zwierząt tej populacji wynosi 4 lata [17].

Wybrane cechy selekcyjne, zawarte w indeksie jako cele hodowlane, to wydajność mleczna (MY – milk yield) oraz wielkość miotu przy urodzeniu (LSB – litter size birth). Niestety, nie ma bezpośrednich danych dotyczących tej rasy, a parametry tych cech zostały zaadaptowane od innej rasy mlecznej – chios sheep. Odziedziczalność cech (h^2) dla tej rasy została oszacowana i wyniosła 0,225 dla wydajności mlecznej i 0,153 dla wielkości miotu przy urodzeniu. Wariacje fenotypowe (var_p) wyniosły 6076,7 (kg^2) i 0,587 odpowiednio dla wydajności mlecznej i wielkości miotu przy urodzeniu. Korelacja genetyczna (r_g) pomiędzy wydajnością mleczną a wielkością miotu wynosiła 0,03 \pm 0,04, natomiast fenotypowa korelacja (r_p) pomiędzy tymi samymi cechami wyniosła 0,07. Wspólną środowiskową kowariancję (c^2) oszacowano na 0,148 i 0,028 odpowiednio dla wydajności mlecznej i wielkości miotu przy urodzeniu [7].

Rasa black blazed sheep (zwartbles sheep) jest w pierwszym rzędzie selekcyjowana na cechy pokroju (eksterier) i kolor wełny, a następnie na wielkość miotu przy urodzeniu i zdolności odchowania potomstwa. Całkowita szacowana liczba zwierząt wynosi 2545, w tym 2300 matek i 245 tryków, a zatem na jednego tryka przypada ok. 9 maciorek. Średnia wielkość miotu wynosi 2,0 jagnięcia, natomiast średni wiek populacji – 3,5 roku [17].

Jako cechy produkcyjne umieszczone w indeksie selekcyjnym wybrano wielkość miotu przy urodzeniu (LSB – litter size birth) i ultrasonograficzną głębokość mięśnia *m.l.d.* (UMD – ultrasonic muscle depth). Właściwe [18] dla tej rasy parametry genetyczne dla wielkości miotu przy urodzeniu wynoszą 0,10 dla odziedziczalności (h^2), 0,39 dla wariacji fenotypowej (var_p), przy zerowej wspólnej korelacji środowiskowej (c^2). Korelację pomiędzy wielkością miotu przy urodzeniu a ultrasonograficzną głębokością mięśnia (UMD) oszacowano w przybliżeniu na $-0,25$ (informacja ustna dr Albert Visscher, 2002). Parametry genetyczne dla UMD zostały zaadaptowane z badań nad rasą teksel i w tej rasie [10] wynoszą 0,34 dla odziedziczalności (h^2), 9,548 mm^2 dla wariacji fenotypowej (var_p) oraz 0,14 (\pm 0,02) dla wspólnej kowariancji środowiskowej (c^2).

Blue texel jest rasą mięsną, selekcyjowaną na jakość tuszy i wielkość miotu przy urodzeniu. Całkowita liczba zwierząt tej rasy wynosi 5225, w tym 4200 matek i 225 tryków, a więc na jednego tryka przypada około 19 maciorek. Średnia wielkość miotu przy urodzeniu wynosi 1,8 jagnięcia, a średni wiek populacji – 3 lata [17].

Jako cechy produkcyjne, zastosowane w indeksie selekcyjnym, wybrano wielkość miotu przy urodzeniu i masę ciała. Dla masy ciała (LBW – live body weight) oszacowano odziedziczalność (h^2) na poziomie 0,38 \pm 0,1, wspólna środowiskowa kowariancja (c^2) wyniosła 0,16 \pm 0,04, a wariacja fenotypowa (var_p) równa była 18,17 kg^2 [9]. Dla wielkości miotu przy urodzeniu odziedziczalność wyniosła 0,2 [12], a wspólna kowariancja środowiskowa 0,028 [18]. Wariacja fenotypowa oszacowana została na poziomie 0,25 dla wielkości miotu przy urodzeniu (informacja ustna dr Albert Visscher, 2002).

Korelacja fenotypowa (r_p) pomiędzy wielkością miotu przy urodzeniu a masą ciała ustalona jest na poziomie 0,06, a korelacja genetyczna (r_g) między tymi cechami wynosi $-0,1$ [5].

Program symulacyjny SelAction i technika selekcji.

Aby porównać działanie alternatywnych schematów hodowlanych, przeprowadzono [2] symulacje w programie komputerowym SelAction (Wageningen University). Porównanie tych schematów jest oparte na odpowiedzi selekcyjnej, przyroście inbrodu oraz kosztach rezultatów hodowlanych. Zróżnicowane zostały wagi ekonomiczne, cechy produkcyjne, struktura populacji (liczba selekcyjowanych tryków i maciorek, proporcja liczby selekcyjowanych tryków i maciorek, liczba pełnego rodzeństwa i półrodzeństwa). Został oszacowany również efekt preselekcji na genetyczną oporność na *scrapie*. Pod uwagę wzięto wpływ frekwencji allelu ARR na strategię hodowlaną oraz wpływ struktury hodowlanej na inbred i odpowiedź selekcyjną w obrębie obu grup cech: oporności na *scrapie* i cech produkcyjnych.

Kontrolując poziom inbrodu, zoptymalizowano programy hodowlane dla holenderskich ras owiec o małych rozmiarach populacji, selekcyjowanych na oporność na *scrapie*, z jednoczesnym zachowaniem cech produkcyjnych.

Symulacja działania różnych schematów hodowlanych została oparta na selekcji rodzinowej. Selekcja rodzinowa uwzględnia informacje o użytkowości krewnych ocenianego osobnika, co pozwala na ocenę cech, które są charakterystyczne dla danej płci, np. ocena wartości hodowlanej [16] tryków na podstawie użytkowości żeńskich krewnych (wielkość miotu przy urodzeniu, wydajność mleczna i inne cechy limitowane płcią). Selekcję rodzinową stosuje się w tych przypadkach, gdy cechy są nisko odziedziczalne, występuje mała zmienność wynikająca ze wspólnego środowiska i duża liczebność rodziny [4]. Wyróżnia się kilka rodzajów selekcji rodzinowej: selekcję na podstawie rodowodu, selekcję na podstawie pełnego i półrodzeństwa oraz selekcję na podstawie grup potomstwa (progeny-test).

Oszacowanie wariancji fenotypowej (var_p) dla selekcji na allel ARR. Główną cechą selekcyjną u wszystkich ras owiec w Holandii jest genetyczna oporność na *scrapie*. Nodelijk i wsp. [11] wykazali, że frekwencja allelu ARR w rasach owiec o małych populacjach jest raczej niska. Frekwencja allelu ARR u wschodniofryzyskiej owcy mlecznej, black blazed sheep oraz w blue texel wynosi odpowiednio: 0,31, 0,34 i 0,38 dla każdej z ras (tab. 1).

Korelacje fenotypowa i genotypowa pomiędzy cechami produkcyjnymi a występowaniem allelu ARR u owiec zostały ustalone jako zerowe, ponieważ nie ma jeszcze doprowadzonych do końca badań w tym kierunku i nie jest wiadome, czy istnieje jakakolwiek korelacja pomiędzy występowaniem allelu ARR a innymi ważnymi dla produkcji owczarskiej cechami.

Występowanie allelu ARR jest mutacją, która niesie największą oporność na *scrapie* [1]. Ta cecha dziedziczy się według reguł mendelowskich, ale nie ma w tym wypadku dominacji ($d=0$), a odziedziczalność (h^2) jest równa 1,0 (dla potrzeb programu SelAction została przyjęta jako 0,999). Cecha ta nie podlega także zmienności środowiskowej ($c^2=0$). Wariancja genetyczna (V_G) równa jest zatem wariancji fenotypowej (V_P), co można zobrazować następującym wzorem:

$$h^2 = \frac{V_A}{V_P}$$

Za Falconerem [4] można stwierdzić, że jeżeli w locus nie ma dominacji, to wariancja addytywna (V_A) jest podana jako:

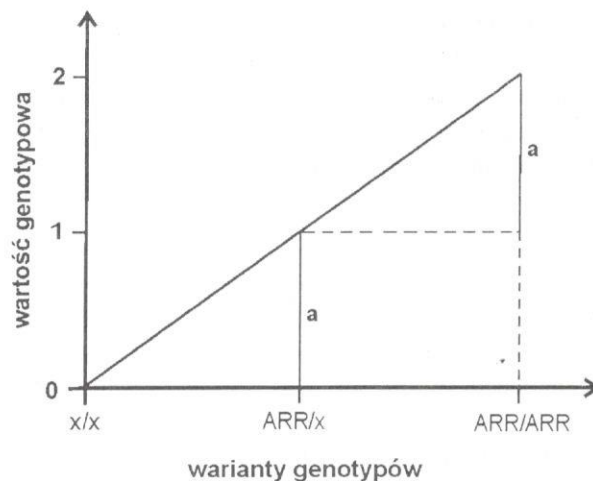
$$V_A = 2pqa^2$$

gdzie:

a – wartość genotypowa (rys.) homozygoty A_1A_1 (ARR/ARR), będąca odchyleniem od średnich wartości;
 p i q – frekwencje alleli, $q=1-p$.

Współczynnik a został oszacowany jako równy 1. Wariancje addytywne w odniesieniu do frekwencji mutacji ARR dla każdej rasy zostały zamieszczone w tabeli 1.

Selekcjonowane populacje. Mimo że w normalnej sytuacji w stadzie znajdują się owce o różnym wieku i w różnym stadium użytkowania, zdecydowano się na uproszczenie sytuacji ze względu na wymagania programu SelAction. W programie tym możliwe jest otrzymanie przyrostu inbrodu na pokolenie tylko w selekcji jednostopniowej. Porównanie



Rys. Graficzne przedstawienie wartości genotypowej przy występowaniu dwóch alleli ARR i x w jednym locus, przy braku dominacji, gdzie x oznacza pozostałe mutacje w genie PRNP u owiec [4]

wyników symulacji możliwe jest wtedy, gdy poziom inbrodu jest zbliżony. Populacje zostały zatem zmodyfikowane przed użyciem symulacji:

- Długość życia dla zwierząt każdej rasy została ustalona na 3 lata i okres ten oznacza jedno pokolenie.
- Potrojeniu uległy: liczba przeznaczonych do selekcji zwierząt każdej płci uzyskiwanych od jednej matki oraz liczba półrodzeństwa.
- Proporcja selekcyjna, zarówno dla tryków jak i dla matek, to wymiana całości materiału selekcjonowanego z potomstwa każdej płci (50:50), uzyskanego w jednym pokoleniu (3 lata), przy uwzględnieniu przeżywalności jagniąt na poziomie 80% i wielkości miotu przy urodzeniu. Założono także jeden sezon wykotowy w ciągu roku.
- W indeksie selekcyjnym uwzględniono wszystkie możliwe źródła informacji. Należą do nich: użytkowość własna osobnika (z uwzględnieniem ograniczeń, jakie niesie płć), BLUP-AM, informacje o użytkowości pełnego rodzeństwa i półrodzeństwa.
- Dla cech produkcyjnych ustalono relatywne wagi ekonomiczne dla wszystkich ras na poziomie $EV=+2$. Dla allelu ARR zróżnicowano wagi ekonomiczne (EV) w indeksach na poziomie 0, +2 i +10 dla każdej rasy.
- Zróżnicowano informację o użytkowości własnej tryków i maciorek w selekcji na allel ARR.

Tabela 1
Wariancje (V_A i V_P), odziedziczalność (h^2) i wspólny efekt środowiskowy (c^2) w odniesieniu do frekwencji allelu ARR u trzech holenderskich ras owiec

Rasa	Selekcja na frekwencję allelu ARR			Frekwencja allelu ARR (p)
	($V_A=V_P$)	(h^2)	(c^2)	
Wschodniofryzyska owca mleczna	0,4278	0,999	0,0001	0,31
Black blazed sheep	0,4488	0,999	0,0001	0,34
Blue texel	0,4712	0,999	0,0001	0,38

Rezultaty symulacji podane są w jednostkach odchylenia standardowego dla każdej z cech, w przeliczeniu na jedno pokolenie.

Wschodniofryzyjska owca mleczna

Postęp genetyczny (tab. 2) w cechach produkcyjnych (MY i LSB), po zastosowaniu selekcji na allel ARR – użytkowość własna tryków, nie zmienił się znacząco (przy utrzymaniu przyrostu inbrodu – ΔF i wag ekonomicznych na stałym poziomie). Jednakże po zwiększeniu nacisku selekcyjnego na allel ARR w indeksie selekcyjnym (EV=+10) obniżeniu uległ postęp genetyczny w wydajności mlecznej (MY), co spowo-

dowane jest wysoką odziedziczalnością allelu ARR i zwiększeniem odpowiedzi na selekcję w allelu ARR (tab. 3).

Zwiększenie nacisku na allel ARR w indeksie selekcyjnym (EV=+10) powoduje zwiększenie postępu genetycznego w cechach allelu ARR zarówno u tryków, jak i u maciorek (tab. 3).

Przyrost inbrodu (ΔF) zmniejszył się, gdy zastosowano silny nacisk na allel ARR (EV=+10), zarówno w przypadku, kiedy użyto tylko informacji dotyczącej tryków, jak i w przypadku, gdy dołączono informację o maciorkach. Jest to wynik stosowania metody BLUP-AM, która uwzględniła wiele możliwości kombinacji pokrewieństw pomiędzy selekcjonowanymi trykami i maciorkami (tab. 3).

Włączenie użytkowości własnej maciorek w ARR do indeksu selekcyjnego (EV=+10) wnosi istotny wzrost postępu genetycznego w cesze „allel ARR” u maciorek (tab. 3), co wynika z wysokiej odziedziczalności tej cechy selekcyjnej.

Nie obserwuje się zmian w postępie genetycznym dla wielkości miotu przy urodzeniu (LSB). Wynika to z niskiej odziedziczalności tej cechy i niskiej jej zmienności. Program ustawia tak obliczenia, by nie tracić postępu genetycznego w cesze nisko odziedziczalnej i utrzymać ją na tym samym poziomie.

Black blazed sheep

Poziom zimbredowania (tab. 4) jest niski i dopuszczalny (niższy niż 1% na rok). Włączenie selekcji na allel ARR jako celu hodowlanego w indeksie daje niższy postęp genetyczny w UMD u tryków. U tryków obserwuje się większą odpowiedź na selekcję w cesze UMD, ponieważ po stronie tryków jest silniejsze brakowanie (ok. 4% potomstwa). Jednakże odpowiedź na selekcję na ARR allel jest znacznie niższa w tym schemacie (tab. 5).

Wysoki nacisk na allel ARR (EV=+10), daje znacznie niższy postęp genetyczny w cesze UMD i wyższy postęp genetyczny w LSB ze względu na ujemne korelacje pomiędzy UMD i LSB. Odpowiedź na selekcję na allel ARR jest znacznie wyższa, kiedy waga ekonomiczna dla tej cechy jest równa +10 (tab. 5), co zależy głównie od wysokiej odziedziczalności tej cechy i dużej zmienności.

Przyrost inbrodu (ΔF) jest niższy, kiedy EV=+10 dla allelu ARR, a także wtedy, gdy do indeksu dołączono użytkowość własną maciorek w tej cesze.

Tabela 2

Wpływ włączenia selekcji na allel ARR jako cel hodowlany i porównanie postępu genetycznego w cechach produkcyjnych, gdy przyrost inbrodu (ΔF) i wagi ekonomiczne (EV) są ustalone na tym samym poziomie

Indeks*	Wschodniofryzyjska owca mleczna (1 pokolenie = 3 lata)					
	Postęp genetyczny (σ_p –jednostki)					
	wydajność mleczna (MY)		wielkość miotu przy urodzeniu (LSB)		allel ARR	
Wagi ekonomiczne są takie same i równe 2	tryki	maciorki	tryki	maciorki	tryki	maciorki
Bez selekcji na allel ARR	18,971	9,299	0,005	0,002	–	–
Z selekcją na allel ARR u tryków (użytkowość własna)	18,962	9,298	0,005	0,002	0,023	0,001

*Wzrost inbrodu w każdym przypadku jest podobny i wynosi 2,388–2n395% na 1 pokolenie, co oznacza $\Delta F=0,793$ – $0,794\%$ w ciągu 1 roku

Tabela 3

Wagi ekonomiczne (EV), postęp genetyczny (G), przyrost inbrodu (ΔF) i informacja o własnej użytkowości w indeksie tylko dla tryków oraz dla tryków i maciorek

Cechy	EV	Wschodniofryzyjska owca mleczna (1 pokolenie = 3 lata)						ΔF (%)
		Postęp genetyczny (σ_p –jednostki)						
		wydajność mleczna (MY)		wielkość miotu przy urodzeniu (LSB)		allel ARR		
		tryki	maciorki	tryki	maciorki	tryki	maciorki	
Indeksy selekcyjne zawierają informację własną o ARR u tryków								
Wydajność mleczna	2	18,962	9,298	0,005	0,002	0,023	0,021	2,388
Wielkość miotu przy urodzeniu	2							
Allel ARR	2							
Indeksy selekcyjne zawierają informację własną o ARR u tryków i maciorek								
Wydajność mleczna	2							
Wielkość miotu przy urodzeniu	2	18,964	9,296	0,005	0,002	0,019	0,006	2,389
Allel ARR	2							
Wydajność mleczna	2							
Wielkość miotu przy urodzeniu	2	18,794	9,226	0,005	0,002	0,094	0,030	2,270
Allel ARR	10							

Tabela 4

Wpływ włączenia selekcji na allel ARR jako cel hodowlany i porównanie postępu genetycznego w cechach produkcyjnych (G), gdy przyrost inbrodu (ΔF) i wagi ekonomiczne (EV) są ustalone na tym samym poziomie

Indeks*	Black blazed sheep (1 pokolenie = 3 lata)					
	Postęp genetyczny (σ_P -jednostki)					
	głębokość m.l.d. (UMD)		wielkość miotu przy urodzeniu (LSB)		allel ARR	
	tryki	maciorki	tryki	maciorki	tryki	maciorki
Wagi ekonomiczne są takie same i równe 2						
Bez selekcji na allel ARR	1,009	0,449	-0,023	-0,007	-	-
Z selekcją na allel ARR u tryków						
(użytkowość własna)	0,890	0,440	-0,020	-0,007	0,300	0,020

*Wzrost inbrodu w każdym przypadku jest podobny i wynosi 0,143 na 1 pokolenie, co oznacza $\Delta F=0,047\%$ w ciągu 1 roku

Włączenie maciorek do indeksu i selekcji, daje większą odpowiedź dla frekwencji allelu ARR. W tej rasie może być użyteczne włączenie maciorek do selekcji, ponieważ możemy oczekiwać szybszego wzrostu frekwencji allelu ARR w populacji tej rasy. Tak wysoki nacisk selekcyjny na cechę „allel ARR” powoduje wolniejszy wzrost postępu genetycznego w UMD, ale jest to nadal pozytywna reakcja na selekcję (tab. 5).

Nie ma widocznych zmian w postępie genetycznym dla LSB, ponieważ odziedziczalność i odchylenie standardowe

Tabela 5

Wagi ekonomiczne (EV), postęp genetyczny (G), przyrost inbrodu (ΔF) i informacja o własnej użytkowości w indeksie tylko dla tryków oraz dla tryków i maciorek

Cechy	EV	Black blazed sheep (1 pokolenie = 3 lata)						ΔF
		Postęp genetyczny (σ_P -jednostki)						
		głębokość m.l.d. (UMD)		wielkość miotu przy urodzeniu (LSB)		allel ARR		
		tryki	maciorki	tryki	maciorki	tryki	maciorki	
Indeksy selekcyjne zawierają informację własną o ARR u tryków								
Głębokość m.l.d.	2							
Wielkość miotu przy urodzeniu	2	0,890	0,440	-0,020	-0,007	0,300	0,020	0,141
Allel ARR	2							
Głębokość m.l.d.	2							
Wielkość miotu przy urodzeniu	2	0,333	0,308	-0,007	-0,005	0,562	0,069	0,097
Allel ARR	10							
Indeksy selekcyjne zawierają informację własną o ARR u tryków i maciorek								
Głębokość m.l.d.	2							
Wielkość miotu przy urodzeniu	2	0,909	0,397	-0,020	-0,006	0,256	0,110	0,138
Allel ARR	2							
Głębokość m.l.d.	2							
Wielkość miotu przy urodzeniu	2	0,361	0,159	-0,008	-0,002	0,508	0,220	0,079
Allel ARR	10							

dla tej cechy są niskie (tab. 5). W programie SelAction cecha ta utrzymywana jest na tym samym poziomie.

Blue texel

Dołączenie użytkowości własnej maciorek do selekcji na allel ARR, zwłaszcza jeżeli waga ekonomiczna jest wysoka ($EV=+10$), daje niższy przyrost inbrodu (tab. 7). Wynika to z wysokiej frekwencji allelu ARR w populacji, a także z dużej liczebności dostępnych do selekcji maciorek.

Po włączeniu selekcji na allel ARR w indeksie wystąpiła drobna ujemna zmiana w postępie genetycznym dla LBW, a dla LSB postęp genetyczny jest utrzymany na tym samym poziomie. Przy podniesieniu wagi ekonomicznej dla allelu ARR do +10 nastąpił wzrost postępu genetycznego w LSB i spadek w LBW, co jest spowodowane

ujemną korelacją genetyczną pomiędzy tymi cechami (tab. 7). Odpowiedź na selekcję na allel ARR daje wyższy postęp genetyczny, który zależy od wysokiej frekwencji allelu ARR w rasie blue texel (tab. 7).

Kiedy waga ekonomiczna dla allelu ARR jest wysoka ($EV=+10$), postęp genetyczny w tej cesze jest wyższy, co jest także wynikiem wysokiej odziedziczalności tej cechy i dużej frekwencji allelu ARR w populacji tej rasy (tab. 7). Także przyrost inbrodu jest niższy, gdy użytkowość własna maciorek została włączona do indeksu. Wynika to z dużego rozmiaru tej populacji i łatwej dostępności do zwierząt o pożądanym genotypie.

W praktyce hodowlanej następuje niezależna selekcja na allel ARR w stadach owiec holenderskich, dlatego spodziewano się wyższego przyrostu inbrodu na pokolenie, zwłaszcza w małych populacjach, w których liczba „kandydatów do selekcji” jest ograniczona. Jednakże zastosowanie selekcji na allel ARR w indeksie pozwala na obniżenie przyrostu inbrodu do poziomu niższego niż 1% na rok, co jest spowodowane działaniem modelu BLUP-AM w indeksie selekcyjnym dla każdej cechy.

Aby utrzymać niski przyrost inbrodu, należałoby zastosować wszystkie możliwe źródła informacji o osobniku, a nie tylko jego użytkowość własną.

Najwyższe zimbredowanie wystąpiło w rasie wschodniofryzjska owca mleczna, ponieważ występuje tutaj duży rozmiar rodziny i mało tryków do kojarzeń oraz najniższa frekwencja allelu ARR. Aby zredukować przyrost inbrodu w tej rasie, należałoby zmniejszyć wielkość rodziny poprzez wpro-

Tabela 6

Wpływ włączenia selekcji na allel ARR jako cel hodowlany i porównanie postępu genetycznego w cechach produkcyjnych (G), gdy przyrost inbrodu (ΔF) i wagi ekonomiczne (EV) są ustalone na tym samym poziomie

Indeks*	Blue texel (1 pokolenie = 3 lata)					
	Postęp genetyczny (σ_P -jednostki)					
	masa ciała (LBW)		wielkość miotu przy urodzeniu (LSB)		allel ARR	
Wagi ekonomiczne są takie same i równe 2	tryki	maciorki	tryki	maciorki	tryki	maciorki
Bez selekcji na allel ARR	1,691	0,629	-0,023	-0,012	-	-
Z selekcją na allel ARR u tryków (użytkowość własna)	1,595	0,623	-0,022	-0,012	0,244	0,012

*Przyrost inbrodu jest podobny w każdym przypadku i wynosi 0,155-0,159% na 1 pokolenie, co oznacza $\Delta F=0,052-0,053\%$ w ciągu 1 roku

Tabela 7

Wagi ekonomiczne (EV), postęp genetyczny (G), przyrost inbrodu (ΔF) i informacja o własnej użytkowości w indeksie tylko dla tryków oraz dla tryków i maciorek

Cechy	EV	Blue texel (1 pokolenie = 3 lata)						ΔF (%)
		Postęp genetyczny (σ_P -jednostki)						
		masa ciała (LBW)		wielkość miotu przy urodzeniu (LSB)		allel ARR		
		tryki	maciorki	tryki	maciorki	tryki	maciorki	
Indeksy selekcyjne zawierają informację własną o ARR u tryków								
Masa ciała	2							
Wielkość miotu przy urodzeniu	2	1,595	0,623	-0,022	-0,012	0,244	0,012	0,159
Allel ARR	2							
Masa ciała	2							
Wielkość miotu przy urodzeniu	2	0,777	0,516	-0,011	-0,010	0,595	0,049	0,102
Allel ARR	10							
Indeksy selekcyjne zawierają informację własną o ARR u tryków i maciorek								
Masa ciała	2							
Wielkość miotu przy urodzeniu	2	1,613	0,592	-0,022	-0,011	0,207	0,075	0,158
Allel ARR	2							
Masa ciała	2							
Wielkość miotu przy urodzeniu	2	0,832	0,307	-0,011	-0,060	0,534	0,193	0,090
Allel ARR	10							

wadzenie większej liczby tryków do kojarzeń lub/i używanie mrożonego nasienia do inseminacji, testowanego na obecność mutacji w genie białka prionowego.

Ze względu na koszty testowania zwierząt na obecność mutacji w genie białka prionowego, ewentualne wprowadzenie testowania samic na obecność allelu ARR ma sens w tych rasach, w których frekwencja allelu ARR jest wysoka i istnieje duża liczba zwierząt do selekcji (tryków i maciorek), co umożliwia przyspieszenie programu eradykującego.

W małych populacjach, w których występuje niska zmienność frekwencji allelu ARR, zaleca się monitorowanie przyrostu inbrodu, aby uniknąć wyginięcia i zachować różnorodność genetyczną populacji. W takim przypadku testowanie samic na obecność allelu ARR wydaje się być zbędnym na-

kładem i należałoby podnieść frekwencje tego allelu przez testowanie w pierwszym rzędzie tylko tryków i wprowadzanie ich do rozrodu. Po podwyższeniu frekwencji allelu ARR można byłoby rozpocząć testowanie maciorek, aby przyspieszyć proces genetycznego ujednolicenia populacji.

Tego typu symulacje można zastosować także do innych jednostek chorobowych warunkowanych genetycznie, jak np. achondroplazja u bydła, wnetrostwo u owiec [8], a także w wypadkach, gdy oporność na chorobę zależałaby od posiadania określonego genotypu bądź mutacji, np. choroba Mareka u kur czy leukoza u bydła [8]. Możliwe byłoby prowadzenie podobnych symulacji w stosunku do większości zwierząt gospodarskich w celu wyeliminowania z populacji genów warunkujących choroby genetyczne i uzyskania bardziej opornego na tego typu choroby pogłowia, unikając jednocześnie gwałtownego przyrostu inbrodu. Rozważane symulacje warto byłoby zweryfikować w praktyce hodowlanej.

Z dniem przystąpienia Polski do UE nasz kraj jest zobowiązany do przestrzegania wspólnych rozporządzeń, w tym Rozporządzenia Parlamentu Europejskiego i Rady (WE) nr 999/2001 z 22 maja 2001 r. [14], dotyczącego zapobiegania, kontroli i eliminacji pewnych postaci zakaźnego gąbczastego zwyrodnienia mózgu (z późniejszymi zmianami). W związku z tym rozporządzeniem powstaje konieczność zbadania populacji owiec w Polsce pod względem występowania odpowiednich genotypów w obrębie genu prionowego oraz zaplanowanie odpowiednich programów hodowlanych, zmierzających do uzyskania polskich owiec niewrażliwych genetycznie na *scrapie*. W tej

dziedzinie postrzega się jeszcze wiele potrzeb dotyczących metodyki badań, które będą musiały zostać rozważone w niedalekiej przyszłości.

Literatura: 1. Belt P.B., Muileman I.H., Schreuder B.E., Bos de Ruijter J., Gielkens A.L., Smits M.A., de Ruijter J.B., 1995 – Journal of General Virology 76 (3), 509-517. 2. Bijma P., Rutten M., 2002 – SelAction workshop. Wageningen University. 3. Bossers A., Harders F.L., Smits M.A., 1999 – Archives of Virology 144, 829-834. 4. Falconer D.S., 1974 – Dziedziczenie cech ilościowych. PWN, Warszawa. 5. Fogarty N.M., 1995 – Animal Breeding Abstracts 63 (3), 101-143. 6. Food and Agricultural Organization of the United Nation – FAO, 2002 – World Watch List for domestic animal diversity. 7. Ligda C., Gabriilidis G., Papadopoulos T., Georgoudis A., 2000 – Livestock Production Science 66, 217-221. 8. Maciejowski J., Zięba J., 1982 – Genetyka zwierząt i metody hodowlane. PWN, Warszawa. 9. Mariët J.H.M., Visscher A.H., 1993 – Live weight in Dutch Texel sheep; genetic parameters and between-flock differences. 44th Annual Mee-

ting of the EAAP, conference paper. 10. Mercer J.T., Brotherstone S., Bradfield M.J., Guy D.R., 1994 – Estimation of genetic parameters for use in sheep sire reference schemes. Proceeding of the 5th World Congress on Genetic Applied to Livestock Production, vol. 18, 39-42. 11. Nodelijk G., van Roermund H.J.W., van Boven M., Janss L., Eding H., Moll L., 2001 – Haalbaarheidsanalyse voor een versneld scrapiebestrijdings-programma in Nederlandse schapenrassen, ID-Lelystad raport. 12. Owen J.B., 1976 – Sheep production. s. 359. 13. Prusiner S.B., 1995 – Świat Nauki 3, 47-54. 14. Rozporządzenie Parlamentu Europejskiego i rady (WE) nr 999/2001 z 22 maja 2001 r. ustanawiające przepisy dotyczące zapobiegania, kontroli i eliminacji pewnych postaci zakaźnego gąbczastego zwyrodnienia mózgu. 15. Strzelec E., Niżnikowski R., 2004 – Przegląd Hodowlany 5, 15-18. 16. Turner H., Young S., 1969 – Quantitative Genetic in Sheep Breeding. 17. Visscher A.H., 2000 – Influence of the Texel breed on the sheep production in the Netherlands. 51st Annual Meeting of the EAAP. 18. de Vreis M.J., van der Waaij E.H., van Arendonk J.A.M., 1998 – Animal Science 66, 658-688. 19. www.schappennet.nl

Charakterystyka łosia europejskiego (*Alces alces alces*) i jego przydatność do chowu fermowego (cz. I)

Dominik Popielarczyk, Roman Niżnikowski

SGGW

Populacja łosia i jej rozwój

Ojczyzną łosia jest, jak podają źródła, cała holarktyka (obejmująca Europę, Azję i Amerykę Północną). Wiek XX, w którym następował szybki wzrost populacji euroazjatyckiej łosia oraz powiększanie zasiedlanych przez nie obszarów, przysporzył wielu entuzjastów idei reintrodukowania tych zwierząt na ich macierzyste tereny. Widać to wyraźnie w ostatnich latach, kiedy to coraz więcej państw zachodniej Europy zaczęła myśleć o wtórnym zasiedleniu tych zwierząt na obszarach swoich krajów. Polska jako członek UE staje przed wielką szansą ekologicznego przywództwa w przyszłym układzie Europy, będąc nie tylko dysponentem wielu rzadkich i niemal nigdzie nie spotykanych zwierząt, lecz także krajem, z którego niektóre zwierzęta powrócą po wiekach tam, gdzie natura wyznaczyła ich naturalne ostoje.

Łoś należy właśnie do grupy takich zwierząt, a dzięki jego wędrówkom po terenach nie odwiedzanych przez ostatnie 200-300 lat (co miało miejsce np. na Śląsku, w północnych Czechach czy w zachodnich Niemczech) możemy mieć nadzieje na jego dalszą ekspansję terytorialną.

Wiadomości na temat łosia w jego pierwotnych siedliskach zgromadził prof. Gustawicz [10] w pracy z roku 1901 pt. „Geograficzny zasięg łosia ongi i dzisiaj”, w której pisał: „Dawnymi wieki łoś zamieszkiwał niemal całą Europę krom południowych jej półwyspów. Dziś atoli zachodnie jej kraje nie znają go wcale. (...) Najdalej na południe posunięty kraj, w którym łoś ongi przebywał, jest Lombardia”, co wspomina Polbiusz (200-118 r. p.n.e.). Natomiast już w roku 50 p.n.e. łoś nie był znany Rzymianom. Następnie przedstawione są dane dotyczące zachodnio-północnych terenów zajmowanych przez to zwierzę, czyli Szwajcarię, gdzie „(...) żył łoś jeszcze podczas

wojen punickich (264-146 przed Chr.)” i Francję (znaleziono rogi i kości w warstwach dyluwialnych różnych części kraju). Na temat wyginięcia łosia we Francji pisał Pauzaniusz (115-180 r. n.e.), z czego prof. Gustawicz wysnuł wniosek, że na tym terenie zwierzę to wyginęło w połowie II wieku. Jeśli jednak weźmiemy pod uwagę, że w Belgii, Holandii i Flandrii łosie bytowały jeszcze w wieku X, można przyjąć tezę, że i na terenach dzisiejszej Francji ich populacja nie mogła wyginąć w wieku II (lata życia Polbiusza, Pauzaniusza oraz czas trwania wojen punickich wg Wielkiej Encyklopedii PWN, 1968).

Innymi terenami opisywanymi przez profesora w aspekcie występowania łosia są Irlandia, wyspa Man, Wielka Brytania i Dania, gdzie znaleziono jego szczątki. Powołując się na Nilssona, profesor stawia tezę, że łoś przybył na tereny Szwecji (do Skanii) z Niemiec po głazach granitowych z gór szwedzkich, przeniesionych przez lodowiec. Jednakże już w wieku XII nie występuje na terenach niemieckich (z wyjątkiem Prus i Śląska), chociaż niektórzy elektorzy próbowali ponownie go zasiedlić, sprowadzając zwierzęta z Prus (do Bawarii, Maklenburgii, na Pomorze). W 1680 roku elektor brandenburski Fryderyk Wilhelm sprowadził łosie do zwierzyńca berlińskiego, skąd wypuścił je w lasach Brandenburska „celem jego rozmnożenia”. Podobnie postąpił król Polski, a zarazem elektor Saksonii August II Sas, który starał się wprowadzić łosie na terenach m.in. Saksonii.

W XVI wieku łoś został przetrzebiony również na Śląsku. Na terenie Prus Zachodnich przestał występować dopiero na przełomie XVIII i XIX wieku. W Galicji, mimo że w wieku XIII był tam jeszcze zwierzęciem pospolitym, w wieku XVIII pozostało już jedynie kilka sztuk tych zwierząt w Puszczy Niepołomickiej, co dokumentuje prof. Gustawicz słowami: „Róg znaleziony w Olszaniku, wsi w powiecie samborskim, świadczy, że i w tej okolicy kiedyś żyły te zwierzęta, a włości Łosiacz (pow. Borszczowski), Łosie (pow. gorlicki i sądecki), Łosiniec (pow. sokalski i turecki), niezawodnie po nich nazwę wzięły.” Na Węgrzech i w Słowenii zwierzęta te występowały jeszcze w wieku XVII, ale wiek XVIII przyniósł i tu doszczętną ich zagładę.

W wieku XIX i na początku XX najdalej wysuniętym na zachód (nie licząc Półwyspu Skandynawskiego) państwem, w którym łosie występowały w naturalnych siedliskach były Prusy Wschodnie. Występowanie tych zwierząt w Skandynawii sięga 66^o płn. szer. geogr. Tam łosie nie były nadmiernie trzebione, jednakże w 1836 roku na południu zarówno Szwecji, jak i Norwegii „(...) przedsięwzięto morderczą przeciw łosiowi wojnę”, czego skutkiem było pozostanie jedynie kilku nastu z nich na tym terenie.