



# Selekcja genomowa w programach hodowlanych

Aleksander  
Osten-Sacken\*



Selekcja zwierząt na podstawie oceny genomu stosowana jest obecnie we wszystkich liczących się programach hodowlanych na całym świecie.

Dzięki selekcji genomowej organizacjom realizującym programy hodowlane dużo łatwiej znaleźć osobniki o najwyższej wartości, a odrzucić te, które ze względu na odziedziczony garnitur genów nie rokują najlepiej. Efektem tego jest ostrzejsza, dużo wcześniejsza selekcja. Natomiast do dalszej hodowli przechodzą tylko zwierzęta najlepsze z najlepszych, z potwierdzoną genomowo wartością hodowlaną.

## Większa powtarzalność

Od momentu wprowadzenia do praktyki selekcji genomowej przed kilkoma laty, metoda ta nieustannie się rozwija. Ogromny postęp w wiarygodności wyceny uzyskano dzięki połączeniu baz referencyjnych buhajów z kilku wiodących krajów europejskich (Francja, Holandia, Niemcy, kraje skandynawskie – Dania, Szwecja i Finlandia, reprezentowane przez jedną organizację

hodowlaną Viking Genetics) we wspólny program pod nazwą Euro-genomics. W 2011 roku przystąpiła do tego programu Hiszpania, a w końcu 2012 roku także Polska.

Obecnie populacja referencyjna Euro-genomics liczy ponad 25 000 buhajów o wiarygodnie wycenionej wartości hodowlanej w oparciu o ocenę ich potomstwa, a jednocześnie mających wycenę na podstawie genomu. Tak duża baza referencyjna pozwala wiarygodnie oceniać genomowo młode

zwierzęta z dużo większą dokładnością niż było to możliwe na podstawie analizy rodowodowej. I tak, dla cech produkcyjnych i pokrojowych wiarygodność (powtarzalność) wyceny genomowej wynosi obecnie 70-75%, co metodą tradycyjną osiągnano na podstawie oceny około 40 córek. Jeszcze większy skok uzyskano w odniesieniu do niskoodziedzicznych cech związanych ze zdrowiem i długowiecznością krów. Wprawdzie tutaj wiarygodność wyceny genomowej

■ Wycena genomowa jałowki mówi nam tyle samo, co informacje zebrane podczas co najmniej trzech jej przyszłych laktacji.

wej jest niższa i wynosi 60-65%, to jednak trzeba pamiętać, że do wiarygodnej wyceny tej grupy cech tradycyjną metodą potrzebnych jest minimum 100 córek.

### Wybierają selekcję genomową

Wpływ selekcji genomowej na realizację programów doskonalenia bydła mlecznego w różnych krajach przedstawiono w tabeli, biorąc pod uwagę kilka elementów. Jak widać

Wpływ selekcji genomowej na realizację programów hodowlanych w różnych krajach i w różnych firmach

	Firma	Kraje	2008	2013	2018
Liczba buhajów oczekujących na tradycyjną wycenę wartości hodowlanej córek	Evolution CRV WEU Select Sires Viking Genetics	Francja Holandia Niemcy USA kraje skandynawskie	350 260 57 310 350	100 140 25-30 275 175	100 80 b.d. 270 175
Liczba sprawdzanych genomowo matek buhajów	Evolution CRV WEU Select Sires Viking Genetics	Francja Holandia Niemcy USA kraje skandynawskie	b.d. 1000 200 1000 500	3200 4000 1000 3000 2500	3200 6000 b.d. 3000 tysiące*
Liczba sprawdzanych genomowo cieląt – byczków	Evolution CRV WEU Select Sires Viking Genetics	Francja Holandia Niemcy USA kraje skandynawskie	b.d. 400 b.d. b.d. b.d.	3000 2500 b.d. b.d. b.d.	3000 4000 b.d. b.d. b.d.
% buhajów z wyceną genomową wśród ojców buhajów	Evolution CRV WEU Select Sires Viking Genetics	Francja Holandia Niemcy USA kraje skandynawskie	0 5 b.d. 20 0	85-90 80 90 80 80	95 95 90-95 80 80
% jałówek wśród matek buhajów (wzrost dzięki zastosowaniu oceny genomowej)	Evolution CRV WEU Select Sires Viking Genetics	Francja Holandia Niemcy USA kraje skandynawskie	40 30 20 30 35	80 50 95 80 75	90 70 b.d. 80 85

b.d. – brak danych

\* Viking Genetics spodziewa się, że w najbliższej przyszłości farmerzy będą szeroko wykorzystywać ocenę genomową w celu identyfikacji najlepszego materiału żeńskiego w swoich stadach. Wykrycie przy tej okazji potencjalnych matek buhajów będzie niejako „produktem ubocznym”.

na pierwszej pozycji liczba buhajów testowych, oczekujących na tradycyjną wycenę córek, systematycznie maleje. Jednocześnie (pozycja ostatnia w tabeli) wzrasta szybko udział w rynku nasienia młodych buhajów, mających tylko wycenę genomową – we Francji w 2018 r. może on osiągnąć nawet 90%. Dlatego

można sądzić, że w perspektywie najbliższych lat niektóre organizacje hodowlane zrezygnują całkowicie z testowania buhajków na córkach, gdyż jest to metoda zbyt kosztowna i czasochłonna.

Sprawdzanie genomowe byczków przed zakwalifikowaniem ich do programu hodowlanego pozwa-

■ Dokładność wyceny samic przy wyborze ich jako matek przyszłych pokoleń zrównała się z dokładnością wyceny buhajków, co ma ogromne znaczenie dla realizacji programów hodowlanych i szybkości uzyskiwanego na tej drodze postępu.



**Na całym świecie odsetek buhajów „genomowych” wśród ojców kolejnych pokoleń rozplodników wzrasta lawinowo.**

ła kilkakrotnie zwiększyć ostrość wstępnej selekcji. Jest to możliwe dzięki temu, że zastosowanie genomiki pozwala sięgnąć do szerszej populacji zwierząt, mających potencjalne szanse na wzięcie udziału w realizacji tych programów, a także oszacowanie ich wartości. Na przykład firma CRV/Holland Genetics ocenia co roku genomowo około 8000 zwierząt (samców i samic). Pierwsza selekcja odbywa się oczywiście dużo wcześniej metodami tradycyjnymi – w przypadku krów bierze się pod uwagę rodowód, wyniki produkcyjne i pokrój.

Jak w praktyce przekłada się to na ostrość selekcji i wyboru najlepszych z najlepszych, można pokazać na przykładzie CRV/Holland Genetics. W 2012 r. narodziło się ponad 2100 byczków z kojarzeń dla programu hodowlanego (w 2013 r. będzie to 2500 szt. – patrz tabela, pozycja trzecia), z których ostatecznie po ocenie genomowej do testu na córkach skierowano 140 (100 czarno-białych i 40 czwono-białych). Daje to wskaźnik selekcji 1:15. A przed wprowadzeniem wstępnej selekcji genomowej w 2007 r. do testu kierowano rocznie 200-250 byków spośród

wytypowanych 500, wskaźnik selekcji wynosił więc 1:2,0-2,5. Dzięki bardziej rygorystycznej i rzetelnej selekcji, a także około dwukrotnie wyższej wiarygodności wstępnej wyceny zwierząt (wycena rodowodowa dawała tylko 35% wiarygodności), istnieje o wiele mniejsze ryzyko rozczarowań lub niepowodzeń przy wykorzystaniu byków testowych w przyszłości. Poza tym obecnie z grupy buhajków testowych najlepiej rokujące w wieku 12-14 miesięcy wstawiane są do oferty komercyjnej jako wycenione genomowo buhaje hodowlane; rocznie dotyczy to 10-12 zwierząt.

Dzięki genomice ogromny postęp uzyskano również w wiarygodności wyceny faktycznej wartości samic. Wycena genomowa zwierzęcia mówi nam teraz tyle samo, co informacje zebrane podczas co

najmniej trzech laktacji krowy. Dlatego dokładność wyceny samic przy wyborze ich jako matek przyszłych pokoleń zrównała się z dokładnością wyceny buhajków, co ma ogromne znaczenie dla realizacji programów hodowlanych i szybkości uzyskiwanego na tej drodze postępu. Efekty tego widać w tabeli na pozycji piątej – bardzo szybko wzrasta procent udziału jałówek wśród matek buhajów, sięgając nawet 90-95%. Pozwala to na radykalne zmniejszenie odstępu międzypokoleniowego również po stronie samic, a także sięgnięcie do młodych, często lepszych zwierząt.

### **Genomowe matki**

Liczba sprawdzanych genomowo matek buhajów systematycznie rośnie i tendencja ta będzie w przyszłości utrzymana, co pokazano

## **Tylko najlepsi dostają szansę**

Chcąc zilustrować wartość selekcji genomowej dla programu hodowlanego CRV/Holland Genetics, ekspert ds. hodowli Pieter van Goor podaje kilka przykładów. CRV posiadała siedmiu pełnych braci, synów buhaja Epic i krowy Delta Riant, z których tylko jeden miał być użyty do celów hodowlanych. Oczekiwana wartość wszystkich siedmiu byczków wynosiła 214 NVI, jednak po wycenie genomowej okazało się, że ich szacowana w ten sposób wartość hodowlana wahała się pomiędzy 189 a 263 NVI. Ostatecznie zakwalifikowany został Delta Saxobeat z wynikiem 263 NVI. Inny przykład dotyczył synów znanego również w Polsce buhaja Woudhoeve Impuls – CRV miała do dyspozycji 120 jego synów. Po selekcji genomowej ośmiu z nich zostało zakwalifikowanych do programu ze średnią NVI 233. Pozostałych 112 synów miało genomową średnią wartość hodowlaną 176 NVI. Synem Impulsa o najwyższej wartości jest HBC Gabriel z NVI równym 284 – to 75 punktów więcej niż jego początkowa wartość oczekiwana.

■ Sprawdzenie genomowe byczków przed zakwalifikowaniem ich do programu hodowlanego pozwala kilkakrotnie zwiększyć ostrość wstępnej selekcji. Jest to możliwe dzięki temu, że zastosowanie genomiki pozwala sięgnąć do szerszej populacji zwierząt, mających potencjalne szanse na wzięcie udziału w realizacji tych programów, a także oszacowanie ich wartości.

w tabeli na pozycji drugiej. Pozwala to wciągnąć do realizacji programów nowe, wartościowe rodziny krów, a tym samym powiększyć pulę genetyczną i zmienność rodowodową buhajów oferowanych hodowcom, a w konsekwencji zmniejszyć tempo przyrastania spokrewnienia (inbredu) w stadach.

Jako przykład zastosowania selekcji genomowej w rutynowej już, codziennej pracy hodowlanej Pieter van Goor, ekspert do spraw hodowli w firmie CRV, podaje potomstwo buhaja Paramount. Z prawie 35 000 jego córek, będących w laktacji, sprawdzono genomowo najlepsze pod względem rodowodu i użytkowości 223 krowy.

Z tej grupy wybrano następnie 31 zwierząt – matki buhajów – do holenderskiego programu hodowlanego. To pokazuje, jak selekcja genomowa pozwala radykalnie zwiększyć jej ostrość i wybrać do hodowli naprawdę najlepsze krowy.

Zastosowanie osiągnięć genomiki w hodowli zrewolucjonizowało dotychczasowe metody realizacji programów hodowlanych. Efektem tego jest wzrost szybkości postępu hodowlanego o co najmniej 50% w porównaniu z epoką sprzed wprowadzenia jej do praktyki, a więc w ciągu zaledwie 5 lat.



Bardzo ważnym osiągnięciem jest również możliwość określenia z dużym prawdopodobieństwem, jakie cechy (np. wysoką wydajność mleka czy wysoki procent białka i tłuszczu) będzie przekazywał każdy z wytypowanych do programu młodych buhajków. Pozwoli to organizacjom hodowlanym przygotować pakiety buhajów na różne rynki (inne są oczekiwania rynku, a więc i hodowców produkujących mleko od krów holsztyńsko-fryzyjskich w Europie, USA czy Nowej Zelandii) czy też dla różnych klientów. W następnym artykule przedstawię zastosowanie osiągnięć genomiki i selekcji genomowej w szerszej praktyce hodowlanej. ■

**\*autor pracuje w firmie  
Holenderska Genetyka  
Plus sp. z o.o.**

**Liza 173 (Fidelity x Paramount) ze względu na wysoką wycenę genomową bardzo wcześnie została wykorzystana w holenderskim programie hodowlanym – spośród sześciu jej synów dwaj zostaną prawdopodobnie użyci jako młode byki genomowe.**