

Znaczenie analiz DNA w praktycznej hodowli bydła w Polsce

Stanisław Kamiński

*Uniwersytet Warmińsko-Mazurski, Katedra Genetyki Zwierząt,
ul. Oczapowskiego 5, 10-719 Olsztyn*

Ostatnie dwie dekady wskazują na wzrastający udział molekularnych badań genetycznych w hodowli zwierząt, szczególnie w hodowli bydła mlecznego. W tym czasie wdrożono do praktycznej hodowli trzy znaczące osiągnięcia: kontrolę pochodzenia na bazie markerów mikrosatelitarnych typu STR (Short Tandem Repeats), wykrywanie nosicieli defektów genetycznych za pomocą testów PCR (Polymerase Chain Reaction) oraz ocenę wartości hodowlanej na podstawie badania całego genomu przy użyciu mikromacierzy DNA. Te trzy osiągnięcia znacznie odmieniły hodowlę bydła na świecie, a w Polsce doprowadziły do widocznej modernizacji hodowli.

Kontrola pochodzenia

Kontrola pochodzenia w hodowli bydła jest szczególnie ważna nie tylko ze względu na empiryczne potwierdzenie deklarowanego rodowodu, ale przede wszystkim ma wpływ na jakość szacowania wartości hodowlanej. Mimo ogromnych zasług kontroli pochodzenia, opartej o badanie grup krwi (Trela, 1976), w roku 1996 zdecydowano o zastąpieniu tej tradycyjnej metody badaniami DNA. Stało się to na skutek rekomendacji, wydanej przez Międzynarodowe Towarzystwo Genetyki Zwierząt (ISAG), które uznało, że prawdopodobieństwo potwierdzenia prawidłowo określonego rodowodu na podstawie polimorficznych sekwencji mikrosatelitarnych jest znacząco wyższe (ok. 99,9%) niż na bazie grup krwi (ok. 98%) (Rychlik i Radko, 2013). W tym samym roku zaproponowano standardowy zestaw 11 mikrosatelitów, które

zaczęto stosować rutynowo w laboratoriach na całym świecie. Od 2008 r. rekomendowano zestaw 12 sekwencji mikrosatelitarnych, rozszerzanych o kilka dodatkowych STRs, zalecanych do stosowania w przypadku niewystarczającego potwierdzenia pochodzenia, wynikającego z bliskiego spokrewnienia lub w przypadku badania populacji (stad), podlegających ostrej selekcji.

Badaniami są objęte buhajki hodowlane, krowy pierwiastki i jałówki w oborach testowych, w których prowadzi się ocenę wartości hodowlanej buhajów na podstawie użytkowości córek, a także od niedawna – buhajki i jałówki, dla których szacowana jest genomowa wartość hodowlana. Począwszy od 1998 r. jedynie Instytut Zootechniki w Balicach posiada certyfikowane laboratorium, weryfikujące pochodzenie u bydła. Liczba zbadanych sztuk bydła wyniosła w latach 2006–2012 ponad 36 000 i ma tendencję wzrostową. Liczba wykluczeń, utrzymująca się w ostatnich 7 latach na poziomie 6,6–10,1% (Rychlik i Radko, 2013) dobitnie wskazuje, że kontrola pochodzenia jest koniecznym elementem całego systemu hodowli bydła mlecznego.

Laboratoryjne metody weryfikacji pochodzenia ulegają naturalnej ewolucji. Rozwój technologii mikromacierzy, umożliwiającej identyfikację polimorfizmów jednonukleotydowych (SNPs – Single Nucleotide Polymorphisms), stworzył alternatywę dla dotychczas używanych sekwencji mikrosatelitarnych. Od niedawna ISAG, oprócz testów porównawczych dla STR, organizuje także testy porównawcze dla badań z zakresu kontroli pochodzenia, wykorzystujące panel 200 SNPs. W ostatnim teście brało udział 25 laboratoriów, w tym laboratorium genomyczne w Olsztynie. Wydaje

się, że ta najnowsza metoda kontroli pochodzenia zostanie upowszechniona ze względu na niski koszt, wynikający z jednoczesnego użycia mikromacierzy Bovine 7K BeadChip (Illumina) zarówno do selekcji genomowej, jak i kontroli pochodzenia. Trwają prace nad transformacją sekwencji mikrosatelitarnych do sprzężonych z nimi markerów SNPs w celu uzyskania spójnego systemu, zdolnego do absorpcji archiwalnych rodowodów, wykorzystywanych w aktualnych badaniach.

Defekty genetyczne

Drugim obszarem badań molekularnych stało się wykrywanie nosicieli defektów genetycznych. Niestety, Polska nie ma systemu rejestracji cieląt, wykazujących anomalie rozwojowe i w związku z tym nie prowadzi badań naukowych, identyfikujących nowe jednostki chorobowe i metody wykrywania ich nosicieli. To poważne zaniedbanie, przy tak dużej populacji bydła rasy hf, mogło skutkować niekontrolowanym importem nosicieli i szybkim rozprzestrzenianiem się niepożądanych alleli w krajowej populacji bydła. Osobniki chore mogą pojawić się, jeśli oboje rodzice są nosicielami. Zgodnie z prawem dziedziczenia Mendla, w wyniku kojarzenia ze sobą nosicieli – 25% potomstwa będzie chore, 50% będzie nowymi nosicielami, a pozostałe 25% będą stanowić osobniki wolne od mutacji wywołującej chorobę. Wykrywanie nosicieli ma zatem kluczowe znaczenie, gdyż ich usunięcie z reprodukcji znacząco ogranicza możliwości rozprzestrzenienia się niepożądanego mutacji. Nosiciele pochodzą zazwyczaj od pierwszego nosiciela defektu (tzw. założyciela), który dzięki inseminacji (często jest to buhaj o wybitnej wartości hodowlanej) i międzynarodowemu handlowi nasieniem rozsiewa niepożądany allel w populacjach lokalnych. Po upływie wielu pokoleń, dalecy krewni tego samego buhaja-założyciela, kojarzeni w pary, mogą doprowadzić do pojawienia się potomstwa chorego i nowych nosicieli. Brak kontroli nad migracją takich szkodliwych alleli w populacji hodowlanej, ale także masowej, jest świadectwem niskiej kultury hodowlanej i może być przyczyną znaczących strat. Świadomość tego w czołowych hodowlach jest bardzo wysoka, dlatego w takich

krajach, jak Dania, Francja czy USA, funkcjonuje system rejestracji cieląt, wykazujących defekty. W naszym kraju niektóre jednostki naukowe podjęły własne inicjatywy, aby polscy hodowcy mieli możliwość eliminacji z hodowli nosicieli defektów genetycznych. Badania te zainicjował ośrodek olsztyński we współpracy z IGiHZ PAN w Jastrzębcu (prof. G. Grzybowski), podejmując się wieloletnich badań przesiewowych na nosicielstwo mutacji genu UMPS (UMP Synthase), która odziedziczona od obojga rodziców wywołuje niedobór enzymu syntazy urdydymonofosforanowej, klinicznie objawiający się wczesną obumieralnością zarodków. Badania przeprowadzone na populacji 2209 osobników nie wykazały żadnego nosiciela (Kamiński i in., 2005). Ta dobra wiadomość, potwierdzona także przez znikomy udział znanych importowanych nosicieli DUMPS w polskiej populacji, spowodowała wycofanie tego testu jako obowiązkowego. Wkrótce pojawił się w populacji amerykańskiego bydła rasy hf kolejny defekt – BLAD (Bovine Leukocyte Adhesion Deficiency), warunkowany recesywnym działaniem mutacji w genie CD18 podjednostki beta-2 integryny – białka o kluczowym znaczeniu w adhezji leukocytów do śródbłonna naczyń i biorącym udział w zwalczaniu infekcji bakteryjnych. Dysfunkcja tego genu, oddziedziczona od obojga rodziców, objawiała się semiletalnie, głównie poprzez słaby rozwój cieląt i chroniczne infekcje dróg oddechowych i pokarmowych. Własna metoda identyfikacji nosicieli BLAD (Kamiński i Czarnik, 1997) pozwoliła na podjęcie, ponownie we współpracy z IGiHZ PAN w Jastrzębcu, badań, które ujawniły wysoką frekwencję nosicieli (7,9%). Po 9 latach funkcjonowania programu testowania częstość nosicieli spadła do 0,8% (Czarnik i in., 2007). Obecnie od 4 lat w Polsce nie odnotowano żadnego nosiciela BLAD (dane niepublikowane).

Na początku 2003 r. pojawiły się doniesienia badaczy duńskich o nowym defekcie genetycznym, oznaczonym skrótem CVM (Complex Vertebral Malformation) – złożonym zniekształceniu kręgosłupa. Główne objawy kliniczne to: zmiany anatomiczne kręgosłupa, poronienia i martwe urodzenia. W tym przypadku test na wykrywanie nosicieli był objęty patentem. W naszym ośrodku podjęliśmy jednak decyzję o zakupie licencji i jako jedyny ośrodek w kraju

rozpoczęliśmy testowanie buhajów, początkowo dla SHiUZ w Bydgoszczy, a następnie wszystkich zainteresowanych hodowców w kraju. Kilkuletnie badania pozwoliły i tym razem szybko ograniczyć częstość nosicieli (z około 30 do 16% w grupie buhajów testowych, urodzonych w latach 2002–2012) (Ruś i Kamiński, 2007; Ruś i in., 2013). Obecnie liczba nosicieli CVM to kilkanaście sztuk rocznie i nadal wykazuje szybką tendencję spadkową (dane niepublikowane).

Rasa hf, prawdopodobnie z powodu stosunkowo wysokiego inbredu, jest narażona na pojawienie się kolejnych defektów. W połowie 2014 r. nasze laboratorium rozpoczęło testowanie bydła na najnowszy defekt genetyczny o nazwie Brachyspina (BY). Termin ten oznacza „skrócony kręgosłup” i jest to główna anatomiczna cecha osobników, obciążonych tym defektem. Inne symptomy, występujące u osobników chorych to, podobnie jak w przypadku CVM, poronienia i martwe urodzenia. Przyczyną defektu jest rozległa delecja (3300 par zasad) w genie *FANCI* (Charlier i in., 2012).

Molekularny test na wykrywanie nosicieli został także opatentowany. UWM w Olsztynie po dwóch latach starań uzyskał licencję, czyli prawo do wykonywania testu na terenie Polski. Badania rozpoczęły się w czerwcu 2014 r. i dotychczas przebadano 76 buhajów. Osiem z nich okazało się nosicielami. Badania te dopiero rozpoczęły się i nie są reprezentatywne dla całej populacji, jest to jednak niepokojąco wysoki odsetek. W 2011 r. w USA oszacowano, że aż 6% buhajów rasy holsztyńskiej może być nosicielami defektu. Rok później w Belgii częstość nosicieli BY, oszacowana na bardzo dużej populacji buhajów holsztyńskich, wyniosła aż 7,4% (Charlier i in., 2012). Podobne badania, wykonane w Chinach (2013) wykazały, że spośród 342 osobników bydła rasy chińskiej holsztyńskiej (206 buhajów i 136 krów) 13 sztuk okazało się nosicielami defektu Brachyspina (Fang i in., 2013).

Ocena genomowa

Za najnowszą i największą zmianę w hodowli bydła mlecznego w ostatnich latach uznaje się wdrożenie nowej metody oceny wartości hodowlanej, opartej o badanie markerów

genomicznych, zwanej genomową wartością hodowlaną, w skrócie GBV (*Genomic Breeding Value*). Jest to zwięźczenie idei oparcia selekcji o markery genetyczne, wylansowanej w latach 80. XX w. jako MAS, czyli Marker Assisted Selection, a obecnie powszechnie zwanej selekcją genomową (Hayes i in., 2009). Selekcja genomowa opiera się na wykorzystaniu markerów DNA. Markery SNP służą do oznakowania fragmentu genomu w celu śledzenia jego dziedziczenia w kolejnych generacjach. Jeśli w pobliżu markera leży gen, wpływający na poziom cechy użytkowej, to i marker i ów nieznany gen powinny dziedziczyć się razem. Prawdopodobieństwo wspólnego dziedziczenia zależy od stopnia sprzężenia, zależnego od dystansu między markerem a genem. Im mniejsza odległość, tym większe sprzężenie i tym samym większa informatywność markera. Szacowanie GBV stało się możliwe dzięki poznaniu kompletnej sekwencji genomu bydła (Zimin i in., 2009). Na tej podstawie wykryto tysiące markerów typu SNPs (Single Nucleotide Polymorphisms), czyli jednonukleotydowych polimorfizmów, a następnie opracowano i komercyjnie udostępniono zestaw 54 000 markerów w postaci mikromacierzy Bovine 50K SNP firmy Illumina (www.illumina.com). Ten chip jest standardowo używany w programach selekcji genomowej w wielu krajach. Zawiera on markery informatywne dla wielu ras bydła, gdyż został skonstruowany na bazie sekwencjonowania przedstawicieli 10 ras mięsnych, 5 ras mlecznych (w tym hf i Jersey) i 4 ras mięsno-mlecznych.

Innowacyjność selekcji genomowej wpisuje się w cykl osiągnięć genetyki i biotechniki rozrodu, które dążą do znacznego skrócenia odstępu międzypokoleniowego. W klasycznym wzorze na szacowanie postępu hodowlanego jest on wprost proporcjonalny do dokładności oceny, ostrości selekcji i odziedziczalności cechy, natomiast odwrotnie proporcjonalny do odstępu międzypokoleniowego. Użycie markerów do oceny wartości hodowlanej buhaja już w wieku 18–24 miesięcy redukuje odstęp do skali nieporównywalnej dotąd w hodowli buhajów.

Schaeffer dokonał systemowej i ekonomicznej analizy wdrożenia oceny genomowej do hodowli i stwierdził, na podstawie badań symulacyjnych, że może ona doprowadzić do podwojenia postępu hodowlanego i obniżenia kosztów

oceny buhajów o 92% (Schaeffer, 2006). Choć po kilku latach szacunki te należy uznać za zbyt optymistyczne, nikt dzisiaj nie wątpi w opłacalność transformacji oceny tradycyjnej na ocenę genomową. Powszechnie uznaje się, że kluczowe znaczenie dla postępów selekcji genomowej miała praca Theo Meuwissena, w której opisano model szacowania efektów (haplotypów) SNPs i na tej bazie metodę obliczania genomowej wartości hodowlanej (Meuwissen i in., 2001). Zaproponowany model stał się matrycą wielu nowych równań predykcji, nieustannie doskonalonych w zespołach statystyków genetycznych, zaangażowanych w projekty realizowane w USA, Kanadzie, Holandii, Francji czy w Niemczech (Hayes i in., 2009). Korzyści, jakie mogą być osiągnięte z tytułu GBV, stały się zachętą do jej wdrożenia i oficjalnej publikacji. Związek Hodowców Bydła Holstein w USA opublikował pierwszą wycenę genomową w styczniu 2009 r. (www.holsteinusa.com).

Polska ocena genomowa

Za początek prac nad wdrożeniem badań DNA do szacowania wartości hodowlanej bydła w Polsce należy uznać powstanie w Olsztynie, na mocy umowy między UWM w Olsztynie (Katedra Genetyki Zwierząt) a SHiUZ w Bydgoszczy – Polskiego Banku DNA Buhajów. Ta inicjatywa, polegająca na systematycznym gromadzeniu próbek DNA, pozyskanych od buhajów ze wszystkich krajowych spółek inseminacyjnych, stała się czynnikiem bardzo przyspieszającym rozpoczęcie w Polsce badań nad selekcją genomową. Pierwszy projekt, przedstawiony w Olsztynie w 2006 r. na sympozjum: „Selekcja wspomagana markerami – szansa dla polskiej hodowli”, został zmodyfikowany o nowości, które w międzyczasie pojawiły się na Światowym Kongresie Genetyki Stosowanej Zwierząt Gospodarskich w Belo Horizonte (Brazylia), na którym zapowiedziano komercyjną produkcję mikromacierzy genomowych typu SNPs przez firmę Affymetrix, a później Illumina. Autor oraz prof. dr hab. Joanna Szyda stworzyli projekt pod tytułem: „System szacowania genomowej wartości hodowlanej, oparty o Polski Bank DNA Buhajów i mikromacierze jednonukleotydowych polimorfizmów”, który stał się podstawą do po-

wołania konsorcjum MASinBULL (6.06.2008 r.), koordynowanego do września 2012 r. przez UWM w Olsztynie. Konsorcjum powstało dzięki wyłącznemu wsparciu finansowemu SHiUZ w Bydgoszczy. Metoda szacowania polskiej genomowej wartości hodowlanej została przedstawiona na forum INTERBULL i opublikowana (Szyda i in., 2009, 2011). W 2012 r. w skład konsorcjum MASinBULL wchodziły już wszystkie podmioty, zainteresowane postępem w hodowli. Obecnie w skład Konsorcjum Genomika Polska wchodzi: Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie, Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu, Instytut Zootechniki PIB w Balicach, Polska Federacja Hodowców Bydła i Producentów Mleka w Warszawie, Stacja Hodowli i Unasieniania Zwierząt Sp. z o.o. z siedzibą w Bydgoszczy, Małopolskie Centrum Biotechnologii Sp. z o.o. z siedzibą w Krasnem, Mazowieckie Centrum Hodowli i Rozrodu Zwierząt Sp. z o.o. w Łowiczu, Wielkopolskie Centrum Hodowli i Rozrodu Zwierząt w Poznaniu Sp. z o.o. z siedzibą w Tulcach. W ten sposób struktura konsorcjum osiągnęła wzorcowy skład, podobnie jak w innych krajach, w których selekcję genomową wdrożono już do praktycznej hodowli.

Po dwóch latach oczekiwania, spowodowanego specyfiką polskich regulacji prawnych z zakresu hodowli, w Polsce od sierpnia 2014 r. buhaje uzyskały oficjalną genomową ocenę wartości hodowlanej i mogą być dopuszczone do inseminacji. Było to możliwe już 4 lata temu, kiedy w październiku 2010 r. Komisja Europejska uznała metodę oceny genomowej za wiarygodną, jeśli jej dokładność dla cech produkcyjnych przekroczy 50% i dany kraj przejdzie testy walidacyjne organizacji Interbull. Obydwa te warunki zostały spełnione dzięki działalności konsorcjum MASinBULL (obecnie Genomika Polska) już w sierpniu 2010 r. Na drodze do szybkiego wdrożenia oceny genomowej w naszym kraju stanęła jednak interpretacja zapisów prawnych, dotyczących dopuszczenia buhajów do rozplodu. Uznano, że kluczowe jest spełnienie warunku uzyskania przez buhaja międzynarodowej genomowej oceny wartości hodowlanej. Ta ocena młodych buhajów (zwana GMACE – Genome Multiple Across Country Evaluation – wśród krajów dominujących w organach Interbull) stała się obiektem prac badaw-

czych i sporów metodycznych, zwłaszcza między USA i Kanadą a krajami skupionymi w konsorcjum EuroGenomics. W efekcie, dopiero w sierpniu 2014 r. doszło do pierwszej oficjalnej oceny międzynarodowej buhajów młodych, co odblokowało po 4-letnim opóźnieniu możliwość użycia tych buhajów w inseminacji bydła w Polsce.

Upowszechnienie oceny genomowej w naszym kraju zależy od reakcji hodowców. Jedynym czynnikiem, który może powodować ich wahanie, jest znacząco niższa dokładność oceny genomowej w porównaniu do oceny tradycyjnej (o ok. 15–25%) (<http://wycena.izoo.krakow.pl>). Ten niedobór mogą kompensować korzyści, wynikające z dostępu do nowej młodszej generacji buhajów, wykazujących z reguły wyższe wartości indeksów selekcyjnych. Dokładność polskiej oceny genomowej jest nieco niższa od dokładności oceny buhajów z Holandii, Francji czy Niemiec. Różnice dla cech produkcyjnych sięgają kilku procent. Mogą one być jednak zminimalizowane przez fakt, że w ocenie polskiej uwzględniona jest specyfika środowiska (żywienie, utrzymanie, dobrostan itp.), w jakim oceniane były osobniki, wchodzące w skład tzw. populacji referencyjnej buhajów. Populacja ta stanowi jądro oceny genomowej, gdyż służy do szacowania wpływu markerów genetycznych na poziom badanych cech. A wpływ ten zależy nie tylko od DNA, ale także od jego interakcji z warunkami środowiska, w którym córki i krewne buhaja są użytkowane. Tutaj należy upatrywać atutu krajowych ocen genomowych i zachować odpowiedni dystans w konfrontowaniu ich z ocenami buhajów z innych krajów. Drugim elementem, który wpłynie na podniesienie dokładności polskiej oceny genomowej, będzie powiększenie polskiej populacji referencyjnej buhajów o osobniki udostępnione Polsce przez inne kraje. Dzięki działalności Konsorcjum MASinBULL/GENOMIKA POLSKA, Polska stała się członkiem Konsorcjum EuroGenomics (Francja, Holandia, Niemcy, Dania, Szwecja, Finlandia, Hiszpania, Polska) i zyskała prawo do wymiany wyników badań DNA buhajów, co za kilka miesięcy powinno doprowadzić do znaczącego zwiększenia dokładności krajowej oceny genomowej.

Ocena genomowa jest też nowym i bardziej dokładnym narzędziem w ocenie materiału

żeńskie. Jak wiadomo, ocena jałówek jest dzisiaj oparta o tzw. indeks rodowodowy, będący średnią z wartości hodowlanej rodziców. W Polsce indeks ten jest rzadko wykorzystywany, a ponadto odznacza się dokładnością około 25–30%. Ocena genomowa jałówek podwaja tę dokładność, czyniąc wybór nowego pokolenia krów bardziej pewnym.

Od 2009 r. oznaczanie genotypów buhajów odbywa w Laboratorium Genomiki Zwierząt SHiUZ w Bydgoszczy, umiejscowionym w budynku Wydziału Bioinżynierii Zwierząt Uniwersytetu Warmińsko-Mazurskiego w Olsztynie w połączeniu z Pracownią Analizy Mikromacierzy DNA Katedry Genetyki Zwierząt. Od 2 lat działa też drugie laboratorium genomiczne – w Instytucie Zootechniki w Balicach, a w bieżącym roku otwarto kolejne, należące do PFHBiPM, umiejscowione w Parzniewie. Dzięki zakupom chipów w ramach Konsorcjum EuroGenomics, cena badania pojedynczego osobnika spadła do poziomu osiągalnego dla polskiego hodowcy, szczególnie w przypadku chipu niskiej gęstości (tzw. Euro10K).

Nowa metoda oceny genetycznej bydła wymaga dużej akcji promocyjnej i szkoleniowej, aby polscy hodowcy zaakceptowali ją jako rutynowy element systemu hodowli. Jak dotąd, duże zainteresowanie zyskuje ona w ośrodkach hodowli zarodowej (OHZ) i u nielicznych wybitnych hodowców indywidualnych. Wdrożenie oceny genomowej jest szansą na ugruntowanie pozytywnych zmian, porównywalnych do wprowadzenia do Polski bydła rasy hf, upowszechnienia inseminacji czy rekonstrukcji metod szacowania wartości hodowlanej. Włączeniu się polskiej hodowli bydła hf w nurt najnowszych metod doskonalenia genetycznego tej rasy powinno przyswiecać nadrzędne zadanie – zachowanie opłacalności i konkurencyjności krajowej produkcji mleka na wspólnym rynku europejskim.

Podsumowanie

Wprowadzenie badań DNA do hodowli bydła mlecznego podniosło wiarygodność oceny genetycznej, dostarczyło narzędzi do ochrony przed efektami defektów genetycznych i otworzyło nowe możliwości do przyspieszenia postępu hodowlanego poprzez wykorzystanie badań

genomu do wczesnej selekcji rozplodników ze stosunkowo wysoką wiarygodnością. Działania takie podjęto z sukcesem także w Polsce, podnosząc tym samym ogólną kulturę hodowli i utrzymując nieprzerwany kontakt z modernizacyjnymi przedsięwzięciami, stosowanymi w kra-

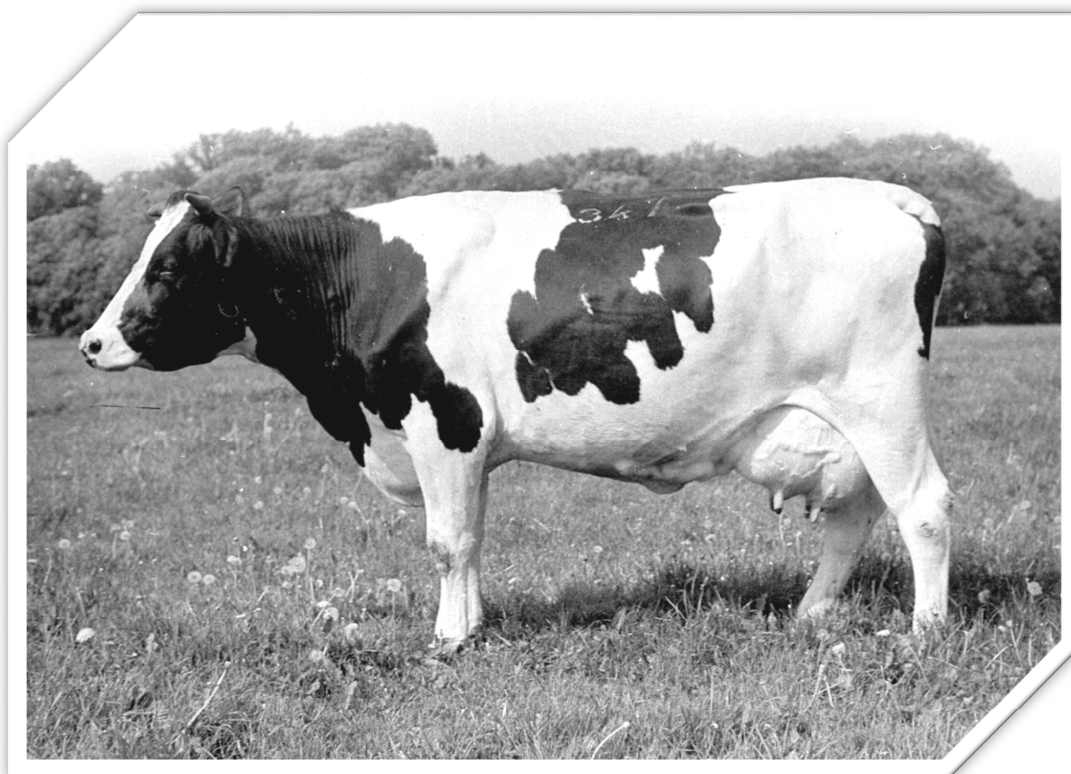
jach przodujących w hodowli bydła mlecznego. Włączenie się do międzynarodowych przedsięwzięć, takich jak udział w konsorcjum EuroGenomics, stwarza nowe możliwości rozwoju, szczególnie, jeśli chodzi o jakość oceny genomowej i wprowadzenie nowych cech do oceny bydła.

THE ROLE OF DNA ANALYSIS IN PRACTICAL CATTLE BREEDING IN POLAND

Summary

The introduction of DNA analysis into dairy cattle breeding improved reliability of genetic evaluation, provided tools to protect against the consequences of genetic defects, and opened up new possibilities for accelerating breeding progress through the use of genomic studies for early selection of sires with a relatively high reliability. These actions have been applied with success also in Poland, thus improving overall breeding standards and keeping abreast of the modernization processes taking place in major dairy cattle breeding countries. Participation in international undertakings, such as the EuroGenomics consortium, creates new opportunities for development, especially with regard to genomic evaluation quality and the introduction of new traits into assessment of cattle.

Literatura i materiały źródłowe – u autora.



Krowa bez dolewu krwi rasy hf, ZD IZ Czechnica, 1979 (fot. J. Trela)
A cow without HF blood (Czechnica Experimental Station of the NRIAP, 1979) (photo J. Trela)