

Praktyczne wykorzystanie oceny wartości hodowlanej

Monika Skarwecka, Piotr Topolski

*Instytut Zootechniki Państwowy Instytut Badawczy, Zakład Hodowli Bydła,
32-083 Balice k. Krakowa*

Opracowanie metod genomowej oceny wartości hodowlanej zwierząt oraz wdrożenie selekcji genomowej do praktyki było przełomem w hodowli bydła, który stworzył możliwość istotnego przyspieszenia postępu hodowlanego. Programy hodowlane realizowane w oparciu o konwencjonalne metody szacowania wartości hodowlanej buhajów (ocena na potomstwie) musiały ulec radykalnym zmianom, co miało wpływ na wszystkich beneficjentów, zarówno hodowców, jak i stacje inseminacyjne. Bardzo kosztowny i długoterminowy system oceny buhajów został zastąpiony przez genomową ocenę wartości hodowlanej, którą można wykonać już przed narodzeniem buhajka lub jałówki. „Tradycyjne” testowanie buhajów jako element realizacji programów hodowlanych praktycznie przestało istnieć. W Polsce taka sytuacja ma miejsce w przypadku rasy polskiej holsztyńsko-fryzyjskiej obu odmian barwnych, dla której krajowy program hodowlany od 2014 r. zakłada optymalizację postępu genetycznego głównie poprzez szerokie wykorzystanie nowych możliwości, jakie stwarza genomowa ocena wartości hodowlanej. Jednak, możliwość efektywnego realizowania założeń selekcji genomowej zależy przede wszystkim od wielkości populacji referencyjnej, czyli populacji zgenotypowanych buhajów posiadających konwencjonalną ocenę wartości hodowlanej (minimum 10 ocenionych córek).

Od wielkości populacji referencyjnej zależy także dokładność genomowej oceny wartości hodowlanej; im większa jest populacja referencyjna, tym dokładniejsza jest ocena wartości hodowla-

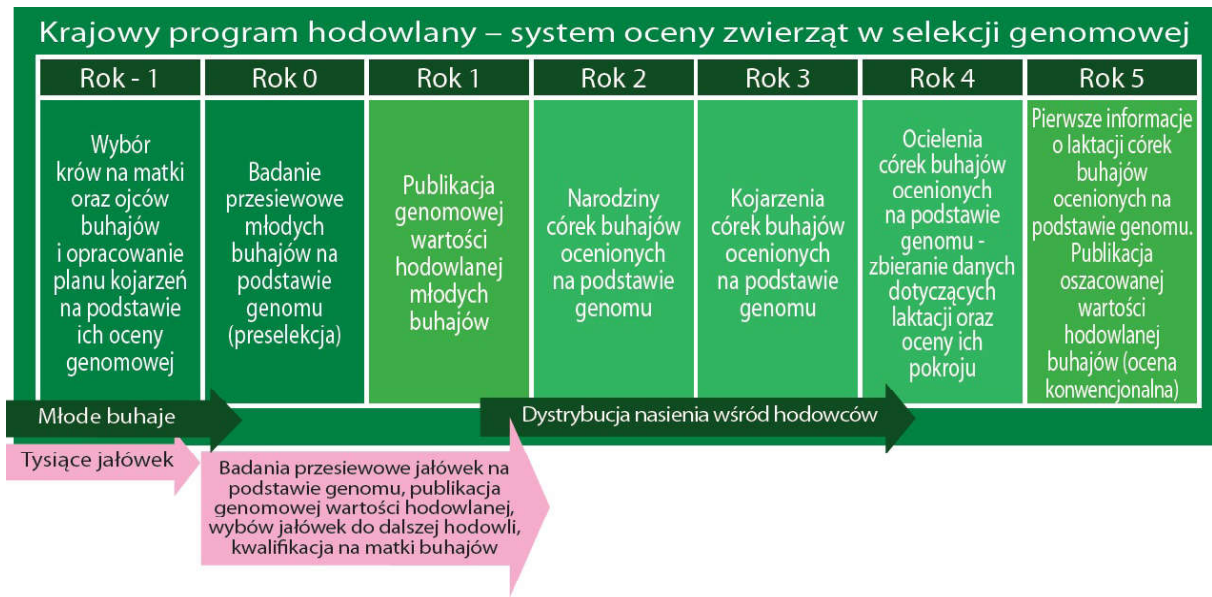
nej. W populacjach większości doskonalonych ras bydła, w przypadku których ze względu na małą liczebność nie można utworzyć populacji referencyjnej, testowanie buhajów na potomstwie jest ciągle ważnym elementem programu hodowlanego, bezpośrednio wpływającym na liczbę buhajów uzyskujących ocenę. Dlatego, w krajowym programie hodowlanym dla bydła rasy simentalskiej testowanie buhajów jest nadal bardzo ważnym etapem jego realizacji i ma decydujący wpływ na możliwość wyceny buhajów i jej dokładność.

Niezależnie od programu hodowlanego, opartego na konwencjonalnej (na potomstwie) lub innowacyjnej (selekcja genomowa) metodzie oceny wartości hodowlanej, hodowcy powinni w nim aktywnie uczestniczyć, ponieważ ich decyzje mają wpływ nie tylko na rozwój własnej hodowli (lokalnie), ale również na postęp w rozwoju oceny wartości hodowlanej buhajów (globalnie).

Porównanie ras

Selekcja genomowa w populacji rasy holsztyńsko-fryzyjskiej

Instytut Zootechniki Państwowy Instytut Badawczy rozpoczął prowadzenie oceny wartości hodowlanej buhajów wysokoprodukcyjnych ras mlecznych w 1962 r. Polska była wówczas jednym z nielicznych krajów posiadających system oceny wartości hodowlanej bydła. W minionych latach metody oceny podlegały gruntownym modyfikacjom i zmianom. W 2014 r. nastąpiła istotna zmiana; w Polsce rozpoczęto wówczas realizację założeń selekcji genomowej (rys. 1).



Rys. 1. System oceny zwierząt w selekcji genomowej

Wdrożenie oceny genomowej w 2014 r. nie byłoby możliwe, gdyby w 2008 nie powstało Konsorcjum Genomika Polska, którego członkowie postawili sobie za cel wprowadzenie genomowej oceny wartości hodowlanej do praktyki. Instytut Zootechniki PIB w Balicach od początku był aktywnym członkiem tego konsorcjum, a jego zadaniem było opracowanie analitycznych i obliczeniowych metod, możliwych do rutynowego zastosowania w kraju, a także utworzenie polskiej populacji referencyjnej. Projekt badawczy realizowany przez ww. konsorcjum zakończył się w 2012 r. i stanowił podstawę do dalszego rozwoju tzw. selekcji genomowej. Opracowane metody szacowania genomowej wartości hodowlanej zostały poddane testom walidacyjnym, przeprowadzonym przez INTERBULL, a ich pozytywne rezultaty potwierdziły poprawność opracowanych metod i wysoką jakość obliczeń, a tym samym gotowość do uczestnictwa w międzynarodowej ocenie genomowej, do której Polska przystąpiła w sierpniu 2014 r.

Rozwój selekcji genomowej w kraju nie byłby możliwy bez współpracy międzynarodowej, nie tylko z INTERBULL ale również z europejską spółdzielnią (do 2016 r. konsorcjum) o nazwie EuroGenomics, której Polska jest aktywnym członkiem od 2012 r. Współpraca ta umożliwiła dostęp do największej populacji referencyjnej na świecie, liczącej obecnie 34 tys. buhajów.

Pracownicy Instytutu są członkami licznych grup roboczych EuroGenomics, a ich praca przyczynia się do dalszego rozwoju selekcji genomowej. Ponadto, wymiana genotypów buhajów w zakresie populacji referencyjnej oraz regularna wymiana genotypów młodych buhajów w znaczący sposób przyczyniły się do dokładniejszego szacowania genomowej wartości hodowlanej, jak również propagowania europejskiego potencjału genetycznego w Europie i na świecie.

Prowadzone przez IZ PIB badania dotyczące selekcji genomowej spowodowały, że przeszła ona znaczące zmiany jako narzędzie w doskonaleniu zwierząt; od nowej metody – „cierpiącej na wady wieku dorastania i niedoskonałości” – do pełnoprawnej i wszechstronnie wykorzystywanej w selekcji zwierząt. Przewagą selekcji genomowej w porównaniu do selekcji prowadzonej według systemu konwencjonalnych metod oceny wartości hodowlanej (opartych na danych fenotypowych i rodowodowych) jest to, że efekty markerów genetycznych można oszacować u obu płci w dowolnym wieku. Nie zmieniły się poszczególne etapy programu hodowlanego (wybór matek buhajów, ojców buhajów, kojarzenie), ale czas oczekiwania na ocenę wartości hodowlanej uległ znacznemu skróceniu. W tej chwili problemem staje się nie czas oczekiwania na ocenę ale czas, w jakim zwierzę staje się zdolne do produkcji nasienia (samce) czy też inseminacji (samice).

Wdrożenie metody genomowej oceny wartości hodowlanej umożliwia:

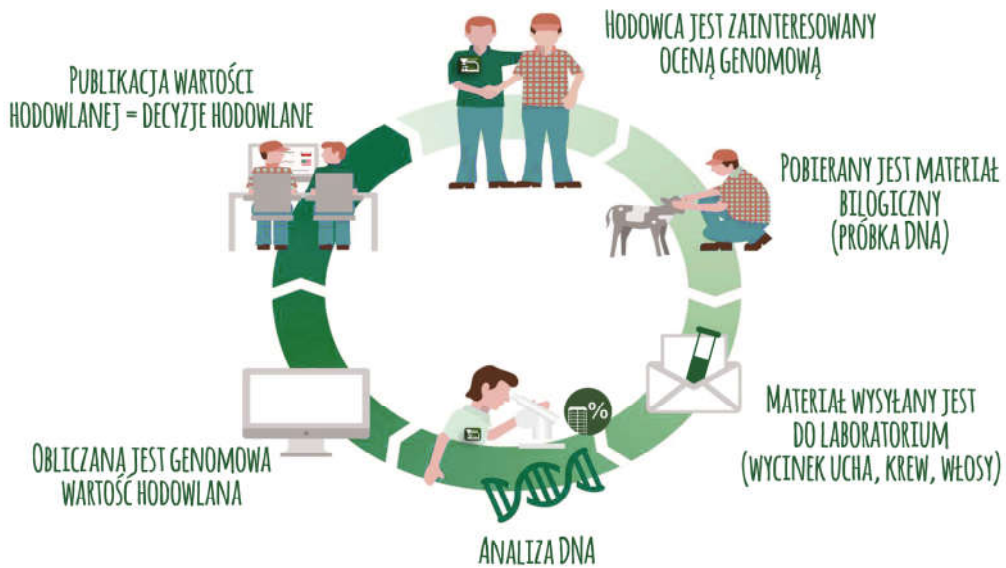
- znaczące ograniczenie kosztów związanych z tradycyjnym schematem testowania buhajów (utrzymanie i żywienie córek testowych, pozyskiwanie i przechowywanie nasienia, kojarzenia testowe i gromadzenie danych o potomstwie ocenianego buhaja, itd.). W tradycyjnym systemie testowania buhajów od momentu użycia nasienia testowanego buhaja do czasu ukończenia pierwszej laktacji przez jego córki (a więc pozyskania pierwszych informacji o wartości hodowlanej testowanego osobnika) mijają około 64 miesiące, podczas gdy genomowa ocena wartości hodowlanej buhajów umożliwia ocenienie osobnika przed osiągnięciem przez niego dojrzałości rozplodowej i wykorzystanie nasienia pozytywnie ocenionego buhaja już w dwunastym miesiącu jego życia;
- zwiększenie skuteczności unasienniania krów nasieniem pochodzącym od młodych buhajów ocenionych genomowo (jakość nasienia młodego buhaja jest lepsza niż osobnika starszego), a tym samym ograniczenie kosztów związanych z koniecznością powtórnego inseminowania krów. Dodatkową oszczędnością jest ograniczenie okresu użytkowania pozytywnie ocenionych buhajów do 2–3 lat;
- zmniejszenie odstępu pokoleń (z 6,5 roku w systemie tradycyjnym do 21 miesięcy w systemie opartym na wynikach genomowej wartości hodowlanej);
- zwiększenie precyzji wyboru jałowic na remont stada ze względu na wyższą dokładność genomowej oceny wartości hodowlanej niż dotychczas stosowanej oceny w oparciu o indeksy rodowodowe;
- pogłębienie zakresu doskonalonych cech, istotnych ze względów ekonomicznych i hodowlanych oraz stworzenie możliwości precyzyjniejszego definiowania już doskonalonych cech.

Dzięki współpracy z EuroGenomics hodowca ma dostęp do mikromacierzy o małej gęstości, dedykowanej do genotypowania materiału żeńskiego, która zawiera informację dla ponad 10 tysięcy markerów SNP i umożliwia nie tylko ocenę wartości hodowlanej ale dostarcza także informacji o:

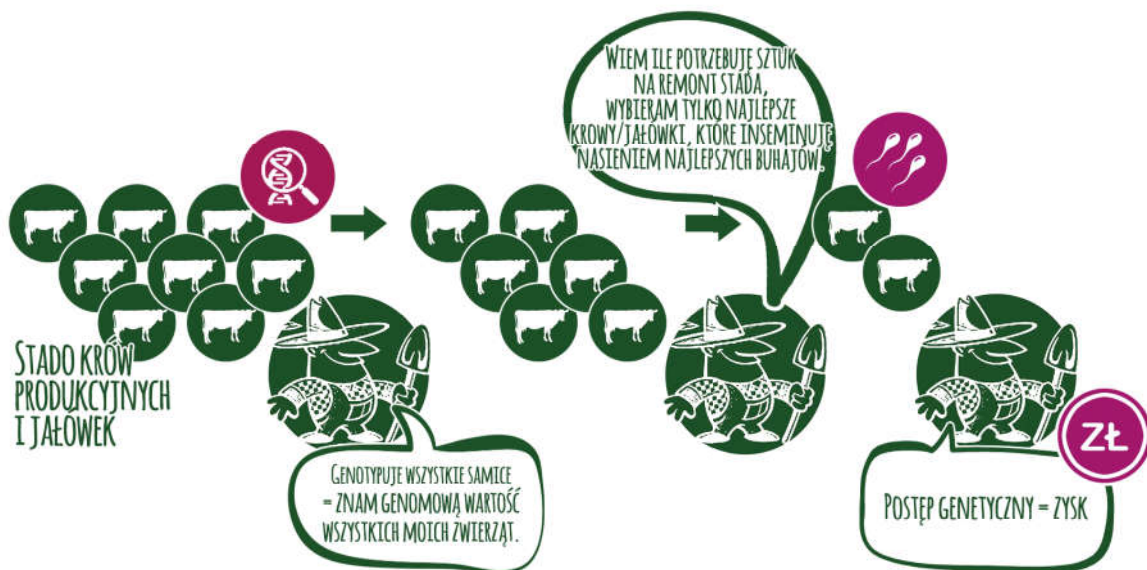
- defektach genetycznych,
- umaszczeniu oraz bezroźności,
- markerach istotnych z hodowlanego punktu widzenia (np. markery kazeiny),
- a także umożliwia weryfikację pochodzenia w oparciu o markery SNP.

Dodatkowo, cena tej mikromacierzy spada z roku na rok.

Liczba zwierząt zgłaszanych w Polsce do oceny systematycznie wzrasta – z około 500 samic zgłoszonych w 2012 r. do ponad 7000, dla których Instytut Zootechniki PIB wykonał ocenę w 2017 r. W 2018 r. (cztery oceny) zgłoszono już do oceny 7000 zwierząt, z tego 80% stanowiły samice. Dostęp do oceny jest coraz łatwiejszy (rys. 2). Świadczy to o tym, że hodowcy w Polsce coraz chętniej korzystają z tego narzędzia w pracy hodowlanej. Jest to jednak ciągle zbyt mało – polski potencjał jest dużo większy. Dzięki zastosowaniu markerów genetycznych selekcji można poddać większą liczbę zwierząt – zarówno jałówek jak i buhajków – a wybór może być bardziej świadomy i prawidłowy. Obecnie koszt oceny nie jest wysoki, a ceny są z roku na rok obniżane. W 2018 r. IZ PIB już dwukrotnie obniżył cenę za przeprowadzenie oceny wartości hodowlanej; im więcej zwierząt będzie zgłaszanych do oceny, tym większa liczba danych znajdzie się w systemie informatycznym, a tym samym będą zmniejszone koszty oceny, co w konsekwencji przełoży się na niższą cenę dla hodowców. Wybór przez hodowców nasienia buhajów genomowych o wysokiej wartości hodowlanej, a nie na podstawie niskiej ceny korzystnie przełoży się w przyszłości na populację referencyjną, która będzie powiększać się o wartościowe osobniki, co będzie sprzyjać większej stabilności oceny (rys. 3).



Rys. 2. Dostęp do oceny wartości hodowlanej



Rys. 3. Większa stabilność oceny wartości hodowlanej

Testowanie buhajów rasy simentalskiej nadal ważnym elementem realizacji programu hodowlanego

Program oceny i selekcji buhajów rasy si-

mentalnej w Polsce nadal jest realizowany w sposób tradycyjny w oparciu o testowanie buhajów (rys. 4). Nie umniejsza to rangi tego programu i jego znaczenia.



Rys. 4. Krajowy program hodowlany oparty na konwencjonalnej ocenie wartości hodowlanej bydła mlecznego

Populacja bydła rasy simentalskiej, choć stale przyrasta, jest obecnie zbyt mała, aby można było utworzyć dostatecznie dużą populację referencyjną, która umożliwiłaby wdrożenie selekcji genomowej w hodowli tej rasy. Instytut Zootechniki PIB rozpoczął już zbieranie materiału genetycznego od buhajków oraz krów, ale na wyniki trzeba będzie jeszcze poczekać. Niezbędna jest tutaj również, tak jak w przypadku rasy holsztyńsko-fryzyjskiej, współpraca międzynarodowa. W tej chwili musimy zadbać o to, żeby „tradycyjny” program był realizowany skutecznie, tak aby w przyszłości można było utworzyć efektywną populację referencyjną. Niestety, ze względu na wielkość populacji aktywnej liczba zabiegów testowych daje coraz mniejsze możliwości skutecznej realizacji programu, dlatego IZ PIB w Balicach wspólnie z Małopolskim Centrum Biotechniki Sp. z o.o. w Krasnem realizują program naprawczy pt. „Planowe testowanie buhajów simentalskich na podstawie córek”, mający zachęcić hodowców do korzystania w inseminacji z nasienia buhajów testowych i czynnego udziału w tym programie. Im więcej jest córek buhajów (i ich rówieśnic), tym wyższa jest powtarzalność oceny.

Stosowanie nasienia testowego zawsze było przedmiotem wielu dyskusji i często można spotkać się z opinią, że nie warto używać go do inseminacji krów w stadzie, mając do dyspozycji szeroką ofertę buhajów ocenionych na potomstwie lub posiadających ocenę genomową. Jednak w sytuacji, kiedy populacja aktywna nie daje

takich możliwości, każdy zabieg testowy wykonany zgodnie z metodyką wzmacnia program poprzez kontynuację pracy hodowlanej, pozwalając hodowcom na aktywny współudział w realizacji jego założeń. Pozytywne efekty są wtedy udziałem wszystkich zainteresowanych, będąc powodem do dumy dla stacji inseminacyjnej i dla hodowców, którzy wyhodowali buhaja. Warto podkreślić, że na tegorocznej wystawie hodowlanej w Boguchwale w stawce krów rasy simentalskiej liczącej 9 sztuk najwyższej ocenionymi pod względem pokroju okazały się osobniki po buhajach testowych. Zarówno tytuł czempiona, jak i wiceczempiona przypadł krowom po buhajach z polskiego programu hodowlanego – w przeszłości testowych.

Stosowanie nasienia buhajów testowych daje szereg korzyści. Matkami „testów” zostają najlepsze krowy z polskich hodowli, kojarzone z buhajami zajmującymi czołowe pozycje w rankingach światowych i polskich. Dzisiaj w procesie preselekcji i kwalifikacji buhaja jako testowego analizujemy wyniki genomowej oceny wartości hodowlanej obliczone na bazie niemieckiej, jednak jest to tylko narzędzie wspomagające, ponieważ baza niemiecka nie uwzględnia polskich warunków środowiskowych i trendów genetycznych. Pozwala nam na wyselekcjonowanie najlepszych osobników pozbawionych wad genetycznych.

Testowanie większej liczby buhajów daje możliwość dokładniejszej selekcji i wyboru naj-

lepszych osobników do rozrodu, co w konsekwencji umożliwia wyprodukowanie najlepszego materiału hodowlanego przez rodzimych hodowców. Dzięki testowaniu hodowca może kupić nasienie buhajów o wysokiej wartości genetycznej w bardzo dobrej cenie, ponadto bierze czynny udział w realizacji programu hodowlanego i może mieć wpływ na jego wyniki. Wykorzystanie w inseminacji nasienia od buhajów testowych wspiera polski program hodowlany dla rasy simentalskiej, co w konsekwencji prowadzi do rozwoju tej rasy i lepszego przystosowania krów pochodzących z najlepszych polskich hodowli do lokalnych warunków środowiskowych.

Podsumowanie

Niezależnie od tego, czy hodowca korzysta z nasienia młodych buhajów ocenionych genomowo (rasa holsztyńsko-fryzyjska) czy też testowych (rasa simentalska), jego decyzje przyczyniają się do rozwoju (lub nie) programów hodowlanych.

Podziękowanie

Składam serdeczne podziękowanie Panu dr Jarosławowi Jędraszcykowi z Małopolskiego Centrum Biotechniki Sp. z o.o. w Krasnem za pomoc przy pisaniu rozdziału: *Testowanie buhajów rasy simentalskiej nadal ważnym elementem realizacji programu hodowlanego*.

Literatura

Era genomowa w hodowli bydła mlecznego (2017). Broszura. Wyd. IZ PIB, Kraków.
<http://simentalskie.izoo.krakow.pl/>
<http://www.eurogenomics.com/>
<http://www.pfhh.pl/pages/programy-hodowlane>
<http://wycena.izoo.krakow.pl/>

EVALUATION OF BREEDING VALUE IN PRACTICE

Summary

The development of genomic evaluation methods of the breeding value of animals and the implementation of genomic selection into practice was a breakthrough in cattle breeding, which created the possibility of significant acceleration of breeding progress. Breeding programs implemented on the basis of conventional methods for estimating the breeding value of bulls (assessment on offspring) had to undergo radical changes, which affected all beneficiaries, both breeders and insemination stations. The very expensive and long-term bull evaluation system has been replaced by a genomic assessment of the breeding value that can be done before the birth of a bull or heifer. "Traditional" bull testing as an element of breeding programs practically ceased to exist. In Poland, this is the case for the Polish Holstein-Friesian breed of both color varieties, for which the national breeding program from 2014 assumes the optimization of genetic progress mainly through the wide use of new opportunities posed by the genomic assessment of breeding value. However, the ability to effectively implement the assumptions of genomic selection depends primarily on the size of the reference population, i.e. the population of breeding bulls with a conventional breeding rating (at least 10 assessed daughters). The accuracy of the genomic evaluation of the breeding value depends on the size of the reference population: the higher the reference population, the more accurate the breeding value is. In populations of the majority of bred cattle breeds, where a reference population cannot be created due to low numbers, progeny testing of bulls is still an important part of the breeding program, directly affecting the number of bulls scored. Therefore, in the domestic breeding program for Simmental cattle testing bulls is still a very important element of its implementation and has a decisive impact on the possibility of bulls evaluation and its accuracy. Irrespective of the breeding program based on conventional (offspring) or innovative (genomic selection) methods for assessing breeding value, breeders should actively participate in it, because their decisions affect not only the development of their own breeding (locally), but also progress in development assessment of breeding value of bulls (globally).

Key words: breeding value, genomic selection, bulls