

# Selekcja genomowa – rewolucja w hodowli

Aleksander  
**Osten-Sacken**  
Holenderska Genetyka  
Plus sp. z o.o.



Selekcja genomowa jest obecnie najpopularniejszym tematem w świecie hodowli, gdzie uznawana jest za najważniejsze osiągnięcie od czasu wprowadzenia szacowania wartości hodowlanej.

Selekcja genomowa to prawdziwy przełom w metodach prac hodowlanych i oceny zwierząt, dając nieprawdopodobne możliwości przyspieszenia postępu. W ślad za tym w najbliższej przyszłości radykalnym zmianom ulegną też programy hodowlane, co w kilku krajach zostało już zapoczątkowane.

Informacja genetyczna na temat zwierzęcia „zmagazynowana” jest w DNA, które podzielone jest na chromosomy, a wszystkie chromosomy razem stanowią genom. U bydła występuje 29 chromosomów, będących nośnikami około 30 tysięcy genów. W każdym z genów występują dwie połowki (allele) – jeden pochodzący od matki i jeden od ojca.

Cielę otrzymuje po połowie genów od każdego ze swoich rodziców, ale zawsze w innej kombinacji. To powoduje, że każdy potomek jest wyjątkowy i praktycznie nie ma możliwości wystąpienia w populacji dwóch takich samych zwierząt. Dla hodowców ważnym pytaniem jest, które konkretne geny odziedziczyło cielę po rodzicach. Uzyskaniu odpowiedzi na to pytanie służy obecnie skomplikowany, długotrwały i bardzo kosztowny system wyceny buhajów. Selekcja genomowa ma tę sytuację radykalnie zmienić.

## Co to jest selekcja?

Selekcja genomowa to selekcja na bazie markerów genetycznych – są to niewielkie części DNA informujące o tym, jakie określone cechy posiada zwierzę. Markery leżące w pobliżu określonych genów dziedziczą się wraz z nimi i dzięki temu pozwalają na ich identyfikację. Selekcja genomowa, wykorzystująca obecnie wiele tysięcy markerów, pozwala stwierdzić jakie geny – „dobre” czy „złe” – otrzymało zwierzę od rodziców. Dzięki temu decyzję hodowlaną o jego wyborze do dalszej hodowli lub wybrakowaniu na rzeź można podjąć praktycznie już w kilka dni po urodzeniu.

Aktualnie do oceny wartości hodowlanej buhaja konieczne jest uzyskanie informacji pochodzących od co najmniej kilkudziesięciu jego córek – pozwala to, z mniejszym lub większym prawdopodobieństwem, określić, jakie cechy przekazuje on na potomstwo. Metoda ta sprawdza się dobrze (nie licząc kosztów i czasu oczekiwania) w stosunku do cech produkcyjnych i eksterierowych, jest natomiast zdecydowanie mniej dokładna jeśli chodzi o nisko odziedziczalne cechy funkcjonalne takie, jak: płodność, zdrowotność wymion i długowieczność. Wiarygodne indeksy dla tych cech wymagają informacji od co najmniej 100 córek z dłuższego okresu czasu.

Informacja markerowa daje wystarczająco wiarygodne indeksy już dla młodych zwierząt, pozwala też znacząco poprawić wiarygodność wyceny u buhajów ocenianych tradycyjnie.

## Bez manipulacji genetycznej

Bardzo ważny jest fakt, że zwierzęta oceniane genomowo nie są w żaden sposób manipulowane genetycznie, a użycie selekcji markerowej nie ma wpływu na przekazywane przez nie geny. Markery są tylko narzędziem na wczesnym etapie selekcji; pozwalają też zwiększyć wiarygodność wyceny poszczególnych cech, ocenianych w sposób konwencjonalny. Źródłem postępu genetycznego pozostaje nadal naturalna zmienność genetyczna w populacji i nie ma tu mowy o żadnej ingerencji w genom zwierzęcia czy tzw. inżynierii genetycznej. Jedyną ingerencją w integralność zwierzęcia jest pobranie próbki krwi lub włosa, będących materiałem biologicznym do określenia jego genomu i poszczególnych markerów genetycznych, a w ślad za tym jego prawdziwej wartości hodowlanej.

## Prawdziwa rewolucja

Zastosowanie markerów genetycznych w praktyce spowoduje prawdziwą rewolucję w hodowli bydła,



a w ciągu najbliższych 10 lat należy spodziewać się w tym zakresie radykalnych zmian. Obecny drogi system testowania buhajów i ich wyceny może przejść do historii. Trudno wyrokować jak szybko będzie zmieniać się sytuacja w tym zakresie, jednak już obecnie selekcja genomowa daje olbrzymie możliwości – pozwala ocenić potencjał genetyczny byczka bezpośrednio po urodzeniu, a w przypadku buhajów wycenionych w tradycyjnym systemie zwiększyć wiarygodność tej wyceny. Ale selekcja genomowa daje też inne możliwości, a to m.in.:

■ dużo precyzyjniejszy wybór matek buhajów. Aktualnie odbywa się on na podstawie indeksów rodowodowych

■ pełniejszą i wiarygodniejszą wycenę buhajów wybieranych na ojców przyszłych pokoleń rozplodników na podstawie konwencjonalnej oceny na potomstwie. Ojcami buhajów będą więc mogły zostać byki młodsze, co jest kolejnym elementem postępu;

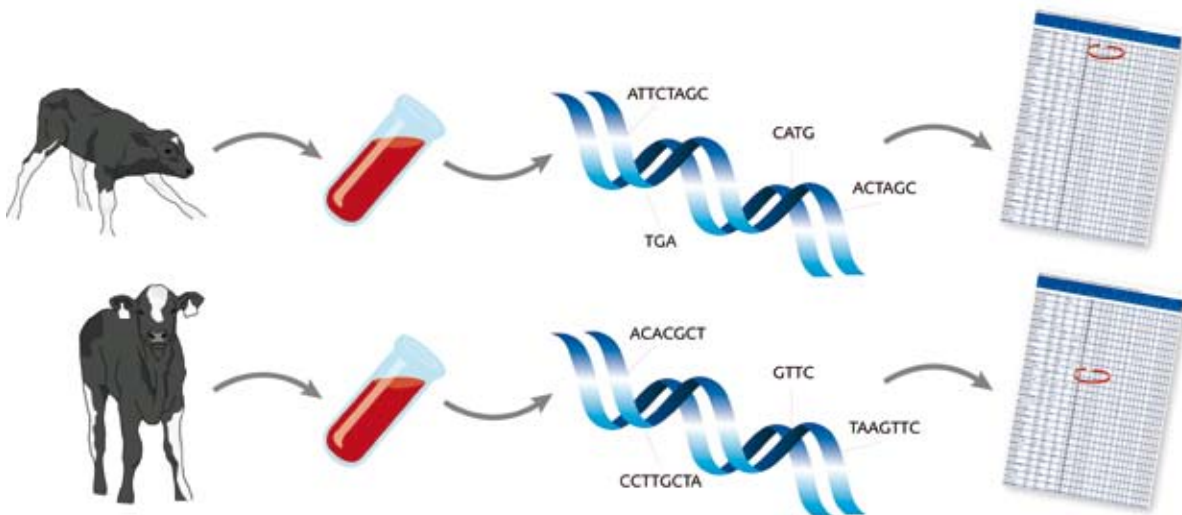
■ niektóre organizacje hodowlane planują też wykorzystanie najlepszych młodych byków, posiadających tylko ocenę genomową, jako ojców rozplodników następnej generacji. Skróci to odstęp międzypokoleniowy o kilka lat;

■ w przyszłości można spodziewać się wykorzystywania osiągnięć selekcji genomowej także w pracach ho-

plynące z selekcji genomowej można stwierdzić, że postęp genetyczny, w zależności od realizowanego w poszczególnych krajach programu hodowlanego, wzrośnie o 35-50%. Jest to ogromne przyspieszenie, które pozwoli dużo lepiej i wiarygodniej doskonalić poszczególne cechy w ramach krajowych populacji bydła i w pojedynczych stadach krów.

### Przełomowy rok

Rokiem przełomowym, jeśli chodzi o selekcję genomową, był rok 2006, kiedy to skonstruowano tzw. chipy (czipy) DNA – pozwalają one na kompleksowe scharakteryzowanie struktury genetycznej zwierząt, bez



**Analiza DNA cieląt pozwala wybrać najlepsze z nich już w wieku kilku dni.**

krów (dających tylko 35% wiarygodności w stosunku do ich faktycznej wartości) w połączeniu z oceną eksterieru. Ocena markerowa pozwoli na eliminację krów, które mimo wysokich indeksów i wybitnego eksterieru nie przedstawiają żadnej wartości z punktu widzenia realizacji programu hodowlanego;

■ sięgnięcie do nowych rodzin krów, dzięki czemu do hodowli będą mogły być wprowadzone nowe linie krwi. Oznacza to spowolnienie tempa wzrostu inbredu w populacji bydła mlecznego, co zaczyna być w wielu krajach jednym z ważniejszych problemów hodowlanych;

dowlanych na poziomie poszczególnych stad. Pozwoli to wybrać na remont takie jałowice, które przedstawiają prawdziwą wartość hodowlaną, a nie tylko te, które prezentują się najlepiej. Obecnie barierą jest tutaj cena – około 200 euro za badanie, ale w najbliższych latach obniży się ona kilkakrotnie do przystępnej wysokości. Selekcja genomowa na poziomie stada stanie się więc ekonomicznie uzasadniona – dużo większym kosztem jest przecież wprowadzanie na remont „złych” jałówek i pozyskiwanie od nich potomstwa, nie spełniającego naszych oczekiwań. Podsumowując korzyści

konieczności korzystania z wyników oceny potomstwa. Aktualnie w kilku krajach na świecie trwają intensywne prace nad wykorzystaniem informacji genomowej w praktyce hodowlanej: najdalej zaawansowane są prace w USA, Kanadzie i Francji (prowadzących jeden wspólny program badawczy), a równolegle w Holandii, która przez kilka poprzednich lat wyprzedzała konkurencję. Na koniec 2008 r. korzystano już z blisko 60.000 markerów, a w najbliższym czasie spodziewane jest zidentyfikowanie kolejnych kilkudziesięciu tysięcy – ich liczba osiągnie więc niebawem 100 tysięcy.

Holenderska organizacja hodowlana CRV/Holland Genetics inwestuje w badania związane z selekcją genomową i markerami genetycznymi już od 1994 roku, a w praktyce stosuje ją począwszy od roku 2006. Pozwala to znacząco ograniczyć liczbę testowanych buhajów dzięki wyborowi do oceny na potomstwie tylko najlepszych z nich – liczba ta zmniejszyła się z 413 w 2005 r. do 255 w roku 2008. Kolejnym przełomowym krokiem w realizacji programu hodowlanego w Holandii było wprowadzenie od 1 września 2008 r. zasady wstępnej preselekcji przy użyciu markerów genetycznych w stosunku do wszystkich buhajów kierowanych do testowania na potomstwie.

Począwszy od 1 czerwca 2008 r. CRV/Holland Genetics wprowadziło na rynek ofertę nasienia od młodych buhajów w wieku powyżej 12 miesięcy życia (w przypadku buhajów wycenianych tradycyjnie na potomstwie wiek uzyskania statusu buhaja wycenionego to około 5 lat), których wycena opiera się wyłącznie na informacji pochodzącej z selekcji genomowej – buhaje te oznaczone zostały nazwą handlową InSire. Do tej elitarniej grupy mogą zostać wprowadzone tylko rozplodniki z najwyższym potencjałem genetycznym, co gwarantuje szybki postęp hodowlany w stadach korzystających z ich nasienia. Wiarygodność wyceny poszczególnych buhajów

InSire nie jest jeszcze tak wysoka jak buhajów wycenionych metodą tradycyjną i wynosi dla poszczególnych cech w granicach 50 do 60 procent – z tego około 35% pochodzi z informacji rodowodowej rodziców, a co najmniej 15% daje dodatkowo informacja markerowa. Te 15% dodatkowej wiarygodności będzie wzrastać w miarę powiększania się ilości oznaczonych i dostępnych markerów.

Sposobem na poprawę wiarygodności buhajów InSire jest sprzedaż ich nasienia w pakietach po 6 różnych rozplodników, pogrupowanych według przekazywania na córki określonego zespołu cech. Szacuje się, że dzięki sprzedaży w pakietach wiarygodność tych 6 buhajów, traktowanych jako zespół, wzrośnie do około 90%, co jest wartością porównywalną z wartościami uzyskiwanymi przez buhaje wycenione. Nasienie buhajów InSire oferowane jest m.in. na rynek holenderski, bardzo otwarty na niosące postęp nowości. Poza tym tamtejsi farmerzy darzą olbrzymim zaufaniem swoją organizację hodowlaną, realizującą w Holandii program genetycznego doskonalenia bydła mlecznego, co sprzyja wprowadzaniu nowych produktów na rynek.

Ze względu na przepisy obowiązujące w Polsce nasienie buhajów wycenionych tylko na podstawie selekcji genomowej, niezależnie od kraju jego pochodzenia, nie jest do-

puszczone do obrotu. Uniemożliwia to polskim hodowcom korzystanie z najnowszych osiągnięć genetyki światowej, oferującej produkt doskonałej jakości za przystępną cenę (cena taka jest możliwa dzięki obniżce kosztów, wynikającej z rezygnacji z wyceny buhaja na potomstwie). Wypada tylko mieć nadzieję, że te nieżyciowe przepisy ulegną w najbliższym czasie zmianie. Szacuje się, że za 10 lat w wiodących krajach na świecie aż 90% nasienia oferowanego do inseminacji będzie pochodziło od młodych buhajów wycenionych genomowo. Było by więc bardzo niedobrze gdyby Polska, wskutek złe rozumianego interesu „polskiej hodowli”, po raz kolejny znalazła się za burtą głównego nurtu hodowlanego na świecie.

Aktualnie CRV/Holland Genetics oferuje następujący wybór „sześciopaków”, w których sprzedaje się po 10 porcji nasienia pochodzącego od 6. różnych buhajów:

- długowieczność i zdrowie,
- mleko i pokrój,
- zdrowie i płodność,
- witalność i zdrowie,
- skład mleka,
- wymiona oraz nogi i racice.

Każdy hodowca zgodnie z potrzebami swojego stada i realizowanym programem jego doskonalenia może wybrać sobie dowolny pakiet buhajów które reprezentują naprawdę wysoki poziom genetyczny. Dla przykładu: średnia wartość długowieczności dla buhajów z pierwszego pakietu to 469 dni, średnia przewaga w mleku dla buhajów z drugiego pakietu +1643 kg, a średnie wartości dla buhajów z ostatniego pakietu to dla wymion 111, dla nóg i racic 108 oraz 113 dla oceny ogólnej (wartości podano w skali holenderskiej, w której odchylenie standardowe wynosi 4, a górna zakładana granica skali to zasadniczo 112). W pakiecie „Witalność i zdrowie” głównym celem jest poprawa żywotności i zdrowia cieląt.

Precyzję i zastosowanie selekcji genomowej w praktyce warto przedstawić na dwóch niezależnych przykładach – tabele obok.

przykład 1. przedstawia spodziewaną przewagę hodowlaną buhaja dla kg białka, szacowaną różnymi metodami

nazwa buhaja	wartość wstępna – rodowodowa	wartość genomowa	wartość ostateczna po wycenie na potomstwie
N. Sneeky	5,3 kg	23,7 kg	29,0 kg
N. Ricky	14,2 kg	8,6 kg	7,0 kg

przykład 2. pełni bracia (tj. po tej samej parze rodziców) Etazon Addison i Etazon Slogan, obaj urodzeni w 1994 r., w czasie testowania mieli taki sam indeks rodowodowy. Ich aktualną wycenę pokazano poniżej

nazwa buhaja	kg mleka	% tłuszczu	% białka
E. Addison	+ 2012	- 0,86	- 0,26
E. Slogan	- 17	+ 0,17	+ 0,12





**Dzięki selekcji genomowej w niektórych krajach młode buhaje w wieku 12-14 miesięcy mogą być wykorzystywane w masowej inseminacji na równi z buhajami wycenionymi.**

W przypadku obu buhajów wartość hodowlana wyszacowana z pomocą selekcji genomowej jest dużo bliższa ostatecznej wycenie na potomstwie, niż wycena rodowodowa, dająca tylko 35% wiarygodności wyniku.

Nawet w przypadku buhajów o tym samym pochodzeniu i takiej samej wartości indeksu rodowodowego selekcja genomowa już u kilkudniowego cielęcia potrafi dać odpowiedź na pytanie, który z nich będzie uznany za „mleczarza”, a który za buhaja przekazującego dobry skład mleka. Przykład ten poza tym doskonale obrazuje fakt, że po tym samym ojcu buhajów, a nawet po tej samej parze rodzicielskiej, w skrajnych przypadkach możemy uzyskać dwa diametralnie różniące się od siebie osobniki. Może to być ważna nauka dla tych hodowców, którzy wybierając buhaja dla swojego stada kierują się w dużej mierze pochodzeniem, nie zwracając należytej uwagi na jego faktyczną wartość.

Obecnie selekcja genomowa wykorzystywana jest przede wszystkim do wstępnej oceny wartości hodowlanej młodych cieląt – buhajków i dopuszczania do udziału w programie hodowlanym tylko najlepszych z nich. Jednak w perspektywie 10-15 lat poprawa wiarygodności i upowszechnienie jej wyników może doprowadzić do rezygnacji z wyceny buhajów na potomstwie lub przynajmniej do drastycznego jej ograniczenia. Znikną wówczas określenia buhaje „testowe”, „niewycenione” czy „wyczekujące”, gdyż młody 12. miesięczny buhaj, którego wartość oszacowano z pomocą selekcji genomowej, uzyska od razu status buhaja wycenionego. Warunkiem, by mogło to zafunkcjonować, jest istnienie tzw. populacji referencyjnej, umożliwiającej ocenę wartości każdego oddzielnego markera genetycznego. Populacja taka powinna liczyć co najmniej 1000 buhajów, posiadających pełną wycenę hodowlaną, uwzględniającą

informacje pochodzące od ich córek. Wszystkie te buhaje muszą posiadać też pełną informację genomową, obejmującą wszystkie znane markery (aktualnie ok. 60 tysięcy). Przy obecnej intensyfikacji prac nad wdrożeniem wyników selekcji genomowej do praktyki warunek ten nie powinien stanowić ograniczenia.

Na uwagę zasługuje fakt, że również w Polsce powstała inicjatywa wykorzystania markerów genetycznych w celu określenia genomowej wartości hodowlanej buhajów. Prace takie odbywają się na Uniwersytecie Warmińsko-Mazurskim w Olsztynie we współpracy z Uniwersytetem Przyrodniczym we Wrocławiu i Instytutem Zootechniki w Balicach, a całości patronuje Stacja Hodowli i Unasienniania Zwierząt w Bydgoszczy. Jest to niewątpliwie inicjatywa bardzo cenna, lecz na wdrożenie wyników badań do praktyki potrzebne będą znaczne środki finansowe, co stanowić może poważną przeszkodę i utrudnienie. ■