

Efektywność oceny genomowej młodych buhajów w zakresie cech funkcjonalnych – wstępne wyniki

Dariusz Piwczyński¹, Piotr Wójcik², Beata Sitkowska¹, Alicja Redelbach¹

¹Uniwersytet Technologiczno-Przyrodniczy, Wydział Hodowli i Biologii Zwierząt, ul. Mazowiecka 28, 85-084 Bydgoszcz; darekp@utp.edu.pl

²Instytut Zootechniki Państwowy Instytut Badawczy, 32-083 Balice k. Krakowa

Wstęp

W lipcu 2014 r. Polska Federacja Hodowców Bydła i Producentów Mleka (PFHBiPM) opracowała nowy krajowy program hodowlany dla rasy polskiej holsztyńsko-fryzyskiej, natomiast od grudnia 2014 r. międzynarodowa genomowa wartość hodowlana GMACE (ang. Genomic Multiple Across Country Evaluation) została w Polsce oceną oficjalną, a jej wyniki są regularnie publikowane na stronach Instytutu Zootechniki PIB w Balicach. Dzięki tym działaniom polscy hodowcy bydła zyskali możliwość praktycznego wykorzystania najnowszych osiągnięć genetyki molekularnej w postaci genomowej wartości hodowlanej buhajów. Innowacyjna metoda związana z zastosowaniem markerów SNP (ang. single nucleotide polymorphism) już od początku XXI wieku zmienia oblicze światowej hodowli zwierząt gospodarskich (Scheffers i Weigel, 2012). Stopień jej wdrożenia jest jednak zróżnicowany w zależności od kraju, głównie z powodów finansowych (Blasco i Toro, 2014; Moser i in., 2010). Dla przykładu, w Irlandii genomową wycenę wartości hodowlanej wprowadzono już w 2007 r. (Berry i in., 2009). Kraj ten podjął współpracę z Nową Zelandią w celu zwiększenia puli zwierząt, stanowiących populację referencyjną. Niestety, efekty tej współpracy okazały się niezadowalające ze względu na niską powtarzalność wyników genomowej wyceny wartości hodowlanej.

Z kolei, w Stanach Zjednoczonych pierwsza nieoficjalna ocena genomowej wartości hodowlanej została wydana w 2008 r. Rok później

stała się oceną obowiązującą dla ras: holsztyńskiej, Jersey i Brown Swiss (Wiggans i in., 2011). Od 2011 r. wyceną genomową objęto wszystkie buhaje, których nasienie wykorzystywano w inseminacji. Boichard i in. (2012) podają, że we Francji proces genotypowania bydła rozpoczął się w październiku 2008 r. W sierpniu 2009 r. organizacje: francuska (UNCEIA), krajów skandynawskich (VikingGenetics), niemiecka (DHV-VIT) i holenderska (CRV) utworzyły połączoną populację referencyjną buhajów z wyceną genomową (Lund i in., 2011). Zwiększanie w ten sposób populacji referencyjnej wpływa, jak podkreślają Wiggans i in. (2015), korzystnie na poprawę dokładności genomowej wartości hodowlanej zwierzęcia.

Buch (2011) podsumowuje, że zastosowanie selekcji genomowej w hodowli bydła nastąpiło w bardzo krótkim czasie w porównaniu z innymi innowacjami wprowadzonymi w hodowli. Wynika to z wielu niezaprzeczalnych zalet, które niesie ze sobą ta metoda. Genomową wycenę wartości hodowlanej można uzyskać dla zwierząt zaraz po urodzeniu lub jeszcze wcześniej, na etapie zarodka. Sprzyja to skróceniu odstępu międzypokoleniowego, zwiększeniu postępu hodowlanego. Ponadto, w wyniku stosowania selekcji genomowej wzrasta rola samic w generowaniu postępu hodowlanego – wybitne matki mogą stać się istotnym elementem w hodowli bydła. Jak podkreślają Boichard i in. (2015), znaczenie krów może jeszcze wzrosnąć ze względu na selekcję nowych, dodatkowych cech ważnych w hodowli bydła.

Rosnące wśród polskich hodowców za-

interesowanie najnowszymi osiągnięciami genetyki molekularnej w postaci selekcji genomowej skutkowało zainicjowaniem we wrześniu 2011 r. projektu naukowego „Efektywność oceny genomicznej młodych buhajów w zakresie cech funkcjonalnych”. Do Projektu przystąpiło osiem gospodarstw, zajmujących się hodowlą bydła mlecznego rasy PHF: Fortune Sp. z o.o. Zakład Rolny Cieszymowo (woj. pomorskie), Gospodarstwo Rolne Tadeusz Lisiecki (woj. wielkopolskie), Gospodarstwo Rolno-Hodowlane Żydowo Sp. z o.o. z siedzibą w Żydowie (woj. wielkopolskie), Kombinat Rolny Kietrz Sp. z o.o. (woj. opolskie), Przedsiębiorstwo Rolno-Hodowlane „Gałopol” Sp. z o.o. (woj. wielkopolskie), Stadnina Koni w Dobrzyniewie (woj. wielkopolskie), Radan WEU Sp. z o.o. (woj. lubuskie), Zakład Doświadczalny IZ Kołbacz Sp. z o.o. (woj. zachodniopomorskie). Naukowego nadzoru nad realizacją Projektu podjęli się pracownicy Wydziału Hodowli i Biologii Zwierząt Uniwersytetu Technologiczno-Przyrodniczego w Bydgoszczy oraz Instytutu Zootechniki Państwowego Instytutu Badawczego w Krakowie. Zgodę na prowadzenie badań wydało Ministerstwo Rolnictwa i Rozwoju Wsi w dniu 11.10.2011 r.

Celem prowadzonych badań była wstępna ocena wyników realizacji Projektu naukowego pod kątem efektywności zastosowania w rozrodzie nasienia buhajów wycenionych genomowo.

Materiał i metody

Kryterium przystąpienia gospodarstwa do Projektu była minimalna liczebność krów, wynosząca co najmniej 600 sztuk oraz poziom wydajności mlecznej w gospodarstwie powyżej 9000 kg. Wyselekcjonowane gospodarstwa posiadały jednakowy system utrzymania zwierząt oraz żywienia, jak również były wyposażone w komputerowy system zarządzania stadem. Dzięki ujednoliconym warunkom środowiska w oborach możliwe stało się zapewnienie odpowiedniej wiarygodności zbieranych danych. Wybrane zwierzęta uczestniczyły w kontroli użyteczności mlecznej zarówno przed rozpoczęciem badań naukowych, jak i podczas ich trwania.

W gospodarstwach utworzono „jądra selekcyjne”, w których odbywała się zasadnicza część badań. W tym celu po pełnych analizach

rodowodowych (udokumentowane dane rodowodowe do trzeciego pokolenia wstecz oraz brak spokrewnienia między osobnikami ze strony ojca) z każdego gospodarstwa wybrano do badań minimalnie 100 krów (pierwiastek i wieloródek) oraz 60 jałówek. Ponadto założono, że matki wyselekcjonowanych zwierząt powinny mieć ukończoną przynajmniej jedną pełną laktację, trwającą ponad 250 dni, w której uzyskały wydajność powyżej 6000 kg mleka. Przy wyborze krów i jałówek preferowano te, których matki były długowieczne (ukończyły co najmniej 3 laktacje). Wybierano zwierzęta, których matki nie zostały wybrakowane ze stada z powodu niskiej wydajności i zdrowotności (głównie ze względu na zachorowalność na mastitis). Kolejnym kryterium wyboru samic do „jądra selekcyjnego” były wyniki oceny pokroju, przeprowadzone zgodnie z obowiązującym regulaminem oceny typu i budowy, m.in. założono uzyskanie w ocenie ogólnej co najmniej 80 pkt, w tym 40 pkt za budowę wymienia. Zgodnie z założeniami Projektu uwzględniono również wyniki oceny użyteczności mlecznej typowanych krów. W przypadku pierwiastek wydajność mleczna w laktacji standardowej powinna wynosić co najmniej 7000 kg mleka, przy średniej liczbie komórek somatycznych poniżej 400 tys. W odniesieniu do wieloródek konieczne było uzyskanie przez nie wydajności powyżej 8000 kg mleka, przy średniej liczbie komórek somatycznych poniżej 400 tys. W obydwu grupach krów długość laktacji wynosiła co najmniej 250 dni. O wyborze krów do „jądra selekcyjnego” decydowały również cechy płodności i zdrowotności. Zastosowano następujące kryteria: okres międzywycieleniowy 380–430 dni, okres ciąży 270–280 dni, przebieg porodu łatwy, bez zalegania poporodowego, przy każdym wycieleniu urodzenie co najmniej 1 żywego cielęcia, odchowanego do 30. dnia życia. Pod względem cech funkcjonalnych założono, że wybrane krowy w analizowanych laktacjach nie przeszły ostrej formy zapalenia wymienia, skutkującej nieczynną ćwiartką wymienia, nie miały problemów zdrowotnych z kończynami (w tym miękką pęcina, trwałe urazy puszki racicowej oraz podeszwy). Ponadto, niedopuszczalne były zwierzęta o nieprawidłowej budowie wymienia, a szczególnie strzyków.

Wyselekcjonowane jałówki i krowy inseminowano materiałem, pozyskanym od buha-

jów spełniających szereg kryteriów. Były to buhaje pochodzące z amerykańskiej hodowli, posiadające wycenę genomiczną w momencie włączenia do projektu o indeksie powyżej 2100 (GTPI – Genomic Total Performance Index) (tab. 1). Buhaje włączano do badań w 3 fazach: w styczniu 2012 r. (AltaCaliber, AltaDetroit, AltaExacter, AltaNetwork, AltaSamoa, AltaSonic), w listopadzie 2012 r. (AltaBanff, AltaOtis i AltaPatent) i w kwietniu 2014 r. (Alta5G, AltaOak).

Wycena genomiczna buhajów została wykonana w oparciu o metodę 50K, gwarantującą wiarygodność na poziomie 72–75%. Wycena ta dotyczyła następujących cech produkcyjnych i funkcjonalnych: przewaga mleka, tłuszczu (kg, %) i białka (kg, %), komórki somatyczne, produkcja życiowa – długowieczność, płodność córek, łatwość wycieleń po buhaju i po córkach buhaja, martwe urodzenia po buhaju i po jego córkach, 15 cech pokroju, w tym m.in. wymię, nogi i racice, indeks Net Merit. Powyższy wykaz cech dotyczył młodych byków, pochodzących z grupy Genomic Star (GS).

W odniesieniu do starszych rozplodników, testowanych co najmniej rok, wycena uwzględniała dodatkowo płodność własną oraz łatwość porodów (grupa Future Star – FS). Zadania – przyjęcie, przechowywanie i dystrybucję nasienia do użytkowników przejęła firma **Alta Polska Sp. z o.o. – Centrum Przechowywania Nasienia z siedzibą w Malborku**. Zgodnie z założeniami projektu, nasienie każdego buhaja użyto w co najmniej 4 stadach. Jednocześnie przyjęto, że w jednym stadzie stosowano nasienie co najmniej 4 buhajów. W każdym stadzie do inseminacji jednym buhajem przeznaczono co najmniej 25 krów (8 pierwiastek i 17 wieloródek) i 15 jałówek.

W niniejszym opracowaniu poddano analizie: skuteczność zabiegów inseminacyjnych (%), przebieg porodu, masę ciała oraz przeżycie cieląt do drugiej doby po porodzie. Ze względu na niewielki udział porodów trudnych skalę przebiegu porodu ograniczono do: poród łatwy – samodzielny, poród wymagający pomocy człowieka, poród ciężki (porody wymagające pomocy kilku osób lub weterynarza). Prezentowane wyniki ograniczono do 9 buhajów, które zostały najwcześniej wprowadzone do Projektu.

Wyniki i ich omówienie

W ramach Projektu badawczego wykorzystano ponad 6 tys. słomek nasienia 13 buhajów (tab. 1). Indeks GTPI wymienionych buhajów wahał się od 2195 do 2416. W tabeli 2 zaprezentowano wyniki wyceny genomowej buhajów w zakresie łatwości wycieleń i przeżywalności cieląt.

W oparciu o analizy wyników uzyskanych w Projekcie stwierdzono, że zaobserwowana skuteczność zabiegów inseminacyjnych 9 buhajów wahała się w przedziale od 30,15 do 47,02% (ryc. 1). Najwyższe wskaźniki (powyżej 40%) uzyskano po buhajach: AltaCaliber, AltaPatent i AltaSonic. Łącznie w wyniku prowadzonych inseminacji stwierdzono 1251 ciąż. Niski wskaźnik zapładnialności, występujący w Projekcie u krów o wysokiej produktywności, ma swoje uzasadnienie w wielu badaniach z tego zakresu, prowadzonych przez Lucy i Crooker (2001), Verkamp (1998), Pryce i in. (2004), czy w Polsce przez Jaśkowskiego i in. (2006) oraz Januś i Borkowską (2006).

Wszyscy autorzy zaznaczyli istotny wpływ poziomu produkcji i wartości genetycznej zwierząt na skuteczność inseminacji, w tym nawet na rozwój oocytów w warunkach hodowli *in vitro*. Jednocześnie, badania Jankowskiej i in. (2012) wskazują na brak istotnego wpływu pory roku i kondycji krów na wskaźniki płodności, przy czym u krów o najwyższej kondycji może nastąpić obniżenie się skuteczności pierwszego zabiegu inseminacji.

Spośród wszystkich porodów zarejestrowanych po 9 buhajach największy odsetek stanowiły porody łatwe – samodzielne (ryc. 2). Najwyższy udział tych porodów stwierdzono po buhajach AltaDetroit i AltaExacter (prawie 70%), a najniższy po buhaju AltaCaliber (około 36,5%). W przypadku czterech buhajów nie zanotowano porodów ciężkich. Potomstwo AltaOtisa i AltaPatenta rodziło się w porodach wymagających pomocy kilku osób lub weterynarza, odpowiednio w około 10 i 16%. Aktywny udział człowieka kształtował się na poziomie od 24,27 do 61,97% analizowanych porodów. Samodzielne porody bez interwencji człowieka stwierdzono w 36,62 do 69,90% przypadków akcji porodowych krów.

W badaniach Pogorzelskiej i Nogalskiego (2010), prowadzonych na 20% populacji krajowej bydła mlecznego PHF stwierdzono, że porody łatwe stanowią 61%, natomiast trudne około 4%. Autorzy ci jednocześnie stwierdzili, że wraz

ze wzrostem trudnych porodów rośnie śmiertelność cieląt w czasie porodu i do 24 godzin po.

Procentowy jej udział w przypadku porodów trudnych to 21,95, porodów ciężkich – 46,7 i porodów z cesarskim ciecieniem – 43,2.

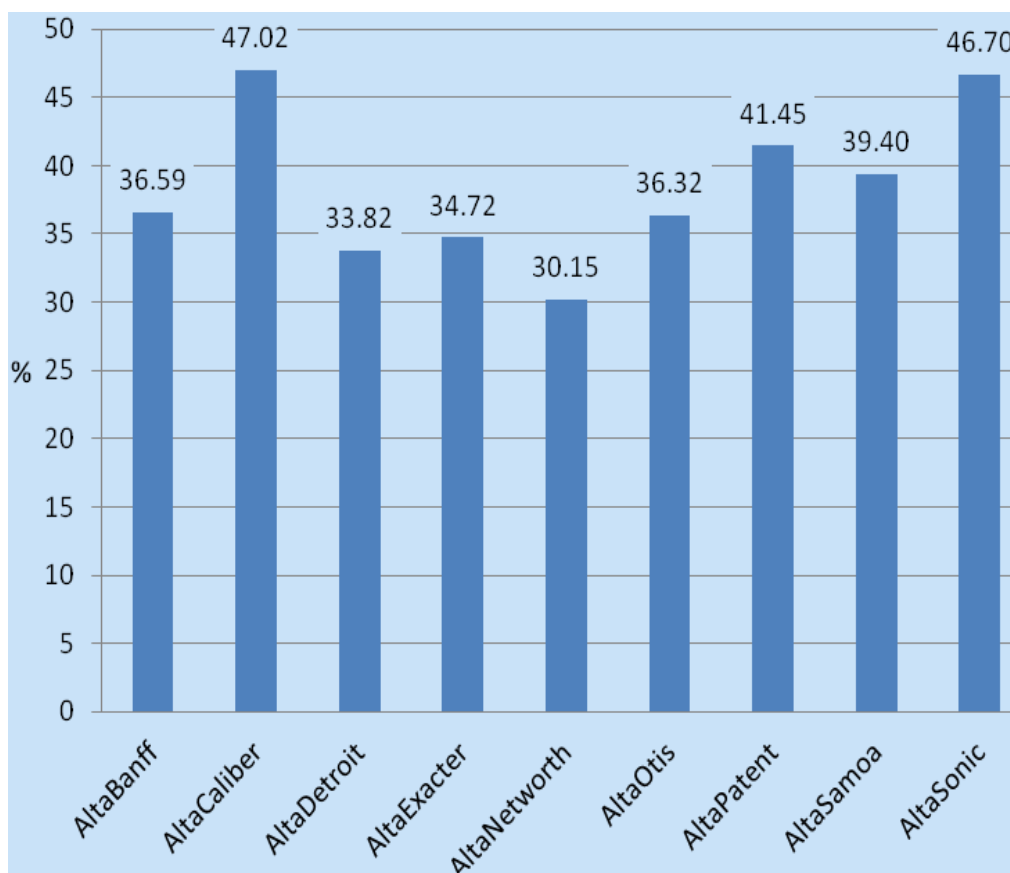
Tabela 1. Wykaz buhajów rasy HF uczestniczących w Projekcie
Table 1. List of HF bulls participating in the Project

Buhaj <i>Bull</i>	GTPI	Data wyceny GTPI <i>GTPI valuation date</i>	Nasienie wykorzystane do inseminacji <i>The semen used for artificial insemination</i>
Alta5G	2416	XII 2013	499
AltaBanff	2342	VIII 2012	365
AltaCaliber	2257	VIII 2011	635
AltaDetroit	2195	VIII 2011	345
AltaEmbassy	2396	XII 2013	498
AltaExacter	2214	VIII 2011	188
AltaNetworth	2258	VIII 2011	661
AltaOak	2310	XII 2013	497
AltaOtis	2364	VIII 2012	496
AltaPatent	2358	VIII 2012	370
AltaSamoa	2369	VIII 2011	580
AltaSonic	2305	VIII 2011	694
AltaJackman	2375	XII 2013	499
Średnia – <i>Mean</i>	2319,92		

GTPI – Ogólny, genomiczny indeks użyteczności. – *Genomic Total Performance Index*.

Tabela 2. Wybrane wyniki amerykańskiej wyceny genomowej buhajów HF związane z rozrodem
Table 2. Selected reproductive results of the American genomic valuation of HF bulls

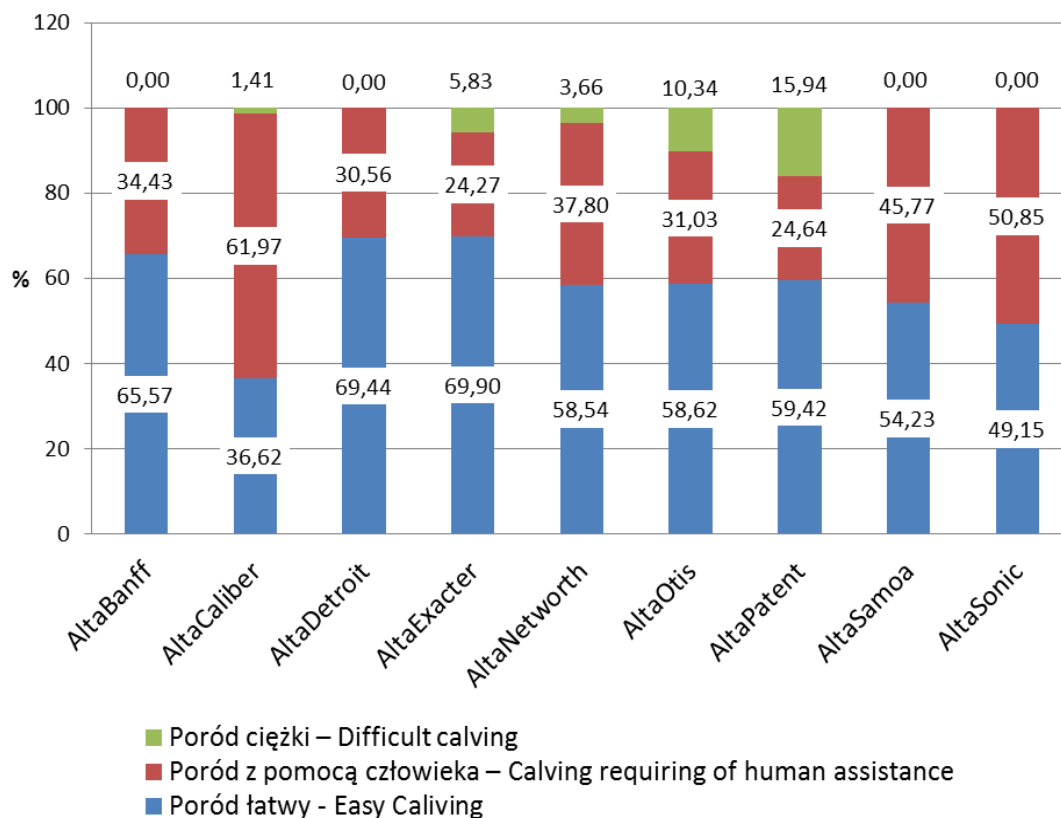
Buhaj <i>Bull</i>	Data wyceny GTPI <i>GTPI valuation date</i>	Przebieg porodu <i>Calving ease</i>		Przeżywalność cieląt do 24. godziny życia <i>Survival rate of calves up to 24 hours of life</i>	
		buhaja <i>bull</i>	córek <i>daughters</i>	buhaja <i>bull</i>	córek <i>daughters</i>
Alta5G	XII 2013	8,1	6,4	7,8	7,7
AltaBanff	VIII 2012	8,0	7,0	9,0	7,7
AltaCaliber	VIII 2011	8,0	6,0	7,4	6,2
AltaDetroit	VIII 2011	6,0	6,0	6,8	4,7
AltaEmbassy	XII 2013	6,3	4,5	7,5	5,4
AltaExacter	VIII 2011	8,0	7,0	7,8	4,3
AltaNetworth	VIII 2011	6,0	5,0	6,7	4,7
AltaOak	XII 2013	9,1	5,6	8,0	5,9
AltaOtis	VIII 2012	5,0	5,0	7,2	6,9
AltaPatent	VIII 2012	6,0	6,0	6,3	7,0
AltaSamoa	VIII 2011	6,0	5,0	6,7	6,0
AltaSonic	VIII 2011	6,0	5,0	7,0	5,4
AltaJackman	XII 2013	8,9	6,9	7,6	8,0



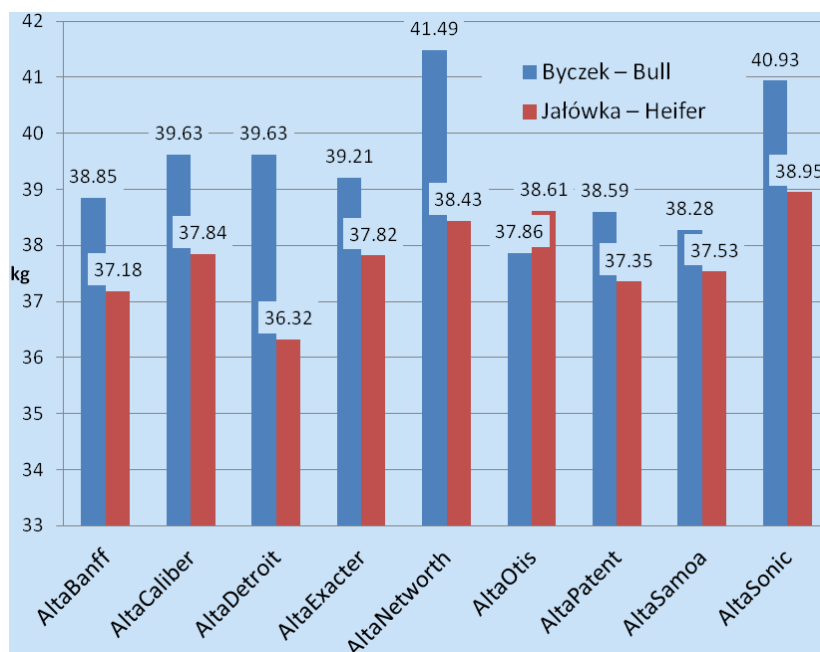
Rycina 1. Skuteczność zabiegów inseminacyjnych (%)
Figure 1. Effectiveness of insemination services (%)

Masa ciała cieląt po porodzie (ryc. 3) w analizowanej populacji zawierała się w przedziale od około 36 kg (córki buhaja AltaDetroit) do około 41,5 kg (synowie buhaja AltaNetwork). Potomstwo po buhaju AltaSamoa charakteryzowało się najniższą masą ciała, odpowiednio: buhajki – 38,28 i cieliczki – 37,53 kg. Najwyższą masę ciała uzyskiwało potomstwo po buhajach AltaSonic i AltaNetwork, odpowiednio (buhajki i cieliczki): 41,49 i 38,43 kg oraz 40,93 i 38,95 kg. Wykazano, że w większości przypadków masa ciała potomstwa męskiego była wyraźnie wyższa niż żeńskiego (ryc. 3).

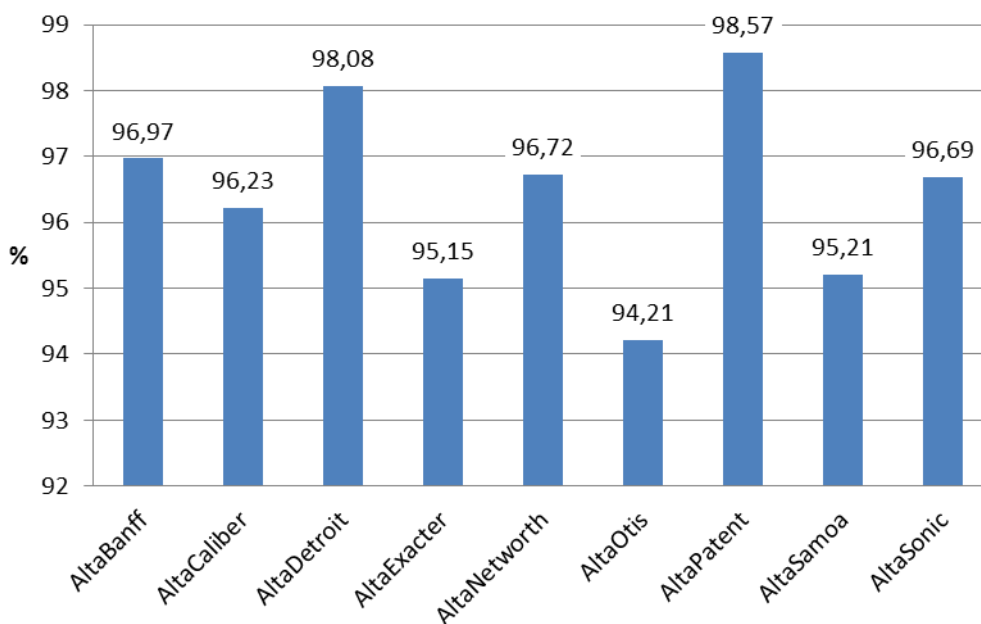
Wyjątek stanowiło potomstwo buhaja AltaOtis – masa ciała cieliczek była o około 1 kg wyższa niż byczków. Największe, prawie 3 kg różnice w masie ciała potomstwa na korzyść byczków w stosunku do jałówek stwierdzono po buhajach AltaDetroit i AltaNetwork (ryc. 3). Przeprowadzona analiza jest o tyle istotna z punktu widzenia hodowcy, że jak wykazały badania Sawy i in. (2015), z większą łatwością cielą się zwykle cieliczki, co zostało potwierdzone statystycznie dla ciąży pojedynczych. Z drugiej strony, odnotowuje się wyższy wskaźnik śmiertelności wśród buhajków niż cieliczek.



Rycina 2. Rozkład przebiegu porodu (%)
 Figure 2. Distribution of calving ease (%)



Rycina 3. Masa ciała cieląt po urodzeniu (kg)
 Figure 3. The body weight of calves after birth (kg)



Rycina 4. Przeżywalność cieląt do 48. godziny życia (%)
Figure 4. Survival of calves up to 48 hours of life (%)

Na rycinie 4 zaprezentowano przeżywalność do drugiej doby życia cieląt, urodzonych po 9 uczestniczących w Projekcie buhajach.

Uzyskane wyniki pozwalają stwierdzić, że przeżywalność cieląt po poszczególnych ojcach była wysoka i wahała się od około 94% po buhaju AltaOtis do ponad 98% po buhajach AltaDetroit oraz AltaPatent. Stwierdzony niski poziom porodów trudnych bezpośrednio przełożył się na wysoką, prezentowaną w pracy przeżywalność cieląt.

Zależności te potwierdziły także badania Sawy i in. (2015), którzy jednocześnie podkreślili, że udział ciężych mnogich może znacznie warunkować przeżywalność cieląt. W Projekcie nie stwierdzono jednak do tej pory takich ciężych.

Podsumowanie i wnioski

W trakcie prowadzenia Projektu w Polsce wytypowane buhaje stanowiły ścisłą światową czołówkę dostępnego materiału genetycznego, wycenionego metodą genomową. Uzyskane wstępne wyniki pozwalają stwierdzić, że badane krowy rodziły cielęta na ogół w sposób łatwy, nie wymagający żadnej interwencji człowieka. Cielęta charakteryzowały się prawidłową masą ciała po urodzeniu i bardzo dobrą przeżywalnością do drugiej doby życia. Niepokojące mogą wydawać się wyniki, dotyczące skuteczności zabiegów inseminacyjnych. Jest to przypuszczalnie związane m.in. z bardzo wysokim poziomem wydajności mlecznej badanych krow. W związku z tym, konieczne jest prowadzenie dalszych badań w celu ustalenia przyczyn słabej skuteczności inseminacji.

Literatura

- Berry D.P., Kearney F., Harris B.L. (2009). Genomic selection in Ireland. *Inter. Bull.*, 39: 29.
Blasco A., Toro M.A. (2014). A short critical history of the application of genomics to animal breeding. *Livest. Sci.*, 166: 4-9.
Boichard D., Guillaume F., Baur A., Croiseau P., Rossignol M.N., Boscher M.Y., Fritz S. (2012). Genomic selection in French dairy cattle. *Anim. Prod. Sci.*, 52: 115-120.

- Boichard D., Ducrocq V., Fritz S. (2015). Sustainable dairy cattle selection in the genomic era. *J. Anim. Breed. Genet.*, 132: 135–143.
- Buch L.H. (2011). Genetic improvement of functional traits in dairy cattle breeding schemes with genomic selection. PhD, Aarhus University, Aarhus, Denmark.
- Jankowska M., Sawa A., Gierszewski R. (2012). Wpływ wybranych czynników na kondycję krów i jej związek ze wskaźnikami płodności. *Rocz. Nauk. PTZ*, 8, 2: 9–16.
- Januś E., Borkowska D. (2006). Wielkość podstawowych wskaźników płodności krów o różnej wydajności mlecznej. *Ann. Univ. Mariae Curie Skłodowska*, XXIV, 5, s. EE: 33–37.
- Jaśkowski J.M., Olechnowicz J., Nowak W. (2006). Niektóre przyczyny obniżającej się płodności u krów mlecznych. *Med. Wet.*, 62 (4): 385–389.
- Lucy M.C., Crooker B.A. (2001). Physiological and genetic differences between low and high index dairy cows. *BSAS Occas. Publ. Fert. High producing Dairy Cows*, 26: 223–236.
- Lund M.S., de Roos A.P., de Vries A.G., Druet T., Ducrocq V., Fritz S., Su G. (2011). A common reference population from four European Holstein populations increases reliability of genomic predictions. *Genet. Select. Evol.*, 43: 43.
- Moser G., Khatkar M.S., Hayes B.J., Raadsma H.W. (2010). Accuracy of direct genomic values in Holstein bulls and cows using subsets of SNP markers. *Genet. Select. Evol.*, 42: 37.
- PFHBiPM (2015). Polska Federacja Hodowców Bydła i Producentów Mleka; http://www.pfhb.pl/images/pdf/hodowla/programy%20hodowlane/Program_hodowlany_PHF_PFHB.pdf data dostępu: 12.12.2015.
- Pogorzelska P., Nogalski Z. (2010). Calving difficulty in cows and heifers of the Polish dairy cattle population in 2007–2008. *Rocz. Nauk. PTZ*, 6, 3: 103–110.
- Pryce J.E., Royal M.D., Garnsworthy P.C., Mao I.L. (2004). Fertility in the high producing dairy cow. *Livest. Prod. Sci.*, 86: 125–135.
- Sawa A., Jankowska M., Neja W., Kreżel-Czopek S. (2015). Wpływ ciąży pojedynczej i mnogiej na przebieg porodu i śmiertelność okołoporodową. *Mat. LXXX Zjazdu PTZ, Bydgoszcz*, 21–23.09.2015, s. 35.
- Schefeers J.M., Weigel K.A. (2012). Genomic selection in dairy cattle: Integration of DNA testing into breeding programs. *Anim. Front.*, 2: 4–9.
- Veerkamp R.F. (1998). Selection for economic efficiency of dairy cattle in relation to milk production variables and fertility. *J. Dairy Sci.*, 81: 1109–1119.
- Wiggans G.R., VanRaden P.M., Cooper T.A. (2011). The genomic evaluation system in the United States: Past, present, future. *J. Dairy Sci.*, 94: 3202–3211.
- Wiggans G.R., Su G., Cooper T.A., Nielsen U.S., Aamand G.P., Guldbandsen B., Lund M.S., VanRaden P.M. (2015). Short communication: Improving accuracy of Jersey genomic evaluations in the United States and Denmark by sharing reference population bulls. *J. Dairy Sci.*, 98: 3508–3513.

EFFECTIVENESS OF THE GENOMIC EVALUATION OF YOUNG BULLS IN TERMS OF FUNCTIONAL TRAITS – PRELIMINARY RESULTS

Summary

The aim of the present study was to assess the preliminary results of the research project: “Effectiveness of the genomic evaluation of young bulls in terms of functional traits – preliminary results”. Eight highly productive farms rearing PHF dairy cattle were included into this research. In those farms both heifers and multiparas were inseminated with the use of semen obtained from 13 young American bulls for which only genomic evaluation of the breeding value was available. The following preliminary results were taken into consideration: the insemination success (%), calving ease of the inseminated females, birth weight of a calf, and the survivability rate to the second day of life. Based on the results of the present study it was noted that the insemination success obtained for 9 bulls fluctuated between 30.15% and 47.02%. Depending on the calf’s father the share of unassisted births ranged between 36.6% and 69.9%, while the share of parturitions with the active human participation varied between 24.2% and 61.9%. The birth weight of a calf ranged between 36 kg (AltaDetroit’s daughters) and 41.5 kg (AltaNetwork’s sons). Survivability rate was high and ranged between 94% and 98% depending on the father.

Key words: genomic evaluation, bull, functional traits