

Analiza trendu genetycznego wybranych populacji bydła holsztyńsko-fryzyjskiego w latach 1995-2013

Krzysztof Kotlarz¹, Joanna Szyda^{1,2}, Andrzej Żarnecki²

*¹Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu, Pracownia Biostatystyki, Katedra Genetyki,
ul. Koźuchowska 7, 51-631 Wrocław*

²Zakład Hodowli Bydła, Instytut Zootechniki PIB, 32-083 Balice k. Krakowa

Wielkość postępu genetycznego w populacji zwierząt hodowlanych zależy od ostrości selekcji, dokładności oceny wartości hodowlanej, zmienności genetycznej selekcionowanych cech i długości odstępu między pokoleniami (Falconer i Mackay, 1996). W hodowli bydła mlecznego znaczne przyspieszenie postępu hodowlanego nastąpiło na początku lat sześćdziesiątych z chwilą rozpowszechnienia sztucznej inseminacji nasieniem mrożonym i wprowadzeniem oceny genetycznej na podstawie porównania córek z rówieśnikami (Reklewski i Trela, 2015). W latach osiemdziesiątych dużą rolę w przyspieszeniu postępu genetycznego miało zastosowanie do szacowania wartości hodowlanej metody BLUP, a w szczególności BLUP-Model Zwierzęcia, opartej na wykorzystaniu informacji o wszystkich znanych krewnych ocenianego zwierzęcia (Henderson, 1984).

W związku z trwającą od ponad trzydziestu lat intensyfikacją międzynarodowej wymiany materiału hodowlanego, w szczególności z rozpowszechnieniem w ubiegłym wieku północno-amerykańskiej odmiany bydła holsztyńsko-fryzyjskiego, Międzynarodowy Komitet Kontroli Użytkowości Zwierząt (ICAR) utworzył w 1983 r. podkomisję INTERBULL (<https://interbull.org/>), ośrodek odpowiedzialny za niezależną międzynarodową ocenę wartości hodowlanej buhajów. Obecnie INTERBULL posiada status laboratorium referencyjnego Unii Europejskiej (UE), należą do niego 32 kraje, również kraje spoza UE. INTERBULL szacuje konwencjonal-

ne wartości hodowlane buhajów przy zastosowaniu metody określanej w skrócie jako MACE (Multiple Across Country Evaluation) oraz genomowe wartości hodowlane (GMACE). Każdy kraj członkowski otrzymuje z INTERBULL międzynarodowe oceny wartości hodowlanej buhajów wyrażone w używanej przez nie skali. Dzięki temu możliwe jest porównanie, wyrażonych w polskiej skali, wartości hodowlanych buhajów pochodzących z różnych krajów. Jak wspomniano, INTERBULL prowadzi również genomową ocenę wartości hodowlanej buhajów opartą na połączeniu tzw. bezpośredniej wartości genetycznej i indeksu rodowodowego buhaja (lub średniej wartości hodowlanej rodziców). Podstawą oceny genomowej są bazy referencyjne gromadzące dane buhajów posiadających obie oceny wartości hodowlanej: konwencjonalną i genomową (Szyda i in., 2011). Z tego względu dokładna ocena konwencjonalna MACE jest istotnym warunkiem uzyskiwania wiarygodnej oceny GMACE.

Celem pracy jest analiza trendu genetycznego występującego w międzynarodowych konwencjonalnych ocenach wartości hodowlanych MACE dla cech produkcyjnych oraz wybranych cech funkcjonalnych.

Materiał i metody

Podstawą badania trendu genetycznego były wyniki konwencjonalnej oceny wartości hodowlanej buhajów (MACE) przeprowadzonej przez INTERBULL w kwietniu 2020 r. Analizę ograniczono do buhajów urodzonych w latach

1995–2013, ponieważ większość młodszych osobników nie była jeszcze oceniona na podstawie dostatecznie licznej grupy córek, co skutkowało niską dokładnością obliczonych wartości hodowlanych. Buhaje pochodziły z kilku wybranych państw europejskich, które są członkami INTERBULL: Francji (FRA), Holandii (HOL), Niemiec (GER), Polski (POL) i Wielkiej Brytanii (GBR) oraz Stanów Zjednoczonych Ameryki Północnej (USA). Przypisanie osobników do danego kraju przeprowadzono według kryterium największej liczby córek. Wartości hodowlane

buhajów, wyrażone w polskiej skali, obejmowały cechy produkcyjne (wydajności mleka, białka i tłuszczu), liczbę komórek somatycznych w mleku (SCS), długowieczność funkcjonalną, a spośród cech płodności uwzględniono wskaźnik zapłodnień krów. Dla buhajów reprezentujących poszczególne kraje obliczono średnie wartości hodowlane według roku urodzenia. Poza jednym wyjątkiem (wskaźnik zapłodnień krów w 2013 r.), w każdym roku urodzenia Polska była reprezentowana przez co najmniej 100 ocenionych buhajów (tab. 1).

Tabela 1. Liczba buhajów uwzględnionych w obliczeniu średniej wartości hodowlanej dla Polski
Table 1. Number of bulls included in the calculation of the average breeding value for Poland

Rok urodzenia buhaja <i>Bull's birth year</i>	Cechy produkcyjne <i>Production traits</i>	Indeks komórek somatycznych <i>Somatic cell score</i>	Długowieczność funkcjonalna <i>Functional longevity</i>	Wskaźnik zapłodnień krów <i>Cow conception rate</i>
1995	305	304	306	284
1996	340	338	337	330
1997	303	303	303	300
1998	313	311	310	282
1999	230	230	230	208
2000	272	271	270	256
2001	268	268	269	245
2002	244	243	242	242
2003	285	283	286	284
2004	271	269	268	269
2005	266	264	266	263
2006	224	224	230	226
2007	295	293	293	287
2008	282	281	285	280
2009	295	294	296	289
2010	252	252	250	241
2011	272	272	266	261
2012	278	278	276	268
2013	110	111	109	83

Tabela 2. Średnie wartości genetyczne buhajów urodzonych w 1995 i 2013 r.

Table 2. Average breeding values of bulls born in 1995 and 2013

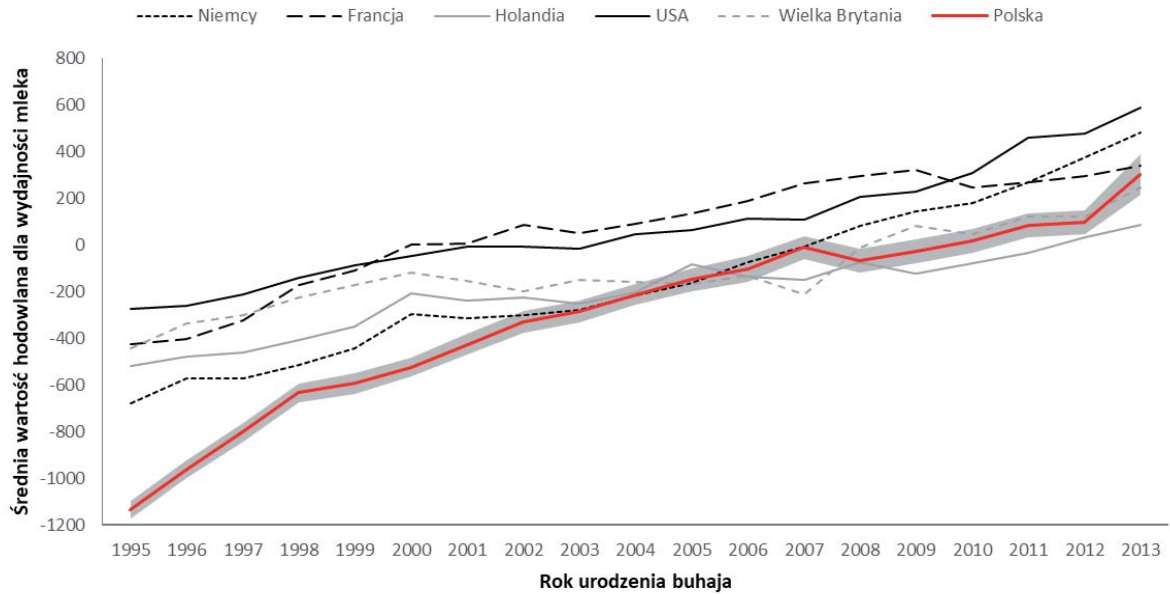
Rok urodzenia <i>Birth year</i>	Kraj – Country					
	FRA	HOL	GER	POL	GBR	USA
<i>Wydajność mleka – Milk yield</i>						
1995	-425,64	-516,86	-679,05	-1133,21	-444,83	-273,09
2013	338,37	85,60	481,71	300,46	246,98	586,74
<i>Wydajność tłuszczu – Fat yield</i>						
1995	-15,28	-10,67	-20,19	-27,74	-15,82	-17,19s
2013	10,23	12,97	18,87	13,90	22,42	24,69
<i>Wydajność białka – Protein yield</i>						
1995	-14,42	-12,36	-22,35	-34,43	-15,69	-13,95
2013	11,14	9,78	15,72	11,09	11,62	17,63
<i>Indeks komórek somatycznych – Somatic cell score</i>						
1995	91,35	89,32	93,40	97,21	92,04	92,46
2013	107,62	105,32	104,92	102,50	108,50	107,44
<i>Długowieczność funkcjonalna – Functional longevity</i>						
1995	87,11	88,29	89,37	92,36	87,49	87,73
2013	106,13	106,04	113,95	107,62	118,23	121,80
<i>Wskaźnik zapłodnień krów – Cow conception rate</i>						
1995	91,35	95,45	98,89	103,02	96,74	99,32
2013	104,81	102,07	104,95	100,50	116,02	114,32

Wyniki i ich omówienie

W tabeli 2 pokazano średnie wartości hodowlane buhajów urodzonych w 1995 oraz 2013 r. Wizualizację trendu genetycznego zawierają natomiast ryciny 1–6. Poniżej szczegółowo omówiono przebieg trendu genetycznego oraz jego porównanie między analizowanymi krajami.

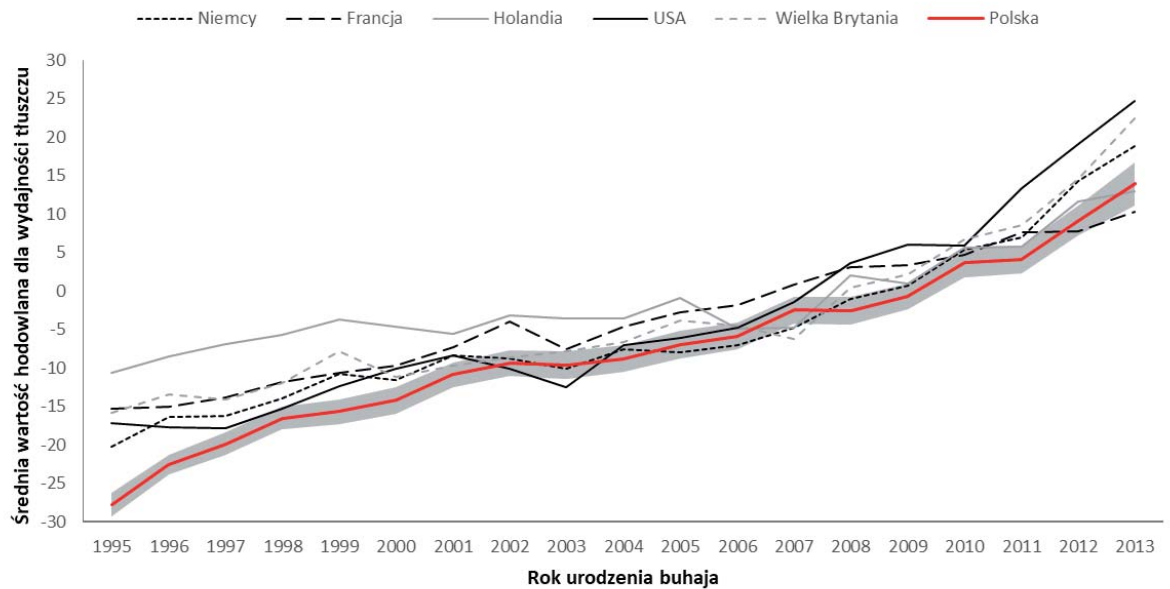
Rycina 1 przedstawia trend genetyczny w średnich wartościach hodowlanych dla wydajności mleka (kg) według lat urodzenia buhajów w okresie od 1995 do roku 2013 r. Z jednej strony, w 1995 r. grupa polskich buhajów wykazywała najniższą średnią wartość hodowlaną dla wydajności mleka (-1133 kg), podczas gdy najwyższą wartość charakteryzowała grupę buhajów ze Stanów Zjednoczonych Ameryki Północnej (-273 kg). Z drugiej jednak strony, to właśnie dla

polskiej populacji buhajów urodzonych między 1995 a 2013 r. odnotowano najwyższy wzrost średniej wartości hodowlanej, wynoszący 1434 kg. W tym samym czasie nieco mniejszy wzrost średniej wartości hodowlanej zaobserwowano dla buhajów niemieckich (1161 kg). W obu wymienionych populacjach, a szczególnie w polskiej, uwidaczniał się wyraźny wzrost średnich wartości hodowlanych buhajów urodzonych w latach 2012 i 2013. W całym analizowanym okresie, bez podziału na lata urodzenia osobników, najwyższą średnią charakteryzowały się buhaje ze Stanów Zjednoczonych Ameryki Północnej. Jednakże, stały i stosunkowo szybki wzrost wartości genetycznej populacji polskiej pozwolił na uzyskanie średniej zbliżonej lub przewyższającej średnie krajów objętych porównaniem.



Ryc. 1. Średnie konwencjonalne międzynarodowe wartości hodowlane buhajów (MACE) dla wydajności mleka (dla danych polskich kolorem szarym oznaczono 95% przedział ufności)

Fig. 1. Average conventional bull breeding values (MACE) for milk yield (for the Polish data, the 95% confidence interval is marked in grey)



Ryc. 2. Średnie konwencjonalne międzynarodowe wartości hodowlane buhajów (MACE) dla wydajności tłuszczu (dla danych polskich kolorem szarym oznaczono 95% przedział ufności)

Fig. 2. Average conventional bull breeding values (MACE) for fat yield (for the Polish data, the 95% confidence interval is marked in grey)

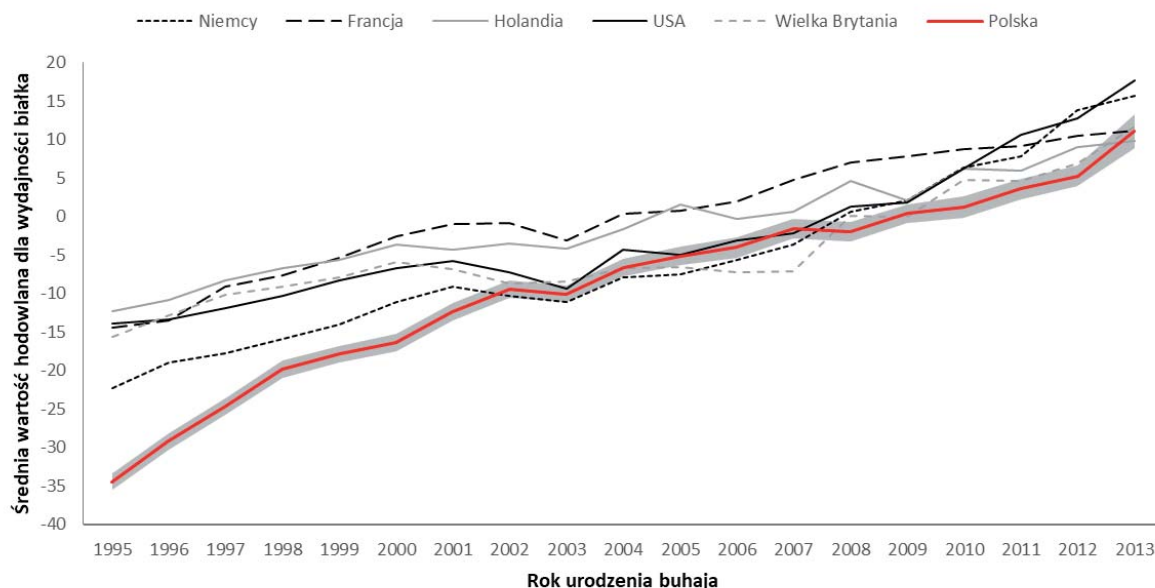
Począwszy od osobników urodzonych w 2012 r. uwidoczniła się jeszcze bardziej zmiana wartości buhajów uzyskujących ocenę MACE. Średnie wartości hodowlane buhajów polskich przewyższały średnie uzyskane dla buhajów holenderskich i brytyjskich, a dla najmłodszych z analizowanych osobników, urodzonych w 2013 r. były bardzo zbliżone do wartości uzyskanych dla populacji francuskiej (POL 300 kg, FRA 338 kg). Warto zauważyć, że w 2013 r. najwyższą wartość hodowlaną – 598 kg osiągnęły buhaje hiszpańskie (nie zwizualizowane na rycinach porównawczych).

W badanym okresie postęp genetyczny

w wydajności tłuszczu miał, zgodnie z oczekiwaniami, przebieg zbliżony do trendu widocznego w wartościach hodowlanych dla wydajności mleka (ryc. 2). Największy postęp w średnich wartościach buhajów urodzonych na początku (1995) i na końcu (2013) analizowanego okresu, wynoszący 42 kg tłuszczu, uzyskały POL i USA.

W populacji polskiej z każdym kolejnym rokiem obserwowano poprawę wartości hodowlanych, za wyjątkiem lat 2002–2003.

Szczególnie wyraźny wzrost wartości hodowlanych dla wydajności tłuszczu miał miejsce w przypadku buhajów urodzonych po 2010 r.



Ryc. 3. Średnie konwencjonalne międzynarodowe wartości hodowlane buhajów (MACE) dla wydajności białka (dla danych polskich kolorem szarym oznaczono 95% przedział ufności)

Fig. 3. Average conventional bull breeding values (MACE) for protein yield (for the Polish data, the 95% confidence interval is marked in grey)

Średnia wartość hodowlana dla wydajności tłuszczu polskich buhajów urodzonych w 2013 r. (14 kg) była wyższa od średniej holenderskiej (13 kg) i francuskiej (10 kg).

Postęp genetyczny w wydajności białka przebiegał w sposób zbliżony do trendu zachodzącego w wydajności mleka (ryc. 3).

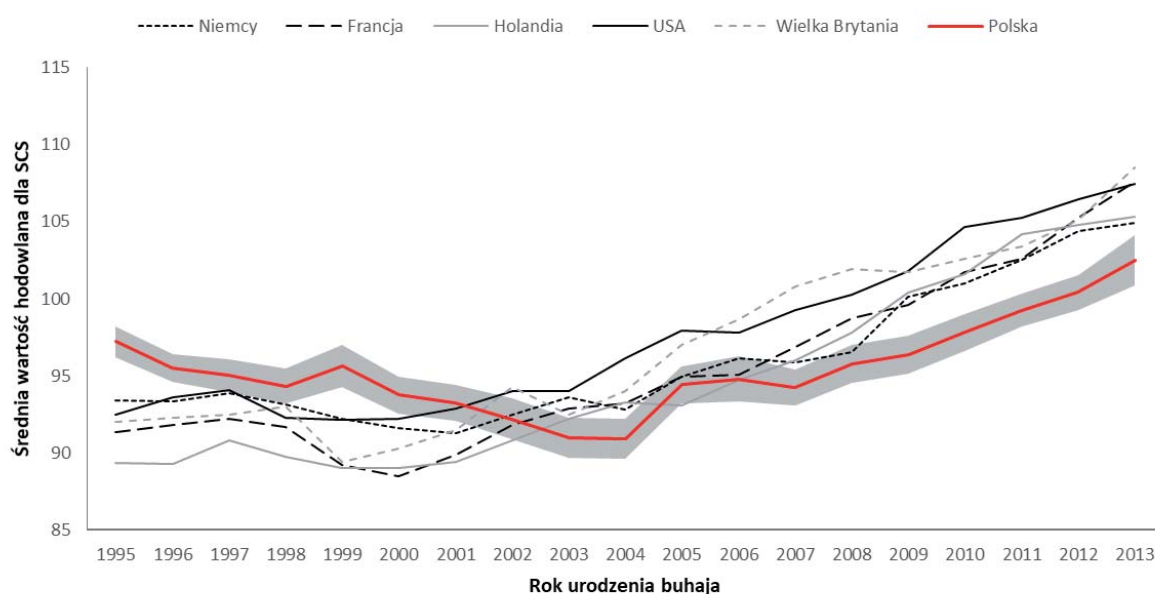
dzącego w wydajności mleka (ryc. 3).

Największy sumaryczny postęp w latach urodzenia buhajów 1995–2013 zaobserwowano w populacjach polskiej (46 kg) i niemieckiej (38 kg). Po 2000 r. najwyższy wzrost wartości hodowlanych dla wydajności białka, podobnie

jak dla wydajności mleka, miał miejsce w latach 2012–2013.

Przez większą część analizowanego okresu buhaje polskie charakteryzowały się najniższą średnią wartością hodowlaną (buhaje urodzone w latach 1995–20001, 2008, 2010–2012). Średnia wartość hodowlana dla najmłodszych buhajów, urodzonych w 2013 r., wynosząca 11,1 kg

była co prawda nadal wyraźnie niższa od średniej dla osobników reprezentujących populacje amerykańską i niemiecką, jednak była już bardzo zbliżona do wartości uzyskanych dla pozostałych populacji, które wykazywały bardzo wyrównany poziom genetyczny, wynoszący: 11,6 kg dla populacji brytyjskiej, 11,1 kg dla populacji francuskiej oraz 9,8 kg dla populacji holenderskiej.

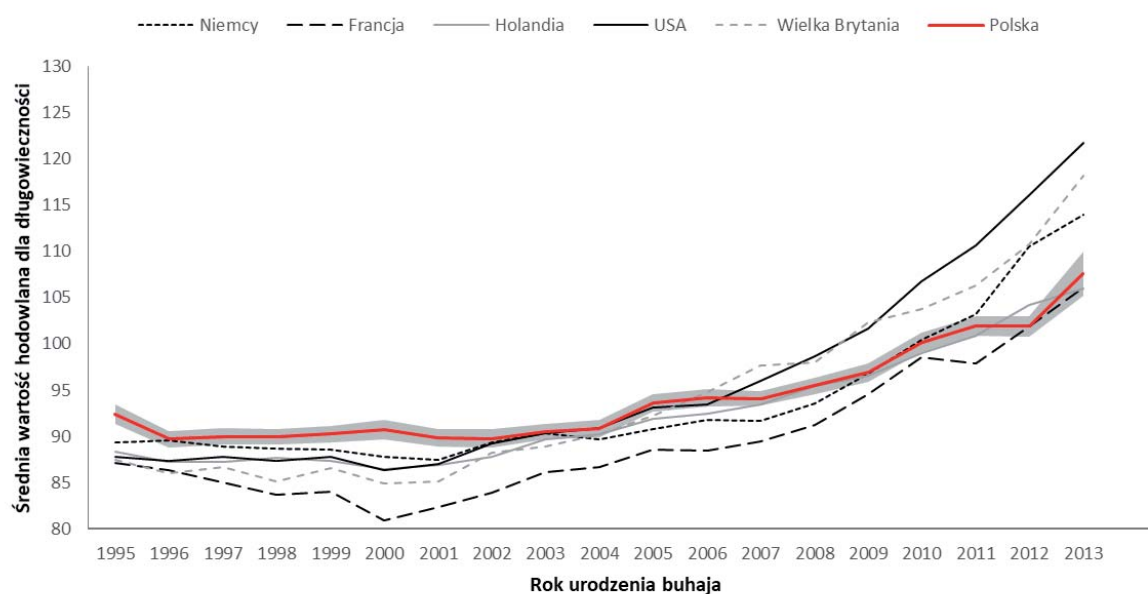


Ryc. 4. Średnie konwencjonalne międzynarodowe wartości hodowlane buhajów (MACE) dla indeksu komórek somatycznych w mleku (dla danych polskich kolorem szarym oznaczono 95% przedział ufności)

Fig. 4. Average conventional bull breeding values (MACE) for somatic cell score (for the Polish data, the 95% confidence interval is marked in grey)

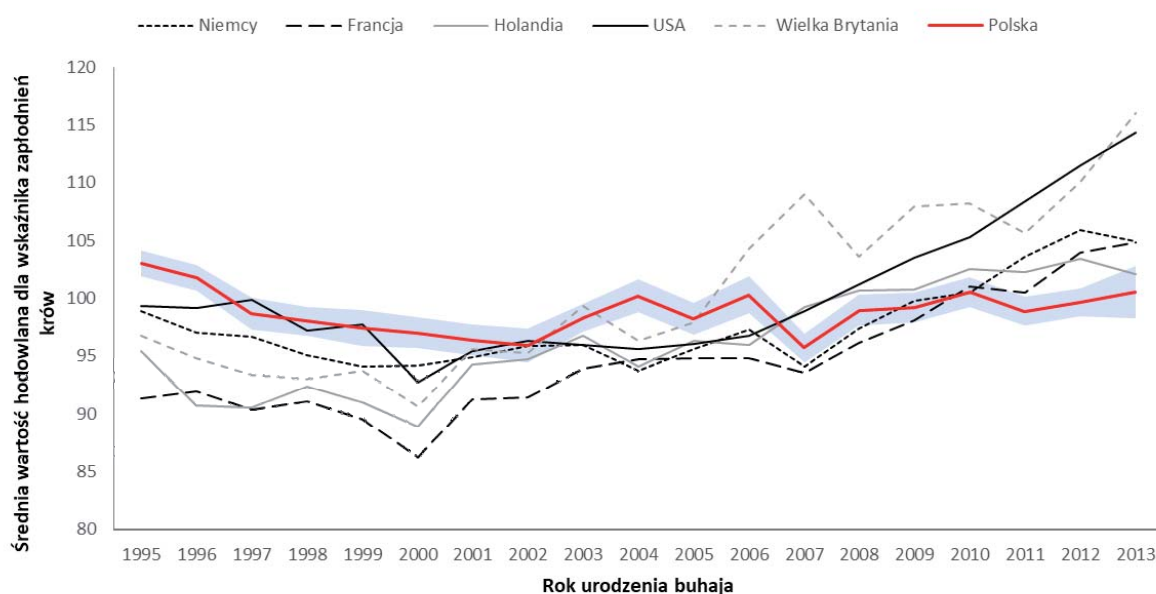
Wartości hodowlane buhajów dla zawartości komórek somatycznych w mleku (SCS) wykazywały sumaryczny dodatni trend (ryc. 4). W 1995 r. najwyższą średnią wartość hodowlaną dla SCS wykazywały buhaje polskie (97 pkt), a buhaje z pozostałych analizowanych krajów miały wartości hodowlane mieszczące się w przedziale od 92 do 93 pkt, z wyjątkiem buhajów holenderskich ze średnią poniżej 90 pkt. Do lat 2007–2009 oceny w większości krajów

nie przekraczały 100 pkt, od tego czasu obserwowano wyraźną poprawę wartości hodowlanej tej cechy. W przypadku polskiej populacji buhajów do 2004 r. obserwowano spadek wartości genetycznej, natomiast w późniejszym okresie tempo wzrostu średnich wartości hodowlanych było zbliżone do innych analizowanych populacji krajowych, aczkolwiek od 2007 r. buhaje polskie charakteryzowały się najniższą średnią wartością hodowlaną w grupie analizowanych państw.



Ryc. 5. Średnie konwencjonalne międzynarodowe wartości hodowlane buhajów (MACE) dla długowieczności funkcjonalnej (dla danych polskich kolorem szarym oznaczono 95% przedział ufności)

Fig. 5. Average conventional bull breeding values (MACE) for functional longevity (for the Polish data, the 95% confidence interval is marked in grey)



Ryc. 6. Średnie konwencjonalne międzynarodowe wartości hodowlane buhajów (MACE) dla wskaźnika zapłodnień krów (dla danych polskich kolorem szarym oznaczono 95% przedział ufności)

Fig. 6. Average conventional bull breeding values (MACE) for cow conception rate (for the Polish data, the 95% confidence interval is marked in grey)

Również w przypadku długowieczności funkcjonalnej przedstawionej na rycinie 5, do 2004 r. nie odnotowano postępu w genetycznym doskonaleniu tej cechy. Różnice pomiędzy średnimi wartościami hodowlanymi buhajów urodzonych w 2004 i w 1995 r. wahały się w granicach od -1,5 (POL) do 3,1 (USA).

Jednakże, buhaje urodzone w kolejnych latach charakteryzowały się rosnącymi wartościami hodowlanymi, a w każdym z analizowanych państw zauważono podobne, wzrostowe trendy w wartościach hodowlanych długowieczności. W polskiej populacji średnie wartości hodowlane buhajów urodzonych w 2013 r. były o 15,3 wyższe od średniej wartości hodowlanej osobników urodzonych w 1995. Mimo odnotowanego postępu, polskie buhaje z 2013 r. miały znacznie niższą wartość hodowlaną dla długowieczności (107,2) niż buhaje z USA (121,8), a podobną do FRA (106,1) i HOL (106,0). Od 1995 r. największy postęp hodowlany, wynoszący 34,0 uzyskały Stany Zjednoczone Ameryki Północnej.

W przypadku wskaźnika zapłodnień krów zaobserwowano słabo zaznaczony dodatni trend genetyczny, a nawet – w przypadku Polski – regres (ryc. 6). Polskie buhaje urodzone w 1995 r. miały spośród wszystkich krajów objętych badaniami najwyższą wartość hodowlaną (103,0 pkt), o 2,5 pkt wyższą od wartości hodowlanej buhajów urodzonych w 2013 r. W kolejnych latach odnotowano dalszy spadek i fluktuacje średnich wartości hodowlanych polskich buhajów, które osiągnęły 100,5 pkt dopiero w roczniku 2013. Niestety, średnie wartości hodowlane buhajów polskich urodzonych w okresie od 2009 r. były najniższe wśród porównywanych populacji, dla których ogólny trend był dodatni, a osiągnięty postęp hodowlany w latach 1995–2013 wahał się między 6,1 pkt dla populacji niemieckiej, a 15,0 pkt dla amerykańskiej i 19,3 pkt dla brytyjskiej.

Podsumowanie

W przypadku cech produkcyjnych doskonalenie genetyczne populacji polskiej prowa-

dzi do stałej poprawy jej wartości (addytywnie) genetycznej. Co więcej, dla cech produkcyjnych oraz długowieczności konwencjonalne, międzynarodowe wartości hodowlane najmłodszych polskich buhajów nie odbiegały znacząco od wartości hodowlanych osobników z Francji, Holandii, Niemiec, Stanów Zjednoczonych Ameryki Północnej i Wielkiej Brytanii. Porównanie analizowanych cech wykazuje, że przez przeważającą część uwzględnionego przedziału czasu dla wartości komórek somatycznych, długowieczności i wskaźnika zapłodnień krów buhaje polskie osiągnęły najmniejszy postęp hodowlany spośród uwzględnionych krajów. Jednakże, można również zauważyć, że niezależnie od przebiegu trendu genetycznego dla każdej z analizowanych cech miał miejsce wzrost wartości hodowlanych pomiędzy buhajami urodzonymi w 2012 i 2013 r.

Z uwagi na to, że w 2012 r. Polska stała się członkiem międzynarodowego konsorcjum Euro Genomics, uzyskaliśmy możliwość prowadzenia oceny genomowej wartości hodowlanej buhajów przy wykorzystaniu bardzo licznej grupy referencyjnej osobników pochodzących ze wszystkich krajów członkowskich tego konsorcjum. Ten fakt umożliwił dokładniejszą niż poprzednio (czyli od 2008 r.) ocenę genomową młodych buhajów, co w konsekwencji przyczyniło się do zwiększenia postępu hodowlanego. Selekcja genomowa była wdrażana w poszczególnych krajach w różnych latach i w różnym zakresie (https://interbull.org/ib/gmace_archive). Można jednak przypuszczać, że zróżnicowanie wielkości trendu genetycznego może mieć związek z wprowadzaniem selekcji genomowej. Podobną dynamikę zmian jakości genetycznej populacji związanej z wprowadzeniem selekcji genomowej obserwuje się również w innych krajach. Dla cech o niskiej odziedziczalności, reprezentowanych w pracy przez długowieczność oraz wskaźnik zacieleń, García-Ruiz i in. (2016) zademonstrowali bardzo znaczący wzrost postępu genetycznego w amerykańskiej populacji bydła holsztyńsko-fryzyjskiego, wynikający ze stosowania selekcji genomowej. Był on połączony z bardzo wyraźnym skróceniem odstępu

międzypokoleniowego, szczególnie w ramach ojcowskiej (ojcowie buhajów) ścieżki selekcyjnej. Identyczne wnioski płyną z jednej z najbardziej aktualnych prac dotyczących wpływu selekcji genomowej na jakość genetyczną populacji bydła autorstwa Doublet i in. (2019). Na podstawie analizy wartości indeksów selekcyjnych buhajów ras Montbéliarde, Normande oraz holsztyńskiej autorzy pracy stwierdzili wyraźne skrócenie odstępu międzypokoleniowego i wzrost postępu genetycznego połączone z wprowadzeniem selekcji genomowej w doskonaleniu tych ras.

Należy jednak mieć świadomość, że wielopokoleniowe stosowanie selekcji genomowej ma również wpływ na fizyczną strukturę genomu, manifestującą się głównie poprzez zwiększenie liczby regionów homozygotycznych – co dla populacji amerykańskiej wykazali Forutan i in. (2018).

Przyjmując rok 2010 jako przybliżony czas rozpoczęcia powszechnego poddania buhajów ocenie genomowej zaobserwowano roczny postęp hodowlany wynoszący 18,2 oraz 33,8%

wariancji addytywnie genetycznej* wydajności mleka, odpowiednio do oraz po roku 2010. Podobnie w przypadku pozostałych cech: 20,9 i 43,2% dla wydajności białka, 12,4 i 30,0% dla wydajności tłuszczu, 0,4 i 21,7% dla indeksu komórek somatycznych w mleku, 4,1 i 29,8% dla długowieczności funkcjonalnej. W podsumowaniu można więc stwierdzić, że dla wyżej wymienionych cech, w Polsce, tak jak i w innych krajach, wprowadzenie selekcji genomowej przyczyniło się do przyspieszenia postępu hodowlanego. Dla bardzo nisko odziedziczalnej cechy, jaką jest wskaźnik zapłodnień krów nie odnotowano natomiast postępu hodowlanego, na co wskazuje spadek średnich wartości hodowlanych buhajów o 0,8 i 0,1% wariancji addytywnie genetycznej.

* Wariancje addytywnie genetyczne dla oceny populacji polskiej w ocenie MACE z kwietnia 2020.

Literatura

- Doublet A., Croiseau P., Fritz S., Michenet A., Hozé C., Danchin-Burge C., Laloë D., Restoux G. (2019). The impact of genomic selection on genetic diversity and genetic gain in three French dairy cattle breeds. *Genet. Sel. Evol.*, 51: 52.
- Falconer D.S., Mackay T.F.C. (1996). *Introduction to Quantitative Genetics*. 4th Edition, Addison Wesley Longman, Harlow.
- Forutan M., Ansari Mahyari S., Baes C., Melzer N., Schenkel F.S., Sargolzaei M. (2018). Inbreeding and runs of homozygosity before and after genomic selection in North American Holstein cattle. *BMC Genom.*, 19, (1): 98.
- García-Ruiz A., Cole J.B., VanRaden P.M., Wiggans G.R., Ruiz-López F.J., Van Tassell C.P. (2016). Changes in Holstein cattle from genomic selection. *PNAS*, 113 (28): E3995–E4004.
- Henderson C.R. (1984). *Applications of linear models in animal breeding*. Univ. Guelph.
- Reklewski Z., Trela J. (2015). Hodowla bydła w Polsce w okresie 70-lecia. *Wiad. Zoot.*, 53, 2: 26–35.
- Szyda J., Żarnecki A., Suchocki T., Kamiński S. (2011). Fitting and validating the genomic evaluation model to Polish Holstein-Friesian cattle. *J. Appl. Genet.*, 52 (3): 363–366.

THE ANALYSIS OF THE GENETIC TREND IN SELECTED POPULATIONS OF HOLSTEIN-FRIESIAN CATTLE IN 1995–2013

Summary

In the study, we analysed bulls representing the Holstein-Friesian population born between 1995 and 2013, from France, the Netherlands, Germany, Poland, Great Britain and the United States of America. For each country-bull birth year group an average conventional breeding value calculated by the INTERBULL organisation was considered. The assignment of bulls to a given country group was made based on the greatest number of daughters. The breeding values of bulls, expressed on the Polish scale, included: production traits (milk, protein and fat yields), the somatic cell score, functional longevity and cow conception rate. For the production traits, the genetic improvement of the Polish population has led to a constant improvement of its (additive) genetic merits. Moreover, for production traits and functional longevity, conventional, international breeding values of the youngest Polish bulls do not differ from the breeding values of individuals from France, the Netherlands, Germany, the United States of America and Great Britain. In general, regardless of the dynamics of genetic trend across the analysed time-span, for each of the analysed traits, there is an increase in the breeding value between the bulls born in 2012 and 2013. Based on similar observations from the US and French population, we hypothesise that the increase is due to the massive introduction of genomic selection in Poland.

Key words: breeding value, genetic trend, genomic selection, Holstein-Friesian, MACE



Bydło rasy hf – HF cattle