

## Praktyczne wykorzystanie oceny genomowej w hodowli bydła mlecznego

Monika Skarwecka 

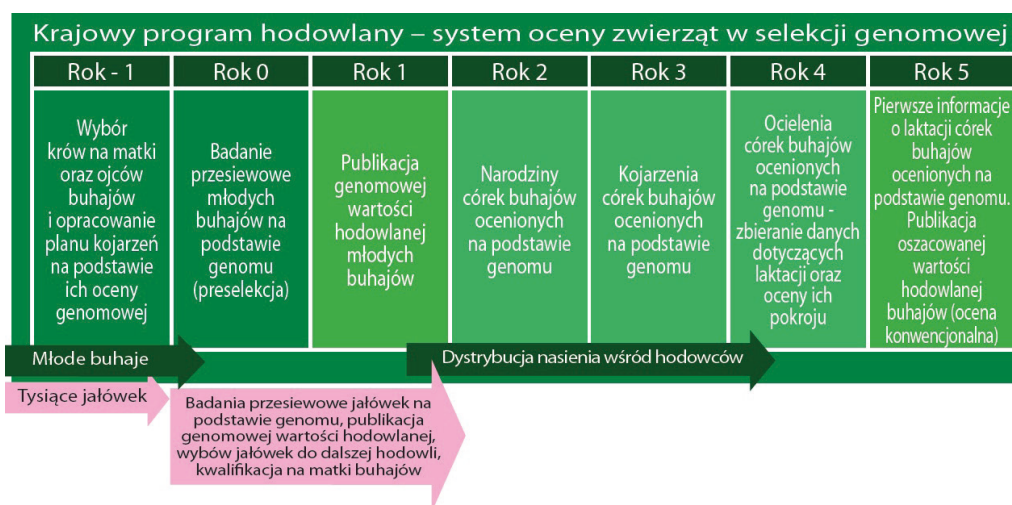
*Instytut Zootechniki Państwowy Instytut Badawczy, Zakład Hodowli Bydła,  
32-083 Balice k. Krakowa*

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. Bardzo kosztowny i długoterminowy system oceny buhajów (ocena na potomstwie) został zastąpiony przez genomową ocenę wartości hodowlanej, którą można wykonać już przed narodzeniem buhajka lub jałówki. W Polsce „tradycyjne” testowanie buhajów, jako element realizacji programów hodowlanych, praktycznie przestało istnieć 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 (min. 10 ocenionych córek). Od wielkości populacji referencyjnej zależy także dokładność genomowej oceny wartości hodowlanej; im większa jest populacja referencyjna, tym dokładniejsza jest ocena wartości hodowlanej. Hodowcy powinni aktywnie uczestniczyć w programie hodowlanym, ponieważ ich decyzje mają wpływ nie tylko na rozwój własnej hodowli (lokalnie), ale również na postęp w rozwoju oceny wartości hodowlanej buhajów (globalnie).

### Wykorzystanie oceny genomowej

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. przeszły istotną zmianę – w Polsce rozpoczęto wówczas realizację założeń selekcji genomowej (rys. 1).

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 Państwowy Instytut Badawczy 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.



Rys. 1. Krajowy program hodowlany – System oceny zwierząt w selekcji genomowej

Fig. 1. National breeding program – Animal evaluation system in genomic selection

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 Zootechniki PIB 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 Instytut Zootechniki 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 konwen-

cyjonalnych 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, gromadzenie danych o potomstwie ocenianego buhaja, itd.). W tradycyjnym systemie 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 wy-

korzystanie 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 doskonałych cech,

istotnych ze względów ekonomicznych i hodowlanych oraz możliwość bardziej precyzyjnego definiowania już doskonałych 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 nie tylko umożliwia ocenę wartości hodowlanej, ale także dostarcza informacji o:

- defektach genetycznych,
- umaszczeniu oraz bezrozności,
- 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, a mikromacierz jest cały czas doskonała (dodawane są nowe SNP umożliwiające identyfikowanie nowo diagnozowanych na świecie defektów genetycznych).

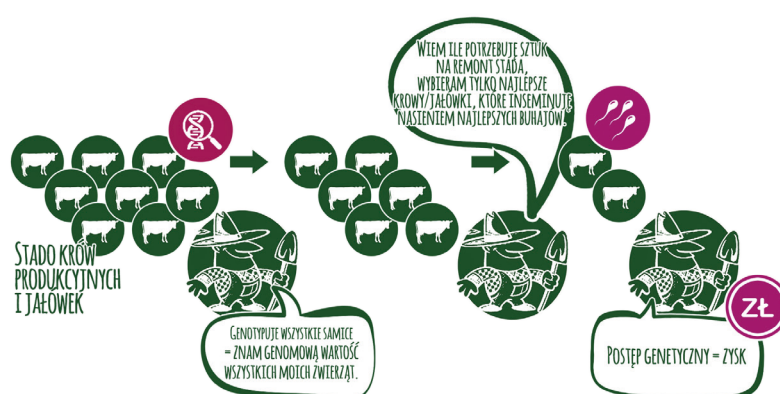


Rys. 2. Dostęp hodowców do oceny wartości hodowlanej jest coraz łatwiejszy  
Fig. 2. Breeders have increasingly easy access to the evaluation of breeding value

Niezależnie od wielkości stada, aby podjąć dobre decyzje hodowca powinien genotypować wszystkie jałówki (całe stado). Tylko wtedy będzie mógł przeprowadzić analizę wszystkich zwierząt i określić słabe oraz mocne strony swojego stada. To umożliwi mu wytyczenie sobie celów, które będą możliwe do realizacji: wybór cech, które wymagają doskonalenia i uzyskanie maksymalnego postępu genetycznego w selekcyjowanych cechach. Indywidualne decyzje w stosunku do każdej sztuki (wybór buhaja, wybór nasienia – seksowane lub konwencjonalne), odważne selekcyjonowanie oraz wiara, że to działa i opłaca się – to klucz do sukcesu.

Dostęp do oceny jest coraz łatwiejszy (rys. 2), a liczba zwierząt zgłaszanych w Polsce do oceny systematycznie wzrasta – z około 500 samic zgłoszonych w 2012 r. do ponad 9000 ocenionych w 2018. 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 można poddać selekcji 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 obniżane z roku na rok. Im więcej zwierząt będzie zgłaszanych do oceny, tym większa liczba danych będzie w systemie informatycznym, a tym samym zmniejszone będą 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 się powiększać o wartościowe osobniki, co z kolei będzie sprzyjać większej stabilności oceny.



Rys. 3. Stabilność oceny wartości hodowlanej zachętą dla hodowców  
 Fig. 3. Stability of breeding value evaluation provides an incentive for breeders

### Podsumowanie

Warto korzystać z możliwości, jakie daje ocena genomowa i genotypować wszystkie

jałówki (całe stado). Polski hodowca, tak jak hodowcy na całym świecie, powinien odważnie podejmować decyzje – uwierzyć że to działa!

### **Literatura**

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

## **PRACTICAL IMPLEMENTATION OF GENOMIC EVALUATION IN DAIRY CATTLE BREEDING**

### **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 colour 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