



Kamil Siatka
Mazowieckie Centrum Hodowli
i Rozrodu Zwierząt Sp. z o.o. w Łowiczu

Selekcja genomowa buhajów

i jej wpływ na produkcję mleka

Dotychczasowa metoda genetycznego doskonalenia zwierząt gospodarskich w oparciu o rodowody i ocenę wydajności zwierząt, stosowana powszechnie w drugiej połowie XX wieku była bardzo owocnym narzędziem, zwłaszcza w przypadku bydła mlecznego. Szczególnie biorąc pod uwagę, że jednym z głównych narzędzi wykorzystywanym do doskonalenia pogłowia krów jest sztuczna inseminacja, w której wykorzystuje się nasienie najlepszych na świecie, elitarnych rozplodników. Niemniej jednak wyżej wspomniana metoda miała pewne ograniczenia, były to w głównej mierze czasochłonność oraz wysokie koszty związane z testowaniem buhajów, czyli oceną na podstawie porównania ich córek. Taylor i wsp. (2016) podają, że koszt oceny jednego buhaja sięgał w USA około 500 tysięcy dolarów. Koszty te są tak duże, gdyż metoda ta wymaga zgromadzenia dużej liczby obserwacji niezbędnych do obliczenia wartości hodowlanej z odpowiednio wysokim prawdopodobieństwem.

Istotnym momentem w hodowli bydła mlecznego było wprowadzenie genomowej oceny wartości hodowlanej zwierząt oraz selekcji genomowej, które przyczyniły się do znacznych zmian w sposobie podejmowania kluczowych decyzji w stadach bydła mlecznego. Selekcja genomowa jest procesem, w którym postęp genetyczny uzyskiwany jest poprzez zastosowanie predykcji genomowej addytywnej wartości genetycznej (znanej jako szacowa-

na genomowa wartość hodowlana) kandydatów selekcyjnych. Genomowe wartości hodowlane są ostatecznie prezentowane jako kombinowana wartość hodowlana (np. indeks gPF), tzn. wyboru zwierząt dokonuje się w oparciu o informacje o budowie ich genomu oraz indeks rodowodowy (informacje o pochodzeniu). Pierwsze prace opisujące możliwość wykorzystania tego rozwiązania pojawiły się w roku 2001 (Meuwissen i wsp.), a 7 lat później,

w roku 2008 dostępne były pierwsze wysokiej gęstości mikromacierze genotypowe typu BeadChip, a już rok później w pełni zsekwencjonowano genom bydła. Genomika dostarczyła głębszego spojrzenia na budowę materiału genetycznego znajdującego się w DNA, które umożliwia hodowcom i innym osobom zawodowo związanym z hodowlą bydła na szerszą interpretację tego jak geny zostaną wyrażone, w jak sposób są kontrolowane,

jakie zachodzą między nimi relacje oraz gdzie znajdują się one fizycznie na chromosomie. Wszystkie dostępne obecnie w centrach inseminacyjnych młode buhaje selekcjonowane są w parciu o ich profil ge-

odstępu międzypokoleniowego, czyli wpływa na przyspieszenie postępu genetycznego.

Wprowadzenie oceny genomowej w przypadku bydła mlecznego w istotnym stopniu przyczyniło się

pewne źródła wskazują, że w ostatnich latach pewien niewielki zysk został odnotowany. Taylor i wsp. (2016) podają, że roczny postęp genetyczny dla cech średnio odziedziczalnych (do tych należą cechy produkcyjne) dzięki selekcji genomowej wzrósł o 50-100%. Odnotowano natomiast wyraźny wpływ w stosunku do cech o niskiej odziedziczalności tj. płodność córek, liczba komórek somatycznych, czy długość użytkowania krów. Roczny postęp genetyczny w amerykańskich stadach bydła fryzyjskiego dla cech nisko odziedziczalnych wyniósł 300-400%. W przypadku tych cech trendy genetyczne zmieniły się z zerowych i przyjęły wysokie i korzystne wartości skutkując szybką genetyczną poprawą płodności, zdrowotności i długowieczności zwierząt. Zmiany te wyraźnie demonstrują pozytywny wpływ selekcji genomowej na bydło mleczne, pomimo iż technologia ta jest stosunkowo krótko w użyciu. Co istotne doskonalenie metodyki spowodowało, że już w 2011 roku wiarygodność oceny genomowej wartości hodowlanej dla cech wydajności osiągnęła poziom 75%, co oznacza że wiarygodność ta jest tylko nieznacznie niższa niż u 7-letnich buhajów testowanych na podstawie córek (przekracza 80%). Spadek kosztów wynikających z testowania młodych rozrodników pozwolił w wielu krajach na przeznaczenie dodatkowych środków na genotypowanie większej ilości młodych samców oraz opracowania nowszych, tańszych technologii genotypowania, które przełożyły się również na przyspieszenie postępu na ścieżce matka-syn. Skutkiem tych działań jest obecnie wykorzystywanie w rozrodzie już 8-miesięcznych jałówek

Tab. 1. Porównanie całkowitego 5-letniego postępu genetycznego uzyskanego dla cech przed i po wprowadzeniu genomiki w Kanadzie

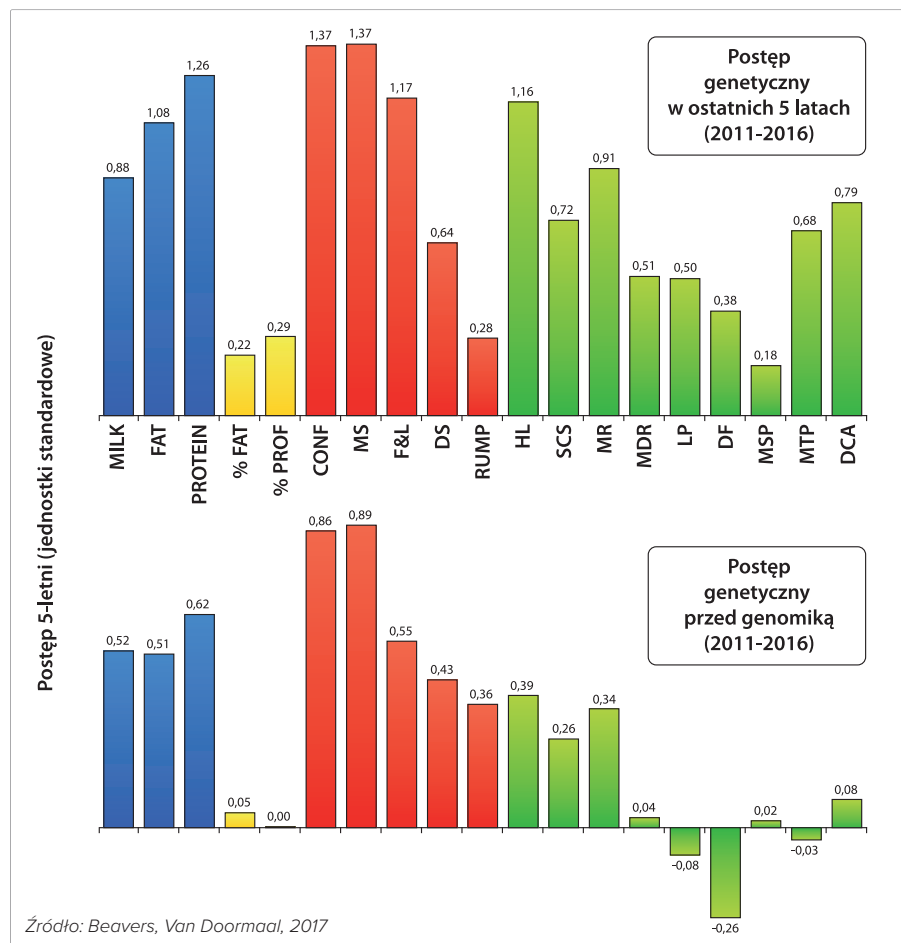
Cecha	Postęp całkowity	
	Przed genomiką (2004-2009)	Ostatnie 5 lat (2011-2016)
Wydajność mleka (kg)	355	603
Wydajność tłuszczu (kg)	14,0	29,8
Wydajność białka (kg)	11,8	24,0
Procent tłuszczu	0,01	0,07
Procent białka	0,00	0,04
Pokrój	3,20	5,06
Budowa wymienia	3,19	4,94
Nogi i racice	1,86	3,99
Siła mleczności	1,78	2,63
Budowa zadu	1,34	1,05
Długowieczność	1,12	3,36
Liczba komórek somatycznych	0,04	0,12
Odporność na mastitis	0,92	2,46
Choroby metaboliczne	0,10	1,42
Wytrwałość laktacji	-0,22	1,41
Płodność córek	-0,72	1,06
Szybkość doju	0,06	0,51
Temperament	-0,09	1,89
Łatwość wycieleń córek	0,23	2,29

Źródło: Beavers, Van Doormaal, 2017

netyczny. Wysoka powtarzalność (wiarygodność) tych ocen sięgająca 60-75% zwłaszcza w odniesieniu do cech produkcyjnych w pełni uzasadnia wykorzystanie nasienie wspomnianych rozrodników. Co szczególnie ważne wykorzystanie nasienia buhajów ocenionych na podstawie informacji genetycznej pozwala na pominięcie etapu testowania, co z kolei powoduje skrócenie

do skrócenia odstępu międzypokoleniowego, zwłaszcza na ścieżkach ojciec-syn i matka-syn. W przypadku ojców buhajów odstęp między kolejnymi generacjami zwierząt uległ skróceniu z 7 do mniej niż 2,5 roku, natomiast na ścieżce ojców krów z 4 do blisko 2,5 roku. Różnica selekcyjna dla wydajności mleka pozostała jednak stosunkowo niezmienna, chociaż

Wyk. 1. Relatywny postęp genetyczny dla cech uzyskanych w ciągu ostatnich 5 lat (2011-2016) oraz przed genomiką (2004-2009) – Holsztyn

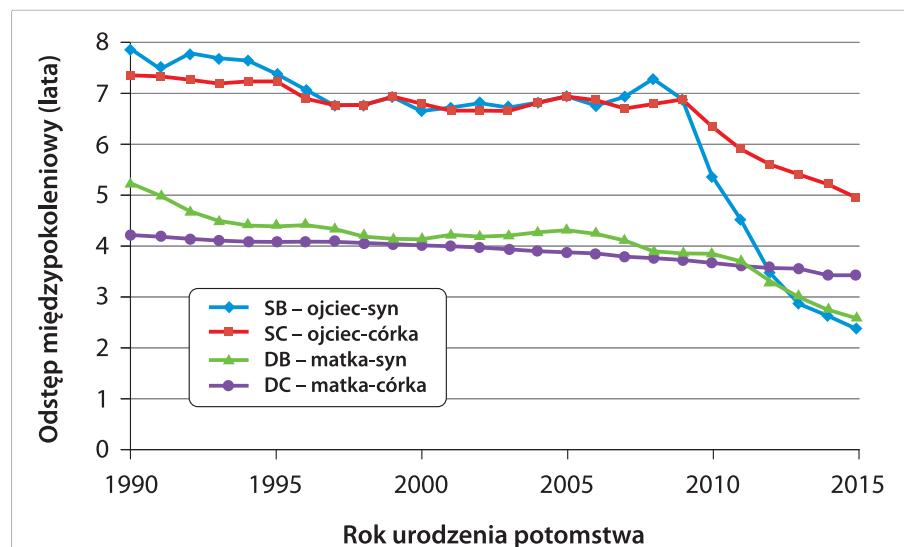


i 10-miesięcznych buhajków, oczywiście przy zastosowaniu zaawansowanych biotechnik rozrodu jak superowulacja, embriotransfer, czy metoda zapłodnienia *in vitro*.

Należy pamiętać o tym, że indeksy genomowe nie opisują bezpośrednio genów i ich efektów. W dużym uproszczeniu, w ujęciu statystycznym wyrażają one wartość markera w odniesieniu do indeksu szacowanego metodą konwencjonalną. Oznacza to, że marker określa wyższość lub niższość zwierzęcia dla danej cechy w stosunku do średniej populacji, nie tłumaczy jednak przyczyn obserwowanych różnic. Oszacowana genomowa wartość hodowlana dla produkcji mleka +1000 kg oznacza potencjał genetyczny tego osobnika do produkcji mleka w odniesieniu do

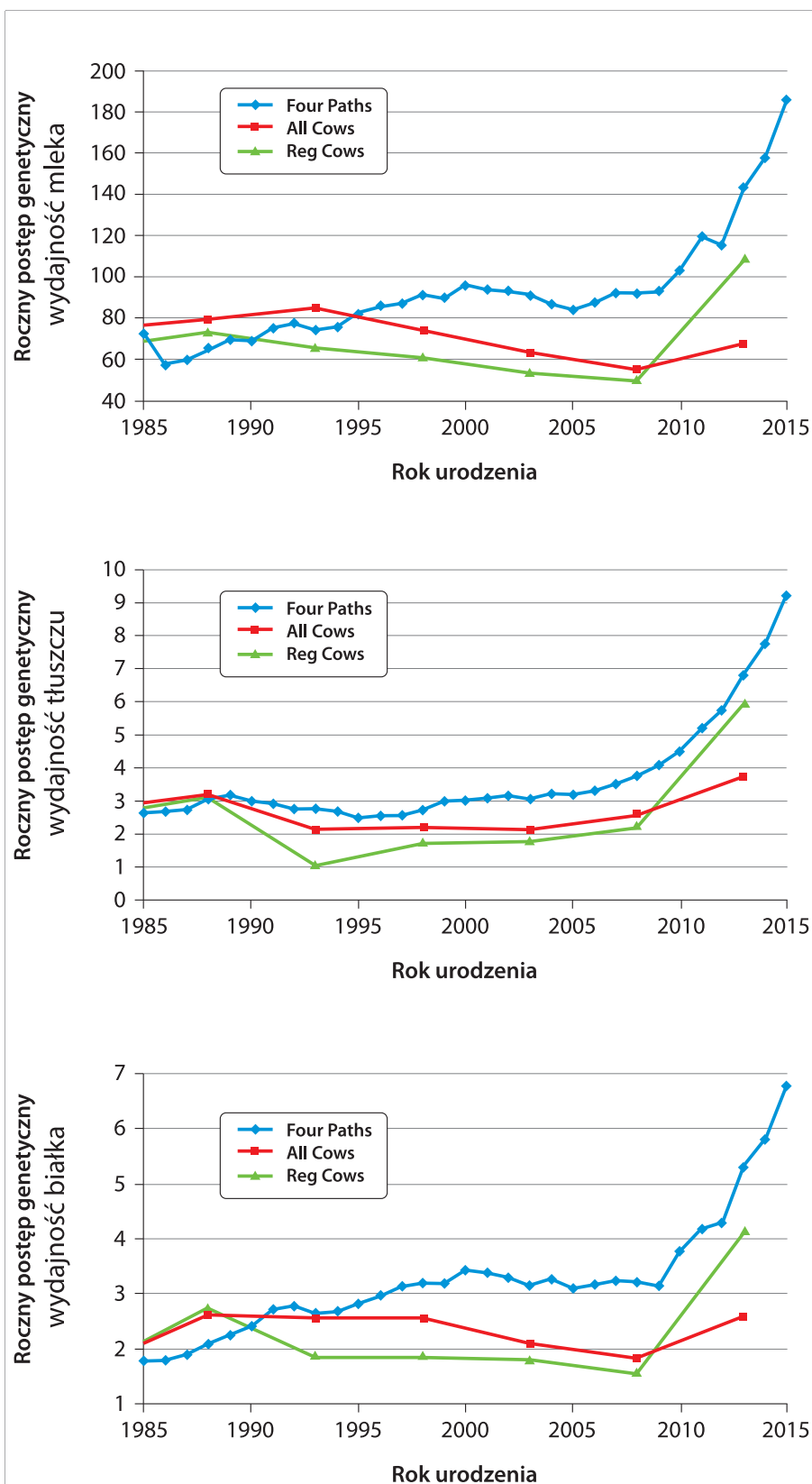
średniej wartości tej cechy w populacji, reprezentowanej przez zbiór danych referencyjnych bez podania przyczyn, z których on wynika.

Wyk. 2. Odstęp międzypokoleniowy dla czterech ścieżek selekcyjnych w zależności od roku urodzenia potomstwa u amerykańskiego bydła holsztyńskiego



Genomowa selekcja buhajów przyczynia się do znacznego przyspieszenia postępu genetycznego zwierząt, pomimo nieco niższej dokładności ich oceny. Dzięki jej zastosowaniu łatwiejsze staje się doskonalenie cech nie tylko tych o średniej czy stosunkowo wysokiej odziedziczalności jak cechy produkcyjne (wydajność mleka, zawartość białka i tłuszczu w mleku), ale również tych trudniej dziedziczących się. Wybór ojców na podstawie znanej wartości genomowej sprzyja doskonaleniu cech związanych ze zdrowotnością czy to wymienia, czy układu ruchu a na uwagę należy mieć, że tylko zdrowe zwierzęta są w stanie w pełni wykorzystać swój potencjał produkcyjny. Przykładem tego są badania wskazujące, że wyższej wydajności mlecznej oraz dłuższego okresu użytkowania można spodziewać się u krów z prawidłowo zbudowanym i zawieszonym wymieniem, a pamiętać należy, że cechy pokrojowe należą do nisko odziedziczalnych. Kolejną ważną grupą cech związanych z produkcją są cechy związane z płodnością, tu należy

Wyk. 3. Roczny postęp genetyczny szacowany na czterech ścieżkach selekcyjnych (Four paths) oraz segmentowej regresji przewidywanej wartości hodowlanej cech w zależności od roku urodzenia wszystkich krów (All Cows) lub podzbioru krów rejestrowanych w krajowych księgach hodowlanych (Reg Cows) w USA



Źródło: www.pnas.org/cgi/doi/10.1073/pnas.1519061113

pamiętać, że każda laktacja zaczyna się od porodu, a z kolei jego przebieg i ewentualne powikłania w okresie okołoporodowym nie są obojętne dla przyszłej wydajności krowy. Aby w ogóle do porodu mogło dojść potrzebne jest najpierw skuteczne zapłodnienie, a selekcja genomowa znajduje również zastosowanie w tym przypadku. W kontekście produkcji mleka nie można zapominać o długości użytkowania krów w stadzie. Chcąc w pełni wykorzystać potencjał produkcyjny, krowa powinna produkować mleko przez cztery laktacje, ale aby mogła być użytkowana przez tak długi czas, musi oprócz znalezienia się w odpowiednim środowisku posiadać odpowiednie geny. Jak wskazano wyżej produkcja mleka zależy od wielu czynników, a dzięki genomowej ocenie buhajów doskonalenie wymienionych cech staje się łatwiejsze. Ponadto indeksy selekcyjne w wielu krajach rozbudowywane są o nowe cechy (odporność na choroby, szybkość oddawania mleka, temperament, itd.), a na znaczeniu coraz bardziej zyskują cechy funkcjonalne. Dodatkowo połączenie właściwej selekcji buhajów z doбором jałówek w oparciu o ich genomową ocenę wartości hodowlanej powoduje, że postęp hodowlany uzyskiwany przy takim połączeniu ulega podwojeniu. Doskonałym przykładem korzyści wynikających z zastosowania genomiki są wyniki badań kanadyjskich. W wyniku zastosowania genomowej metody selekcji buhajów wydajności białka w ciągu pięciu lat wzrosła dwukrotnie, porównując wyniki sprzed i po wprowadzeniu genomiki do użytkowania bydła. Przed erą genomiczną wzrost wydajności białka wynosił 11,8 kg, czyli 2,4 kg rocznie, natomiast po



wprowadzeniu oceny i selekcji w oparciu o genom w ciągu pięciu lat (2011-2016) wydajność białka wzrosła o 24 kg czy 4,8 kg rocznie. Wyniki tej analizy wskazują również, że w przypadku krów utrzymywanych w stadach o przeciętnym poziomie zarządzania można spodziewać się średniego rocznego wzrostu wydajności w 305-dniowej laktacji o mniej więcej 5 kg. Podobne zależności zostały stwierdzone

w odniesieniu do cech pokrojowych i funkcjonalnych, w związku z czym u dzisiejszych krów możemy spodziewać się dłuższego ich użytkowania ze względu na poprawę cech związanych z płodnością czy odpornością na choroby.

Podsumowując należy stwierdzić, że wprowadzenie do codziennej pracy oceny i selekcji zwierząt na podstawie budowy ich DNA jest kolejnym istotnym krokiem służą-

cym doskonaleniu zwierząt hodowlanych. Pomimo pewnych wad jak stosunkowo niższa wiarygodność oceny poszczególnych osobników, która w miarę rozwoju tej dziedziny nauki będzie niwelowana, niesie ona ze sobą wiele niepodważalnych korzyści, jak drastyczne obniżenie kosztów związanych z oceną i selekcją zwierząt oraz skrócenie odstępu międzypokoleniowego, który bezpośrednio przekłada się na szybkość postępu odnotowywanego w populacji bydła mlecznego. Ponadto pozwala ona na istotną poprawę cech nisko odziedziczalnych, które w sposób pośredni wpływają na wielkość produkcji zwierząt. Mając na uwadze te zalety warto wykorzystać ją w codziennej pracy w celu uzyskiwania lepszych efektów zarówno hodowlanych, jak i ekonomicznych. ■



Mazowieckie Centrum Hodowli i Rozrodu Zwierząt

Sp. z o.o. w Łowiczu

NOWOŚĆ



INDEX gPF
148

NH SLATAN

DE0770405754
SHEP x BALISTO x SUDAN

- Wysoka produkcja i doskonały skład mleka
- Idealny pokrój
- Świetna budowa i zdrowotność wymienia
- Długowieczne potomstwo

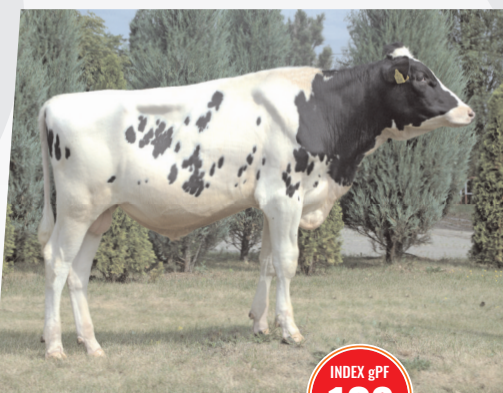


INDEX gPF
143

BROKER ST

PL005406357819
BASTA x MOGUL x SHOTTLE

- Nr 2 wśród polskich buhajów
- Wybitna produkcja mleka
- Doskonała budowa i zdrowotność wymienia
- Długowieczne potomstwo



INDEX gPF
138

DEBO-BOSTON

PL005329808481
BATTLECRY x CHELIOS x BOLTON

- Doskonały pokrój
- Świetna budowa nóg i racic
- Wzorowa budowa i zdrowotność wymienia
- Optymalny skład mleka

Mazowieckie Centrum Hodowli i Rozrodu Zwierząt Sp. z o.o. w Łowiczu

ul. Topolowa 49, 99-400 Łowicz • tel. (46) 830 06 70, tel./fax (46) 830 06 72 • e-mail: sekretariat@mchirz.pl • www.mchirz.pl