

Programy hodowlane

Materiały do zajęć



Tomasz Strabel

Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu,
Katedra Genetyki i Podstaw Hodowli Zwierząt

16-02-2010

Od autora

Materiały powstały z myślą o studentach Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu, głównie ze względu na ograniczony dostęp do nowoczesnych źródeł na temat programów hodowlanych w języku polskim. Zasadniczo korzystanie z nich wymaga znajomości założeń genetyki ilościowej. Opracowanie z tego zakresu można również znaleźć na mojej stronie.

Gorąca prośba do wszystkich czytelników materiałów o podzielenie się opinią na ich temat. Opracowanie jest stale aktualizowane i wszelkie uwagi krytyczne są na tym etapie szczególnie mile widziane. Za wszystkie dotąd otrzymane sugestie bardzo dziękuję.

strabel@jay.up.poznan.pl

1. Czynniki determinujące postęp hodowlany

Program hodowlanych a postęp hodowlany

Ze względu na dużą liczbę czynników determinujących wielkość osiąganego postępu hodowlanego projektowanie i optymalizacja programów hodowlanych jest procesem złożonym. Przy podejmowaniu decyzji pomocne może być studiowanie alternatywnych schematów. Porównywanie programów wymaga zdefiniowania miary do ich oceny ich jakości. Wymaga to przede wszystkim precyzyjnego zdefiniowania celu hodowlanego. Można wyróżnić trzy kryteria oceny programów hodowlanych:

1. Wielkość reakcji na selekcję;
2. Utrzymanie poziomu zmienności genetycznej mierzonej jako średni poziom inbrodu;
3. Koszty finansowe realizacji programu.

Wielkość reakcji na selekcję określa korzyści uzyskiwane z realizacji programu, natomiast poziom inbrodu i koszty finansowe to wydatki, jakie wiążą się z uzyskiwanymi korzyściami. Niestety wielkość reakcji na selekcję, poziom inbrodu i nakłady finansowe wyrażane są w różnych jednostkach, stąd rodzi się problem we wskazaniu jednego prostego kryterium, które umożliwiłoby porównanie alternatywnych programów hodowlanych.

Stosunkowo łatwo można porównać programy analizując wielkość reakcji na selekcję i poziom inbrodu. Można przyjąć, że porównuje się programy przy jednakowym poziomie inbrodu: najlepszy jest taki program, który charakteryzuje się wyższą reakcją na selekcję przy takim samym poziomie wzrostu inbrodu w przeliczeniu na pokolenie. Zdecydowanie trudniej jest uwzględnić nakłady/koszty finansowe i wyrazić ewentualne zyski. Przede wszystkim nie jest łatwo w prosty sposób je określić. Mimo, że w ekonomii istnieje wiele metod analizy tego typu problemów, każda z nich posiada wady utrudniające ich praktyczne wykorzystanie w hodowli. Stąd będziemy się koncentrować wyłącznie na aspektach hodowlanych, tj. wielkości reakcji na selekcję i poziomie zmienności genetycznej.

Przewidywanie reakcji na selekcję

Podstawowe równanie do przewidywania reakcji na selekcję wygląda następująco.

$$R = i * \rho * \sigma_A$$

- R - wielkość postępu hodowlanego w jednostce czasu
 i - intensywność selekcji
 ρ - dokładność selekcji - oceny
 σ_A - genetyczne odchylenie standardowe

Postęp hodowlany – wielkość zmiany średniej wartości hodowlanej w populacji będącej wynikiem selekcji. Przewidywany postęp hodowlany określa się jako reakcję na selekcję, która zależy od kilku elementów wymienionych poniżej.

Intensywność selekcji określa, w jakim stopniu hodowcy są zdeterminowani do wyboru tylko najlepszych zwierząt. Oblicza się ją jako średnią wartość kryterium selekcyjnego (najczęściej indeksu) selekcjonowanych zwierząt w odchyleniu od średniej wartości w populacji wyrażone na standaryzowanej skali. W większości przypadków przyjmuje się, że kryterium selekcyjne posiada rozkład normalny, stąd i można wyliczyć z frakcji selekcjonowanych zwierząt.

Dokładność selekcji – dokładność oceny wartości hodowlanej – określa siłę zależności między prawdziwą wartością hodowlaną a jej oszacowaniem dla cechy, na którą prowadzona jest selekcja. Dokładność selekcji zawiera się w przedziale od 0 do 1. Kwadrat dokładności określa proporcję zmienności genetycznej opisanej przez kryterium selekcyjne.

Zmienność genetyczna – addytywne genetyczne odchylenie standardowe, inaczej zmienność wartości hodowlanych w populacji dla doskonałej cechy. O ile i oraz p wyrażane są w jednostkach standaryzowanych o tyle zmienność genetyczna jest w powyższym równaniu elementem skalującym – wyrażanym w takich jednostkach, w jakich wyrażana jest wartość cechy.

Odrębność płci

Praktyka hodowlana jest bardziej złożona aniżeli powyżej przedstawione równanie. Prostem tego przykładem jest odrębność płci i ich znaczenie na osiąganą wielkość reakcji na selekcję. W takim przypadku wielkość reakcji na selekcję można obliczyć ze wzoru:

$$R = \frac{i_m * \rho_m * \sigma_A + i_f * \rho_f * \sigma_A}{2}$$

gdzie wskaźniki m i f odnoszą się odpowiednio do płci żeńskiej i męskiej.

Odstęp pokoleń

Przy nakładających się pokoleniach istnieje wiele klas wiekowych zwierząt a wielkość reakcji na selekcję jest uzależniona od łącznego efektu selekcji w każdej klasie wiekowej z uwzględnieniem odstępu pokoleń, czyli wieku rodziców, gdy rodzi się ich wyselekcjonowane potomstwo. Stąd

$$R = \frac{\bar{R}}{\bar{L}}$$

gdzie \bar{L} to średni odstęp pokoleń dla klas wiekowych – ilość czasu potrzebna na zastąpienie danego pokolenia kolejnym, natomiast \bar{R} można obliczyć ze wzoru:

$$\bar{R} = \frac{1}{2} \sum_{x=m,f} \sum_{k=1}^n i_{x,k} \rho_{x,k} \sigma_A \frac{n_{x,k}}{N_x}$$

gdzie x oznacza płeć, a k klasę wiekową, natomiast $\frac{1}{2}$ uśrednia wynik ze względu na dwie płcie; $n_{x,k}$ to liczba rodziców płci x wybranych z klasy wiekowej k , natomiast N_x to całkowita liczba wybranych rodziców samców (gdy $x=m$) i matek (gdy $x=f$).

Średni odstęp pokoleń można obliczyć w następujący sposób:

$$\bar{L} = \frac{1}{2} \sum_{x=m,f} \sum_{k=1}^n age(k) \frac{n_{x,k}}{N_x}$$

gdzie $age(k)$ to wiek klasy k w czasie gdy rodzi się potomstwo wyselekcjonowanej grupy rodziców.

Doskonalenie wielu cech

W przypadku doskonalenia wielu cech cel hodowlany (**H**) definiuje wagę, jaką przypisujemy każdej z cech. Cel hodowlany jest sumą wartości hodowlanych dla każdej z cech ważonych za pomocą wag ekonomicznych:

$$H = A_1 v_1 + A_2 v_2 + \dots + A_i v_i$$

gdzie **A** to prawdziwe wartości hodowlane a **v** to wagi ekonomiczne tych cech. Ponieważ poznanie prawdziwych wartości hodowlanych nie jest możliwe, kryterium selekcyjnym staje się indeks, którego wartością oczekiwana jest równa **H**. Stąd do przewidzenia wartości **H** używa się indeksu selekcyjnego.

$$I = b_1 P_1 + b_2 P_2 + \dots + b_i P_i$$

stąd wartości wag indeksu można wyznaczyć z równania:

$$\mathbf{b} = \mathbf{P}^{-1} \mathbf{G} \mathbf{v}$$

gdzie **b** to wektor wag indeksu, **P** to macierz ko-wariancji dla źródeł informacji używanych w indeksie, **G** to macierze ko-wariancji pomiędzy źródłami informacji a prawdziwymi wartościami hodowlanymi zwierząt a **v** to wektor wag ekonomicznych celu hodowlanego **H**. Najczęściej jednak w praktyce indeks selekcyjny **I** to indeks ważonych wartości hodowlanych uzyskanych metodą BLUP:

$$I = b_1 EBV_1 + b_2 EBV_2 + \dots + b_i EBV_i$$

przez co unika się konieczności rozwiązania układu $\mathbf{b} = \mathbf{P}^{-1} \mathbf{G} \mathbf{v}$. Dalej w konsekwencji można przyjąć, że reakcja na selekcję będzie równa różnicy selekcyjnej wyrażonej w jednostkach wartości hodowlanej:

$$R = \Delta EBV$$

Zatem wielkość reakcji na selekcję uzyskiwaną jako wynik realizacji programu hodowlanego można określić znając **P**, **G**, **i** oraz σ_i to odchylenie standardowe indeksu selekcyjnego i korzystając z założeń teorii indeksu selekcyjnego. Istnieją jednak czynniki utrudniające precyzyjne oszacowanie spodziewanego postępu hodowlanego, należy do nich zaliczyć:

1. redukcję wariancji genetycznej na skutek prowadzonej selekcji;
2. efekt skorelowanych EBV selekcjonowanych zwierząt na intensywność selekcji;
3. uwzględnienie pełnej informacji rodowodowej przy ocenie zwierząt.

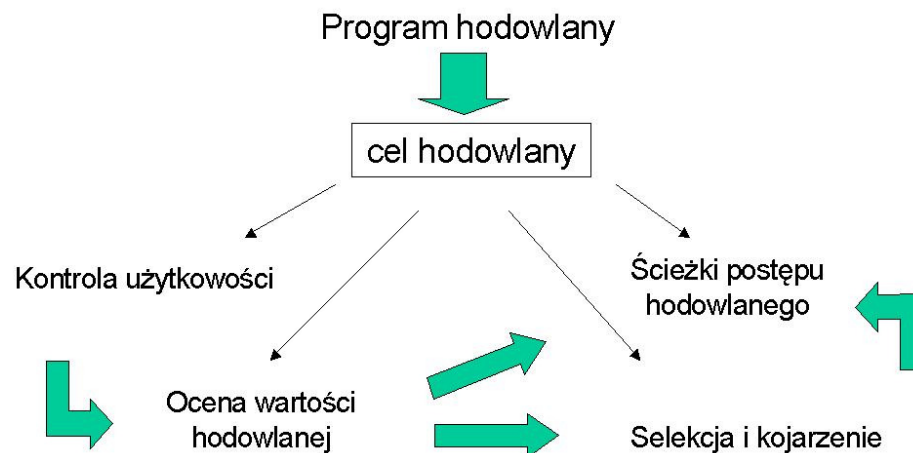
2. Podstawowe składowe programów hodowlanych

Programem hodowlanym nazywamy szczegółowo opracowany schemat genetycznego doskonalenia populacji.

Cel hodowlany wskazuje które cechy są doskonalone i jaki nacisk jest położony na każdą z nich. Może on być przedstawiony w postaci wag ekonomicznych przyporządkowanych każdej z doskonalonych cech. Cel hodowlany powinien zapewnić wyższą efektywność produkcji w przewidywanych warunkach produkcyjnych.

Składowe programu hodowlanego stanowią: system gromadzenia danych, metody i narzędzia oceny wartości hodowlanej, system selekcji i kojarzenia, struktura przekazywania uzyskanego postępu w populacji produkcyjnej.

Rysunek 1. Struktura programów hodowlanych.



Optymalny program hodowlany jest dostosowany do specyfiki danego gatunku i cech zawartych w celu hodowlanym.

Kontrola **skuteczności prowadzenia pracy hodowlanej** powinna stanowić integralną część programów hodowlanych. Efektywność prowadzonej pracy hodowlanej można analizować przez porównywanie oczekiwanej ze zrealizowaną odpowiedzią na selekcję, analizę poziomu inbrodu oraz ponoszonych kosztów. Stosunkowo łatwym do określenia wyznacznikiem skuteczności prowadzonych prac może być analiza trendu genetycznego.

Czynniki utrudniające precyzyjne oszacowanie spodziewanego postępu hodowlanego

- redukcję wariacji genetycznej na skutek prowadzonej selekcji;
- efekt skorelowanych WH selekcjonowanych zwierząt na intensywność selekcji;
- uwzględnienie pełnej informacji rodowodowej przy ocenie zwierząt.

Inne elementy wymagające uwzględnienia przy ocenie programów hodowlanych

- Selekcja odcinająca i nakładające się pokolenia
- Selekcja wielostopniowa
- Dryf, inbred, efektywna wielkość populacji

Rozbieżność między postępowaniem oczekiwanym a realizowanym

- Użycie niewłaściwego modelu do oceny wartości hodowlanej
- Przeszacowanie parametrów genetycznych (np. h^2)
- Preferencyjne traktowanie niektórych kandydatów selekcyjnych
- Nieoczekiwana skorelowana odpowiedź w innych cechach.
- Nie przestrzeganie zasad określonych w programie.

Przy projektowaniu programów hodowlanych uwzględnia się występowanie **interakcji genotyp-środowisko**, która określa wrażliwość genotypu na zmiany w środowisku. Jeśli niejednakowe uszeregowanie różnych genotypów (linii, ras, gatunków) wynika z warunków, w jakich są one utrzymywane to znaczy, że występuje interakcja genotyp-środowisko. Interakcja genotyp-środowisko determinuje

- cel hodowlany – wymaga dostosowania do specyfiki danego rynku i środowiska w jakim utrzymywane są zwierzęta,
- metodę oceny wartości hodowlanej – wymaga uwzględnienia efektu interakcji, np. przez stosowanie metody wielocechowej.

Populacja hodowlana i produkcyjna są często w pewnym stopniu oddzielone. Ponieważ celem jest doskonalenie produkcji zwierząt postęp uzyskany w populacji aktywnej musi być przekazywany do populacji produkcyjnej.

Cel hodowlany

Bardzo ogólnie można stwierdzić, że programy hodowlane realizowane są w celu uzyskania „najlepszych” zwierząt. Jednakże takie określenie jest bardzo mało precyzyjne i trudno do niego dopasować założenia programu hodowlanego w taki sposób by był on skuteczny. Dlatego konieczne jest bardziej precyzyjne zdefiniowanie celu. Nie musi on się odnosić do konkretnego punktu, jaki powinna osiągnąć populacja, np. uzyskanie 20 prosiąt w miocie. Możliwym jest podanie celu jako kierunku zmian, np. zwiększenie liczby prosiąt w miocie.

Sprecyzowany cel hodowlany jest podstawowym elementem programu hodowlanego, który rzutuje na jego składowe, dlatego też powinien zostać określony na samym początku programu.

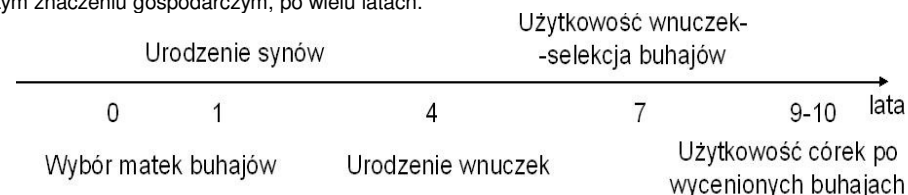
Cel hodowlany jest kombinacją cech i w jego skład powinny wchodzić wszystkie istotne dla hodowców cechy. Parametry genetyczne poszczególnych cech, jak np. odziedziczalność, chociaż mogą w ogromnym stopniu determinować możliwość skuteczności prowadzonej pracy nie powinny być kryterium decydującym o uwzględnieniu cechy w celu hodowlanym. Zrealizowany postęp genetyczny nie zależy bowiem tylko i wyłącznie od odziedziczalności cech – jest determinowany w dużej mierze wagą jaką się przypisuje poszczególnym cechom.

Praktyczne znaczenie cech w amerykańskim indeksie TPI

Cecha	Względna waga (VanRaden)	Względne znaczenie (Cunningham 2007)

Tłuszcz	22	44
Białko	33	43
Kaliber	-3	2,4
Wymię	7	-0,3
Nogi	4	0,2
Długowieczność	11	8,6
Komórki somatyczne	-9	0,12
Płodność	7	-1,3
Łatwość wycieleń	-4	2,2

Prawidłowo sformułowany cel hodowlany winien uwzględniać kierunek zmian rynku i warunków środowiskowych oraz innych uwarunkowań (polityczne, kwoty mleczne itp.), w jakich będą użytkowane zwierzęta w perspektywie czasu. Wynika to z faktu, że decyzje podejmowane podczas realizacji założeń planu przyniosą skutek w postaci „lepszyc” zwierząt dopiero po upływie dłuższego czasu, dla wielu cech o dużym znaczeniu gospodarczym, po wielu latach.



Rysunek 2. Decyzje selekcyjne a czas na ich skutek w postaci zmiany populacji produkcyjnej.

Praktyczna hodowla zwierząt zazwyczaj wymaga jednoczesnego doskonalenia wielu cech w tym samym czasie. Cel hodowlany określa, które cechy będą doskonalone i jaki nacisk jest położony na każdą z cech. Idealnym rozwiązaniem jest sformułowanie celu hodowlanego w postaci sumy wszystkich cech. Znacznie ułatwia to korzystanie przez hodowców z tak określonego celu hodowlanego, wystarcza bowiem uszeregować zwierzęta wg jednego kryterium. Jednak z drugiej strony w praktyce często funkcjonują dla tej samej populacji dwa lub więcej cele hodowlane, tym samym hodowca ma możliwość korzystania z tego, który uważa za najbardziej optymalny dla potrzeb swojego stada.

Należy sobie zdawać sprawę, że nadmierna ilość cech podanych w celu hodowlanym oznacza zmniejszenie skuteczności prowadzonej pracy na poszczególne cechy.

Liczba cech w indeksie	Postęp dla pierwszej cechy
1	100 %
2	79 %
3	64 %
4	59 %
5	54 %

Znaczenie uwzględniania dodatkowych cech przejawia się w takich elementach jak:

- liczba zwierząt,
- koszt kontroli użyteczności,
- częstość kontroli użyteczności,
- częstość oceny zwierząt,
- czas potrzebny na uzyskanie dodatkowych zysków,
- wpływ na kierunek selekcji pozostałych cech,
- przewidywane znaczenie cechy w przyszłości,
- ryzyko spadku znaczenia cechy w przyszłości.

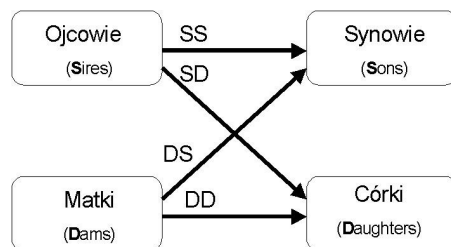
Dla populacji jednego gatunku, znajdującej się na określonym terenie może występować bardzo duże zróżnicowanie celów hodowlanych. Z jednej wysoko wyspecjalizowani hodowcy będą kierować hodowlę w stronę określonej grupy konsumentów. Przykładem może być duża zawartość tłuszczu

śródmieśniowego w wołowinie – pożądana przez konsumentów wołowiny w restauracjach (tłuszcz podnosi walory smakowe), niepożądana przez klientów sklepów, którzy niechętnie decydują się na zakup mięsa z widocznym tłuszczem. Na tym samym terenie mogą się znajdować hodowcy-rolnicy, którzy w dużym stopniu będą nastawieni na autokonsumpcję. Dla nich cel hodowlany, choć sprecyzowany dla tego samego gatunku, czy nawet populacji, będzie zupełnie inny.

Przykład 1. Indeksy selekcyjne stosowane w hodowli bydła mlecznego (wagi w %).

Kraj	Białko	Tłuszcz	Typ i budowa	Zdrowie i utrzymanie
Francja	100	-	-	-
Holandia	86	14	-	-
Nowa Zelandia	84	16	-	-
Niemcy	84	16	-	-
Włochy	74	6	20	-
Anglia	62	17	21	-
USA	50	16	34	-
Kanada	49	11	40	-
Szwecja	26	21	53	-
Dania	18	8	31	42
Polska	66	33	-	-

Rysunek 1. Ścieżki na których realizowany jest postęp hodowlany.



Mamy zatem:

$$\Delta R = \frac{R_{SS} + R_{DS} + R_{SD} + R_{DD}}{L_{SS} + L_{DS} + L_{SD} + L_{DD}}$$

Przykład 2. Oblicz tempo postępu hodowlanego realizowanego dla bydła mlecznego w efektywnie działającym programie hodowlanym mając następujące dane:

Ścieżka	Ilość zwierząt selekcionowanych	i	r _{IA}	R	L	R/L
SS	1 z 9	1,7	0,90	229,5	7,0	
SD	1 z 5	1,4	0,90	189,0	6,8	
DS	1 z 50	2,4	0,60	216,0	6,0	
DD	1 z 1,4	0,5	0,55	41,3	4,5	

$\Delta R=27,81\text{kg}$. Oblicz wielkość postępu uzyskiwanego na każdej ścieżce oraz jego proporcjonalny udział w całym postępie.

W hodowli zwierząt istnieją dwa podstawowe podejścia do definiowania celu hodowlanego. Pierwsze to wyrażenie celu jako **sumy ważonej wartości hodowlanych i wag ekonomicznych**. Przy tym podejściu wagi ekonomiczne cech są oparte na modelu ekonomicznym systemu produkcji. W drugim podejściu wyraża się cel hodowlany jako **zbiór pożądanego postępu dla każdej z cech**. Pożądany postęp dla danej cechy może być oparty o marketingowe i komercyjne rozważania firmy hodowlanej. W wielu przypadkach pożądaný postęp ma maksymalizować rynkowy udział firmy hodowlanej na następne kilka - kilkanaście lat.

Bez względu na to jaką metodą zostanie wyznaczony indeks ważne jest aby spełniał on oczekiwania hodowców i był stosowany w praktyce. Dekkers i Gibbon (1998) podają, że indeks osadzony na solidnych naukowo opracowanych podstawach ale nie akceptowany przez hodowców ma mniejsze znaczenie w selekcji w kierunku realizacji wyznaczonego celu hodowlanego aniżeli indeks, który być może nie jest optymalny pod względem technicznym ale jest powszechnie akceptowany przez hodowców.

Składniki programu hodowlanego

System gromadzenia danych: Szacowanie wartości hodowlanej wymaga danych fenotypowych o kandydatach do selekcji. W zależności od doskonałości cechy może on być bardzo różnie zorganizowany. W przypadku selekcji buhajów na cechy mleczności wymagana jest znajomość użyteczności jego córek. Jeśli jednak interesują nas cechy związane z mięsnością ocenę można przeprowadzić na selekcionowanych kandydatach, zgromadzonych w stacjach oceny.

Unifikacją systemów identyfikacji zwierząt oraz zasad kontroli użyteczności zajmuje się międzynarodowa organizacja ICAR. Jednym z jej zadań jest standaryzacja urządzeń wykorzystywanych do kontroli mleczności.

Szacowanie wartości hodowlanej. Obecnie najdokładniejszą metodą oceny wartości hodowlanej jest powszechnie stosowana metoda BLUP model zwierzęcia (Best Linear Unbiased Prediction- Najlepsza liniowa nieobciążona predykcja). Nazwa BLUP podkreśla 3 cechy charakterystyczne tej procedury:

- najlepszy odnosi się do „ najmniejszej wariancji błędu” co oznacza że BLUP daje najbardziej dokładną ocenę,
- liniowa - wskazuje na to, że ocena wartości hodowlanej przeprowadzana jest w oparciu o model liniowy,
- nieobciążona oznacza, że wartość oczekiwana szacowanej wartości hodowlanej równa jest rzeczywistej wartości hodowlanej, nie ma błędów systematycznych, $E(EBV)=$ rzeczywista wartość hodowlana.

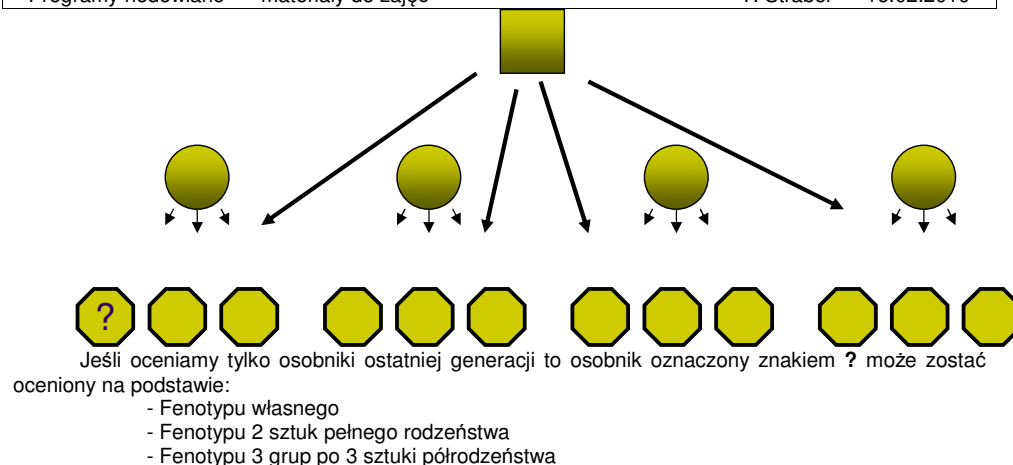
Tabela. Porównanie metod oceny wartości hodowlanej.

	Fenotyp	Indeks selekcyjny	BLUP animal model
Wymaga znajomości informacji fenotypowej	✓	✓	✓
Uwzględnia teorię indeksu selekcyjnego		✓	✓
Uwzględnia systematyczne efekty środowiskowe			✓
Efektywnie wykorzystuje informacje rodzinową			✓
Bierze pod uwagę selekcję			✓

Przyczyny stosowania uproszczonych metod oceny wartości hodowlanej

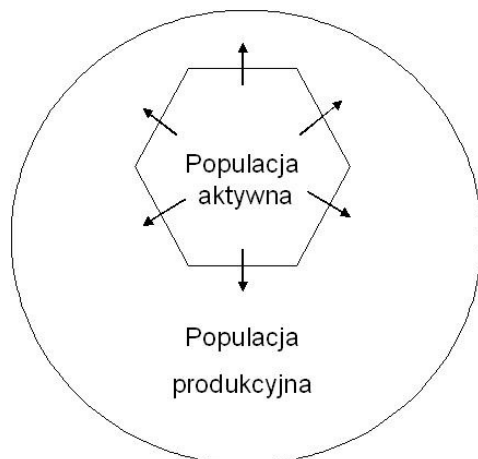
- Małe znaczenie ekonomiczne postępu
- Mała wielkość populacji
- Niski poziom wiedzy fachowej hodowców
- Brak specjalistów do obsługi systemów oceny
- Mała wiarygodność wyników kontroli użyteczności lub jej brak

Źródła informacji rodzinowej



Selekcja i kojarzenie: Selekcja i kojarzenie ma miejsce po oszacowaniu wartości hodowlanej. Selekcja odnosi się do wyboru rodziców następnego pokolenia, podczas gdy kojarzenie oznacza dobór par spośród wyselekcjonowanych osobników. Dlatego selekcja poprzedza kojarzenie. Proces selekcji determinuje postęp genetyczny populacji w czasie, podczas gdy kojarzenie determinuje, w jakich układach ojcowskich i matczyńskich allele pojawią się u potomstwa. Idealnym połączeniem obu narzędzi hodowlanych jest **mate selection** czyli selekcja par. W przypadku mate selection selekcja i dobór odbywa się jednocześnie przez co możliwe jest uzyskanie optymalnego pokolenia potomnego.

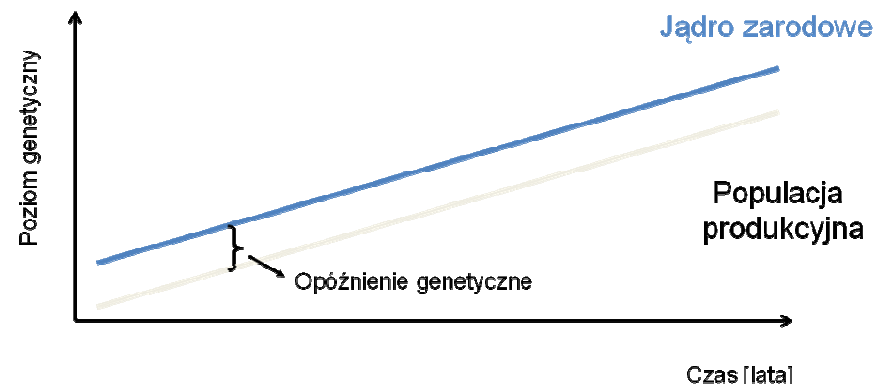
Rozpowszechnianie postępu genetycznego: W większości gatunków populacja hodowlana i produkcyjna są różne. Postęp hodowlany jest wytwarzany w populacji hodowlanej-aktywnej ale końcowym celem jest doskonalenie całej populacji. Dlatego postęp genetyczny uzyskany w populacji hodowlanej musi być przekazywany do populacji produkcyjnej.



Ważne jest aby uwzględnić różnicę w warunkach środowiskowych jakie mogą występować między populacją aktywną a produkcyjną.

Opóźnienie genetyczne. Ze względu na to, że selekcja prowadzona jest przede wszystkim w populacji aktywnej dlatego jej poziom genetyczny jest zwykle wyższy od tego jaki jest w populacji

produkcyjnej. Różnica w tych poziomach określana jest mianem opóźnienia genetycznego (ang. genetic lag).



W zmniejszaniu opóźnienia genetycznego pomagają biotechniki rozrodu. Dzięki nim przekazanie wyższej wartości genów młodych wyselekcjonowanych osobników następuje szybciej. Z drugiej strony, wdrażanie nowych metod doskonalenia, prowadzących do zwiększenia dokładności czy ostrości selekcji sprawia, że populacja aktywna zaczyna 'uciekać' – jej przewaga nad resztą populacji rośnie.

Ocena programów hodowlanych. Wybór najlepszego programu hodowlanego spośród różnych alternatyw wymaga pewnej miary oceny jakości. Taka miara może być zdefiniowana tylko przy wyraźnie określonym celu hodowlanym. Tymi kryteriami są:

- odpowiedź na selekcję w stosunku do celu hodowlanego
- podtrzymanie różnorodności genetycznej mierzonej współczynnikiem inbrodu
- koszty programu hodowlanego.

Ponieważ programy hodowlane funkcjonują w praktyce w sposób ciągły konieczna jest rutynowa kontrola jego rezultatów. Ocena może składać się z porównania zrealizowanego postępu, współczynnika inbrodu z ich wartościami oczekiwanymi przy projektowaniu programu hodowlanego. Kiedy istnieją znaczące różnice między wartościami oczekiwanymi a zrealizowanymi należy znaleźć tego przyczyny i jeśli to możliwe poprawić program hodowlany. Powodami dla których programy hodowlane nie dają oczekiwanych wyników mogą być:

- użycie niewłaściwego modelu do oceny wartości hodowlanej, np. kiedy model nie uwzględnia jakichś systematycznych efektów środowiskowych obecnych w warunkach, w których realizowany jest program,
- przeszacowanie parametrów genetycznych (np. h^2) prowadzące do obciążonych wartości hodowlanych i przeszacowania oczekiwanej odpowiedzi na selekcję,
- preferencyjne traktowanie niektórych kandydatów selekcyjnych skutkujące w selekcji osobników które otrzymały „dobre traktowanie” a nie tych o lepszym potencjale genetycznym.
- nieoczekiwana skorelowana odpowiedź w innych cechach.
- nie przestrzeganie zasad określonych w programie.

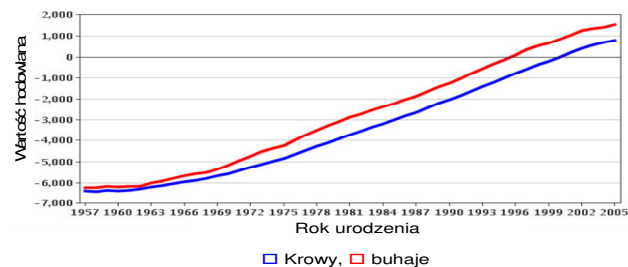
Jakość alternatywnych programów hodowlanych może być oceniana przez porównanie odpowiedzi na selekcję, współczynnika inbrodu i kosztów programu hodowlanego.

Postęp w użytkowości zwierząt hodowlanych*

Gatunek	Cecha	Użytkowość		
		Lata 60.	Obecnie	% zmiana
Trzoda	Liczba prosiąt odchowanych/lochę/rok	14	21	50
	Mięsność %	40	55	37
	Współczynnik wykorzystania paszy	3,0	2,2	27
	Kg mięsa / tonę paszy	85	170	100
Brojlery	Dni do masy 2 kg	100	40	60
	% mięśni piersiowych	12	20	67
	Współczynnik wykorzystania paszy	3,0	1,7	43
Nioski	Liczba jaj / rok	230	300	30
	Liczba jaj / tonę paszy	5000	9000	80
Krowy mleczne	Produkcja mleka / krowę / laktację	6000	10000	67
Przeciętnie				>50

* Wartości różnią się w zależności od regionu i systemu produkcji. Tabela przedstawia raczej tendencję zmian aniżeli dokładne oszacowania

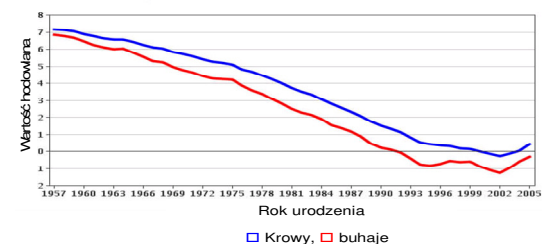
Zmiany wartości hodowlanej wydajności mleka w USA



3. Podstawowe składowe programów hodowlanych

14

Zmiany wartości hodowlanej wskaźnika łatwości zacielen w USA



3. Projektowanie i optymalizacja programów hodowlanych z wykorzystaniem komputerowych programów symulacyjnych.

Podstawowe czynniki wpływające na strukturę programów hodowlanych

Strukturę programów hodowlanych determinuje szereg czynników, które zwykle są ze sobą powiązane. Można wśród nich wyodrębnić (za Bijma i wsp. 2002) podstawowe takie jak: zdolności reprodukcyjne zwierząt, doskonałe cechy, infrastruktura socjalna, parametry genetyczne i cel hodowlany. Podana lista czynników nie wyczerpuje wszystkich elementów jakie mogą wpływać na kształt programów, a stanowi jedynie podstawę do szerokiej analizy.

Rysunek. Podstawowe czynniki determinujące strukturę programów hodowlanych.



Zdolności reprodukcyjne

Zdolności reprodukcyjne samic determinują liczbę potomstwa jaką możemy uzyskać w danej populacji. W przypadku samców zdolności reprodukcyjne określają ich liczbę, potrzebną do skojarzenia z posiadaną liczbą samic. W przypadku krów od samic otrzymujemy średnio jedno cielę w roku. Zastosowanie biotechniki przenoszenia zarodków może zwiększyć tę liczbę kilka-kilkunastokrotnie. W przypadku buhajów używanych do krycia naturalnego i utrzymywanych w punktach kopulacyjnych liczba potomstwa to zwykle kilkadziesiąt sztuk, jednak już zastosowanie sztucznej inseminacji pozwala na przeprowadzenie do pół miliona pierwszych inseminacji w roku. W przypadku owiec powszechnie stosuje się naturalne krycie. Jeden tryk wystarcza średnio na pokrycie ok. 30 maciorek. Tryki zwykle utrzymuje się w stadach razem z maciorkami. Widać zatem, że podstawową różnicę w zakresie zdolności reprodukcyjnych między bydłem a owcami wyznacza stosowanie biotechniki sztucznej inseminacji i przenoszenia zarodków połączonego z poliowulacją i klonowaniem. Ważnym elementem przemawiającym za wykorzystaniem biotechnik są m.in. względy ekonomiczne. W latach 80. i 90. XX wieku wykorzystaniu techniki MOET poświęconych było wiele prac naukowych. Spowodowały one powstanie programów MOET zarówno dla bydła jak i owiec, gdzie transfer zarodków jest intensywnie wykorzystywany.

Zdolności reprodukcyjne oraz stosowanie biotechnik rozrodu określają jakie zwierzęta i w jakiej ilości mogą stanowić źródło informacji do oceny wartości hodowlanej. Z nich wynika także możliwość stosowania określonego systemu kojarzeń i wykorzystania potencjału najlepszych zwierząt.

Infrastruktura socjalna

Infrastruktura socjalna jest terminem bardzo szerokim pod którym tutaj należy rozumieć:

- wielkość i rozproszenie gospodarstw,
- dostępność i przepływ informacji dotyczącej identyfikacji i użyteczności zwierząt,
- struktura rynku i produktów poszukiwanych przez konsumentów oraz
- stopień zaawansowania technologicznego.

Wielkość i rozproszenie gospodarstw ogranicza wykorzystanie najlepszych zwierząt. W przypadku małych i rozproszonych stad, gdy mrożenie nasienia nie jest stosowane zdolności reprodukcyjne zmniejszają się. Zbieranie informacji dotyczącej użyteczności zwierząt może być utrudnione. Z kolei duże gospodarstwa, które łatwiej wyposażać w nowoczesne technologie mogące służyć np. automatycznej kontroli użyteczności sprzyjają testowaniu młodych rozrodników.

Przepływ informacji dotyczącej zwierząt określa możliwość wykorzystania informacji o użyteczności zwierząt utrzymywanych w warunkach produkcyjnych. W przypadku niedostatecznej infrastruktury w tym zakresie koniecznym staje się prowadzenie hodowli w kilku wybranych stadach gdzie możliwe jest łatwe identyfikowanie zwierząt oraz kontrola ich użyteczności. Należy zaznaczyć, że ważna jest nie tylko ilość dostępnej informacji ale także jej jakość. W przypadku występowania błędów w identyfikacji zwierząt oraz celowego lub nieświadomego fałszowania informacji o produkcyjności zwierząt nie pomogą żadne nawet najbardziej wyrafinowane metody statystyczne stosowane do oceny wartości hodowlanej, która w takim przypadku staje się niedokładna i obciążona. Za tworzeniem stad zarodowych przemawia także problem występowania preferencyjnego traktowania potencjalnych matek buhajów. Rozwój techniki komputerowej umożliwia aktualnie prowadzenie międzynarodowej oceny wartości hodowlanej.

W przypadku produkcji żywca i drobiu dochodzi do łączenia poszczególnych segmentów zajmujących się odrębnymi etapami hodowli i produkcji. Często duże korporacje prowadzą jednocześnie pracę hodowlaną w stadach zarodowych, wykorzystują jej efekty w stadach produkcyjnych a także zajmują się wytwarzaniem produktu końcowego jakim jest tusza czy produkty bezpośrednio oferowane konsumentom. Taka koncentracja ułatwia między innymi przepływ informacji: jakość produktu końcowego może być wykorzystywana w ocenie reproduktorów i ich selekcji. W takiej sytuacji ułatwione staje się wykorzystanie nowoczesnych technologii służących gromadzeniu informacji, ich przepływu i przetwarzaniu.

Stosowanie nowoczesnych technologii w największym stopniu określa system oceny zwierząt. W przypadku cech związanych z jakością tusz możliwe jest np. ubijanie i ocena zwierząt spokrewnionych z kandydatami do selekcji. Dzięki zastosowaniu pomiarów ultrasonograficznych na żywych zwierzętach możliwe jest bezpośrednie dokonywanie oceny selekcjonowanych zwierząt. Do nowoczesnych technologii ułatwiających prowadzenie hodowli należy także zaliczyć biotechniki rozrodu oraz nowoczesne techniki genetyki molekularnej umożliwiające prowadzenie selekcji z udziałem markerów. Selekcja taka zwiększa dokładność oceny zwierząt, umożliwia prowadzenie preselekcji zwierząt w początkowym etapie ich życia, a także umożliwia dokonywanie oceny cech niezależnie od płci zwierzęcia.

Cel hodowlany

Realizacja programu hodowlanego ma na celu osiągnięcie celu hodowlanego, który może być sprecyzowany w różny sposób. Cel hodowlany może być określony w długiej i krótkiej perspektywie czasu, może dotyczyć jednej lub wielu cech, może zakładać utrzymanie określonej zmienności genetycznej i ograniczanie inbrodu. W ten sposób bezpośrednio determinowana jest strategia doskonałości populacji, sposób oceny zwierząt, frakcja selekcjonowanych zwierząt oraz system ich doboru do kojarzeń.

Doskonalone cechy (aggregate genotype)

Doskonalone cechy to zwykle te, które determinują ekonomiczną opłacalność produkcji. Uwzględnia się je w połączeniu z wagami ekonomicznymi określającymi ich praktyczne ekonomiczne znaczenie. Ponieważ celem hodowli jest uzyskanie zwierząt o lepszych genotypach należy w tym miejscu zaznaczyć, że nie można wartości genetycznej określić bezpośrednio na zwierzęciu. Możliwe jest natomiast oszacowanie wartości hodowlanych zwierząt, wymaga ono jednak fenotypowych informacji zebranych u samych ocenianych zwierząt jak i ich krewnych. W ocenie wartości hodowlanej w oparciu o indeksy selekcyjne czy metodę BLUP konieczne jest uwzględnienie wszystkich interesujących hodowcę cech oraz wykorzystanie wszelkich możliwych źródeł informacji. Dzięki temu zwiększa się dokładność oceny wartości hodowlanej zwierząt selekcionowanych na rodziców następnego pokolenia. Ważne jest aby w ocenie wartości hodowlanej uwzględnić prawidłowo określone wagi ekonomiczne i wykorzystać precyzyjnie oszacowane parametry genetyczne. Dokładna ocena wartości hodowlanej możliwa jest gdy dostępna jest informacja dotycząca wartości fenotypowych istotnych cech, a to określa potrzebę odpowiedniego zorganizowania systemu kontroli użyteczności i organizacji hodowli, np. utrzymania zwierząt w stacjach kontroli użyteczności.

Parametry genetyczne

Potrzeba określenia parametrów genetycznych wynika ze znanej zależności między fenotypem a determinującymi go czynnikami genetycznymi i środowiskowymi. Wielkość odziedziczalności w prosty sposób determinuje system oceny. Gdy jest wysoka skuteczna jest selekcja na podstawie fenotypu, gdy jest niska konieczne staje się korzystanie z indeksów selekcyjnych czy metody BLUP, gdzie przetwarzane są informacje dotyczące całych rodzin zwierząt. Niska odziedziczalność skłania do oceny zwierząt na podstawie potomstwa, to zaś zwiększa odstęp pokoleń, wymaga stosowania złożonego systemu kontroli użyteczności, stosowania kojarzeń testowych itd. Należy także pamiętać o występowaniu interakcji między genotypem a środowiskiem. Gdy ona się pojawia zwierzęta wysoko ocenione w określonych warunkach środowiskowych nie muszą 'sprawdzać się' w innych warunkach, dotyczy to także potomstwa selekcionowanych zwierząt. W ocenie wartości hodowlanej uwzględnia się zmienność addytywną genetyczną, a czasem i nieaddytywną. Jeśli dla danych cech występuje zjawisko heterozji to jej wykorzystanie w istotny sposób określa organizowanie hodowli. Konieczne staje się utrzymywanie i selekcja linii czystych, a dopiero w wyniku kojarzenia uzyskujemy efekt końcowy w postaci zwierząt o optymalnych z punktu produkcyjnego genotypach.

Korelacje genetyczne między krajami

	CAN	DEU	FRA	NLD	USA	NZL	CZE	POL
CAN		0.91	0.93	0.93	0.95	0.75	0.85	0.88
DEU	0.93		0.88	0.92	0.89	0.75	0.85	0.89
FRA	0.68	0.69		0.93	0.91	0.76	0.85	0.90
NLD	0.89	0.91	0.69		0.91	0.75	0.85	0.89
USA	0.89	0.84	0.75	0.87		0.75	0.85	0.86
NZL							0.75	0.75
CZE								0.86
POL	0.83	0.76	0.64	0.86	0.77			

Struktura programów hodowlanych

Hodowla w czystości linii – krzyżowanie
 Ścieżki przekazywania postępu
 Podstawowe źródła informacji do oceny zwierząt
 Właściciel wyselekcjonowanych zwierząt

Bydło mleczne – ścieżki, stada zarodowe otwarte i zamknięte, kontrola użyteczności potomstwa,
 MAS
 Trzoda i drób – struktura piramidy, krzyżowanie, fenotyp + potomstwo,

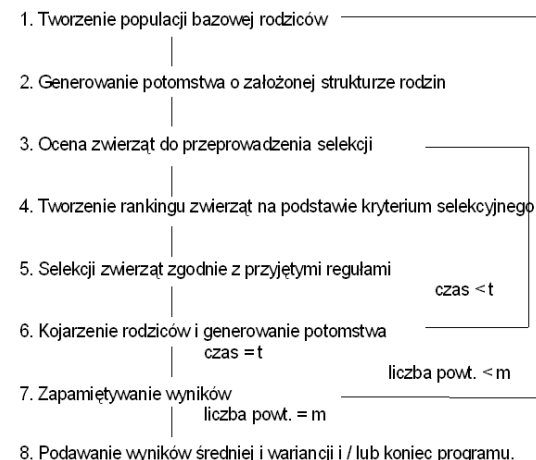
Optymalizacja programów hodowlanych przy użyciu programów symulacyjnych

Symulacja stochastyczna – Monte Carlo.
 Symulacja deterministyczna.
 Kombinacje powyższych metod.

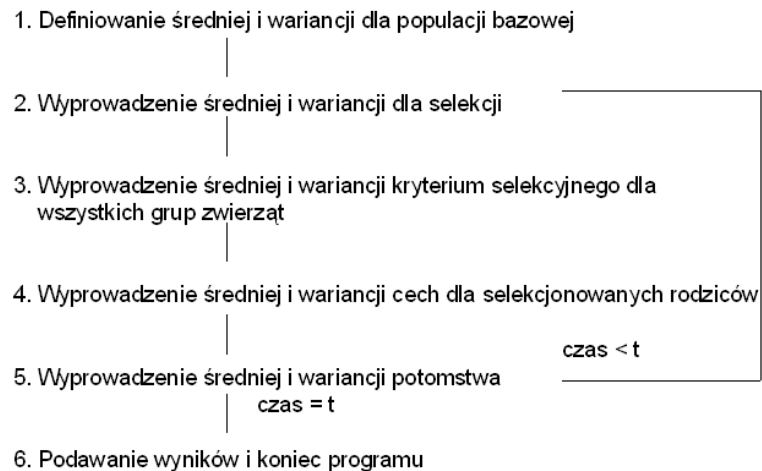
Symulacja stochastyczna – populacja jest symulowana przez tworzenie obserwacji dla każdego zwierzęcia poprzez losowe wybieranie z predefiniowanego rozkładu określonego przez reguły dziedziczenia i wpływy środowiskowe. Kolejne rundy programu nie dają dokładnie takich samych wyników ze względu na wkomponowany efekt losowości. Stosunkowo proste założenia metody częściowo bilansowane są poprzez potrzebę wykonania powtórzeń rund celem obliczenia średnich efektów.

Symulacja deterministyczna – populacja jest opisana przy pomocy wartości średnich i wariancji każdej grupy zwierząt określanych przy pomocy związków między równoległymi i kolejnymi grupami zwierząt. Metoda nie posiada elementu losowego próbkowania, dlatego wynik przyjęcia określonych parametrów jest zawsze taki sam. Funkcje opisujące zależność między grupami zwierząt są zazwyczaj bardzo złożone, co stanowi największą wadę metody.

Symulacja kombinowana – przykładem może być symulacja stochastyczna dla stada zarodowego populacji w czasie, gdy populacja produkcyjna jest programowana przy pomocy metod deterministycznych.

Schemat symulacji stochastycznej

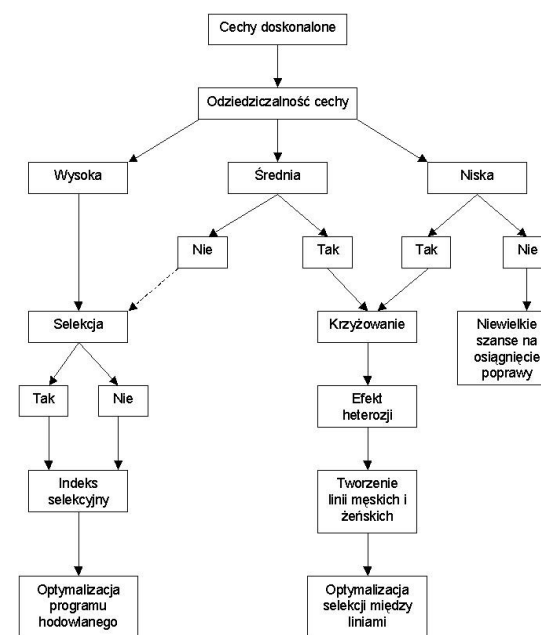
Schemat symulacji deterministycznej



Istnieje wiele komputerowych programów symulacyjnych służących optymalizacji programów hodowlanych. W toku zajęć z programów hodowlanych przedstawione zostaną zarówno programy opierające się o symulacje stochastyczne jak i deterministyczne.

4. Strategie hodowlane

Strategia wyboru metody doskonalenia zwierząt w klasycznym ujęciu opiera się o wielkość odziedziczalności oraz możliwej do uzyskania heterozji u doskonalonej cechy.



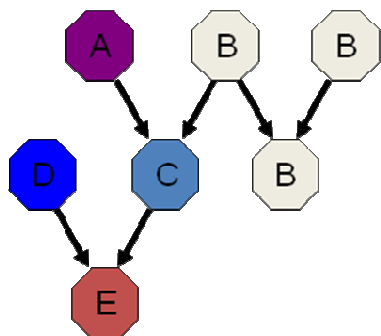
Rysunek 2. Znaczenie poziomu odziedziczalności oraz wielkości heterozji przy wyborze metod hodowlanych (Cunningham, 1966)

Jak wiadomo przy wysokiej odziedziczalności uzyskanie wysokiej reakcji na selekcję jest możliwe nawet przy selekcji masowej. Niższe wskaźniki tego parametru skłaniają hodowców do doskonalenia metod oceny wartości hodowlanej. Ponieważ w praktyce przy doskonaleniu poszczególnych ras różnych gatunków interesuje nas wiele cech, z których część charakteryzuje się niską odziedziczalnością stąd w praktyce w zaawansowanych programach hodowlanych do oceny wartości hodowlanej powszechnie stosuje się metodę BLUP.

Doskonalenie wielu gatunków, w tym w szczególności drobiu, trzody chlewnej i bydła mięsnego prowadzi się na drodze krzyżowania. O ile rasy wyjściowe polepsza się na drodze selekcji warunkowanej odziedziczalnością o tyle w krzyżowaniu dodatkowo dostępne jest zjawisko heterozji. Co więcej, przy doborze ras wyjściowych dodatkowo znaczenie mają efekty mateczne. Na efekt krzyżowania składa się zatem szereg komponentów:

- Wpływy bezpośrednie (A -> C, B -> C, D->E, C-> E)
- Heterozja bezpośrednia (A&B -> C, D&C -> E)
- Strata rekombinacyjna (C(A&B) -> E)

- Efekty matczyne (B->C, C->E)
- Heterozja matczyna (C(A&B) -> E)



Na wartość osobnika czystej rasy składają się następujące elementy, które można przedstawić za pomocą równania:

$$\mu_A = \mu + g_A + m_A$$

z czego μ – średnia ogólna, g_A – efekt bezpośredni (wartość hodowlana), m_A – efekt matczyzny (wartość hodowlana).

Natomiast w przypadku mieszańców ras A (samiec) i B (samica) sytuacja wygląda następująco

$$\mu_{AB} = \mu + (g_A + g_B)/2 + m_B + h_{AB}$$

gdzie h_{AB} – efekt heterozji (w jednostkach cechy)

a ras B (samiec) i A (samica):

$$\mu_{BA} = \mu + (g_A + g_B)/2 + m_A + h_{AB}$$

W zależności od przebiegu krzyżowania poszczególne efekty rozkładają się niejednakowo, stąd w analizie efektów przydaje się następująca tabela:

Strategia krzyż. Kolej. Gen.bezp. Heteroz. Str.rek. Matcz. Het.mat.

P ₁	A	A			A
F ₁	A·B	$\frac{A+B}{2}$	AB		B
	B·A	$\frac{A+B}{2}$	AB		A
3W	(C·D)·A	$\frac{C+D+2A}{4}$	$\frac{CA+DA}{2}$	$\frac{cd}{2}$	A
	C·(A·B)	$\frac{2C+A+B}{4}$	$\frac{CA+CB}{2}$	$\frac{ab}{2}$	$\frac{A+B}{2}$ AB
	C·(B·A)	$\frac{2C+A+B}{4}$	$\frac{CA+CB}{2}$	$\frac{ab}{2}$	$\frac{A+B}{2}$ BA
B ₁	A·(A·B)	$\frac{3A+B}{4}$	$\frac{AB}{2}$	$\frac{ab}{2}$	$\frac{A+B}{2}$ AB
B ₁	A·(B·A)	$\frac{3A+B}{4}$	$\frac{AB}{2}$	$\frac{ab}{2}$	$\frac{A+B}{2}$ AB
F ₂	(A·B) ²	$\frac{A+B}{2}$	$\frac{AB}{2}$	ab	$\frac{A+B}{2}$ AB
F ₃	(A·B) ³	$\frac{A+B}{2}$	$\frac{AB}{2}$	ab+	$\frac{A+B}{2}$ $\frac{AB}{2}$

W przypadku systemu rotacyjnego z udziałem dwóch ras udział genów poszczególnych ras początkowo zmienia się w każdym pokoleniu by osiągnąć pewną stabilizację. Obrazuje to tabela:

Pokolenie	Rasa ♂	Udział A	Udział B	% heterozji
Założyciele	B	0	100	0
1	A	50	50	100
2	B	25	75	50
3	A	63	37	75
4	B	31	69	63
5	A	66	34	69
6	B	33	67	66
7	A	66	34	67
8	B	33	67	66
9	A	67	33	67
10	B	33	67	67

W ostatnim czasie zaczęto rozważać sens krzyżowania nawet u bydła mlecznego. Wśród przesłanek do tego należy wymienić:

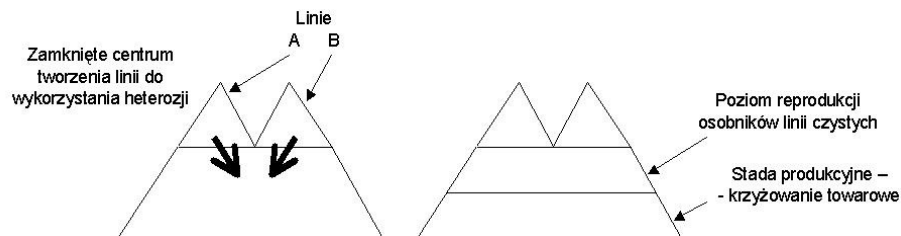
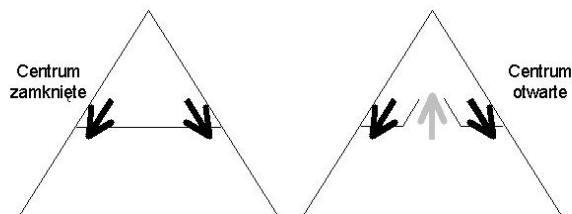
- Stale rosnący inbred i wynikające z jego tytułu straty
- Połączenie wydajności mleka i wartości tusz holsztynów z płodnością, matczyną łatwością wycieleń i wysokich udziału składników w mleku jerseyów
- Wykorzystanie heterozji w zakresie zdrowia, produkcji, płodności i przeżywalności.

5. Wykorzystanie biotechnik oraz najnowszych osiągnięć genetyki w programach hodowlanych

Hodowla zarodowa (nucleus breeding schemes)

Hodowla zarodowa to sposób doskonalenia szerokiej populacji przez prowadzenie intensywniej pracy hodowlanej w tzw. stadach zarodowych i przenoszenie wyników tej pracy na pozostałą część populacji. Często zwierzęta ze stad zarodowych są skoncentrowane w jednym miejscu (konieczne ze względów praktycznych przy kryciu naturalnym), choć nierzadkie są odstępstwa od tej zasady (zwłaszcza, gdy stosowana jest sztuczna inseminacja). Ze względu na większe możliwości rozrodcze to zwykle samce podlegają w większym stopniu koncentracji – to na nich koncentruje się główna praca hodowlana i one stają się motorem postępu całej populacji.

Do tworzenia centrów zarodowych wybierane są zwierzęta o najwyższej wartości hodowlanej. Dzięki temu już na samym starcie uzyskuje się postęp hodowlany. W trakcie prowadzonej pracy hodowlanej rodzą się zwierzęta o wysokiej wartości genetycznej. Część z nich wykorzystuje się na rodziców następnego pokolenia, reszta trafia do populacji bazowej przenosząc wysoką wartość uzyskaną w centrum. W **centrach zamkniętych (closed nucleus)** występuje przepływ materiału genetycznego tylko z centrum do populacji bazowej. Jeśli w programie dopuszcza się dopływ materiału z zewnątrz do jądra zarodowego, to taki system nosi nazwę **centrum otwartego (open nucleus)**. Do przepływu materiału w kierunku centrum dochodzi najczęściej w sytuacji, gdy w populacji bazowej pojawiają się samice o wysokiej wartości hodowlanej.



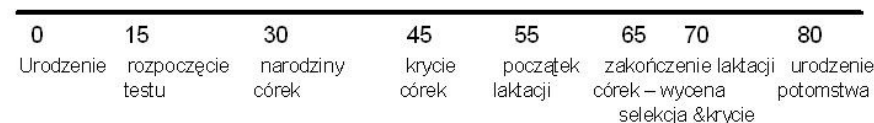
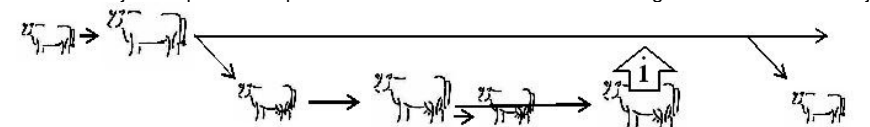
Rysunek 3.

Wysokie tempo uzyskiwanego postępu hodowlanego w stadach zarodowych uzyskuje się dzięki podwyższonej dokładności oceny i zwiększonej intensywności selekcji.

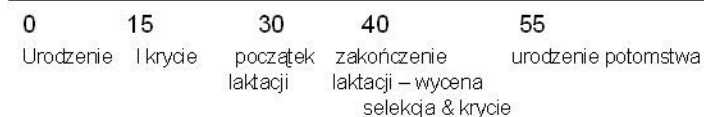
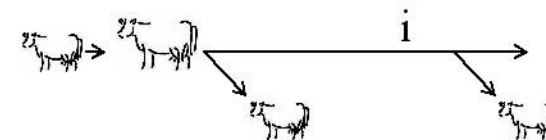
Programy MOET (MOET schemes)

Programy hodowlane oparte o centra zarodowe mogą intensywnie korzystać z biotechniki poliwulacji i transferu zarodków (MOET - multiple ovulation and embryo transfer). Zastosowanie MOET przyczynia się do zwiększenia zdolności rozrodczych samic, co przekłada się na ich dokładniejszą ocenę i umożliwia zwiększenie intensywności selekcji. W niektórych odmianach programów MOET dopuszcza się bardzo wczesną selekcję zwierząt i chociaż jest ona wtedy mniej dokładna to i tak pozwala osiągnąć zwiększony postęp dzięki znacznemu skróceniu odstepu pokoleń.

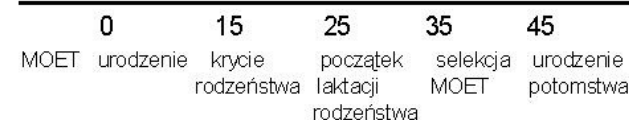
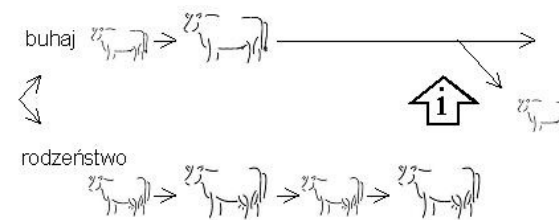
Ocena buhajów na podstawie potomstwa – strzałka blokowa oznacza główne źródło informacji.

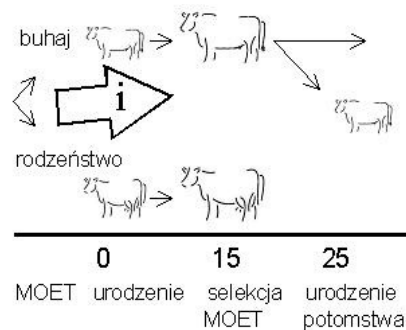


Ocena krów – główne źródło stanowi własna wydajność lub wydajności.



MOET dorosły - ocena buhajów na podstawie wydajności siostr i półsióstr.



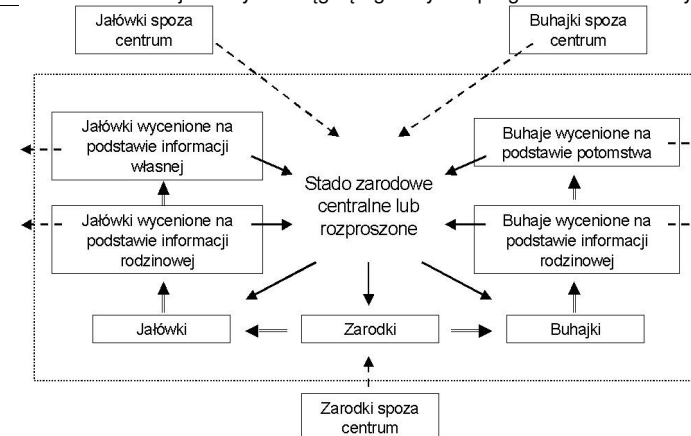


Dokładność oceny i odstęp pokoleń w różnych systemach MOET (Colleau i Mocquot, 1989)

Typ MOET	Krowy		Buhaje	
	Dokładność oceny	Odstęp pokoleń	Dokładność oceny	Odstęp pokoleń
Oryginalny młodociany	0,40	2,3	0,40	1,8
Oryginalny dorosły	0,65	4,0	0,55	4,0
Mieszany młodociany	0,25	2,3	0,90	6,7
Mieszany dorosły	0,50	4,0	0,90	6,7
Program konwencjonalny	0,70	6,0	0,90	6,7

Programy MOET c.d.

- Hybrid MOET - buhaje testowane na podstawie potomstwa.
- Factorial mating zwiększa zysk genetyczny i zmniejsza inbred.
- UK - buhaje wycenione w ramach programu MOET przegrały na rynku nasienia z buhajami testowanymi na potomstwie ze względu na cenę nasienia samą wartość genetyczną. Stado przekształcono w centrum do testowania matek buhajów.
- Holandia - MOET otwarty, z uwzględnieniem cech produkcyjnych, budowy i funkcjonalnych
- Kanada - MOET rozproszony (1988); dostarcza ok. 25% buhajów; odstęp pokoleń dłuższy od zakładanego o 30% ale krótszy od tradycyjnego programu o 20%; bisekcja zarodków jako środek do zwiększenia efektywności programu
- System oceny na podstawie potomstwa z MOET na matkach byków jest MOET-em otwartym, hybrydowym. Im większa liczba potomstwa z ET tym jądro jest bardziej zamknięte, bo mniejsze jest prawdopodobieństwo wyboru matki z populacji produkcyjnej.
- Wysokie koszty operacyjne.
- Cechy drugorzędne (zdrowie i płodność) - niska odziedziczalność i negatywna korelacja z mlecznością - niezbędna ocena użytkowości poza jądrem. Są doniesienia potwierdzające możliwość prowadzenia skutecznej selekcji na te cechy w programach MOET.



Rysunek 4. Obrót zwierząt w stadzie zarodowym.

Przyczyny niepowodzenia MOET:

- zwiększenie efektywności tradycyjnych systemów poprzez zwiększenie liczby ocenianych buhajów na całym świecie
- oczekiwania rynku, co do wysokiej dokładności oceny buhajów
- obniżenie efektywności ścieżki ojciec-syn (zmniejszenie intensywności selekcji)

Aktualnie stada zarodowe cechuje intensywne wykorzystanie ojców buhajów, z czego pochodzi wiele krów warunkujących osiągnięcie wysokiego postępu na ścieżce matka-córka.

Przyczyny przeszacowania początkowo zakładanych zysków genetycznych leżały w niespełnieniu następujących założeń:

- selekcja nie wpłynie na zmienność genetyczną,
- intensywność selekcji nie będzie uzależniona od wielkości i struktury populacji,
- inbred nie ma wpływu na użytkowość,
- inbred nie wpływa na zmienność genetyczną,
- rodziny mają stałą wielkość.
- MOET otwarty + IVEP + seksowanie nasienia (symulacja deterministyczna)
 - zysk genetyczny wzrósł o 50% w porównaniu do tradycyjnego programu (z czego 30% wynikiem IVEP).
- Rolnicy preferują nasienie buhajów ocenionych na podstawie potomstwa. Mniejsza dokładność oceny buhajów ET jest rekompensowana ich 'wiekiem' - rekompensata tym większa im większy postęp genetyczny.
- Nowe biotechniki zdecydowanie łatwiej wdrożyć w jądrach.

Zwiększona wielkość rodzin pozwala na oszacowanie efektów dominacyjnych

Zastosowanie biotechnik w programach hodowlanych.**SZTUCZNE UNASIENIANIE**

- Nieograniczony dostęp do reproduktorów.
- Zachowanie zasobów przez mrożenie nasienia.
- Eliminacja genów letalnych.
- Zwalczanie chorób weterynaryjnych.
- Wysoka intensywność selekcji.
- System oceny na podstawie użytkowości potomstwa.

MOET

- Zwiększenie współczynnika reprodukcji samic

- Zwiększenie intensywności selekcji na linii matka-syn.
- Niewielkie grupy córek matek buhajów mają duży udział w postępie genetycznym.
- Problem oceny wartości hodowlanej

OPU-IVP (IVM+IVF) -ET

- Zwiększenie intensywności selekcji na linii matka-syn.
- Tworzenie osobników transgenicznych - odporność na choroby
- Zwiększenie efektywności produkcji embrionów zmniejsza liczbę samic potrzebnych do realizacji programu, które w programach MOET pochodzą z populacji otwartej;
- Zwiększa się wielkość grup półrodzeństwa
- Liczba rodzin ulega zbytniemu zmniejszeniu i selekcja odbywa się niemal wyłącznie wewnątrz rodziny, dlatego tylko duże jądra mogą w pełni skorzystać z tej techniki.
- DNA markery pozwalają selekcjonować zarodki 'juvenile predictors' -
- Zwiększenie zysku o ok. 5% w połączeniu z juvenile - 24%
- IVF of fetal embryos - redukcja odstępu pokoleń samic do 90 dni, ale mniejsza dokładność oceny samic; łącznie wzrost postępu o 13-18%.

KLONOWANIE ZARODKÓW

- Problem oceny wartości hodowlanej
- Zwiększenie efektywności programów MOET/IVEP
- Zmniejszenie liczby genotypów - zmniejszenie intensywności selekcji.
- Zwiększenie wartości stad produkcyjnych

SEKSOWANIE NASIENIA I ZARODKÓW

- Zwiększenie efektywności programów MOET/IVEP
- Zwiększenie produkcji bydła mięsnego - tylko 30% krów potrzeba do wytworzenia następnego pokolenia samic - reszta może być kryta bydłem mięsnym.
- Ryzyko zwiększenia odstępu pokoleń z powodu niższej skuteczności unasieniania

	SW Kaddy	Wind Kaddy
Mleko	587	762
Tłuszcz	32	29
Białko	19	21
Prod.życiowa	-1	-0,9
LKS	3,44	3,53
#córek	437	4657
#stad	111	1741

6. Następstwa prowadzenia pracy hodowlanej

- zmiana wartości hodowlanej zwierząt
- zmniejszenie wariancji genetycznej
- rozprzestrzenianie wad genetycznych
- wzrost homozygotyczności

Zasadniczym celem prowadzenia pracy hodowlanej jest wzrost wartości hodowlanej zwierząt. Skutkiem stosowania selekcji i doboru zwierząt są także inne zjawiska. Wśród nich najważniejsze to zmniejszenie wariancji genetycznej, zmniejszenie zmienności wartości hodowlanych i wzrost homozygotyczności.

Efekt Bulmera

Aby wyjaśnić zjawisko efektu Bulmera zajmijmy się najpierw wariancją pomiędzy rodzicami następnego pokolenia. Ponieważ na rodziców kolejnego pokolenia wybieramy osobniki z jednego z końców rozkładu normalnego, dlatego też wariancja między nimi jest mniejsza aniżeli wariancja w całej populacji. Wariancję w grupie wyselekcjonowanych zwierząt można określić za pomocą wzoru:

$$\sigma_i^{2*} = \sigma_i^2 (1 - k)$$

gdzie σ_i^2 to wariancja indeksu w całej populacji przed selekcją, a k to współczynnik redukcji wariancji. Współczynnik k przyjmuje wartości z przedziału od 0 do 1. Przy bardzo intensywnej selekcji, w skrajnym przypadku sięga on wartości, 1 co oznacza brak zmienności między wyselekcjonowanymi osobnikami. Z drugiej strony, gdy selekcjonujemy wszystkie zwierzęta (*defacto* brak selekcji) wartość współczynnika k wynosi 0. Wynika z tego, że wartość współczynnika k zależy od intensywności selekcji, co obrazuje wzór:

$$k = i (i - z)$$

gdzie i to intensywność selekcji a z to standaryzowany punkt odcięcia.

Przykład 3. Załóżmy, że selekcjonowana grupa zwierząt stanowi 10% populacji. Przeliczając frakcję na intensywność selekcji otrzymujemy $i = 1.755$. Standaryzowany punkt odcięcia dla takiej frakcji wynosi 1.282. Stąd $k = 1,755 (1,755 - 1,282) = 0,83$.

Selekcja redukuje nie tylko wariancję indeksu, ale także wariancję wartości hodowlanych, jako że są one ze sobą powiązane. Jednakże wartość hodowlana nie jest nigdy określana ze 100% dokładnością, stąd, im mniejsza dokładność oceny tym mniejsza redukcja wariancji wartości hodowlanych. Pamiętając, że r_{IH} = to dokładność oceny zwierząt, zatem zmniejszenie wariancji wartości hodowlanych wynosić będzie $k^2 r_{IH}^2 \sigma_A^2$. Można zatem podsumować, że wariancja genetyczna addytywna w wyselekcjonowanej grupie zwierząt wynosić będzie:

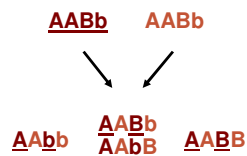
$$\sigma_A^{2*} = \sigma_A^2 (1 - k^2 r_{IH}^2),$$

co w przypadku selekcji opartej na fenotypie daje:

$$\sigma_A^{2*} = \sigma_A^2 (1 - k^2 h^2).$$

W skutek selekcji nie tylko wariancja genetyczna ulega zmniejszeniu, ale także zmianom ulegają kowariancje (korelacje) między cechami.

Segregacja mendlowska



Zmniejszona wariancja wśród wyselekcjonowanych rodziców znajduje swoje odbicie w mniejszej wariancji następnego pokolenia. Przypomnijmy, jak kształtuje się wartość hodowlana potomstwa pochodzącego z kojarzenia rodziców o określonych wartościach hodowlanych:

$$A = \frac{1}{2} A_S + \frac{1}{2} A_D + MS,$$

Gdzie A_S to wartość hodowlana ojca, A_D to wartość hodowlana matki, a MS to wartość odchylenia mendlowskiego. W ślad za tym wariancja następnego pokolenia będzie wynosić odpowiednio:

$$\sigma_{A,t+1}^2 = \frac{1}{4} \sigma_{S,t+1}^2 + \frac{1}{4} \sigma_{D,t+1}^2 + \frac{1}{2} \sigma_{A,0}^2$$

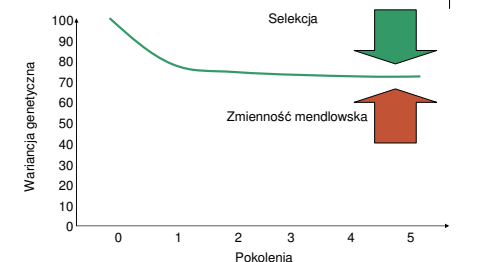
gdzie, $\sigma_{S,t+1}^2$ to addytywna genetyczna wariancja pośród ojców, a $\sigma_{D,t+1}^2$ to addytywna genetyczna wariancja pomiędzy matkami, natomiast $\frac{1}{2} \sigma_{A,0}^2$ to wariancja wynikająca z odchylenia mendlowskiego, gdzie $\sigma_{A,0}^2$ to wariancja w populacji nie podlegającej selekcji. Z pierwszej części powyższego równania wynika, że na skutek selekcji maleje wartość tego wyrażenia, z kolei wartość wariancji odchylenia mendlowskiego pozostaje niezależna od prowadzonej selekcji (zakładając brak inbrodu wśród wyselekcjonowanych rodziców). Wynika z tego, że wariancja genetyczna addytywna nigdy nie może zmniejszyć się poniżej poziomu $\frac{1}{2} \sigma_{A,0}^2$. Równoważące się działanie polegające na zmniejszaniu wariancji w skutek selekcji i przeciwnie do niej działająca wariancja odchylenia mendlowskiego nazywa się **efektem Bulmera**. Sprawia ono, że wariancja w selekcjonowanej populacji utrzymuje się w przedziale między $\sigma_{A,0}^2$ a $\frac{1}{2} \sigma_{A,0}^2$ czyli nie spada poniżej połowy swojej początkowej wartości.

Tabela obrazuje działanie efektu Bulmera (za Bijma i wsp. 2002) w populacji o wariancji genetycznej addytywnej równej 0,5, w której prowadzi się selekcję w oparciu o fenotyp własny, a frakcja selekcjonowanych zwierząt wynosi 5%.

Pokolenie t	$\sigma_{A,t}^2$	h_t^2	$\Delta G_{t,t-1}$
0	100	0,50	0
1	78	0,44	14,6
2	74	0,43	12,1
3	74	0,43	11,6
4	73	0,42	11,5
5	73	0,42	11,5
zaprzeszanie selekcji			
6	87	0,47	0
7	93	0,48	0
8	97	0,49	0
9	98	0,49	0
10	99	0,50	0

Selekcja redukuje wielkość wariancji genetycznej, która jednak, na skutek działania efektu Bulmera po kilku pokoleniach stabilizuje się

Efekt Bulmera



Bijma i wsp. 2002

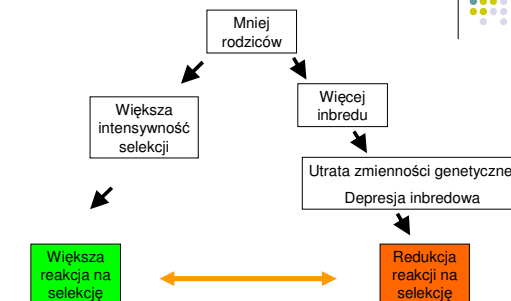
(Perspektywa genetyczna)

Na poziomie locus, selekcja wywołuje negatywną korelację między efektami allelicznymi w różnych locci danego zwierzęcia. Ta negatywna korelacja zmniejsza wariancję wartości hodowlanych selekcjonowanych zwierząt

(Efekt Bulmera a spokrewnienie)

Efekt Bulmera zmniejsza udział informacji pochodzącej od krewnych bocznych na szacowanie dokładności wartości hodowlanych zwierząt

Inbred a intensywność selekcji



Problem inbrodu w dużych populacjach

Inbred w populacjach niepodlegających selekcji

$$\Delta F = 1 / (2 * N_e)$$

oraz

$$1/N_e = 1/4 N_m + 1/4 N_f,$$

gdzie N_e to efektywna wielkość populacji, a N_m i N_f to liczba samców i samic używanych jako rodzice w każdym pokoleniu. W powyższych wzorach zakłada się, że każdy z rodziców posiada taki sam udział w tworzeniu kolejnego pokolenia, co w przypadku populacji hodowlanych raczej nie ma miejsca. W hodowli mamy często do czynienia ze zróżnicowaną wielkością rodzin, co oznacza, że część rodziców pozostawia po sobie zdecydowanie więcej potomstwa, co oznacza redukcję efektywnej wielkości populacji.

Przykład. Gdy efektywna wielkość populacji wynosi 20 to średni przyrost inbrodu w kolejnym pokoleniu będzie wynosił: 2,5%

Efektywna wielkość populacji to liczba osobników w populacji, których potomstwo stanowi kolejne pokolenie.

Efektywna wielkość populacji to także wielkość wyidealizowanej populacji, która posiada te same właściwości w odniesieniu do dryfu genetycznego, jakimi charakteryzuje się interesująca nas populacja.

Przyczyny wzrostu inbrodu w ostatnich latach

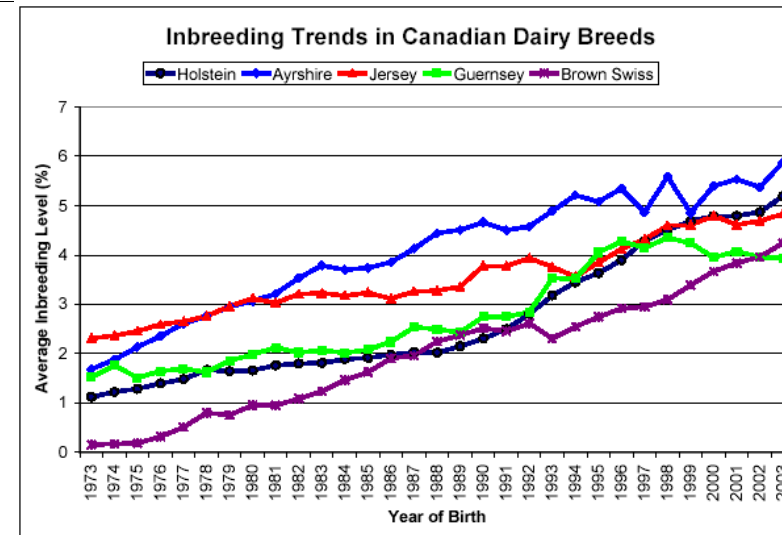
- stosowanie dokładniejszych metod obliczeniowych
- stosowanie głębszych rodowodów
- bagatelizowanie znaczenia inbrodu
- nieświadome dopuszczanie do kojarzeń w pokrewieństwie
- stosowanie metody BLUP – animal model
- programy hodowlane realizowane w centrach MOET
- zwiększenie efektywności chowu i hodowli
- globalizacja hodowli (Sunny Boy 241 536 córek, 295 w Polsce)
- INTERBULL

Inbred w światowych populacjach bydła mlecznego

Rysunek. Poziom inbrodu i średni roczny wzrost inbrodu w populacjach bydła mlecznego w Kanadzie (stan z sierpnia 2004, za <http://www.cdn.ca>).

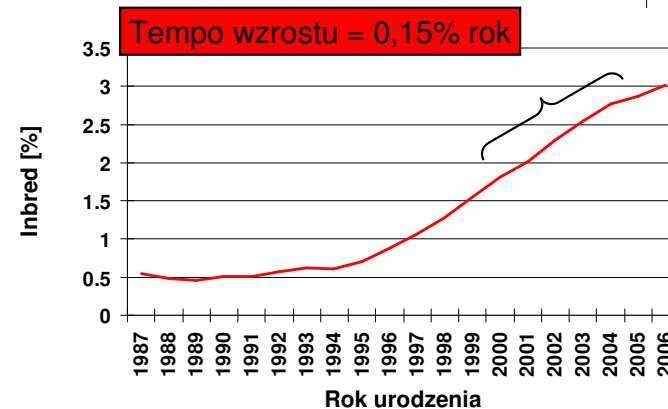
Current Inbreeding Level and Change in Average Inbreeding by Breed					
Breed	Average % Inbreeding for 2003	Average Annual Increase in Average Inbreeding Percentage by Time Period			
		1970-1979	1980-1989	1990-1999	2000-2003
Ayrshire	5.88	.23	.16	.03	.27
Brown Swiss	4.24	.07	.16	.10	.21
Canadienne	7.75	.08	.27	-.01	1.01
Guernsey	3.94	.04	.06	.18	-.08
Holstein	5.19	.08	.05	.25	.13
Jersey	4.83	.11	.04	.12	.06
Milking Shorthorn	3.61	.01	.01	.24	.21

Rysunek. Wzrost inbrodu w populacjach bydła mlecznego w Kanadzie (stan z sierpnia 2004, za <http://www.cdn.ca>).



Rysunek. Wzrost inbrodu wśród amerykańskich Holsztynów (stan z 2004r, za <http://aipl.arsusda.gov>).

Poziom inbrodu u krów rasy polskiej holsztyńsko-fryzyjskiej



Jankowski i Strabel 2007

Depresja inbredowa cech produkcyjnych u polskich holsztyno-fryzów

Laktacja	Spadek wydajności mleka
1	15,6kg
2	18,1kg
3	22,8kg

W przeliczeniu na 1% inbredu
Jankowski i Strabel 2007

Przykład:

Stado: 100 krów
Litr mleka: 1,2 zł
↓
Strata: 6500zł/rok

Metody ograniczania inbredu

- Dobór osobników
 - factorial mating w programach MOET
 - rotacja buhajów
 - stosowanie programów do kojarzeń
 - 'mate selection' – selekcja par
 - kojarzenie wyselekcjonowanych osobników z dużych rodzin ze zwierzętami z małych rodzin
 - stosowanie algorytmów genetycznych
- Modyfikacja metod obliczania wartości hodowlanej
 - Nie uwzględnianie inbredu a selekcja na podstawie fenotypu
 - Zmniejszenie wagi dla informacji rodzinowej
 - Sztuczne zawyżanie współczynnika odziedziczalności
 - Modyfikacja stosowanej informacji o spokrewnieniach
- Zmniejszenie intensywności selekcji i ograniczanie wykorzystania najlepszych zwierząt przy tworzeniu kolejnych pokoleń
 - Reglamentacja nasienia
 - Ograniczanie selekcji półrodzeństwa
 - Uwzględnienie spokrewnienia w selekcji

CVM w Polsce

Ruś i Kamiński (2007) przebadali:

- 202 aktywne buhaje z lat 2001-2005
- 403 buhaje testowe

i stwierdzili

- **150 buhajów (25%)** okazało się nosicielami zmutowanego genu

Journal of Applied Genetics, 2007

7. Dobór w praktyce hodowlanej

Cechy dobrego programu do kojarzeń

1. Uwzględnia cel hodowlany hodowcy – „produkcja a hodowla”
2. Analizuje całe stado (genetyka i środowisko)
3. Operuje krajowymi wartościami hodowlanymi
4. Dysponuje głębokimi rodowodami krów i buhajów
5. Uwzględnia spokrewnienia przyszłych cieląt
6. Uwzględnia wady genetyczne
7. Uwzględnienia aspekt ekonomiczny, np. cenę nasienia
8. Daje możliwość testowania młodych buhajów

Pracownicy WChIRZ & MCB

1. Bonitacja krowy
2. Komputerowe kojarzenie



Zalety mate selection

- Optymalne wykorzystanie dostępnych zwierząt
- Możliwość kontrolowania inbredu w dłuższej perspektywie czasu
- Możliwość uwzględnienia dużej liczby cech
- Jednoczesne kojarzenie całego stada
- Konieczność analizy ogromnej liczby par

Stworzenie centralnego systemu doboru do kojarzeń



8. Globalizacja hodowli

Międzynarodowa wycena zwierząt

W różnych krajach i dla różnych populacji stosuje się odmienne metody oceny wartości hodowlanej i zasady publikacji ich wyników. Systemy oceny różnią się pod wieloma względami od sposobu definicji samej cechy przez techniczne detale samej metody do sposobu udostępniania wyników włącznie. Wszystko to sprawia, że nie można uznać buhaja z przewagą 100kg mleka wycenionego w Holandii za posiadającego taką samą wartość jak buhaj z taką samą przewagą, ale wyceniony w Stanach Zjednoczonych, nawet gdyby kraje te posiadały identyczny punkt odniesienia czyli tzw. bazę genetyczną. Wynika to z faktu zróżnicowania genetycznego populacji. Zatem hodowca korzystający z katalogu zagranicznego może porównywać ze sobą tylko buhaje w nim się znajdujące i nie może ich bezpośrednio odnosić ani do listy krajowych ani rankingów buhajów z innych krajów.

Przykład 4. Porównanie systemów oceny wartości hodowlanej w Polsce, Holandii i Kanadzie w oparciu o wybrane kryteria pokazuje w jak bardzo różny sposób traktuje się wyniki użytkowości mlecznej w różnych krajach.

Kryterium porównania	Polska	Holandia	Kanada
Długość laktacji	5-305 dni	5-335 dni	5-305 dni
Dane uwzględnione w ocenie	Wycielenia od 1990 roku	Wycielenia od 1990 roku	Wycielenia od 1988 roku
Laktacje w ocenie	1-3	1-3	1-3
Metoda oceny			
-model oceny	Laktacyjny	Próbnych udojów	Próbnych udojów
-jednoczesne uwzględnienie wielu cech (np.wydaj. tłuszczu)	NIE	NIE	TAK
Czynniki nienogenetyczne uwzględnione w ocenie	Wiek wycielenia, stado-rok-sezon	Wiek wycielenia, dzień doju w stadzie, długość okresu zasuszenia, dzień ciąży, heterozja	Wiek wycielenia, dzień doju w stadzie, region
Uwzględnienie niejednorodnych zmienności w stadach	NIE	TAK	TAK
Odziedziczalność wydajności mleka w pierwszej laktacji	0,23	0,52	0,36
Sposób wyrażania oceny	EBV	EBV	EBV
Baza genetyczna	Średnia wartość hodowlana polskich krów wycielonych w roku 1995	Średnia wartość hodowlana holenderskich krów wycielonych w roku 1995	Średnia wartość hodowlana kanadyjskich krów wycielonych 3 lata wcześniej w stosunku do roku oceny
Minimalne kryterium publikacji oceny buhaja	10 córek	15 córek	20 córek
Liczba ocen w roku	2	4	4
Cechy uwzględnione w podstawowym indeksie (jego skrótowa nazwa)	Wydajność, tłuszczu i białka (-)	Wydajność mleka, tłuszczu i białka (lnet)	Cechy produkcyjne, wytrzymałość i zdrowotność (LPI)
Status wyników oceny Interbullu	-	Oficjalne	Oficjalne

- na podstawie danych publikowanych przez Interbull

Z różnymi metodami oceny wiąże się także różna dokładność oceny zwierząt. Niska dokładność to mniejsza pewność, że wysoko oceniony buhaj jest faktycznie najlepszy. Idąc dalej, jeśli selekcjonujemy zwierzęta, które nie koniecznie są najlepsze to obniżamy tempo postępu hodowlanego. Należy również pamiętać, że w miarę napływu informacji o kolejnych ukończonych laktacjach córek buhaja nie tylko zwiększa się dokładność oceny, ale sama ocena może ulegać zmianie. Oczywiście zmiany wartości buhaja o wysokiej dokładności oceny są dużo mniejsze aniżeli zmiany wartości buhajów, które dopiero rozpoczęły ocenę.

Interbull

Występowanie różnic w ocenie i sposobie publikowania wyników oceny sprawia, że porównywanie ocen uzyskiwanych w różnych krajach jest niezwykle utrudnione. W rozwiązaniu tego problemu pomaga od lat organizacja Interbull. Początkowo organizacja ta tworzyła równania umożliwiające konwersje wyników uzyskanych w jednym kraju na skalę drugiego kraju. Metoda ta niezwykle prosta w praktycznym wykorzystaniu jest stosowana przez hodowców za granicą do przeliczania wartości hodowlanych tych zwierząt, które nie są wyceniane przez Interbull, tj. np. krów. Aktualnie stosowana jest ulepszona metoda, która o wiele dokładniej wykorzystuje dostępne informacje o ocenianych buhajach (Rysunek 4).

Przykład 5. Wyniki międzynarodowej oceny powstają po uwzględnieniu ogromnej liczby informacji o każdym buhaju.

Stosowana przez Interbull metoda wykorzystuje metodę oceny stosowaną w danym kraju. Zatem im jest ona dokładniejsza tym dokładniejsze są wyniki oceny międzynarodowej. Ponadto, daje to możliwość uwzględnienia interakcji, jakie zachodzą między genami zwierząt a środowiskiem, w jakim się one znajdują. Z kolei uwzględnienie spokrewnienia między zwierzętami gwarantuje optymalne wykorzystanie informacji o użytkowości wszystkich córek wszystkich buhajów. Przykładowo, jeśli córki jakiegoś buhaja użytkowane w naszym kraju uzyskują niskie wydajności to fakt ten będzie się przyczyniał do obniżania wartości hodowlanej innych, w tym także zagranicznych buhajów, z którymi jest on spokrewniony. Analogicznie, buhaj, który sprawdza się w naszym kraju będzie przyczyniał się do uzyskiwania przez jego krewnych wyższych ocen. Skutkiem tego jest możliwość uzyskania różnego rankingu tych samych zwierząt na listach rankingowych przygotowywanych dla różnych krajów. Jest zatem rzecz normalną, że czołowy buhaj z kraju A nie zajmuje pierwszego miejsca na liście rankingowej w kraju B. Co więcej, inny buhaj oceniony w kraju A może znajdować się na topie listy w kraju B.

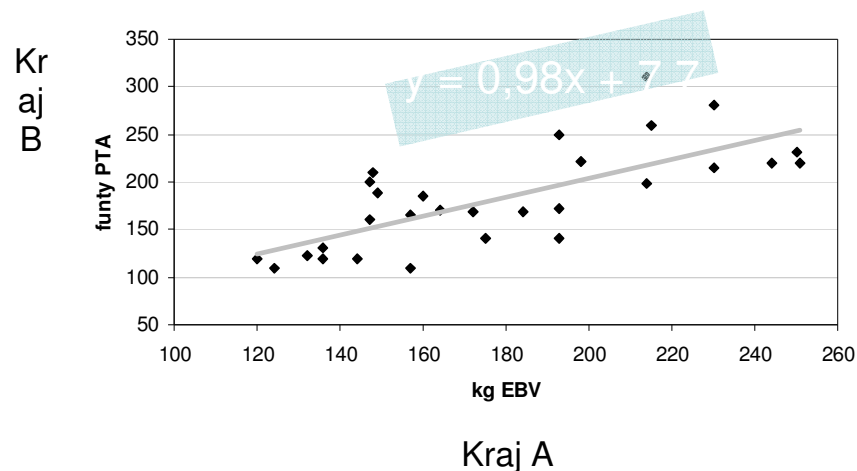
Aktualnie prowadzone są badania naukowe nad opracowaniem metody, która pozwalałaby na uzyskanie międzynarodowych ocen zwierząt nie na podstawie wyników ocen poszczególnych krajów ale bezpośrednio na podstawie użytkowości córek użytkowanych we wszystkich krajach. Skandynawowie przygotowują wdrożenie jednoczesnej oceny zwierząt we wszystkich krajach tego regionu. Natomiast Niemcy i Austria już dokonują wspólnej oceny krów i buhajów występujących w tych krajach.

Jedno zwierzę – różne wartości hodowlane

Hodowcy często zastanawiają się skąd się biorą różne wyniki oceny tych samych zwierząt. Powyżej wspomniano, że różne oceny tych samych zwierząt w różnych krajach są wynikiem występowania interakcji między genami a środowiskiem. Zróżnicowanie poziomu żywienia i systemu utrzymania bydła – mniej lub bardziej intensywny – może powodować, że w danym środowisku będą pożądane inne geny. Przeciętne warunki środowiskowe jakie panują w naszym kraju często przyczyniają się, że córki najlepszych światowych buhajów nie sprawdzają się. Poza tym różne rankingi zwierząt uzyskuje się przy wyrażaniu wartości buhajów przy pomocy różnych indeksów. Należy bezwzględnie pamiętać, że nie można porównywać ich ze sobą, gdyż zawierają one wyniki oceny różnych cech, którym przypisuje się niejednakowe wagi. Ponadto obserwuje się zmiany wyników oceny w czasie. To przede wszystkim wynik dopływu dodatkowych informacji. Znany krytycznym momentem w stabilności oceny buhaja jest czas, kiedy zaczyna się uwzględniać drugie laktacje jego córek. Kolejne laktacje uznawane są za różne cechy przyjmując, że nie wszystkie geny warunkujące wysoką wydajność w pierwszej laktacji muszą przyczyniać się do wysokiej produkcyjności po kolejnych wycieleniach. Także, jeśli dla danego buhaja liczba laktacji córek już się nie powiększa to jednak na jego ocenę mogą wpływać nowe informacje na temat użytkowości jego krewnych bocznych. Zmiany wyników kolejnych ocen mogą być także spowodowane zmianami w metodzie oceny, które udoskonalane dają coraz bardziej wiarygodne

wyniki. Na małą wiarygodność oceny może też wpływać preferencyjne traktowanie wybranych zwierząt w stadzie, np. inne żywienie wybranych krów ze względu na ich pochodzenie.

Metody oceny wartości hodowlanej nie są pozbawione wad jednakże ich wyników nie da się w żaden sposób zastąpić innymi. Procedura stosowana przez Interbull także nie jest idealna i stale się ją doskonali. Jej wyniki mogą nie być optymalne, jeśli stosowana w danym kraju metoda oceny nie jest dokładna. Większej dokładności oceny międzynarodowej sprzyja również występowanie tzw. genetycznych połączeń między krajami. Sytuacja jest optymalna, jeśli każdy z krajów eksportuje i importuje bydło do pozostałych uczestniczących w ocenie. Także w Polsce podejmuje się wysiłki na rzecz testowania młodych buhajów także za granicą. Niezwykle cenne jest, że nasi hodowcy mają możliwość korzystania z wyników międzynarodowej oceny. Hodowca wybierający najlepszego buhaja spośród wszystkich dostępnych na świecie przyczynia się do zwiększania intensywności selekcji, a to przecież warunkuje większy postęp hodowlany, którego tak bardzo w naszym kraju brakuje.



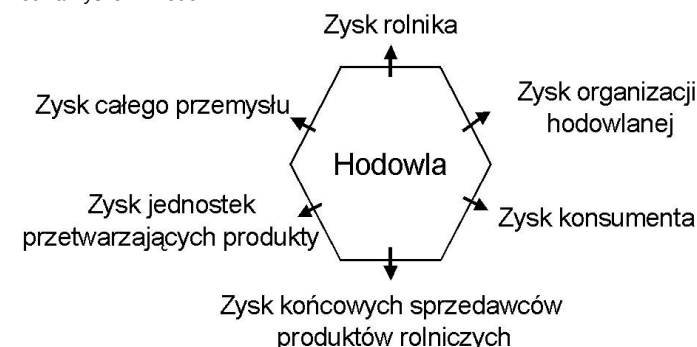
9. Ekonomiczne aspekty doskonalenia zwierząt.

Hodowla zwierząt to biznes. Lush 1945

Cel hodowlany

Dla większości cech o dużym znaczeniu praktycznym cel hodowlany można utożsamiać z celem ekonomicznym. Wyjątki stanowią może np. hodowla psów czy kotów, gdzie celem bywa utrwalanie określonego nietypowego wyglądu zwierząt. Jednak dla zwierząt gospodarskich w praktyce celem pozostaje maksymalizacja zysku.

Rysunek 5. Podział zysków z hodowli.



Precyzując pojęcie zysku w hodowli należy sobie uświadomić jak różne może być jego definiowanie przez poszczególne jednostki włączone w produkcję zwierzęcą. Źródło przychodu w hodowli może stanowić zarówno materiał genetyczny, czyli same zwierzęta, jak i to co one produkują. Najczęściej produkt z hodowli stanowi surowiec dla przemysłu rolno-spożywczego. W celu usprawnienia zarządzania hodowlą i produkcją często dochodzi do łączenia kolejnych etapów produkcji w ramach jednego konsorcjum hodowlano-przemysłowego. Korzyści z takiego działania może być wiele, należą do nich m.in. możliwości kształtowania rynku bezpośrednio przez producenta surowców, łatwiejsze dostosowanie do zmieniających się potrzeb rynku, obniżenie kosztów produkcji, lepsze wykorzystanie informacji z poszczególnych etapów produkcji, w tym np. oceny tusz z rzeźni do oceny i selekcji zwierząt hodowlanych.

Rysunek 6. Możliwa konsolidacja etapów produkcji w ramach jednego przedsiębiorstwa



Funkcja zysku

Funkcja zysku opisuje zmianę w zysku netto jako funkcję fizycznych, biologicznych i ekonomicznych parametrów. Jej wykorzystanie w hodowli sprowadza się do obliczenia wag dla doskonałych cech. Zatem zysk definiuje się jako addytywną genetyczną wartość genotypów łącznych cech (**aggregate genotype**). W uproszczeniu można ją sprowadzić do postaci:

$$P = f(g_1 + g_2 + g_3 \dots g_n).$$

Poprawnie zdefiniowana funkcja zysku powinna posiadać szereg właściwości. powinna być funkcją zmiany genotypu a nie fenotypu, założenia dotyczące środowiska powinny odpowiadać rzeczywistym warunkom, w jakich zysk ma nastąpić

parametry ekonomiczne powinny odnosić się do systemów zarządzania i uwarunkowań marketingowych jakie będą występowały w momencie gdy ujawni się zakładany postęp hodowlany.

Większość gatunków zwierząt hodowlanych utrzymywanych jest w zróżnicowanych warunkach środowiskowych należy więc dokonać wyboru, do jakich ma się odnosić funkcja zysku. Jednocześnie powinno się uwzględnić tendencje zmian w tym zakresie, jakie nastąpić mogą w czasie, w którym zysk ma zostać osiągnięty. Należy także uwzględnić skalę czasu dla osiągnięcia zysku przy realizacji kolejnych decyzji hodowlanych (rolnik dokonujący wyboru zakupu nasienia podejmuje decyzje dotyczącą wartości genetycznej, która ujawni się z 3 letnim opóźnieniem i będzie się przejawiać w okresie 4-5 lat). Ważne jest także, aby parametry ekonomiczne odnosiły się do rynku, w jakim ma nastąpić postęp i w jakim ten postęp ma zostać wykorzystany. Przewidywanie przyszłych warunków ekonomicznych, w tym przykładowo istnienie ograniczeń produkcji ma kluczowe znaczenie. Cennym jest także przewidywanie preferencji konsumentów.

Przykład: przedsiębiorstwo produkujące żywiec wieprzowy, posiada określoną liczbę loch i produkuje pewną liczbę ubijanych z przeznaczeniem na rzeź zwierząt.

Genetycznie uwarunkowane cechy:

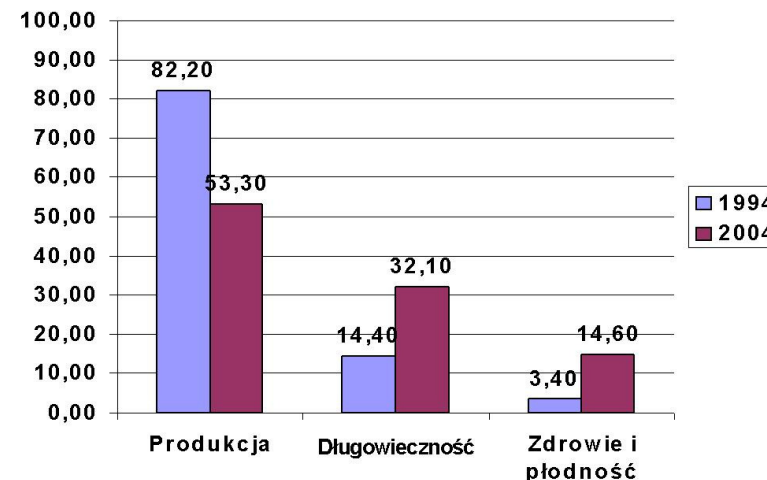
- masa mięsa produkowanego przez sztukę żywca,
- liczba prosiąt w miocie,
- liczba dni tuczu.

Zysk można rozpatrywać z punktu widzenia:

- przedsiębiorstwa jako całości posiadającej możliwości zwiększenia obsady zwierząt,
- przedsiębiorstwa o stałej liczbie zwierząt,

- rzeźni, zainteresowanej oferowaniem najmniejszej możliwej ceny za kg żywca,
 - konsumenta, zainteresowanego najniższą ceną końcowego produktu.
- W tym przypadku zrealizowanie celów konsumenta lub rzeźni prowadzi poprzez postęp genetyczny do zwiększenia konkurencji na rynku tylko w początkowym okresie, w dalszym efekcie jednak do spadku cen.

Rysunek. Zmiany wartości relatywnych wag w indeksach bydła mlecznego na przestrzeni 10 lat. Słupki oznaczają średnią wartość wag w głównych indeksach Danii, Wielkiej Brytanii, Francji, Niemiec, Stanów Zjednoczonych, Kanady, Holandii, Włoch i Nowej Zelandii.



Koszty realizowania programów hodowlanych.

- Kontrola użyteczności;
- Koszt utrzymywania zwierząt oczekujących na ocenę oraz koszt pozyskiwania od nich nasienia;
- Koszt związane ze stosowaniem nasienia buhajów testowych;
- Koszty prowadzenia stacji testowych;
- Koszty stosowania biotechnik: ET, seksowania nasienia;
- Koszty prowadzenia MAS;
- Koszty szacowania wartości hodowlanej.

NPV (Net present value)

Animal breeding is a business
Jay L. Lush, 1945, USA

Na pracę hodowlaną należy patrzeć jak na przedsięwzięcie ekonomiczne. Głównym celem działań hodowcy jest uzyskanie zysku. Jego wypracowanie wymaga ponoszenia określonych nakładów, inwestowania. Główne źródła dochodu to sprzedaż produktów takich jak mleko, żywiec, jaja itp. Z różnicy ponoszonych kosztów i uzyskiwanego dochodu hodowca czy przedsiębiorstwo hodowlane wypracowuje zysk. Jego wielkość uzależniona jest od wielu czynników, z których część jest wynikiem bezpośrednich decyzji hodowlanych. Jedną z nich są decyzje selekcyjne związane z zakupem materiału genetycznego

męskich rozplodników (bydło, trzoda). W tej sytuacji celem hodowcy staje się uzyskanie jak największego zysku z przyszłego postępu hodowlanego. Będzie to możliwe, jeśli koszty związane z zakupem nasienia będą niższe niż dochody uzyskane ze wzrostu produkcji przyszłych zwierząt. Zwiększenie produktywności przyszłych zwierząt pochodzących po określonym ojcu określa się mianem **krańcowa wartość produktywności (marginal valu of product)**. Natomiast wzrost kosztów nasienia potrzebny do uzyskania zysku genetycznego nazywany jest **krańcowym kosztem (marginal factor cost)**. Ekonomicznie uzasadniona decyzja będzie się wiązała z największą różnicą między krańcową wartością produktywności i krańcowym kosztem. Obliczanie takiej różnicy jest teoretycznie uzasadnione, a sama różnica określana jest mianem **wartości bieżącej netto (NPV – net present value)**.

Wartość bieżąca netto to różnica między krańcową wartością produktywności a krańcowym kosztem

W związku z tym, że istnieje różnica w czasie między decyzją o zakupie nasienia a realizacją zysku genetycznego, istnieje potrzeba dyskontowania obliczonych wartości przez zastosowanie poprawki.

$$F= 1/(1+i)^h$$

gdzie i to rzeczywista stopa zysku (uwzględniająca inflację), a h to czas w latach między ponoszonymi kosztami a uzyskiwanym dodatkowym zyskiem.

Badania naukowe wskazują, że uwzględnienie ceny nasienia i poprawne sformułowanie celu hodowlanego (kryterium selekcji) to najważniejsza droga do uzyskania zysku z inwestycji hodowlanych.

Przykład. Przeprowadźmy analizę kosztów nabycia nasienia i dochodów z produkcji przyszłego potomstwa krów zgromadzonych w pewnym stadzie. W prostym przykładzie uwzględnimy tylko jedną cechę produkcyjną (kilogramy mleka w laktacji) do kojarzeń 3 krów o znanych wartościach hodowlanych (EBV – estimated breeding value).

	krowa 1	krowa 2	krowa 3
koszt	0 zł	0 zł	0 zł
EBV kg. m	320	375	325

Przyjmijmy, że dostępne jest nasienie 4 buhajów o znanych wartościach hodowlanych i zróżnicowanej cenie.

	buhaj 1	buhaj 2	buhaj 3	buhaj 4
koszt	35 zł	30 zł	125 zł	125 zł
EBV kg.m	1547	1467	1777	1684

W związku z możliwością wystąpienia kojarzenia w pokrewieństwie uwzględnimy pochodzenie zwierząt. W przypadku pojawienia się inbrodu przyjmijmy, że na 1% wzrostu homozygotyczności produkcja mleka w laktacji spadnie o 27kg.

Rodowody zwierząt przedstawiają się następująco

byk1				byk2				byk3				byk4			
herscot		janice		tango		marie		blacksta		pety		sheik		mirta	
		aja	lauri												

krowa1				krowa2				krowa3			
chief		lisa		sheik		elysa		vojager		mirta	
shei	lauri										

Decyzje selekcyjną (które z buhajów należy wybrać) i dobór do kojarzeń przeprowadzimy w oparciu o założenia selekcji par (mate selection). Przyjmijmy jako dodatkowe założenie, że każda krowa zostanie skojarzona z innym buhajem. Optymalizacja kojarzeń przy selekcji par będzie się opierać o wartość bieżącą netto (NPV):

$$NPV_{ij}= (EBV_i + EBV_j)/2 – D – KK$$

gdzie D to wielkość depresji inbredowej dla kojarzenia krowy i i buhaja j, a KK to koszt krańcowy, tu koszt zakupu nasienia buhaja j. Połączenie uwzględnianych wartości w NPV będzie możliwe po ich przeliczeniu na PLN – przyjmijmy, że jeden kilogram mleka wart jest 1zł. Dla uproszczenia przyjmijmy, że wartość współczynnika do zdyskontowania przyszłych zysków wynosi 1.

Pomocne w zebraniu koniecznych do wykonania obliczeń pomocne mogą być poniższe tabele.

	Inbred potomstwa			
	buhaj 1	buhaj 2	buhaj 3	buhaj 4
krowa 1	0	?	?	?
krowa 2	?	0	?	?
krowa 3	?	?	0	?

Wartość NPV dla kojarzenia.

$$NPV_{1,1}= (320zł + 1547zł)/2 – 0zł – 35zł$$

NPV dla możliwych kojarzeń

Wartość hodowlana	buhaj 1	buhaj 2	buhaj 3	buhaj 4
krowa 1	814,1	?	?	?
krowa 2	?	891,0	?	?
krowa 3	?	?	926,0	?

Zgodnie z założeniami mate selection aby dokonać wyboru najlepszych kojarzeń i tym samym dokonać selekcji 3 spośród 4 dostępnych buhajów należy przeanalizować wszystkie możliwe zestawy do kojarzeń. Przykładowo, gdy skojarzymy krowę 1 z buhajem 1, krowę 2 z buhajem 2 i krowę 3 z buhajem 3 otrzymamy łączną wartość NPV

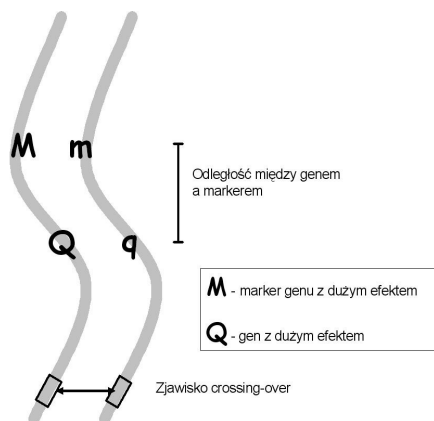
$$\Sigma NPV_{(1,1; 2,2; 3,3)} = 814,1 + 891,0 + 926,0$$

Dopiero po przeliczeniu wszystkich możliwych zestawów uzyskamy informację, który zestaw gwarantuje największą wartość bieżącą netto. Zastanów się i wymień, jakich elementów nie uwzględniono w tym prostym przykładzie.

10. Selekcja z udziałem markerów

Selekcja z wykorzystaniem markerów (Marker Assisted Selection)

Doskonalenie cech ilościowych poprzez selekcję prowadzi do poprawy wartości genetycznej zwierząt. Dzięki temu, chociaż nie możemy obserwować poszczególnych genów, zwiększa się udział genów o korzystnych efektach. Nie dysponując informacją na temat pojedynczych genów a jedynie na temat fenotypu osobników, oceniamy wartości hodowlane zwierząt tylko z pewnym przybliżeniem nazywanym dokładnością oceny. W zależności od wykorzystywanych źródeł informacji dokładność może być mniejsza lub większa, ale nigdy nie będzie wynosić 100%. Zwiększaniu dokładności sprzyja duża liczba potomstwa – wtedy dokładność może osiągnąć poziom 99%. Jednak nie dla każdej cechy i gatunku uzyskanie takiej wartości jest możliwe. Co więcej, istnieją strategie doskonalenia zwierząt, które umożliwiają uzyskanie wysokiego postępu przy stosunkowo niskiej dokładności oceny. Opierają się one o selekcję bardzo młodych zwierząt (skrócenie odstępu pokoleń), dla których posiadamy ograniczoną wiedzę na temat wartości ich genów. W tej sytuacji dodatkowym źródłem informacji mogą być osiągnięcia genetyki molekularnej wskazujące na istnienie potencjalnie bardzo wartościowych genów. W przypadku cech ilościowych szczególne znaczenie mają tu **geny o dużych efektach (Quantitative Trait Loci)**. Ich bezpośrednia identyfikacja zwykle nie jest możliwa. Poszukuje się zatem **markerów genetycznych (genetic markers)**, którymi są geny lub fragmenty DNA pozwalające na identyfikację alleli w sprzężonych locus. Gdy uda się znaleźć markery genów o dużych efektach możliwe staje się wykorzystanie informacji o nich w selekcji. Selekcja specyficznych alleli z wykorzystaniem markerów genetycznych określana jest mianem **selekcji z wykorzystaniem markerów genetycznych (Marker Assisted Selection – MAS)**.



Rysunek 7. Lokalizacja locus genu cechy jakościowej i jego markera na chromosomie.

W ostatnich latach poszukiwaniu genów z dużym efektem oraz odpowiednich dla nich markerów poświęcono wiele wysiłków. Wiele prac naukowych wskazuje na istnienie markerów genetycznych. Jednak, aby marker genetycznych był przydatny w selekcji musi spełniać kilka warunków:

- wielkość efektu genu głównego, z jakim jest sprzężony powinna być odpowiednio duża,
- frekwencja genu głównego nie może być duża (gdy taka sytuacja ma miejsce, nie ma miejsca na efekty MAS),

- prawdopodobieństwo, że gen główny przekazany zostanie do potomstwa razem z markerem jest bardzo wysokie.

Siła, z jaką marker jest powiązany z wartościowym dla nas genem to sprzężenie. Jeśli jest ono małe często dochodzić będzie do rekombinacji. Skutkuje ona rozchodzeniem się markera i genu do różnych gamet, co sprowadza się do utraty znaczenia wartości markera – przestaje on być wyznacznikiem wartościowego genu.

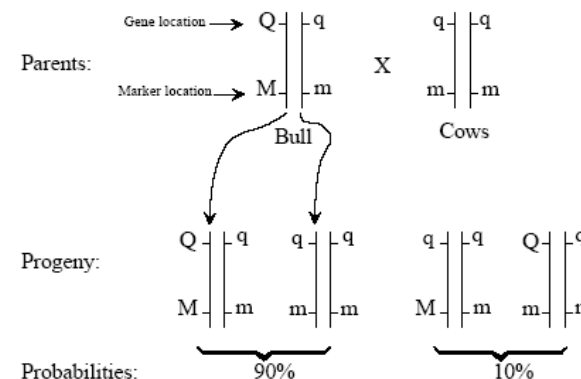
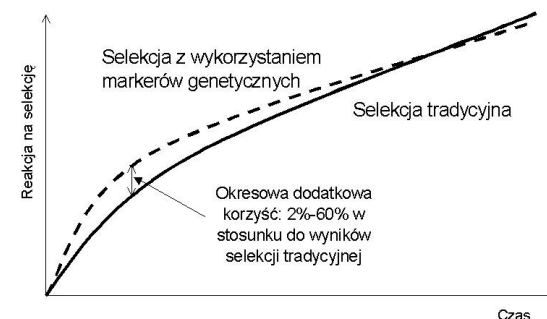


Figure 8: Example of QTL marker segregation

Poszukiwanie występowania sprzężeń to **analiza sprzężeń (linkage analysis)**. Do jej przeprowadzenia potrzebna jest bogata informacja rodzinowa. Jeśli takiej analizie poddana zostanie zbyt mała liczba osobników wyniki analizy mogą nie dać się przenieść na całą populację, gdyż wykryte sprzężenia mogą się okazać specyficzne dla osobników analizowanej rodziny.

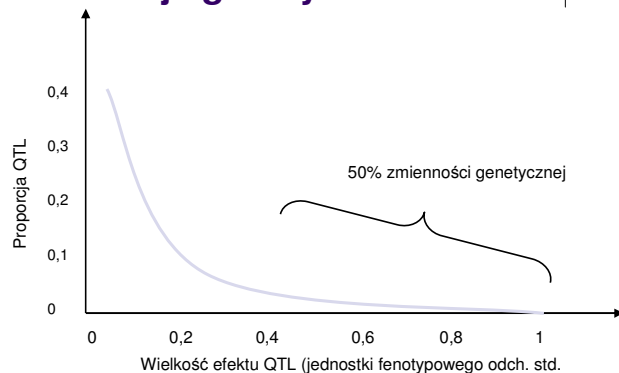
Selekcja z wykorzystaniem genetyki molekularnej ma zastosowanie szczególnie wtedy, gdy:

- odziedziczalność cechy jest niska – wykorzystując dodatkowe źródła informacji o genach można w istotny sposób zwiększyć dokładność oceny,
- ekonomicznie ważna cecha objawia się u tylko u osobników jednej płci, (np. selekcja buhajów pod kątem cech mleczności),
- jeśli cecha ujawnia się stosunkowo późno od urodzenia zwierzęcia, w szczególności po jego śmierci (np. cechy związane z jakością mięsa),
- doskonalenie zwierząt prowadzi się w stadach zarodowych wykorzystujących biotechniki takie jak AI, czy IVP,
- występują wysokie koszty oceny na podstawie potomstwa.



Rysunek 8. Różnica między tradycyjną selekcją a MAS^{*}
za Kinghorn B. i wsp. 2000

Wariancja genetyczna a QTL



Podziałów markerów genetycznych ze względu na ich wykorzystanie w hodowli zakłada trzy grupy:

1. Tzw. direct markers - loci kodujące funkcjonalną mutację
2. LD markers - loci nie będące w populacji w równowadze sprzężeń z funkcjonalną mutacją (**linkage disequilibrium**)
3. LE markers - loci będące w populacji w równowadze sprzężeń z funkcjonalną mutacją (**linkage equilibrium**)

Dwa loci są w równowadze sprzężeniowej (**LE - linkage equilibrium**) jeśli częstości genotypów w jednym locus są niezależne od częstości genotypów w drugim locus. W przeciwnym wypadku mamy do czynienia z brakiem równowagi sprzężeniowej (**LD**).

Przyczyną braku równowagi sprzężeniowej może być fizyczne sprzężenie, dryf genetyczny i selekcja.

Direct markers są

- Bardzo trudne do znalezienia (niewiele przypadków)
- Wyjątek: cechy warunkowane przez jeden gen (wady genetyczne, wygląd)

LD markers

- Bliskie mutacji funkcjonalnej
- Metoda:
 - Fine mapping
 - Candidate genes
 - Odległość: 1 – 5 cM

LE markers

- Stosunkowo łatwe do znalezienia
- Metoda: analizy wyników krzyżowania bądź grup półrodzeństwa
- Odległość: 15 – 50 cM

**Łatwość
znalezienia**



Direct markers
LD markers
LE markers

**Łatwość
zastosowania**



- Cechy: / kontrola
 - Rutynowa kontrola użyteczności
 - Trudne do kontroli (pobranie paszy, jakość produktu)
 - Nie objęte kontrolą
- Cechy: / ujawnianie
 - U obu płci
 - U jednej płci
 - W późniejszym okresie życia
- Cechy: / kontrola
 - Rutynowa kontrola użyteczności
 - Trudne do kontroli (pobranie paszy, jakość produktu)

**Łatwość
znalezienia**



Szansa na zwiększenie postępu genetycznego

Strategie wykorzystania markerów w hodowli

- Selekcja tandemowa: selekcja na podstawie MS a następnie selekcja na podstawie fenotypu lub EBV
- Indeks selekcyjny:

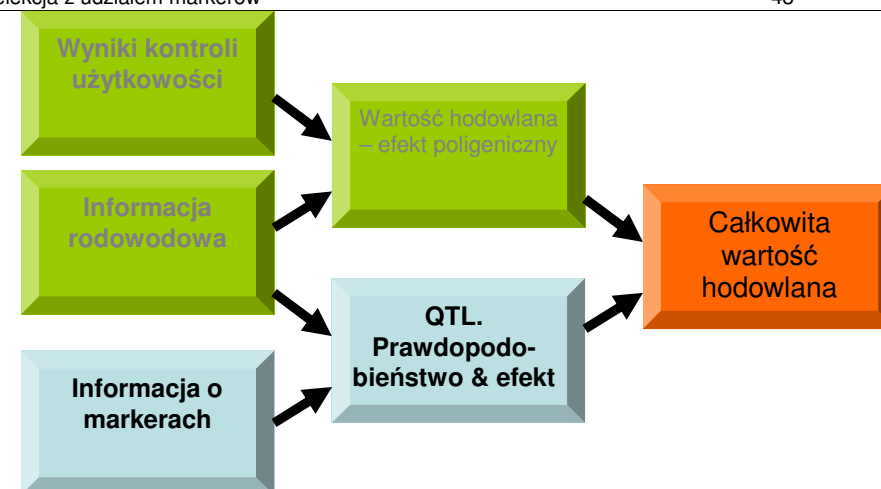
$$EBV = b_1MS + b_2EBV$$
- Preselekcja na bazie MS i później selekcja na podstawie EBV

Grupy cech	Direct marker	LD marker	LE marker
------------	---------------	-----------	-----------

Programy hodowlane - materiały do zajęć		T. Strabel	16.02.2010
Wady wrodzone	BLAD ML Citulinaemia BEEF DUMPS ML CVM ML RZR Ś	RZR Ś	
Eksterier	CKIT Ś MC1R/MSHR ML , BEEF , Ś MGF BEEF		Pooled BEEF
Jakość mleka	κ-Casein ML β-lactoglobulin ML FMO3 ML		
Jakość mięsa	RZR Ś RN/PRKA Ś >15 PICmarq Ś	RZR Ś RN/PRKAG3 Ś A-FABP/FABP4 Ś H-FABP/FABP3 Ś CAST Ś , BEEF THYR BEEF Leptin BEEF	
Grupy cech	Direct marker	LD marker	LE marker
Pobranie paszy	MC4R Ś		
Choroby	Prp O F18 Ś	B blood group D K88 Ś	
Płodność	Booroola O Inverdale O Hanna O	Booroola O ESR Ś PRLR Ś RBP4 Ś	
Wzrost i budowa	MC4R Ś IGF-2 Ś Myostatin BEEF Callipyge O	CAST Ś IGF-2 Ś Carwell O	QTL Ś QTL B
Wydajność mleka i jego skład	DGAT ML GRH ML κ-Casein ML	PRK ML	QTL ML

Ś – świnie, D – drób O – owce, ML – bydło mleczne, BEEF – bydło mięsne

10. Selekcja z udziałem markerów 48



Przykład 6. Przykładem wykorzystania MAS w praktyce hodowlanej może być wykorzystanie markerów w selekcji młodych buhajów mlecznych w USA. Cel hodowlany zwiększenia produktywności mleka osiąga się z wykorzystaniem markerów kontrolujących produkcję białek: κ-kazeiny i β-laktoglobuliny.

Średnie PTA^{*} dla synów trzech buhajów rasy HF, heterozygotycznych w każdym locus: κ-kazeiny i β-laktoglobuliny

Genotyp dla κ-kazeiny	Liczba synów i ich średnie PTA ^{**}	Genotyp dla β-laktoglobuliny		
		AA	AB	BB
	Liczba synów	7	20	11
AA	PTA dla mleka [kg]	458,0	592,0	427,0
	PTA dla białka [kg]	19,3	18,9	14,0
	PTA dla tłuszczu [kg]	22,3	23,3	22,3
	Liczba synów	7	19	20
AB	PTA dla mleka [kg]	754,0	680,0	601,0
	PTA dla białka [kg]	22,3	19,7	18,4
	PTA dla tłuszczu [kg]	19,1	19,5	23,1
	Liczba synów	6	4	3
BB	PTA dla mleka [kg]	732,0	690,0	781,0
	PTA dla białka [kg]	26,2	18,2	23,2
	PTA dla tłuszczu [kg]	18,2	16,0	19,0

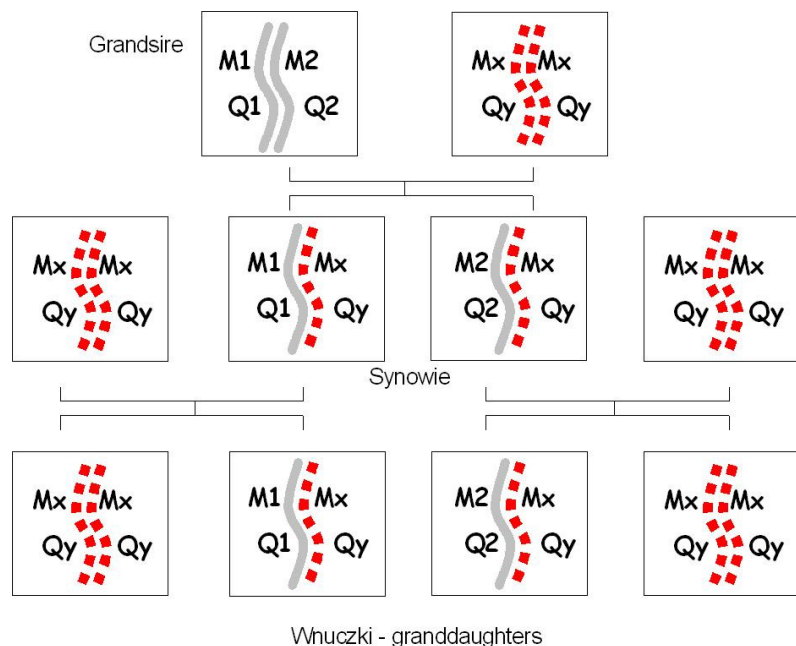
za Simm G, 2000; * - PTA to połowa wartości hodowlanej osobnika.

Badania naukowe potwierdzają, że krowy z genotypem BB dla κ-kazeiny produkują więcej mleka i więcej białka niż genotypy AB i AA. Ponadto mleko krów o układach BB jest bardziej pożądane z punktu widzenia produkcji serów.

Jeśli chodzi o β-laktoglobulinę krowy posiadające w swoim układzie B są znane z produkcji mleka o dużej zawartości tłuszczu i kazeiny składników preferowanych przez mleczarnie produkujące sery. Natomiast krowy z układami AA cechuje większa produkcja mleka.

Daughter i Granddaughter design

Do poszukiwania sprzężeń między markerem a QTL można stosować informacje rodzinową, w której pomiaru wartości cech ilościowych dokonuje się na córkach zgenotypowanych jako heterozygotycznych ojców (**daughter design**) lub córkach synów zgenotypowanych jako heterozygoty pochodzących po heterozygotycznych dziadkach (**granddaughter design**).



- Reakcja PCR dla 33 markerów w multipleksach, produkt mieszany w zestawie 4 markerów analizowanych przy pomocy 3700 ABI® 96-kapilarowy sekwenator.
- Ocena wartości hodowlanej z pomocą jednocechowe QTL BLUP, uwzględniająca tylko genotypowane zwierzęta wraz z niezgenotypowanymi osobnikami jeśli stanowiły ogniwa łączące między pozostałymi.

MAS projekt dla niemieckich holsztynów

- 1074 buhaje z 20 grandsire familie,
- regiony na 3. chromosomach dla cech mleczności: wydajności mleka, białka i tłuszczu,
- wariancja QTL-i wyrażona jako stosunek wariancji do wariancji poligenicznej wynosiła od 0,03 do 0,14,
- chromosom 6,
- analiza skuteczności opierała się na badaniu korelacji między wynikami tradycyjnej oceny wartości hodowlanej przeprowadzonej w lutym 1998 roku poszerzonej o wyniki MAS a oceną wartości hodowlanej tych samych zwierząt uwzględniając wyniki użytkowości córek: korelacja bez uwzględnienia MAS wynosiła 0,45, z uwzględnieniem MAS 0.65.

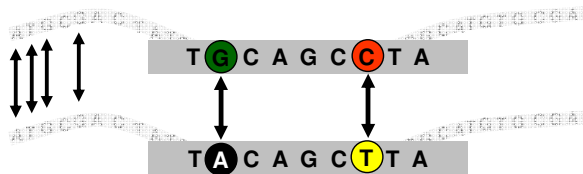
Implementacja MAS w hodowli bydła mlecznego we Francji

- wstęp: 1554 buhajów używanych w sztucznej inseminacji, tworzących 14 grup półrodzeństwa genotypowano z zastosowaniem 169 markerów pod kątem 24 cech.
- QTL-e o efekcie 0,5 – 1,0 odchylenia standardowego,
- 3 rasy: holsztyńska, normandzka i montbéliarde,
- genotypowano populację składającą się z młodych buhajów kandydatek na matki byków oraz ich przodków i krewnych bocznych przodków, w tym zwierząt już nie żyjących (paternal grandsire design),
- 8-20% wariancji genetycznej
- 12 regionów o długości 5-30cM potencjalnie zawierających QTL co najmniej jednej z cech: wydajności mleka, tłuszczu, białka, zawartości tłuszczu lub białka, liczby komórek somatycznych, płodności krów,
- chromosomy: 3, 6, 7, 14, 19, 20, 26 produkcja i skład mleka; 10, 15, 21 odporności na mastitis, 1 i 7 - płodności.
- Każdy region wpływał na 1-4 cechy, każda cecha była reprezentowana średnio przez 3 regiony,
- Fine mapping do zmniejszenia przedziałów ufności poniżej 30cM,
- Każdy region monitorowany przez 2-4 mikrosatelity,

11

■ Selekcja z wykorzystaniem polimorfizmu podstawień jednonukleotydowych (SNP)

Polimorfizm podstawień jednonukleotydowych - SNP



A denina
 G uanina
 C ytozyna
 T ymina

Co wiemy o SNP?

- U człowieka znanych ponad 1 000 000
- Szansa na pokrycie genomu markerami odległymi o 1cM
- Automatyzacja diagnostyki - diagnostyki
 - mikromacierz do jednoczesnego ustalania genotypu w wielu *loci*



Genom bydła



- Genom (n): 30 par chromosomów
- Długość genomu 3000 centi-Morganów
- Ok. 50 000 SNP znanych u bydła

SNP 1:

SNP 2:

●	Haplotyp 1	●
●	Haplotyp 2	●
●	Haplotyp 3	●
●	Haplotyp 4	●


Szacowanie efektów haplotypów

- fenotypy zwierząt
- genotypy zwierząt
- odpowiednia liczba zwierząt
- analiza statystyczna:
 - wydajności krów
 - efekty środowiskowe
 - efekty haplotypów - duża liczba kombinacji









Szacowanie efektów haplotypów

1. Dla większości haplotypów efekt jest niewielki
2. Kilkadziesiąt z nich ma znaczący efekt, świadczący o występowaniu *locus* cechy ilościowej (QTL) (Meuwissen i wsp. 2001)

Warianty haplotypów dla sąsiadujących SNP, np.:

	0,1 kg mleka	
	1,5 kg mleka	
	0,2 kg mleka	
	0,1 kg mleka	

Obliczanie genotypowej wartości hodowlanej

	0,3 kg mleka	
	1,1 kg mleka	
	0,2 kg mleka	
	-0,4 kg mleka	
⋮		
	0,3 kg mleka	

Pary sąsiadujących SNP, w różnych miejscach genomu, posiadające wpływ na badaną cechę

Suma:

Wartość
hodowlana
+6,5kg

Ścieżki postępu hodowlanego - selekcja w oparciu o genotypowe wartości hodowlane

Ścieżka	Frakcja	Dokładność	Postęp	Odstęp pokoleń
Ojcowie buhajów	5%	99% 75%	2,04 1,54	10 1
Ojcowie krów	20%	75% 75%	1,05 1,05	6 1
Matki buhajów	2%	60% 75%	1,45 1,82	5 1
Matki krów	85%	50%	0,14	3
			1,17 1,14	6 1,5

(Schaeffer 2006)

Zalety

- Drastyczna redukcja kosztów oceny buhajów
- 4-krotne skrócenie odstępu pokoleń
- Ocena łatwiejsza metodologicznie
- Wzrost znaczenia samic w programach hodowlanych

Wady

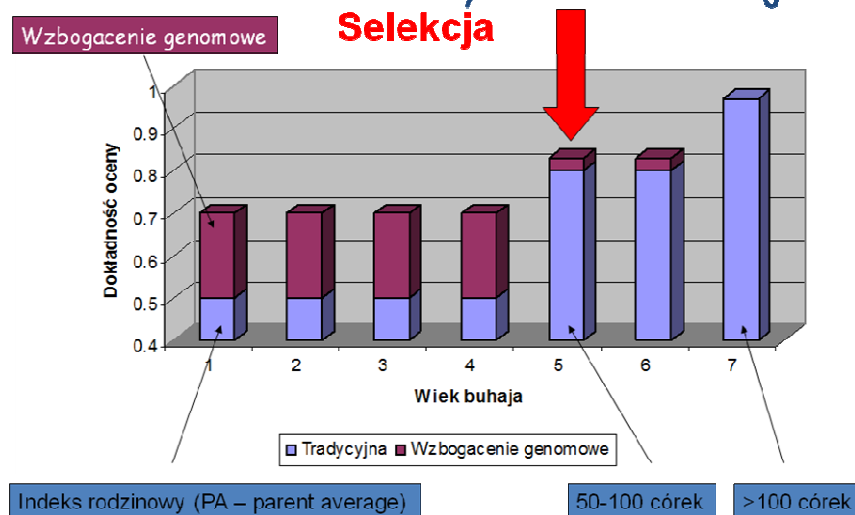
- Zmniejszenie dokładności ocen buhajów
- Brak uwzględnienia interakcji między haplotypami
- W prostej postaci może nie pomóc w doskonaleniu trudnych, słabo poznanych cech (np. płodność)
- Interakcja genotyp-środowisko – ryzykowny import technologii

- Konieczność dopracowania metod statystycznych, które pozwolą na szacowanie efektów haplotypów

Podsumowanie

- Selekcja na bazie genotypowej wartości hodowlanej jest obiecującą alternatywą dla selekcji w oparciu o BLUP
- Wdrożenie nowej metody może zrewolucjonizować organizację hodowli zarodowych
 - Kto będzie wykonywał ocenę?
 - Kto będzie posiadał prawa własności do jej wyników?
- Redukcja wielkości populacji aktywnej
 - Reestymacja efektów haplotypów na populacji ok. 10 tys. Krów
- Brak potrzeby międzynarodowej wyceny
 - koniec Interbullu?
- Nowa metoda nie rozwiąże najtrudniejszych problemów hodowli (np. wzrostu inbredu)

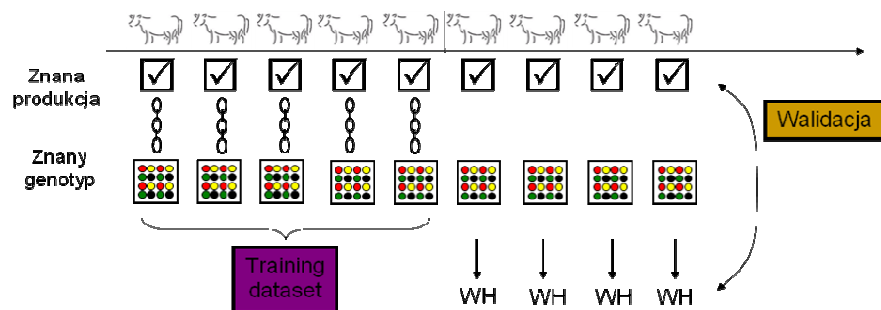
Dokładność oceny a wiek buhaja



Średnie dokładności oceny PA i GPA na bazie zgenotypowanych buhajów HF urodzonych w latach 2005-2009 (*Van Doormaal i wsp. 2009*)

Cecha	PA	GPA	Różnica
LPI	33	54	21
LPI – produkcja	34	58	24
LPI – długowieczność	34	53	19
LPI – zdrowie i płodność	29	46	17
Wydajność mleka	34	58	24
Wydajność tłuszczu	34	58	24
Wydajność białka	34	57	23
Typ i budowa	35	54	19
Wymię	36	55	19
Nogi i racice	34	51	17
Typ mleczny	36	55	19
Kaliber	34	50	16
Długość życia w stadzie	29	48	20
LKS	36	56	20
Wytrwałość laktacji	28	45	16
Płodność córek	28	45	17
Szybkość doju	30	45	15
Temperament	27	40	13
Łatwość wycieleń	38	58	20
Łatwość wycieleń córek	28	43	15

Równania predykcji - training & validation dataset

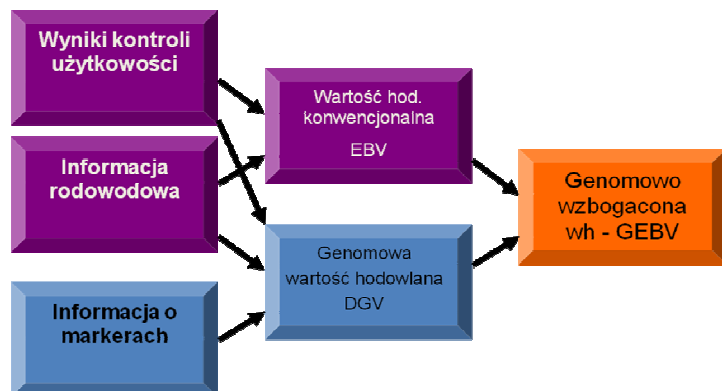


Podział materiału

Czynniki determinujące dokładność genomowej wartości hodowlanej:

- Liczba/gęstość SNP
- Specyfika cechy
- Spokrewnienie młodych kandydatów z populacją referencyjną
- Liczebność zgenotypowanego materiału
- Dokładność oceny zwierzęcia referencyjnego

Słowniczek



12. Prawo hodowlane i organizacja hodowli

Jak już wspomniano realizacja programów hodowlanych takich gatunków jak drób i trzoda często realizowana jest przez jedną dużą organizację. Inaczej jest w przypadku bydła mlecznego gdzie rolę odgrywa wiele jednostek, z których tylko część jest właścicielami zwierząt.

W przypadku programu hodowlane rasy polskiej holsztyńsko-fryzyjskiej w realizację zaangażowane są następujące jednostki:

- system gromadzenia danych PFHBiPM
- metody i narzędzia oceny wartości hodowlanej IŻ, MR
- system selekcji i kojarzenia AI, PFHBiPM
- struktura przekazywania uzyskanego postępu AI
- ocena skuteczności prowadzenia pracy hod KC, ?

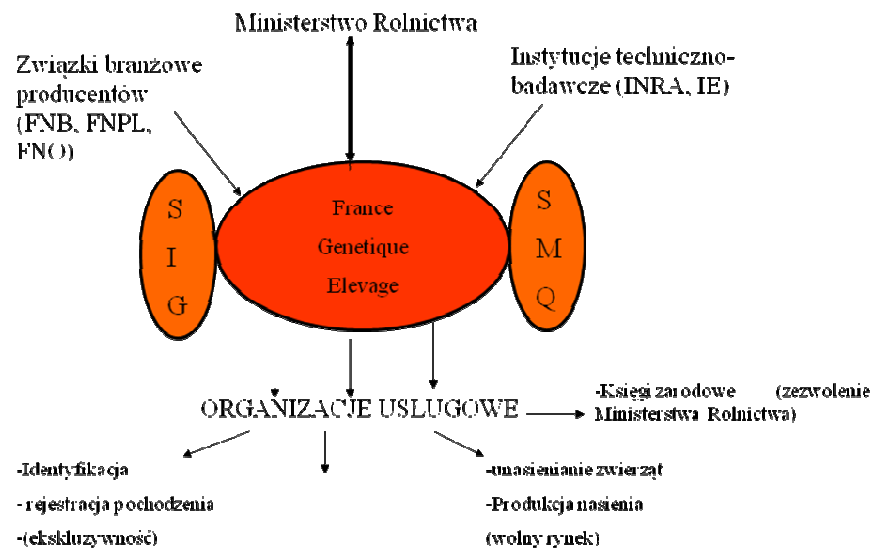
W sytuacji gdy jest tak wielu udziałowców niezwykle ważne jest ich wzajemne powiązanie oraz koordynacja działań.



Bardzo dobrym przykładem jak ustawodawca może zapewnić sprawne współdziałanie wielu jednostek zaangażowanych w realizację programu hodowlanego może być francuska ustawa hodowlana. Wprowadzona w 2007 roku ustawa spowodowała:

- Utworzenie organizacji-platformy ułatwiającej współpracę
- Ograniczyła rolę państwa
- Wprowadziła konsolidację baz informacji
- Stworzyła system kontroli
- Otworzyła rynek usług – kontrola użytkowości, inseminacja

Schematycznie wzajemne relacje można przedstawić następująco (Krychowski 2007):



13. Programy hodowlane wybranych gatunków zwierząt

Owce wełniste

Stada zarodowe zamknięte lub otwarte.

Ocena na podstawie fenotypu.

Niski poziom infrastruktury socjalnej

BLUP stosowany w wybranych stadach.

Owce mięsne

Krzyżowanie 2-3 rasowe

Zróżnicowane rozpowszechnienie stosowania BLUP

Bydło mięsne

Hodowla w czystości rasy i krzyżowanie. Rasy syntetyczne.

BLUP od modeli prostych do wielocechowych i wielorasowych.

Bydło mleczne

4 ścieżki doskonalenia

Wysoki stopień wykorzystania dostępnej wiedzy i technologii

Do kilkudziesięciu cech doskonalonych jednocześnie

Wykorzystanie biotechnik i MAS

Trzoda chlewna

Firmy hodowlane + producenci

Hierarchiczna – trzystopniowa struktura populacji

Zamknięte stada zarodowe (choroby).

Krzyżowanie wielorasowe.

Linie męskie i żeńskie.

Indeksy selekcyjne (krewni boczni), BLUP

Drób

Firmy hodowlane + producenci.

BLUP.

Metody i techniki często nie są ujawniane.

14. Założenia hodowli zachowawczej, zrównoważonej i prowadzonej w ogrodach zoologicznych.

Hodowla zachowawcza

Tabela. Liczba ras zagrożonych wybranych gatunków zwierząt. Scherf, 1995

Gatunek	Całkowita liczba ras	Liczba ras zagrożonych
Bydło	787	135
Kozy	351	44
Trzoda	353	69
Owce	920	119
Drób	1286	331

Scherf, B.D. (ed). 1995. World Watch List For Domestic Animal Diversity. Food and Agriculture Organization of the United Nations, Rome.

Banki genów, genetyka molekularna, ...

Hodowla zrównoważona

Zrównoważony rozwój wg FAO: *takie zarządzanie i zachowywanie zasobów naturalnych oraz zorientowanie technologiczne i instytucjonalne zmian, które zapewni odpowiednie i stałe zaspokojenie potrzeb ludzkich obecnemu i kolejnym pokoleniom. W odniesieniu do rolnictwa taki rozwój zachowuje zasoby ziemi i wody, roślin i zwierząt, nie wywołując degradacji środowiska, jest poprawne technicznie, uzasadnione ekonomicznie i społecznie akceptowane.*

W roku 2000 powstał projekt SEFABAR (Sustainable European Farm Animal Breeding and Reproduction – <http://www.sefabar.org>) w odpowiedzi na rosnące zaniepokojenie społeczne dotyczące hodowli zwierząt i reprodukcji. Jest on siecią łączącą ekspertów z ponad 40 jednostek europejskich zajmujących się hodowlą zwierząt, reprodukcją i aspektami socjo-ekonomicznymi. Jego celem jest wyznaczenie strategii hodowlanych dla większości gatunków zwierząt.

Hodowla w ogrodach zoologicznych

15.

Literatura wykorzystana i uzupełniająca

Publikacje naukowe wykorzystane

Boichard D., S.Fritz, M.N.Rossignol, M.Y. Boscher, A Malafosse, JJ.Colleau 2002. Implementation of marker-assisted selection in French dairy cattle. Proc. 7th Wolrd Congress on Genetics Applied to Livestock Production. August 19-23, Montpellier, France.

Taylor A.J. 2000. Rozwój inseminacji bydła w Wielkiej Brytanii. Przegląd Hodowlany 5: 8-10.

Meuwissen T.H.E. 1998. Optimizing pure line breeding strategies utilizing reproductive technologies. J.Dairy Sci. 82: 47-54.

Liu Z., F. Reinhardt, J. Szyda, H. Thomsen and R. Reents. 2004. A marker assisted genetic evaluation system for dairy cattle using a random QTL model. Interbull Bull. 32: 170-174.

Zalecany podręcznik

Praca zbiorowa pod red. A. Filistowicza (2004): Planowanie i organizacja hodowli zwierząt gospodarskich. Wydawnictwo AR we Wrocławiu

Lista publikacji stanowiących dodatkowe źródła

1. Strabel T. 1993 Znaczenie przenoszenia zarodków w programach hodowlanych. Przegl.Hod.9:11-14.
2. Strabel T. 1994 Stada o najwyższej wartości hodowlanej w Zjednoczonym Królestwie. I. Stado zarodowe MOET w Newcastle nad rzeką Tyne. Przegląd Hodowlany 6: 25-26.
3. Ptak E., T. Strabel 1999 Próbné udoje w ocenie wartości hodowlanej bydła mlecznego. Przegląd Hodowlany 5: 9-11
4. Szwaczkowski T., Wężyk S. (1999), Globalizacja programów hodowlanych kur nieśnych. , *Przegląd Hodowlany* 4: 24-26
5. Strabel T. 1999 Postęp w hodowli zwierząt - konferencja w USA. Przegląd Hodowlany 12: 27
6. Strabel T., Jamrozik J. 2001 Kanadyjski model oceny wartosci hodowlanej bydla na podstawie próbnych udojow. Przegląd Hodowlany 9: 17-19.
7. Strabel T. 2003 Możliwości dostosowania modelu dla próbnych udojów do oceny wartości hodowlanej bydła mlecznego w Polsce. Przegląd Hodowlany 11: 5-6.
8. Strabel T. 2005 Dobór buhajów do kojarzeń w zakresie cechy typu i budowy. Przegląd Hodowlany 6:1-2
9. Strabel T., Jamrozik J. 2006 Problemy międzynarodowego porównywania bydła mlecznego. Przegląd Hodowlany 10(2006): 5-7
10. Strabel T., Jamrozik J. 2007 Indeksy selekcyjne w hodowli bydła mlecznego na świecie i w Polsce. Przegląd Hodowlany 1: 1-7
11. Strabel T., Żarnecki A. 2008 Nowa metoda oceny wartości hodowlanej cech produkcyjnych bydła mlecznego w Polsce. Przegląd Hodowlany 1:1:2
12. Strabel T., Misztal I. 2008 Cele hodowlane oraz ocena wartości hodowlanej bydła mięsnego. Przegląd Hodowlany 7: 9-10
13. Strabel T., Krychowski T. 2009 Organizacja hodowli na przykładzie Francji. Przegląd Hodowlany 3: 1-4

16.

Dodatek SelAction

Program SelAction

UWAGA: użytkowanie programu SelAction wymaga posiadania licencji. Katedra Genetyki i Podstaw Hodowli Zwierząt Akademii Rolniczej im. Augusta Cieszkowskiego w Poznaniu zakupiła licencję uprawniającą do wykorzystywania programu w celach dydaktycznych. **Kopiowanie i uruchamianie** programu poza Uczelnią jest **zabronione**.

Uruchamianie programu

Jak wszystkie programy w systemie Windows SelAction można uruchomić na kilka sposobów:

1. uruchamiając Windows Explorer, odszukując katalog "C:\Program Files\SelAction"
- i dwukrotnie klikając na program „SelAction2.1.exe”;
2. umieszczając skrót do programu w menu Start i klikając na niego;
3. umieszczając skrót do programu na pasku szybkiego uruchamiania i klikając na niego.

UWAGA: do prawidłowego działania wersja 2.1 programu wymaga aby w ustawieniach regionalnych systemu ustawić jako separator dziesiętny znak „.” (kropka) zamiast typowego dla naszego kraju „,” (przecinka). Doświadczenie z korzystania programu w systemie Windows XP wskazuje, że nie zawsze taka zmiana gwarantuje właściwe działanie programu. Z tego też względu zaleca się wprowadzania wartości liczb rzeczywistych zawsze z częścią dziesiętną, tj. np. zamiast wariancji 4 wprowadzać 4.0.

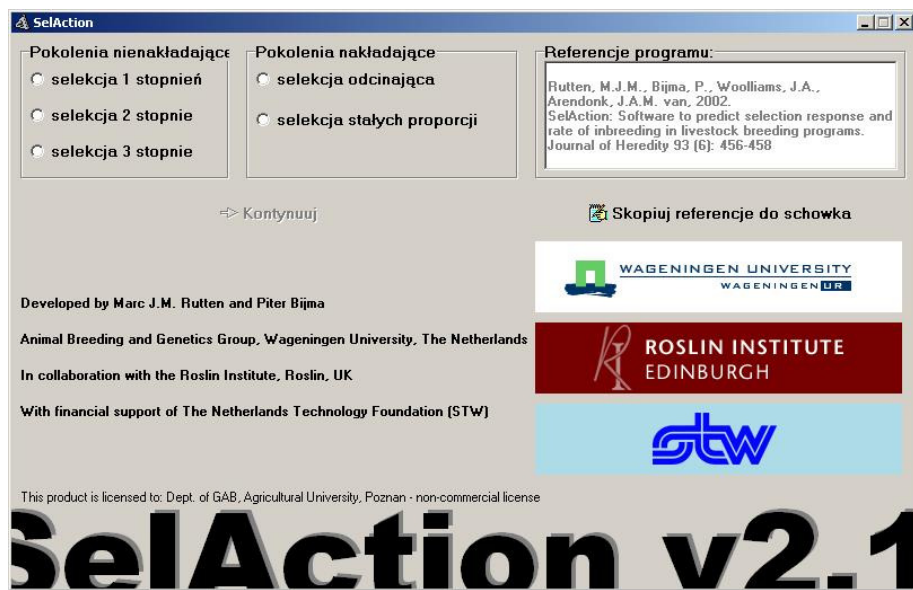
Pojawienie się komunikatu:



oznacza, że wprowadzono wartości liczbowe bez części dziesiętnej oddzielonej kropką. W przypadku zaistnienia takiej należy wprowadzić wartości liczbowe z kropką dziesiętną, a jeśli to nie pomoże niestety zamknąć program i go ponownie uruchomić oraz przestrzegać wspomnianej zasady.

Okno startowe programu

Po uruchomieniu programu pojawia się następujące okno startowe programu:



W tym oknie istnieje możliwość dokonania wyboru pomiędzy:

selekcja 1 stopień -Selekcją jednostopniową – w takiej sytuacji istnieje tylko jeden stopień selekcji;

selekcja 2 stopień -Selekcją dwustopniową – zwierzęta niewyselekcjonowane po zastosowaniu pierwszego kryterium selekcyjnego nie są brane pod uwagę do selekcji podczas stosowania drugiego kryterium,

selekcja 3 stopień -Selekcją trójstopniową – zwierzęta podlegają selekcji w kolejnym kroku jeśli nie zostały wyeliminowane w kroku wcześniejszym.

Pokolenia nakładające – nakładające się pokolenia.

Selekcja odcinająca – oznacza stosowanie indeksu dla klas wiekowych, wszystkie zwierzęta z wartością indeksu punkt odcięcia są wybierane na rodziców następnego pokolenia. Program tak oblicza punkt odcięcia, że liczba selekcjonowanych osobników równa się odpowiedniej liczbie rodziców każdej z płci.

Selekcja stałych proporcji – w przypadku tej opcji użytkownik w dalszych krokach będzie deklarował wielkość frakcji stosowanej do selekcji w każdej grupie wiekowej.

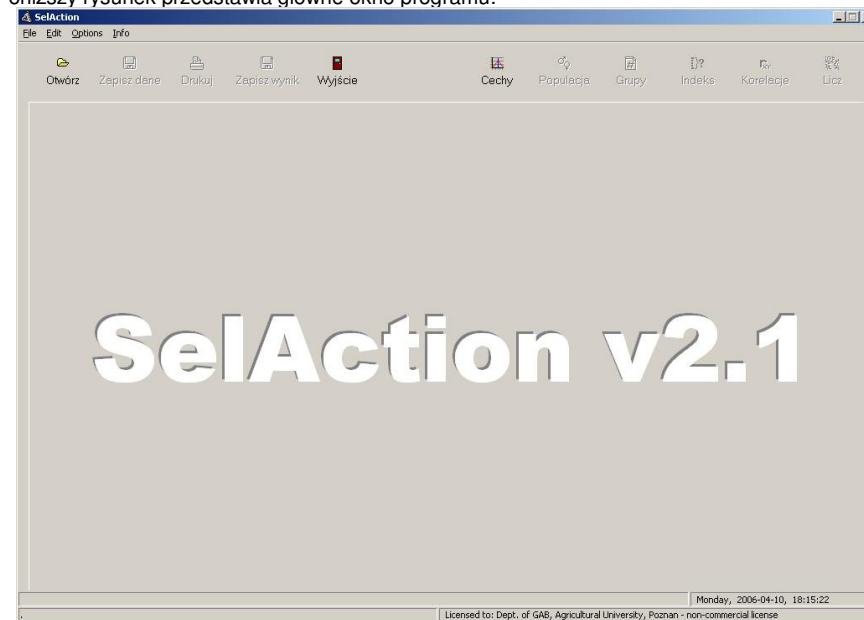
Po dokonaniu wyboru jednej z pięciu powyższych opcji program daje możliwość przejścia do kolejnego etapu. W tym celu należy wybrać przycisk znajdujący się w środkowej części ekranu:

➔ Kontynuuj

Jeśli chciałbyś kontynuować pracę z populacją o innej strukturze aniżeli powyżej wybrana należy zamknąć (np. używając przycisku Wyjście) program i ponownie go uruchomić oraz dokonać innego wyboru spośród wyżej opisanych możliwości.

Główne okno programu

Poniższy rysunek przedstawia główne okno programu:



Menu zawiera następujące funkcje:

Otwórz – umożliwia otwarcie utworzonego wcześniej zbioru z parametrami programu,

Zapisz dane – umożliwia zapisanie parametrów programu,

Wyjście – służy do zamknięcia programu,

Cechy – prowadzi do okna, w którym definiowane są cechy,

Populacja – po wybraniu tej opcji deklaruje się parametry takie jak liczba rodziców, frakcje itp.,

Grupy – służy do uruchomienia opcji programu, w której definiuje się informacje rodzinową wykorzystywaną do oceny zwierząt,

Indeks – służy do wprowadzania informacji, jaka ma stanowić podstawę indeksu selekcyjnego,

Korelacje – w przypadku selekcji wielocechowej tu deklaruje się genetyczne, fenotypowe i

permanentne środowiskowe korelacje między cechami.

Oblicz – funkcja służąca do uruchamiania zasadniczych obliczeń i prezentacji wyników,

Zapisz dane – umożliwia zapisanie wyników.

Okno cech

Po kliknięciu przycisku 'Cechy' ma ekranie pojawia się okno, w którym definiuje się uwzględnione w programie hodowlanym cechy:

Liczba cech	Nazwa	War.fenot.	h^2	c^2	H	EV
4	1 wzrost	20	0.3	0	<input checked="" type="checkbox"/>	3
	2 bm	1.5	0.4	0	<input checked="" type="checkbox"/>	8
	3 fcr	0.01	0.4	0	<input checked="" type="checkbox"/>	1
	4 ascites	0.128	0.1	0	<input type="checkbox"/>	0

Podstawową rzeczą jest zadeklarowanie liczby cech. Domyślną wartością jest jedna cecha. Zwiększanie liczby cech powoduje automatycznie zwiększanie liczby wierszy, w których podaje się podstawowe parametry dla uwzględnionych cech, takie jak:

- **Nazwa** – nazwa cechy;
- **War(p)** – wariancja fenotypowa cechy;
- **h^2** – odziedziczalność cechy;
- **c^2** – udział wariancji trwałej środowiskowej w całkowitej wariancji – uwzględniana przy analizie grup rodzeństwa;
- **H** – wybierając pole dla tej kolumny uwzględni się bądź wyklucza udział cechy w celu hodowlanym; jeśli selekcja prowadzona jest na inną cechę aniżeli cecha mierzona wtedy wprowadza się obie cechy ale tylko jedna z nich jest uwzględniona w celu hodowlanym (H);
- **EV** – Economic value – pole umożliwia wprowadzanie wag ekonomicznych cech. Tylko cechom uwzględnione w celu hodowlanym (H) wprowadza się wagi ekonomiczne.

Po zadeklarowaniu cech należy przejść do okna „Populacja”.

Okno populacji

Liczba wyselekcjonowanych osobników:	
Męskich	Żeńskich
80	120
Liczba potomków od samicy:	
Męskich	Żeńskich
8	8
Proporcja wyselekcjonowanych osobników:	
Męskich	Żeńskich
0.03125	0.125

To okno posiada zróżnicowaną postać dla programów z/bez nakładających się pokoleń i z selekcji jedno - wielostopniowej. Poszczególne pola mają następującą postać:

- **Liczba wyselekcjonowanych zwierząt.** Przy selekcji wielostopniowej to liczba ostatecznie wyselekcjonowanych osobników. Dla nakładających się pokoleń to liczba wyselekcjonowanych osobników w jednostce czasu zsumowana dla klas wiekowych. Jednostka czasu w tym przypadku to jednostka czasu między klasami wiekowymi (np. dla bydła mlecznego to jeden rok).

- **Liczba potomków od samicy** – Liczba potomstwa na jedną matkę. Oznacza ona liczbę osobników (samców i samic) jaka staje się liczbą kandydatów do selekcji.

- **Proporcja wyselekcjonowanych zwierząt** – Frakcja wyselekcjonowanych osobników (nie dotyczy nakładających się pokoleń). W tych polach deklaruje się frakcję selekcjonowanych samców i samic. Dla selekcji wielostopniowej frakcje deklaruje się dla każdego stopnia selekcji, dodatkowo całkowita proporcja wyselekcjonowanych zwierząt musi też być podana.

Po zadeklarowaniu wartości w tym oknie należy przejść do okna „Grupy”.

Okno grup

1	Grupy pełnego rodzeństwa	1	Grupy półrodzeństwa	0	Grupy potomstwa
# pełnego rodzeństwa		# Samice	# półrodzeństwo		
1 16		1 3	48		

W oknie grup deklaruje się jakie zwierzęta (krewni selekcjonowanych zwierząt) mogą stanowić źródło informacji dla indeksu selekcyjnego (lub szacowania wartości hodowlanej) selekcjonowanych zwierząt. Program SelAction rozróżnia trzy typy źródeł – grup informacji:

- **Grupy pełnego rodzeństwa.** Najpierw należy zadeklarować liczbę różnych grup tego typu. Dla każdego typu deklaruje się wielkość grupy pełnego rodzeństwa. Zwykle, jeśli doskonalimy jedną cechę i dokonujemy pomiaru na obu płciach to mamy do czynienia z 1 typem grupy. Przykładowo, jeśli rodzi się 8 prosiąt i one podlegają selekcji to grupa pełnego rodzeństwa wynosi 7 (informacja od tylu osobników pełnego rodzeństwa będzie wykorzystywana do selekcji ósmego osobnika z tej grupy). To, dla jakich cech dana grupa stanowi źródło informacji deklaruje się później.

- **Grupy półrodzeństwa.** Podobnie jak w przypadku grup pełnego rodzeństwa dla każdego typu tej grupy specyfikujemy bardziej szczegółowe informacje: liczbę matek i liczbę ich potomstwa stanowiące grupę półrodzeństwa. Przykładowo dla trzody, jeśli każda locha kojarzona jest kolejno z trzema knurami i z każdego kojarzenia rodzi się 8 sztuk potomstwa to mamy $3 \cdot 8 = 24$ sztuk półrodzeństwa, z których 8 to pełne rodzeństwo, zatem mamy $24 - 8 = 16$ sztuk półrodzeństwa. To, dla jakich cech dana grupa stanowi źródło informacji deklaruje się później.

- **Grupy potomstwa.** W tej części okna deklarujesz liczbę rodzaju grup potomstwa. Dla każdej grupy podaje się liczbę matek i liczbę potomstwa w grupie. Liczbę matek podaje się w celu umożliwienia obliczenia jaka liczba samców – kandydatów może być pełnym rodzeństwem. Osobniki w różnych grupach potomstwa to różne zwierzęta. Przykładowo dla bydła mlecznego 100 córek może być wykorzystywane do szacowania wartości hodowlanej dla cech produkcyjnych podczas gdy tylko 60 dla grupy cech typu i budowy. W takiej sytuacji należy podać dwie grupy: 60 córek po 60 matkach i 40 córek po 40 matkach.

Okno indeksu

Indeksy	Traits
<input checked="" type="radio"/> Identyczny indeks dla samców i samic <input type="radio"/> Różne indeksy dla samców i samic	Cecha nr 1 wzrost
Indeks	
<input checked="" type="checkbox"/> Wydajność własna <input checked="" type="checkbox"/> BLUP <input checked="" type="checkbox"/> 15.0 Pełne rodzeństwo <input checked="" type="checkbox"/> 48.0 Półrodzeństwo 3.0 samice	

W tym oknie deklaruje się, jakie źródła informacji będą stanowić kryterium selekcji dla cech uwzględnionych w celu hodowlanym. Najlepiej zacząć od obszaru „Indeksy”, gdzie dokonujemy wyboru: czy samce i samice są selekcjonowane w oparciu o to samo źródło informacji. Przykładowo w bydle mlecznym selekcja buhajów opiera się o informację dotyczącą rodziców, krewnych bocznych i potomstwa, natomiast krowy selekcjonuje się w oparciu o pochodzenie, krewnych bocznych i własną użytkowość.

W obszarze „Indeks” dokonuje się wyboru źródeł informacji stanowiących podstawę selekcji zwierząt. Dostępność źródeł uzależniona jest od wcześniej zadeklarowanej informacji. W zależności od struktury populacji możliwe są następujące źródła informacji:

- **Wydajność własna;**

- **#Pełne rodzeństwo** – grupy pełnego rodzeństwa;
- **# Półrodzeństwo # samice** – grup półrodzeństwa określonej liczby matek;

W przypadku gdy dla samców i samic stosuje się różne indeksy, wtedy dla każdej płci źródła informacji deklarowane są odrębnie. Przy selekcji wielostopniowej każdy etap definiowany jest odrębnie. W przypadku nakładających się pokoleń dla każdej grupy wiekowej deklaruje się odrębnie stosowane źródła informacji.

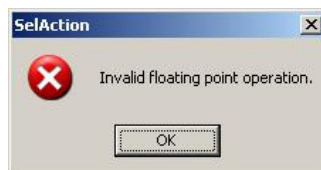
Okno korelacji

W oknie korelacji dokonujemy wyboru, jaki typ korelacji będzie definiowany przy pomocy konkretnych wartości. Program uwzględnia trzy typy korelacji: **Fenotypowa**, **Genetyczna** i **Środowiskowe wspólne**.

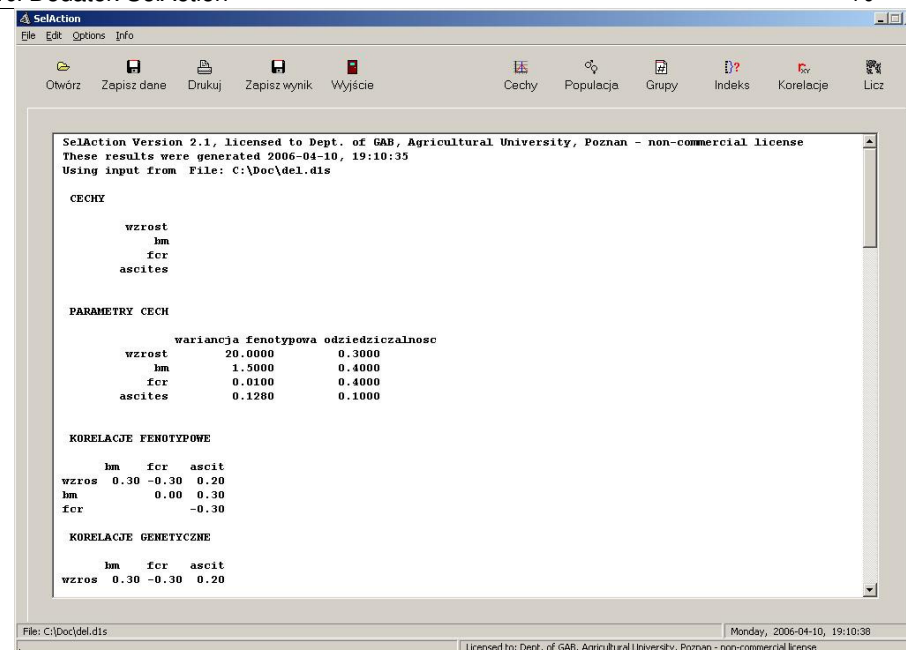
	bm	fcr	ascites
wzrost	0.300	-0.30	0.200
bm		0.000	0.300
fcr			-0.30

Obliczenia i wyniki

Po wybraniu przycisku „Oblicz” program przystępuje do wykonania obliczeń. Niestety aktualnie dostępna wersja programu, z bliżej nieokreślonych przyczyn, po pierwszym naciśnięciu przycisku „Oblicz” powoduje pojawienie się na ekranie następującego komunikatu:



Należy zignorować ten problem, wybrać „OK.” i ponownie wybrać przycisk „Oblicz”.



W przewijanym oknie zostaną przedstawione założenia modelu oraz wyniki. W zależności od typu obliczeń mogą się one dość znacznie różnić. Polska wersja językowa programu pozwala jednak na stosunkowo łatwe zorientowanie się w przedstawionej informacji.

Przykład 1 – doskonalenie jednej cechy (fenotyp własny)

Doskonalono populację świń pod względem grubości słoniny. Stado podstawowe składało się z 200 macior i 40 knurów. Każda locha zostawiała po sobie jeden miot, z którego do selekcji wybierano po dwa knurki i 4 maciorki. U tych zwierząt dokonywano pomiaru grubości słoniny. Podstawą selekcji był wyłącznie fenotyp własny osobnika. Należy przyjąć, że wariancja fenotypowa grubości słoniny wynosi 4, a odziedziczalność tej cechy 0,6. Przedstaw i zinterpretuj uzyskane wyniki.

Odp. Całkowita reakcja na selekcję wynosi 1,416 / pokolenie gdy h^2 zmniejszy się do 0,51 a wariancja fenotypowa do 3,3 ma skutek selekcji.

Przykład 2– doskonalenie jednej cechy (fenotyp własny, indeks selekcyjny, BLUP)

Przyjmij następujące założenia eksperymentu hodowlanego na myszach:

Wielkość populacji	60 sztuk
Stosunek płci do kojarzeń	1:1
Liczba potomstwa / samicę	4 szt.
Stosunek płci potomstwa	1:1
Masa początkowa	8g
Doskonalona cecha: masa przy urodzeniu	
- odziedziczalność	0.5
- odchylenie standardowe	1.2

Oblicz bez pomocy komputera całkowitą reakcję na selekcję przyjmując, że selekcja odbywa się na podstawie fenotypu własnego oraz, że pomiaru cechy dokonuje się na każdym urodzonym zwierzęciu.

Program SelAction pozwala szybko przeanalizować skuteczność selekcji przy różnych źródłach informacji, na podstawie których dokonuje się selekcji. Dodatkowo, uwzględnia on fakt, iż na skutek selekcji dochodzi do zmniejszenia zmienności genetycznej, a co za tym idzie, także fenotypowej i odziedziczalności. Przeanalizuj następujące warianty:

2a - fenotyp własny,

2b - fenotyp własny i pełne rodzeństwo oraz

2c - BLUP wykorzystujący oba źródła informacji.

Odp. 2a - fenotyp własny 0,391, 2b - fenotyp własny + pełne rodzeństwo (indeks) 0,402, 2c - BLUP wykorzystujący wszystkie źródła informacji (fenotyp własny i pełne rodzeństwo) 0,406.

2d. Zmodyfikuj program w ten sposób by uwzględniał stosunek do kojarzeń 1:10 (aby zachować całkowite liczby zwierząt możesz powiększyć stado o kilka sztuk w stosunku do początkowych założeń). Zmodyfikuj źródła informacji wykorzystywane w ocenie i oblicz całkowitą reakcję na selekcję przy selekcji opartej wyłącznie na fenotypie. Ile będzie wynosić średnia masa myszy w pokoleniu F1? Porównaj ten program z wariantem 2c – na czym polegają różnice?

Odp. 2d = 8.68.

2e. Wykonaj podobną analizę dla cechy zawartość tłuszczu śródmięśniowego, przyjmując, że $h^2=0.3$, wartość średnia 15.4% a wariancja 11.56%. Odp. 2e = 16.626.

2f. Wróć do początkowych założeń programu. Przyjmij, wariantowo, że odziedziczalność masy wynosi 0,2 i 0,7. Przeanalizuj warianty a, b i c, zbierz wyniki reakcji na selekcję i dokładności oceny oraz wyciągnij wnioski.

Przykład 3– program wielocechowy - brojlery.

Przyjmij następujące założenia dotyczące programu hodowlanego dla brojlerów.

Cecha	Wariancja fenotypowa	h^2
Wzrost (g/dzień)	20,0	0,30
BM% (zaw.mięś.pier.)	1,5	0,4
FCR (wyk.paszy)	0,010	0,4
ascites (wodobrzusze)	0,128	0,1

Wodobrzusze – występuje 15% upadków z tytułu wodobrzusza. Fenotypowe i genetyczne korelacje są takie same.

Cecha	wzrost	BM%	FCR
BM%	0.300		
FCR	-0.300	0.000	
ascites	0.200	0.300	-0.300

Przyjmij, że pokolenia nie nakładają się, jest 30 kogutów i 120 kur. Każda kura produkuje 8 samców i 8 samic jako kandydatów do przyszłej selekcji. Oblicz frakcję selekcionowanych zwierząt i zdefiniuj grupy pełnego i półrodzeństwa, które będą wykorzystywane w ocenie wartości hodowlanej.

Przypadek A. Selekcja jednocieczowa na wzrost. Wzrost jest jedyną cechą, dla której prowadzi się kontrolę użyteczności na wszystkich zwierzętach podlegających selekcji. Do oceny wartości hodowlanej wykorzystuje się BLUP. Oblicz reakcję na selekcję dla wzrostu i skorelowane reakcje dla pozostałych cech. Zachowaj wprowadzone dane do programu zanim wykonasz obliczenia. Odp. 2.52.

Przypadek B. Selekcja wielocechowa. Selekcję przeprowadza się na trzy cechy: wzrost, BM% i FCR. Cel hodowlany jest określony w następujący sposób:

$$H = 3.000 * \text{wzrost} + 8.000 * \text{BM\%} + 1.000 * \text{FCR}$$

Wzrost i FCR są mierzone na wszystkich zwierzętach, lecz BM% nie jest mierzony – wymagałoby to ubijania wszystkich zwierząt, na których ma być przeprowadzana selekcja. Do oceny wszystkich trzech

cech wykorzystuje się BLUP. Oblicz reakcję na selekcję i porównaj do przypadku A. Odp. 2.52, 0,24, -0,02, 0,02.

Przypadek C. Bez zmian dla wodobrzusza. Cel hodowlany jest taki jak w przypadku B ale dodatkowo nie akceptuje się pogorszenia populacji ze względu na wodobrzusze. Analizę śmiertelności wynikającą z wodobrzusza prowadzi się na wszystkich zwierzętach. Określ iteracyjnie wagę ekonomiczną dla wodobrzusza, którą należałoby przyjąć by osiągnąć zerową zmianę dla tej cechy. Jakie są koszty nałożenia takiego ograniczenia? (wyrażane jako zmniejszenie reakcji dla pozostałych cech). Odp. -33.

Przypadek D. Rodzeństwo dla BM%. W celu zwiększenia reakcji dla BM% dodatkową grupę 20 sztuk potomstwa każdej kury ubija się w celu określenie BM%. Określ dodatkowe źródło informacji, tj. grupy pełnego i półrodzeństwa i oblicz spodziewaną reakcję na selekcję. Cel hodowlany przyjmij taki sam jak w przypadku B tj. bez ograniczenia dla wodobrzusza. Jaki jest wzrost reakcji na selekcję z tytułu uboju i kontroli użyteczności dodatkowych zwierząt. Odp. 2,20, 0,56, -,01, 0,03

Przypadek E – jak D ale z ograniczeniem na wodobrzusze. Odp. -35

Przypadek F – jak E ale tym razem założymy zdecydowanie niekorzystną korelację pomiędzy BM% i wodobrzuszem $r_g = r_p = 0.6$. Odp. -57 i 2,20, ,35, -,01, 0.

Przykład 4. Redukcja zmienności i inbred

1. Przeprowadzono eksperyment hodowlany na szczurach. Uczestniczyło w nim 200 sztuk zwierząt, przy czym stosunek płci samców do samic wynosił 1:4. Doskonalono dwie cechy: tempo wzrostu i grubość tłuszczu grzbietowego oznaczanego przyżyciowo. Samce eliminowano po kojarzeniu, natomiast samice po odchowaniu potomstwa. Kandydatami do selekcji były po 2 młode samice i po 2 młode samce od każdej matki. Zmienność fenotypowa tempa wzrostu i grubości tłuszczu wynosiła odpowiednio 0,4 i 0,7, natomiast odziedziczalność była równa odpowiednio 0,4 i 0,3. **Przyjmij, że korelacje genetyczne i fenotypowe były takie same i wynosiły 0,3.**

- Przeprowadź symulację hodowli, w której cel hodowlany stanowi jedynie tempo wzrostu. Selekcję przeprowadź wyłącznie na podstawie fenotypu własnego. Jak bardzo na skutek selekcji zmniejszyła się wariancja genetyczna i odziedziczalność każdej z cech? Zmianę wyraż w procentach wartości wyjściowej. Zanotuj wielkość reakcji na selekcję dla każdej z cech oraz wielkość, o jaką będzie się zwiększał inbred z pokolenia na pokolenie.
- Powtórz symulację tym razem dokonując selekcji na podstawie BLUP wykorzystując informację rodzinną. Porównaj i wyjaśnij różnicę w stosunku do przypadku A dla następujących wielkości: zmiana wariancji i odziedziczalność na skutek selekcji, wielkość reakcji na selekcję dla każdej z cech oraz wielkość wzrostu inbredu w przeliczeniu na jedno pokolenie.
- W stosunku do wariantu B dokonaj zmiany polegającej na uwzględnieniu w celu hodowlanym także grubości tłuszczu. Tak ustaw wagę ekonomiczną dla tej cechy, aby jej wartość nie zmieniała się z pokolenia na pokolenie. Jaka to musiałaby być waga? Porównaj i wyjaśnij różnicę w stosunku do przypadku B dla następujących wielkości: zmiana wariancji i odziedziczalność na skutek selekcji, wielkość reakcji na selekcję dla każdej z cech oraz wielkość wzrostu inbredu w przeliczeniu na jedno pokolenie.
- Ponownie przeprowadź symulację wg schematu z przypadku C z jedną zmianą: przyjmij, że każda samica odchowuje po 3 samce i po 3 samice. Ponownie dokonaj porównania analizowanych wielkości (zmiana wariancji i odziedziczalności, wielkość reakcji na selekcję, wzrost inbredu na pokolenie) w stosunku do przykładu C i skomentuj każde porównanie wyjaśniając, z czego wynikają różnice lub ich brak.

2. Poniżej przedstawiono schematycznie dwie rodziny oraz informacje fenotypowe dla pewnej cechy dla czterech samic.