

# Genetyka molekularna w hodowli zwierząt

Marek Łukaszewicz

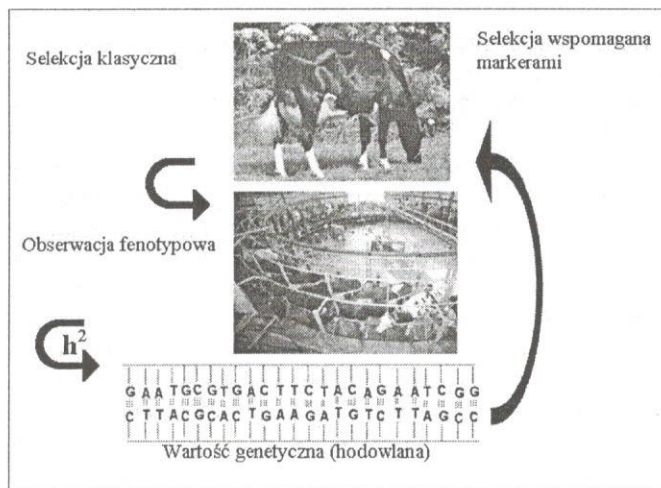
Instytut Genetyki i Hodowli Zwierząt PAN w Jastrzębcu

Mniej więcej od piętnastu lat w badaniach dotyczących hodowli zwierząt główny nacisk położony jest na bezpośrednie poznanie genomu zwierząt, ze szczególnym uwzględnieniem identyfikacji *loci* cech ilościowych i selekcji wspomaganą markerami. Nowe podejście selekcyjne stwarza nowe możliwości. Genotypy mogłyby być określane bez potrzeby pomiaru fenotypu, poprzez genotypowanie zwierząt ze względu na ważne markery, a wartości hodowlane byłyby prostą sumą wpływów związanych z tymi markerami. Innej korzyści dopatrywano się w procesie doskonalenia cech nisko odziedziczalnych, sprzężonych z płcią lub rejestrowanych późno w życiu. W nadziei, że intensywne wykorzystanie informacji molekularnej w hodowli zwierząt przyniesie znaczący postęp ekonomiczny, wysiłek finansowy przeniesiony został z badań rozwiązujących problemy genetyki populacji na badania w dziedzinie genetyki molekularnej. W roku 1991 Michel Georges, jeden z czołowych badaczy na polu genetyki molekularnej w hodowli zwierząt, przewidywał, że za kilka lat metoda BLUP nie będzie już potrzebna.

## Różnice między selekcją klasyczną a wspomaganą markerami

Selekcja klasyczna, odpowiedzialna za dotychczasowy postęp osiągnięty u wszystkich gatunków zwierząt gospodarskich, wymaga często kosztownej kontroli użyteczności, a uzyskane w tym procesie dane przetwarzane są na informację o jakości genetycznej ocenianych zwierząt (rys. 1). Informacja taka dotyczy głównie jakości zwierząt, wynikającej z poligenicznego uwarunkowania ocenianych cech, ale potrafi także zidentyfikować *loci*, odpowiedzialne w sposób wyróżniający za daną użyteczność, bez potrzeby genotypowania. Klasycznymi przykładami tej sytuacji są grupy krwi, genotypy różnych białek, hipertrofia mięśni u bydła, gen booroola u merynosów, wrażliwość na halotan u trzody chlewnej. Część z nich można określić jako geny główne, odpowiedzialne bezpośrednio za daną użyteczność, a część jako markery – geny (*loci*) sprzężone z kodującymi regionami chromosomu. W odróżnieniu jednak od genetyki molekularnej, genetyka populacji nie określa sekwencji zasad odcinka DNA, ani nie lokalizuje *loci* na chromosomie. Z punktu widzenia hodowcy informacja taka jest zbędna. Jakość genetyczna selekcionowanych zwierząt przewidywana była, z różną dokładnością, przez odpowiednie przetworzenie informacji fenotypowej, uzyskanej w populacji o rozpoznanej strukturze rodzinowej. „Przetwarzanie” informacji odbywało się za pomocą funkcji o różnym stopniu złożoności – np. BLUP.

Selekcja oparta na bezpośredniej identyfikacji genów/regionów chromosomów, odpowiedzialnych za daną użyteczność, zmierza do wybrania zwierząt posiadających najlepszy zestaw alleli pod względem ocenianej użyteczności, określane metodami molekularnymi. Docelowo, w miarę identyfikacji



Rys. 1. Przepływ informacji w procesie oceny jakości genetycznej zwierząt

coraz większej liczby *loci* odpowiedzialnych za daną użyteczność, pomiar fenotypu staje się teoretycznie zbędny. Dysponując genotypami ocenianych zwierząt na wielu *loci* można przewidzieć jakość zwierzęcia, przypisując każdemu allelowi jego udział w kształtowaniu danej użyteczności i sumując te udziały w obrębie zwierzęcia. Przy takim podejściu struktura rodzinowa populacji nie musi być znana. W przypadku selekcji wspomaganą markerami, wyboru zwierząt o najlepszym zestawie sekwencji kodujących ocenianą użyteczność dokonujemy na podstawie znajomości genotypów na *loci* markerowych sprzężonych z genami (regionami na chromosomie, *loci* cech ilościowych – QTL, *loci* cech ekonomicznych – ETL), odpowiedzialnymi za ocenianą cechę. Z założenia *locus* markerowe nie odpowiada za jakość cechy, a allel-marker jedynie wskazuje na jakość sprzężonych z nim QTL. Wielkość wpływu tych QTL musi być znana, aby zwierzę mogło być ocenione. W przypadku szczególnym marker o zerowej rekombinacji z QTL jest genem głównym, kodującym cechę. Znajomość struktury rodzinowej (rodowodów) jest niezbędna dla określenia stopnia sprzężenia marker-QTL.

Istnieje również ważna różnica wynikająca z organizacji oceny wartości genetycznej zwierząt. W przypadku selekcji klasycznej dane fenotypowe dotyczące wielu gatunków są własnością publiczną, a wyniki oceny wartości hodowlanej są ogólnie dostępne. Metody genetyki molekularnej są stosowane w większości przypadków przez wyspecjalizowane firmy hodowlane, których wyniki pracy są poufne lub stanowią przedmiot patentów, stając się własnością prywatną. Nawiasem mówiąc, sytuacja ta utrudnia śledzenie faktycznych zastosowań postępów genetyki molekularnej w komercyjnej hodowli.

## Realizacja oczekiwań

Optymizm co do możliwości, jakie dawała selekcja wspomaganą markerami, podsyłany przez różne analizy obiecujące przyrost postępu genetycznego od 5 do 64%, doprowadził do podejmowania badań mających na celu komercjalizację ich wyników. Badania te związane są głównie z nazwiskami M. Georges'a, J. Taylor'a i M. Bishop'a. Znalaziono markery niemal dla każdej cechy, jednak odkrycia nie zawsze były potwierdzane przez inne zespoły badawcze lub uzyskiwano zdecydowanie różne efekty podstawienia genów.

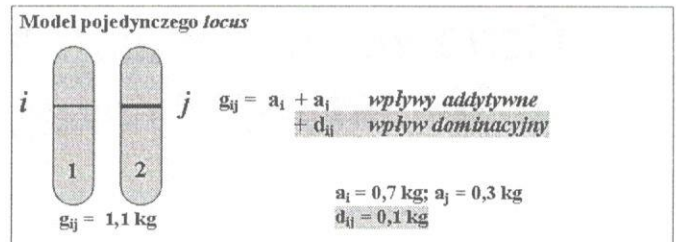


W zespole prof. Grzybowskiiego w IGIHZ PAN w Jastrzębcu przeprowadzono badania zmierzające do określenia wpływu nosicielstwa allelu BL na użytkowość mleczną krów-nosicieli. Okazało się, że córki jednego z czołowych buhajów (Feodal), które otrzymały od niego allel BL, wykazywały się istotnie wyższą produktywnością niż ich półsiostry-homozygoty TL. W doniesieniach innych autorów, na podstawie innych grup rodzinowych, zależność taka nie zawsze była udokumentowana (badania węgierskie). Rok 2002 można uznać w pewnym sensie za przełomowy. Na Światowym Kongresie Genetyki Stosowanej w Produkcji Zwierzęcej pojawiły się głosy sceptyczne. Omawiano tam, między innymi, problemy nierozpoznania sprzyjającej fazy sprzężeniowej, a co za tym idzie, zmianę oczekiwanego kierunku selekcji (Hospital i wsp., 2002), selekcji na cechę o nieistotnym wpływie na efekt ekonomiczny, choć rzeczywiście sprzężoną z markerem (Spelman, 2002). Dyskutowano też na temat nagromadzonych danych, z których, jak pośrednio przyznali sami autorzy, niewiele wynikało (Boichard i wsp., 2002). Podobne problemy opisywane były u różnych gatunków. Quaas (2002) opisał przypadek genu zwiększającego marmurkowatość mięsa u bydła mięsnego, który, choć zwiększał istotnie punktację tuszy, to samą marmurkowatość poprawiał tylko marginalnie. U trzody chlewnej Noguera i wsp. (2003) rozpatrywali przypadek genu ESR, uprzednio zidentyfikowanego jako zwiększający wielkość miotu o jedno prosię. W ich badaniach stwierdzono, że marker ten wykazywał jedynie minimalny wpływ na wielkość miotu u ras europejskich. Hocking (2005), w obszernym przeglądzie dotyczącym mapowania QTL u kur, wskazał, że choć istnieje mnóstwo doniesień o różnych regionach QTL losowo rozrzuconych po genomie, to wyniki są często zróżnicowane, a jeśli już istnieje konsensus co do lokalizacji, to QTL dotyczy na ogół nie pojedynczego *locus*, lecz kilku. Po analizie komercyjnych zastosowań selekcji wspomaganą markerami Dekkers (2004) doszedł do wniosku, że nie udało się znaleźć markerów dla cech nisko odziedziczalnych, a korzyści wynikające z wykorzystania markerów w selekcji są trudne do oceny.

### Przyczyny rozbieżności

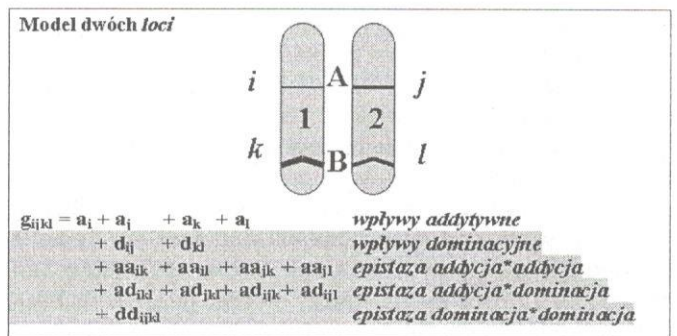
Rozpatrzmy uproszczoną sytuację, w której interesująca nas cecha uwarunkowana jest stosunkowo niewielką liczbą *loci* – powiedzmy stoma. Mamy wówczas do czynienia z minimum stoma różnymi allelami (homozygota na każdym *locus*; *loci*, na których w populacji występuje tylko jeden allel nas nie interesują), a maksymalnie z dwustoma (heterozygota na każdym *locus*). W całej populacji wariantów alleli związanych z każdym z *loci* może być więcej niż dwa. Przyjmując addytywny model dziedziczenia, wartość hodowlana danego zwierzęcia jest sumą wpływów addytywnych wszystkich jego alleli. Aby ocenić zwierzęta z tej populacji musimy znać wielkość wpływu każdego z możliwych alleli. Rozbudowując problem, możemy przyjąć model dominacyjny (jeśli dominacja na *locus* kształtuje użytkowość w sposób istotny). Wówczas do powyższych liczebności alleli i ich wpływów należy dodać minimum sto różnych wpływów wynikających z dominacji. Maksymalna liczba wpływów wynikających z dominacji, które należy ocenić, zależy od faktycznej liczby alleli na analizowanych *loci* w populacji. Wartość genetyczna zwierzęcia jest wówczas przybliżona sumą nie tylko addytywnych wpływów alleli, ale także wpływów dominacyjnych.

Na rysunku 2 i 3 przedstawiono sytuacje, w których cecha uwarunkowana jest jednym lub dwoma *loci*. W naszym uprosz-



Rys. 2. Wpływy genetyczne związane z pojedynczym *locus*

czonym przykładzie (100 *loci*), zakładającym model addytywny i ewentualnie dominacyjny, mielibyśmy do czynienia z powieleniem sytuacji zilustrowanej na rysunku 2. Jednak, jak wynika z rysunku 3, w rzeczywistości mamy jeszcze do czynienia z interakcjami między wpływami allelicznymi i dominacyjnymi – w przypadku dwóch *loci*, w porównaniu do



Rys. 3. Wpływy genetyczne związane z dwoma *loci*

modelu pojedynczego *locus*, doszło jedenaście nowych, epistatycznych komponentów wpływających na użytkowość zwierzęcia (przy jedynie dwóch allelach na *locus*!). W najbardziej realistycznym modelu wielu *loci* i wielu alleli na *locus* wartość genetyczną zwierzęcia możemy przedstawić jako:

$$g = a + d + aa + ad + dd + aaa + aad + \dots$$

Wnioskiem jest, że już założony przez nas model stu *loci* tworzy sytuację nie do prześledzenia. A czy sto *loci* to dużo? Wielość wpływów genetycznych, których nie jesteśmy w stanie ogarnąć, przyczyniać się właśnie może do powstawania rozbieżności między oczekiwaniami a rzeczywistością. Pomp i wsp. (2004), zajmujący się problemami genetyki molekularnej u myszy, zwrócili uwagę na kompleksowość i nielinowość ekspresji genów w obecności epistazy. Również badania u bydła mlecznego dokumentują obecność interakcji epistatycznych. Powstaje sytuacja, w której allelowi można przypisać wiele wartości wpływu w zależności od jego sąsiadów w genomie.

Na dodatek to samo można powiedzieć o efekcie podstawienia allelu w zależności od środowiska. Na wzajemne interakcje między allelami nakłada się jeszcze tkankowa specyficzność ekspresji genu, w połączeniu z imprintingiem, który sam wykazywać może specyficzność tkankową oraz zróżnicowany stopień penetracji. Jednym z możliwych wyjść jest rozpatrywanie wpływu całych haplotypów. Zrezygnować wówczas można z określania wpływów pojedynczych *loci* na rzecz łącznej oceny wpływu konkretnego haplotypu, który obejmuje również epistazę w jego obrębie. Odpowiadałoby to,



w dużym przybliżeniu, sytuacji klasycznej, w której oceniana wartość hodowlana odzwierciedla wartość zwierzęcia jako rodzica, czyli przeciętną wartość jego gamet (i uwzględnia całość zjawisk genetycznych zachodzących w obrębie gamety).

Można w tym momencie odnieść się do problemu „oderwania” pomiaru fenotypu od procesu oceny wartości genetycznej zwierząt. Identyfikowanie coraz to nowych alleli, determinujących jakąś użyteczność, wymaga określenia przynajmniej addytywnego wpływu (efektu podstawienia) tych alleli, a do tego niezbędny jest pomiar fenotypu. Ile alleli już znamy? Ile alleli czeka na poznanie? Łatwo zauważyć, że nawet stosując metody genetyki molekularnej fenotyp będzie musiał być mierzony jeszcze dłużej, jeśli nie zawsze (abstrahując od wymogów księgowości), zważywszy możliwe interakcje epistatyczne i interakcje genotyp-środowisko. Podobnie jak w przypadku epistazy, allel może mieć tyle wpływów podstawienia, ile jest potencjalnych środowisk, w jakich może się znajdować.

W selekcji wspomaganą markerami kluczową rolę odgrywa sprzężenie między markerem a, hasłowo ujmując, QTL. Im bliżej są one obok siebie, tym silniejsze sprzężenie, tym rzadziej dochodzi do rekombinacji między nimi w czasie mejozy. Niestety poza idealnym przypadkiem, kiedy marker sam jest genem głównym (zerowa rekombinacja), sprzężenie takie jest zjawiskiem przejściowym. Prędzej czy później dochodzi do rekombinacji, powodując, że inny allel z *locus* markerowego sprzęga się z korzystnym QTL (zmiana fazy sprzężeniowej). Zjawisko to tłumaczyć może, przytaczane już, niepowodzenie opisane przez Hospital'a i wsp. (2002) w hodowli roślin.

Rekombinacja odpowiada także za specyficzność rodzinową markerów genetycznych. W zależności od rodziny różne allele z *locus* markerowego mogą się sprzęgać z danym QTL, powodując, że znalezione markery nie mają uniwersalnego charakteru. Ilustruje to wspomniany już przykład rodziny buhaja Feodal, w której allel BL może być markerem wysokiej produktywności, choć w innych rodzinach ta zależność się nie sprawdza. Dodatkowo sam QTL to na ogół region chromosomu składający się z co najmniej kilku *loci*, na obszarze którego może dochodzić do rekombinacji i zmiany założeń genetycznych w porównaniu do oczekiwanych. Powstaje w ten sposób wymóg ciągłego monitorowania populacji selekcyjowanej z wykorzystaniem markerów, aby uniknąć niespodzianek opisywanych przez wielu autorów. Zagadnieniami związanymi z tym problemem zajmował się Dekkers (2004). Wyróżnił trzy rodzaje markerów: geny, markery w nierównowadze sprzężeniowej z QTL (1 do 5 cM) i markery w równowadze sprzężeniowej z QTL (populacje hybrydowe, duże grupy półrodzeństwa w obrębie rasy, 15 do 50 cM). Rodzaje markerów wymienione są w kolejności ich przydatności w selekcji (od najlepszego do najgorszego) i jednocześnie w kolejności trudności ich detekcji (od najtrudniejszej do najłatwiejszej). W przypadku cech determinowanych przez jedno *locus*, które w ten sposób staje się genem głównym (wyjaśnia 100% zmienności cechy), problem jest łatwiejszy – wiele takich informacji pojawia się już w katalogach informujących o jakości genetycznej zwierząt. U bydła mlecznego podawany bywa np. genotyp  $\kappa$ -kazeiny lub fakt nosicielstwa alleli (semi)letalnych (np. BLAD). Dopiero zidentyfikowanie genu głównego dla cechy determinowanej poligenicznie stanowi wyzwanie. Przyjmijmy ponownie, że mamy do czynienia z cechą determinowaną stoma loci. Każde z nich, w przybliżeniu,

może odpowiadać za 1/100 (1%) wariacji genetycznej cechy (przeciętnie). Są natomiast loci odpowiedzialne za większą część wariacji – 2, 3, 4, ... procent. Gdzie leży granica, od której możemy uznać gen za główny? Jak szukać takiego genu? Gen tłumaczący 50% zmienności cechy byłby łatwy do zidentyfikowania, ponieważ mielibyśmy do czynienia z różnicami widocznymi fenotypowo.

Brak sukcesu w znalezieniu markerów cech niskoodziedziczalnych wiązany jest z brakiem wystarczająco dużych zbiorów danych, aby móc prześledzić sprzężenia marker-QTL. Wymagana jest w przypadku takich cech duża liczba zwierząt zgenotypowanych pod względem markerów i/lub genów kandydujących, co na dodatek może czynić problem bardzo kosztownym.

Kolejną, najważniejszą z punktu widzenia hodowcy, przyczyną rozmiękania się oczekiwań z uzyskiwanymi wynikami selekcji jest niedoskonałość identyfikacji cech rzeczywistości odzwierciedlających daną użyteczność. Przytoczone wcześniej prace Quaas'a (2002) i Spelman'a (2002) ilustrują tę sytuację. Odpowiednio, albo korelacja marker-cecha dotyczy cechy wtórnej (punktacja tuszy), a nie ma wpływu na cechę pierwotną (marmurkowatość), albo cecha (stosunek białka do tłuszczu w mleku), skorelowana z markerem DGAT1, nie ma w rzeczywistości przełożenia na system ustalania ceny mleka. Zastanówmy się przykładowo nad niezmiernie ważną, niskoodziedziczną cechą „płodność”. Określić ją można jako „zdolność do zapłodnienia (i utrzymania ciąży)”. Jak mierzyć tę zdolność? Nie znamy cechy, która odzwierciedlałaby ją bezpośrednio. Posługujemy się szeregiem cech związanych z płodnością, z nadzieją (bez pewności), że ich doskonalenie zwiększy pośrednio cechę podstawową. Różne mierniki płodności: wiek osiągnięcia dojrzałości płciowej, okres między ciążami, okres między porodami, czy też liczba nasienień potrzebnych do uzyskania ciąży mają „dziwne” jednostki z punktu widzenia „płodności” (np. dni). Na dodatek korelacje między nimi mogą być antagonistyczne – skracanie okresu między ciążami może nie sprzyjać „zdolności do zapłodnienia”. Powstaje problem, dla których cech płodności szukać markerów i czy znaleziony marker dla jednej z nich jest reprezentatywny dla całego kompleksu cech płodności. **Jeśli cecha nie jest zdefiniowana nie można markerowi przypisać efektu podstawienia konkretnego allelu.**

Na zakończenie rozpatrywania przyczyn rozchodzenia się oczekiwań związanych z wykorzystaniem genetyki molekularnej w hodowli zwierząt należy wspomnieć o plejotropii. Jeśli cechy warunkowane jednym genem nie wpływają przeciwnie na wynik ekonomiczny – nie ma specjalnego kłopotu. Powstaje on dopiero wtedy, gdy w selekcji wykorzystujemy gen (marker) warunkujący jedną cechę, nie zdając sobie sprawy z tego, że wpływa on także na inną ważną cechę – w kierunku obniżającym efekt ekonomiczny. Na dodatek wykazano, że plejotropia zafałszowuje wyniki mapowania QTL. Inną sprawą jest rozróżnienie, czy mamy do czynienia z jednym genem o plejotropowym działaniu, czy dwoma blisko sprzężonymi, jako że w hodowli jedną z podstawowych spraw jest rozrywanie niepożądanych sprzężeń (i tworzenie sprzyjających).

#### Inne aspekty

Obok omówionych dotychczas aspektów wykorzystania osiągnięć genetyki molekularnej w hodowli zwierząt są i inne, nieco mniej związane z praktyczną hodowlą. Dotyczą one



w głównej mierze DNA *finger printing*. Przykładowo, geny przestały być anonimowe – potrafimy coraz więcej z nich przypisać konkretnym chromosomom i zlokalizować je na chromosomie. Dysponujemy dokładniejszą, niż opartą np. na grupach krwi, identyfikacją zwierząt, co sprzyja dokładności rodowodów, a tym samym wiarygodności przewidywanych wartości hodowlanych, zwłaszcza w systemach, w których zaangażowanych jest wielu ojców do uzyskania jednej ciąży (np. zwierzęta futerkowe). Ponadto łatwiej jest udokumentować pochodzenie zwierząt w przypadkach kradzieży, czy też prześledzić zagrożenie epizootyczne. Znajomość polimorfizmu w populacjach zagrożonych wyginięciem pozwala na zdecydowanie, które populacje powinny być zachowywane w przypadku rywalizacji o środki. Bardziej konserwatywne, dziedziczone w linii maticzej, DNA mitochondrialne umożliwia nam bliższe prześledzenie historii i spokrewnienia populacji.

### Przyszłość

Coraz więcej informacji molekularnej pojawiać się będzie w ofercie dla hodowców. Cechy i korelacje między nimi zmieniają się w czasie. Allele i ich kombinacje pojawiają się w różnych środowiskach. Intensywne wykorzystanie genów głównych w selekcji cech ekonomicznie ważnych wymagać będzie monitorowania ich wpływu na cechy adaptacyjne. Istnie-

je wciąż potrzeba zdefiniowania wielu cech, zarówno z punktu widzenia celu hodowlanego (ekonomicznego), jak i z punktu widzenia zrozumienia ścieżek od genotypu do fenotypu. Trzeba się skłaniać ku pogładowi, że dużo czasu upłynie, zanim klasyczna selekcja stanie się zbędna, a tymczasem przyszłość hodowli leży w połączeniu wysiłków genetyki molekularnej i ilościowej. Ta druga jest wciąż ważniejszym składnikiem tego związku.

W ciągu roku, jaki niemal upłynął od mojego poprzedniego wystąpienia na ten temat, zaszło jeszcze jedno istotne zdarzenie. Ignacy Misztal, w swoim artykule z 2006 roku, zaproponował, żeby, w celu określenia perspektywy powodzenia wykorzystania selekcji wspomaganej markerami, obserwować postęp uzyskiwany przez grupę naukowców z korporacji Monsanto (kierowanej przez dr. M. Louhuisa) w hodowli trzody chlewnej. Grupa ta składała się z 15 naukowców i wspomagana była wybitnymi konsultantami. Sama korporacja Monsanto znana jest z umiejętności definiowania istotnych problemów i powodzenia w uzyskiwaniu finansowania swoich projektów. Niestety grupa ta została zlikwidowana.

*Spis piśmiennictwa związany z tym artykułem dostępny jest w publikacji: Łukaszewicz M., 2006 – Genetyka molekularna w hodowli zwierząt. Roczniki Naukowe PTZ, t. 2, supl. 2, 9-20.*

---

## Analiza genetyczna uwarunkowań produktywności i zdrowotności zwierząt

Krystyna M. Charon

Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie

Ostatnie lata przyniosły ogromny postęp w mapowaniu *loci* i regionów chromosomowych zawierających *loci*, co ma istotny wpływ na ważne ekonomicznie cechy produkcyjne zwierząt hodowlanych. Osiągnięcia te powinny być wykorzystywane w programach hodowlanych, w doskonaleniu zwierząt drogą selekcji bezpośredniej (tzw. GAS – gene-assisted selection) lub selekcji opartej na markerach genetycznych (tzw. MAS – marker-assisted selection) [4]. W obu rodzajach selekcji, jako kryterium wyboru osobnika przyjmuje się genotyp tego osobnika w *locus* genu głównego (GAS) lub w *locus* markera genetycznego (MAS), zidentyfikowany metodami genetyki molekularnej.

Wykorzystanie w selekcji informacji o genotypie osobnika jest możliwe u zwierząt we wczesnym okresie ich życia, często długo przed uzyskaniem danych fenotypowych o ich użyteczności. To z kolei stwarza szansę na szybki postęp genetyczny zarówno w odniesieniu do cech produkcyjnych, jak i zdrowotności zwierząt. Dlatego w wielu krajach prowadzone

są intensywne badania zmierzające do identyfikacji *loci*, warunkujących cechy ważne.

W ustalaniu genetycznego podłoża cech użytkowych zwierząt stosowane są dwa zasadnicze podejścia:

- ♦ Tradycyjna analiza zmienności danej cechy w populacji, która pozwala na ustalenie jej charakteru dziedziczenia – monogenicznego (jeden gen warunkuje tę cechę) lub poligenicznego (cecha jest pod kontrolą wielu genów). Analiza ta umożliwia także określenie rodzajów współdziałań między allelami tego samego genu i między genami, a przede wszystkim pozwala na ustalenie udziału czynników pozagenetycznych w fenotypowej ekspresji cechy.

- ♦ Wykorzystanie technik molekularnej analizy DNA i metod cytogenetyki do identyfikacji genu (genów), warunkujących cechy ważne ekonomicznie (produkcyjne, zdrowotność), ustalenia ich fizycznej lokalizacji oraz sprzężeń z innymi *loci*.

Oba podejścia łączy konieczność wsparcia metodami statystycznymi. Tradycyjne metody są i zapewne będą stosowane w ocenie wartości genetycznej, ale sądzę, że w przyszłości ich zasadniczą rolą będzie wspomaganie metod nowoczesnej, bezpośredniej oceny genotypu zwierzęcia, warunkującego cechę lub cechy interesujące hodowcę.

Wiedza na temat genów „ważnych” lub sprzężonych z nimi markerów genetycznych jest już podstawą nowoczesnych programów hodowlanych, wykorzystujących jako kryterium selekcji genotyp zwierzęcia w danym *locus*. Wiedza ta jest coraz większa, choć wciąż jednak niewystarczająca do zastąpienia metod tradycyjnych nowoczesnymi.

Przez wiele lat poszukiwanie *loci* cech ilościowych (QTLs) bazowało na podstawowym schemacie, opartym na rodzinach referencyjnych, najlepiej trzypokoleniowych. Projekty obejmujące „skanowanie genomu”, realizowane we współpracy często międzynarodowej, są ogromnie kosztowne i pracochłonne