



Córki „genomowego” buhaja Delta Brilliant, który swoją pierwszą wycenę na 207 córkach uzyskał w grudniu 2013 r.

Selekcja genomowa – co niesie przyszłość?

Aleksander
Osten-Sacken*



Każdy hodowca bydła, który używa nasienia buhajów pochodzących z programów hodowlanych wykorzystujących osiągnięcia genomiki, w ciągu następnych kilku lat – świadomie czy nieświadomie – będzie korzystał z rozwoju tej technologii, prowadzącej do przyspieszenia postępu genetycznego.

Pieter van Goor, specjalista ds. genetyki i hodowli, wpływ selekcji genomowej na realizację programu hodowlanego buhajów przedstawia w kilku zdaniach: „Zanim zaczęliśmy korzystać z genomiki, uzyskiwaliśmy roczny postęp genetyczny rzędu 20 punktów indeksu NVI. Obecnie każdego roku ten sam progres wynosi 30 punktów. To przyspiesze-

nie postępu genetycznego o 50% w roku!” A technologia genomowa nadal mocno się rozwija, dlatego w następnych latach postęp będzie wzrastał jeszcze szybciej.

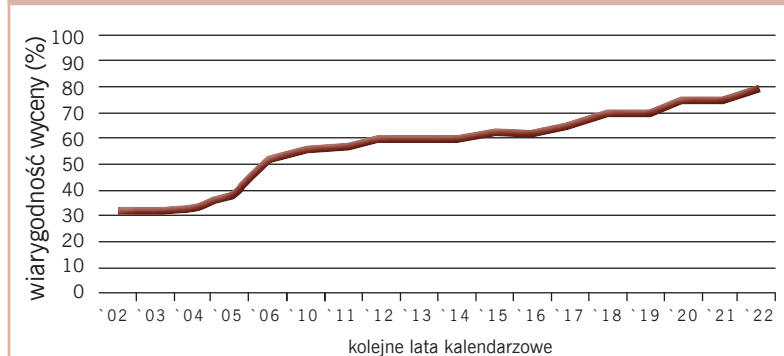
Baza i dokładność

Bardzo ważna jest też wiarygodność oceny hodowlanej zwierząt, uzyskiwana w oparciu o markery

genetyczne – znaczący postęp w tym zakresie można osiągnąć zwiększając populację referencyjną zwierząt, na których wartościach oparte są te oceny. Aktualnie dla kilku krajów europejskich, biorących udział w projekcie Eurogenomics (w październiku 2012 r. przystąpiła do niego także Polska), taką bazą referencyjną jest ponad 25 tysięcy buhajów, posiadających wiarygodne wyceny wartości hodowlanych (tzn. mających wycenę klasyczną na podstawie potomstwa plus wycenę genomową w oparciu o obecność markerów genetycznych w ich genomie). W kolejnych latach ta populacja referencyjna będzie stale się powiększać – będą do niej dochodzić kolejne buhaje, które dziś mają tylko wycenę genomową, a wkrótce uzyskają też wycenę na córkach.

Ale to wszystko byłoby za mało i nie spełnitoby oczekiwań pokładanych przez genetyków i hodowców krów mlecznych w genomice. Dlatego CRV/Holland Genetics rozpoczęła projekt polegający na ocenie genomowej 120-125 tysięcy samic (cieliczek,

Przewidywany wpływ zwiększania bazy referencyjnej zwierząt w kolejnych latach na stopniową poprawę wiarygodności wyceny genomowej



jałowic i krów) w Holandii i Belgii do roku 2017. Uzyskane w ten sposób dane na temat tych zwierząt będą sukcesywnie dodawane do obecnej bazy referencyjnej buhajów, co umożliwi stopniowy wzrost współczynnika wiarygodności wyceny hodowlanej, uzyskiwanej z pomocą genomiki. Ma to fundamentalne znaczenie dla pozyskiwania zaufania hodowców do nowej generacji buhajów, niemających wycenionych córek. Poza tym wzrost wiarygodności wyceny – jak zawsze – zmniejszać będzie ryzyko rolnika, że podejmie on niewłaściwą decyzję hodowlaną przy wyborze buhaja.

Na wykresie przedstawiony został przewidywany wpływ zwiększania bazy referencyjnej zwierząt na wiarygodność wyceny genomowej dla wartości hodowlanej. Obecnie wynosi ona około 60% (dla cech pokrojowych i funkcjonalnych, dla cech produkcyjnych jest o kilka procent większa), a do roku 2018 powinna osiągnąć poziom min. 70%. W cztery lata później, tj. w roku 2022, wiarygodność wyceny hodowlanej szacowana genomowo (tj. bez udziału jakiegokolwiek informacji o córkach, których młody buhaj nie posiada) osiągnie 80%. Proces ten może ulec znacznemu przyspieszeniu, jeśli również w innych krajach, uczestniczących w projekcie Euro-genomics, podjęte zostanie „genomowanie” samic na większą skalę.

Wiarygodność to postęp

Wzrost wiarygodności wyceny „markerowej” w przypadku buhajów ma ogromne znaczenie dla przekazywania postępu hodowlanego do szerokiej populacji krów mlecznych. Wiarygodniejsza wycena pozwala na bardziej rygorystyczną i dokładniejszą selekcję młodych buhajków, a więc odrzucenie części z nich, które przy „rzadszych sitach genetycznych”, a więc z niższym wskaźnikiem wiarygodności wyceny, kwalifikowane są do hodowli. Tym samym będzie to kolejny element przyspieszenia postępu hodowlanego w populacji bydła mlecznego, którego celem jest uzyskanie krów o wyższych niż obecnie możliwościach produkcyjnych, a jednocześnie zdrowych i długowiecznych. Warto dodać, że w krajach o zaawansowanym zastosowaniu zdobyczy genomiki w praktyce, wszystkie buhajki kwalifikowane do hodowli (także te kierowane do klasycznego testowania na córkach) przechodzą wstępną wycenę testem markerów genetycznych. W Holandii taki system preselekcji stosowany jest od 2007 r., a więc już ósmy rok. Na początku dysponowano tylko kilkuset oznaczonymi markerami genetycznymi, a ich liczba stopniowo rosta przez kilka i kilkanaście, do dzisiejszych kilkudziesięciu tysięcy.

Pozyskiwanie nasienia od młodych byków genomowych z przeznaczeniem na sprzedaż rozpoczyna się w wieku 12-14 miesięcy i trwa nieprzerwanie przez następne lata. Dlatego od uzyskania pierwszej wyceny buhaja na córkach ich liczba z każdą kolejną wyceną szybko



Dzięki genomice z grupy młodych zwierząt do dalszej hodowli można wybrać tylko najlepsze.

wzrasta. Dzieje się więc zupełnie inaczej niż przy klasycznym testowaniu, gdzie w początkowym okresie mamy do dyspozycji tylko córki pochodzące z okresu testowania, a na następne musimy czekać kolejne lata po uzyskaniu przez buhaja pozytywnej wyceny i dopuszczeniu jego nasienia do sprzedaży. Dlatego buhaje genomowe po pierwszej wycenie na córkach bardzo szybko uzyskują wysokie wskaźniki wiarygodności. Dzięki temu również one spotykają się z zainteresowaniem tych hodowców, którzy mają większe zaufanie do wyceny wartości hodowlanej na podstawie faktycznej dzielności użytkowej córek. Dobrym przykładem mogą być genomowe byki holenderskie, które pierwszą wycenę na córkach uzyskały w 2013 r. Z wyceny w kwietniu ub.r. są to np. (przy każdym z rozplodników podano aktualną na grudzień 2013 liczbę ocenionych córek/wskaźnik wiarygodności wyceny): Atlantic 512 córek/93%, Ammo 386 córek/92%, Astro 268 córek/93%; z wyceny z sierpnia ub.r. są to np. Gofast 475 córek/91%, Benedict 241 córek/91%, Asterix 263 córki/90%.

Wybór ojców

Selekcja genetyczna znajduje zastosowanie również na wyższym poziomie hodowli, tj. przy wyborze ojców buhajów przyszłych pokoleń rozplodników. Już obecnie duży odsetek wśród ojców buhajów stanowią młode byki genomowe, niemające wyceny na córkach – w krajach zaawansowanych

w tej technologii ich udział stanowi 80 i więcej procent. Przewiduje się, że za kilka lat ten udział w niektórych krajach (np. Francji, Holandii, Niemczech) wzrośnie nawet do 95%! Genomika daje hodowcom potężne narzędzie pozwalające skutecznie wyselekcjonować najlepsze byczki spośród grupy pełnych braci i półbraci już w bardzo młodym wieku.

Liczba buhajów genomowych w ofertach wielu krajów przodujących w hodowli i ich udział w całości ofert rośnie w bardzo szybkim tempie – wystarczy pokazać to na przykładzie jednego kraju, np. Holandii. W aktualnej propozycji firmy CRV/Holland Genetics znajduje się obecnie 126 buhajów holsztyńsko-fryzyjskich odmiany czarno-białej, pochodzących

z programów hodowlanych realizowanych przez tę firmę w Holandii i USA. Spośród nich tylko 39 posiada wycenę na córkach, pozostałe 87 rozplodników to buhaje genomowe, niemające takiej wyceny – w Holandii oznaczone są one symbolem InSire. A trzeba dodać, że wśród 39 buhajów z wyceną klasyczną aż 14 to też młode buhaje genomowe, które pierwsze wyceny na córkach uzyskały w kwietniu, sierpniu i grudniu 2013 r. Tak więc faktyczna liczba „starych”, konwencjonalnie wycenionych buhajów w aktualnej ofercie CRV wynosi tylko 25 – stanowi to około 1/5 całości. Ten przykład wyraźnie pokazuje, jakie są aktualne tendencje w hodowli i w jakim kierunku wszystko to zmierza. Tak duży udział buhajów posiadających tylko wycenę genomową nie przekłada się oczywiście wprost na wielkość sprzedaży ich nasienia. Jak pisaliśmy w poprzednich artykułach z tej serii, ich udział w Holandii w całkowitej sprzedaży nasienia wynosi 35-40% i według prognoz ma wzrosnąć do 65% w 2018 r. Jednak niektóre byki genomowe osiągają już dziś zupełnie przyzwoite wyniki sprzedaży, sięgające w samej tylko Holandii 20 tys. i więcej porcji nasienia rocznie. ■

***autor pracuje w firmie Holenderska Genetyka Plus Sp. z o.o.**

Pobieranie prób do oceny genomowej zwierząt jest bardzo proste.

