

Nierekombinujące markery DNA jako nowe narzędzia analiz w hodowli zwierząt (cz. 1)*

Beata Prusak¹, Iwona Głazewska², Barbara Gralak¹

¹Institut Genetyki i Hodowli Zwierząt PAN w Jastrzębcu

²Uniwersytet Gdański

Poznanie i zrozumienie mechanizmów rządzących ewolucją umożliwia ocenę przyczyn i skutków dzisiejszego zróżnicowania genetycznego. Jest ono bowiem bezpośrednim odzwierciedleniem procesów, jakim podlegają populacje. Problematyka ta jest obiektem zainteresowań genetyki populacyjnej, a jej główne cele obejmują zobiektywizowany opis populacji i jej puli genów, określenie przyczyn i okoliczności odpowiedzialnych za zmiany częstości alleli, a także umiejscowienie tych procesów w czasie i na określonych terytoriach życia populacji. Dotychczas genetyka populacyjna opierała się głównie na wykorzystaniu matematycznych modeli umożliwiających opis procesów demograficznych. Charakterystyczną cechą tych procedur jest uniwersalność, gdyż można je odnosić do analiz populacyjnych u wielu gatunków. Opis populacji dokonywany przy użyciu współczesnych metod i procedur informatycznych (są one wciąż udoskonalane) traktować jednak należy jako stan przybliżony. Nawet najdoskonalsze formuły matematyczne nie pozwalają w pełni odwzorować właściwości poszczególnych populacji ani ze stuprocentową pewnością odtworzyć ich demograficznej historii. Zmiany towarzyszące selekcji hodowlanej doprowadziły do ogromnego zróżnicowania genotypowego i produkcyjnego wyjściowych populacji, a w wielu przypadkach – do ograniczenia zmienności genetycznej. Koszty ujednolicenia puli genowej okazują się jednak wysokie. Tradycyjnym niegdyś gospodarstwom, zamienionym w swoiste fabryki produkcyjne coraz trudniej udźwignąć koszty podtrzymania wysokiej produkcji tym bardziej, że na skutek jednostronnej selekcji dochodzi do obniżenia poziomu cech funkcjonalnych, takich jak: odporność na choroby, dobre przystosowanie do lokalnych warunków środowiska i naturalnej bazy pokarmowej, długowieczność, łatwe porody i dobre cechy macierzyńskie. Zrównoważony rozwój oraz ochrona istniejącego potencjału genetycznego zwierząt jest więc nieodzownym elementem zapewnienia rezerwy zasobów genetycznych i bezpieczeństwa żywnościowego dla przyszłych pokoleń [10, 11]. Dla przeciwdziałania zanikaniu wielu autochtonicznych ras o unikalnych właściwościach i przeszłości ewolucyjnej, jako nurt praktyki i badań podejmowane są obecnie programy restrykcji gatunków oraz hodowli zachowawczej [8].

Podstawowa różnica pomiędzy hodowlą zwierząt domowych i hodowlą zachowawczą tkwi w tym, że pierwsza stawia sobie na celu przekształcanie puli genowej, a druga – jej zachowanie w możliwie niezmienionym stanie tak, aby każda kolejna generacja była reprezentatywną próbką poprzedniego pokolenia. Każda, nawet początkowo bardzo jednorodna populacja z czasem ulega podziałowi (rozwarstwieniu), co manifestuje się w postaci struktury populacji. W kontekście zdarzeń z odległej przeszłości może to być wynikiem działania czynników naturalnych o globalnym charakterze, takich jak formowanie kontynentów, trzęsienia ziemi, powodzie itd., a w przypadku nieodległych procesów – wynik celowej działalności (selekcji hodowlanej) prowadzonej przez człowieka, efekt ingerencji w naturalne siedliska zwierząt itp. W efekcie powstają stada, kolonie, skupiska itd., co powoduje, że każda populacja (zwana metapopulacją) składa się z mniejszych izolowanych grup, w obrębie których działa niezależnie dryf genetyczny. Potrzeby właściwego ukierunkowania zarówno hodowli tradycyjnej, jak i hodowli zachowawczej sprawiają, że oprócz metodologii badań służącej rozpoznaniu i opisaniu stanu faktycznego w zakresie puli genowej, konieczna jest retrospekcja w procesy kształtowania poszczególnych populacji. Takie możliwości daje analiza polimorfizmu markerów dziedziczonych wyłącznie w linii żeńskiej (mtDNA) lub męskiej (markery chromosomu Y).

Celem niniejszego artykułu jest zaprezentowanie wybranych przykładów retrospektywnych analiz populacyjnych, dotyczących zwłaszcza rodowodowej genealogii koni arabskich czystej krwi oraz odtwarzanej rasy psów – ogarów polskich, wskazanie na praktyczną przydatność analizy mtDNA, a także, potrzebę wykorzystania tych informacji w charakterystyce zróżnicowania genetycznego współczesnych populacji. Zaprezentowano także wyniki analizy markerów chromosomu Y dotyczące bydła rasy polskiej czerwonej z hodowli zachowawczej, z intencją zachęcenia innych naukowców oraz praktyków do szerszego, niż dotychczas, włączenia się w badania z dziedziny filogenetyki molekularnej populacji chronionych, jako działań ważnych dla przyszłości polskiej hodowli.

Opis puli genowej

Podjęcie próby opisanie biologicznej rzeczywistości w kategoriach genetyki populacyjnej, istotne jest trafne zdefiniowanie pojęcia populacji. Wyznaczenie jednoznacznego i sztywnego kryterium podziału osobników danego gatunku na poszczególne populacje często napotyka na trudności. Z formalnego punktu widzenia należy zatem przyjąć, że badania prowadzone na przedstawicielach danego gatunku są w istocie badaniami subpopulacji, pomiędzy którymi istnieje, przynajmniej potencjalnie, pewien przepływ genów. Najczęściej stosowane wyróżniki, pozwalające na zdefiniowanie tak pojętych populacji to: kryteria rasowe, geograficzne, antropometryczne itd.

Podstawowym zagadnieniem związanym z definiowaniem struktury genetycznej populacji jest określenie źródeł pochodzenia jej puli genowej. Każda populacja wywodzi się od określonej grupy przodków – założycieli. Termin „efekt założyciela” oznacza zatem założenie nowej populacji przez niewielką liczbę osobników, które są nosicielami tylko części z całkowitej zmienności ge-

Pomyślnego Nowego Roku

2014

netycznej populacji wyjściowej. Formy ujawniania się wspomnianego efektu założyciela mogą być różne. Wiele danych z tego zakresu zgromadzono zwłaszcza w odniesieniu do dziedzicznych chorób u ludzi, występujących w zamkniętych, endogamicznych populacjach. Przykładem może być choroba Taya-Sachsa, charakterystyczna dla Żydów aszkenazyjskich [18, 20]. Pewnym odpowiednikiem w hodowli bydła holendersko-fryzyskiego (HF), poddawanej ostrej selekcji na cechy mleczności, może być występowanie zespołu braku odporności – BLAD [13, 19]. Problem ten, wywołowany mutacją recesywną w genie podjednostki beta-integriny, wziął początek od jednego wybitnego reproduktora w USA i wraz z importem spokrewnionych z nim zwierząt oraz nasienia buhajów przeniesiono go do puli genowej innych populacji bydła HF na świecie. Należy podkreślić, że skład puli genowej populacji założycielskiej wyznacza późniejszy skład puli genowej populacji potomnej, gdyż poszczególne osobniki są jedynie przenośnikami genów wprowadzonych przez założycieli. W każdej populacji zachodzą procesy służące zarówno zachowaniu wyjściowej puli genowej, jak również powodujące jej zmiany. Jeżeli w puli genowej pojawiają się nowe geny, są one wynikiem zadziałania mutacji lub migracji. Geny założycielskie z kolei podlegają zjawisku selekcji oraz dryfu genetycznego, które prowadzą do wypadania rzadziej występujących alleli. W kontekście informacji podanych powyżej, istotną informację poszerzającą wiedzę o populacji przynoszą rodowody. Jednak tylko w nielicznych przypadkach są one odpowiednio długo prowadzone oraz uwiarygodnione. Wyróżnia się w tym względzie polską hodowlą koni arabskich czystej krwi.

Markery nierekombinujące jako narzędzie retrospekcyjnych analiz genetycznych

Materiał genetyczny w komórkach umiejscowiony jest nie tylko w jądrze komórkowym, lecz także w mitochondriach. W komórkach somatycznych występuje przeciętnie od 100 do 10 tys. kopii cząsteczek mitochondrialnego DNA, zależnie od zapotrzebowania energetycznego komórki. Zróżnicowanie liczby cząsteczek mtDNA jest również obserwowane w gametach. Przykładowo, w dojrzłym oocyty znajduje się ponad 150 tys. [17], natomiast w plemniku od 700 do 1200 kopii mtDNA [3]. Ta przewaga ilościowa, jak również mechanizm selektywnej degradacji mitochondriów plemnika po ich wnikięciu do komórki jajowej, leżą u podstaw dziedziczenia w linii matczynej [21]. Jest to podstawowy fakt przesądający o przydatności badań polimorfizmu sekwencji mtDNA jako narzędzia w badaniach populacyjnych, ukierunkowanych na rozpoznanie i monitorowanie genealogii linii żeńskich w populacjach naturalnych i hodowlanych. Brak rekombinacji w genomie mitochondrialnym sugerowałby znaczną konserwatywność jego sekwencji. Tymczasem zróżnicowanie sekwencji jest duże, a średnia częstość mutacji mtDNA przewyższa około dziesięciokrotnie średnią częstość mutacji DNA jądrowego. Zarówno wysokie zróżnicowanie, jak i sposób dziedziczenia mitochondrialnego DNA znalazło zastosowanie w badaniach filogenetycznych populacji. Najliczniejsze badania z tego zakresu dotyczą historii *Homo sapiens* i dotyczą m.in. historii zaludnienia świata oraz kształtowania populacji i grup etnicznych na różnych kontynentach [14, 22].

Narzędziem odtwarzania ojcowskiej genealogii jest z kolei polimorfizm markerów chromosomu Y [6, 9, 15]. Brak rekombinacji mejozycznej w obrębie niemal całej cząsteczki DNA tworzącej chromosom Y, w połączeniu z obecnością w tym chromosomie licznych mutacji typu SNP i *loci* mikrosatelitarnych sprawiają, że chromosom Y można uznać za największe zgrupowanie markerów jądrowego (genomowego) DNA dziedziczonych się jak genetyczna jednostka (haplotyp). Nie ulega on zmianom, oprócz pojawiania się w kolejnych pokoleniach nowych mutacji w niektórych liniach ojcowskich. Większość nowopowstałych mutacji jest usuwana z populacji w wyniku dryfu genetycznego, pozostałe utrwalają się, dając początek nowym haplogroupom „zagnieżdżonym” w starszych filogenetycznie kładach.

Ponieważ mitochondrialny DNA dziedziczy się tylko po matce zaś chromosomy Y przekazywane są przez ojców tylko męskim potomkom, markery te odznaczają się zatem pojedynczym historycznym rodowodem, niezakłóconym rekombinacją mejozyczną. Umożliwia to zidentyfikowanie charakterystycznych grup występujących w liniach matczyńskich (mtDNA) i ojcowskich (chromosom

Y) oraz odtworzenie tzw. filogenezy haplogrup, tj. istniejących pomiędzy nimi powiązań ewolucyjnych. Mutacje w mtDNA i chromosomie Y można porównać do szybkości przesuwającego się zegara molekularnego. Im większe jest nagromadzenie mutacji w cząsteczkach wywodzących się od wspólnego przodka, tym dawniej ów przodek się pojawił. Umożliwia to określenie wieku ewolucyjnego haplogrup, a tym samym wnikięcie w głąb historii kształtowania populacji pradziejowych i w wielu przypadkach wiarygodne odtworzenie epizodów z zamierzonej przeszłości.

Filogenetyczna analiza i ochrona zasobów genetycznych rodzimych ras bydła

Zainicjowany w 1999 r. program ochrony zasobów genetycznych bydła początkowo obejmował rasę polską czerwoną (pc). W 2003 r. zapoczątkowano program restytucji i ochronę bydła białogrzebietego, a w ostatnim czasie (w latach 2007 i 2008) programem ochrony objęto rasę polską czerwono-białą i polską czarno-białą. Narzędziem realizacją programu ochrony jest hodowla zachowawcza, a celem jest odtworzenie i stabilizacja cech genotypowych dawnego rodzimego bydła, zachowanie wysokiego poziomu cech funkcjonalnych, a także obniżenie w puli genów populacji udziału obcych ras. Wykorzystywanie w minionych latach buhajów obcych ras do krzyżowania powoduje, iż realizacja ostatniego zadania jest trudna przy wykorzystaniu konwencjonalnych metod, natomiast możliwe jest rozpoznanie obcych komponentów w puli genowej danej populacji poprzez badania markerów nierekombinujących.

Dane archeologiczne oraz genetyczne wskazują, że dzisiejsze rasy bydła powstały w następstwie dwóch odrębnych zjawisk udomowienia tura (*Bos primigenius*), które miały miejsce w południowo-zachodniej Azji [2, 4, 12, 23]. Jedno z nich dało początek bydłu domowemu (*Bos taurus*), drugie natomiast bydłu zebu (*Bos indicus*). Udomowione stada rozprzestrzeniły się na starym kontynencie wraz z migracjami ludzkimi oraz rozwojem prymitywnego handlu. Z punktu widzenia analizy sekwencji mitochondrialnego DNA *Bos taurus* i *Bos indicus* reprezentują zupełnie odmienne haplogrupy (odpowiednio T oraz I), których rozęjsie się nastąpiło 332 tysiące lat temu. Jak pokazały wyniki światowych badań o największej możliwej rozdzielczości, przeprowadzonych w 2008 r., większość osobników bydła można przyporządkować do jednej z wyżej wymienionych haplogrup [1]. Istnieją jednak doniesienia sugerujące, że już po udomowieniu dochodziło do krzyżowania *B. taurus* z europejskim *B. primigenius*, czego efektem jest istnienie starszych, lecz znacznie mniej licznych od T haplogrup mtDNA – Q, P oraz R, wskazujących, że samice tura (albo ich żeńskie potomstwo) pozostawały w stadach udomowionego bydła [1, 7]. Uważa się, że wymienione haplogrupy stanowią jedyny ślad genetyczny pozostały po *Bos primigenius*.

Zróżnicowanie haplogrupy T jest ośmiokrotnie niższe aniżeli obserwowane u ludzi, co wraz z wynikami datowania (szacuje się, że haplogrupa T ma ok. 16 tysięcy lat) wskazuje, że w niedawnej historii populacji *B. taurus* musiało nastąpić wydarzenie skutkujące nagłym zmniejszeniem liczebności populacji. Datowanie podkładów haplogrupy T potwierdza, że do udomowienia tura, a tym samym powstania *Bos taurus* musiało dojść w neolicie, ok. 9-12 tysięcy lat temu na Bliskim Wschodzie [5]. Nie znaleziono dotąd jednoznacznych dowodów pozwalających uznać jednocześnie możliwość istnienia innych, poza Bliskim Wschodem, miejsc udomowienia tura, których następstwem miałyby być powstanie *B. taurus*.

Światowe badania nad bydlęcym genomem mitochondrialnym prowadzono dotychczas na ograniczonym poziomie rozdzielczości, tj. na analizie wybranego fragmentu sekwencji mtDNA (region kontrolny), co pozwoliło jednak na wyodrębnienie 5 głównych haplogrup u *B. taurus* (T*-T1-T2-T3-T4) i dwóch u *B. indicus* (I1-I2) [1, 23]. Jedynie w kilku dotychczas opublikowanych pracach przedstawiono wyniki oparte na maksymalnym poziomie rozdzielczości (pełne genomy mtDNA), jednak żadna z nich nie obejmowała analiz zróżnicowania bydła polskiego czerwonego. Wiadomo, że przeważająca większość bydła europejskiego posiada haplotypy mtDNA należące do haplogrupy T3. W ramach prowadzonych przez nas analiz sekwencji pełnych genomów mtDNA bydła polskiego czerwonego udało się, jak dotąd, uzyskać 40 sekwencji pełnych genomów. Analizy filogenetyczne wskazują, że uzyskane przez nas sekwencje plasują się w nieznanej dotychczas u bydła

domowego haplogrupie T3b; jej wiek roboczo oszacowano na ok. 10 tysięcy lat [badania własne niepublikowane]. Z perspektywy dokonywania się tzw. rewolucji neolitycznej, której epizodem była ekspansja rolnictwa i udomowienie *Bos primigenius*, oszacowany wiek ewolucyjny rozpoznanego genomu mtDNA bydła polskiego czerwonego jest zaawansowany. Oznacza bowiem, że krowa – założycielka haplogrupy T3b żyła na początku neolitu, tj. w okresie, kiedy doszło do udomowienia tura.

Także w zakresie polimorfizmu markerów nierekombinujących chromosomu Y u bydła polskiego czerwonego uzyskaliśmy dane nie mające odpowiedników w piśmiennictwie światowym. Pierwsze, obszerniejsze dane na temat zróżnicowania haplotypów chromosomu Y u autochtonicznych i światowych ras bydła ze wschodniej, północnej i południowo-wschodniej Europy, centralnej Azji i wschodniej Syberii opublikowano w 2009 r. [9]. U buhajów reprezentujących rasy bydła z Europy, centralnej i wschodniej Azji, z Bliskiego Wschodu oraz rejonu udomowienia *Bos primigenius* (Anatolia), zarejestrowano łącznie występowanie 21 haplotypów. Pięć haplotypów oznaczonych jako H1-H5 występowało tylko u bydła zebu. Z kolei haplotypy H6-H26 rejestrowano u buhajów różnych autochtonicznych i światowych ras (najczęściej spotykany jest haplotyp H11). Wyniki naszych badań zróżnicowania haplotypów w pięciu loci mikrosatelitów DNA chromosomu Y (*INRA124*, *INRA189*, *BM861*, *BYM-1* oraz *DYZ-1*) wskazują, że 72% badanych buhajów rasy polskiej czerwonej reprezentuje haplotyp H45, charakterystyczny wyłącznie dla tej rasy. Globalna sieć haplotypów chromosomu Y, zrekonstruowana z wykorzystaniem danych na temat dystrybucji haplotypów chromosomu Y u ras bydła z innych rejonów świata, również wskazuje na znaczną odrębność linii męskich zidentyfikowanych w rodzimym materiale. Wszystkie badane buhaje rasy polskiej czerwonej zostały przypisane do tej samej haplogrupy [16].

Określenie profilu genetycznego chromosomu Y badanych populacji może stanowić wstęp do poszerzonych analiz, umożliwiających poznanie i zrekonstruowanie korzeni przodków polskich ras bydła. Prześledzenie ścieżek ewolucyjnych tych populacji i oszacowanie ich przyszłego potencjału ewolucyjnego jest również istotne z punktu widzenia ochrony zasobów genetycznych nie tylko bydła polskiego czerwonego, ale poprzez badania porównawcze również innych autochtonicznych ras bydła.

*Praca wykonana w ramach projektu nr 2011/03/B/NZ8/03912 finansowanego przez NCN

Literatura: 1. Achilli A., Olivieri A., Pellecchia M., Uboldi C., Colli L., Ai-Zahery N., Accetturo M., Pala M., Kashani B.H., Perego U.A., Battaglia V., Fornarino S., Kalamati J., Houshmand M., Negrini R., Semino O., Richards M., Macaulay V., Ferretti L., Bandelt H.J., Ajmone-Marsan P., Torrioni A., 2008 – *Curr. Biol.* 18(4), 157-158. 2. Bonfiglio S., Ginja C., De Gaetano A., Achilli A., Olivieri A., Colli L., Tesfaye K., Agha S.H., Gama L.T., Cattonaro F., Penedo M.C., Ajmone-Marsan P., Torrioni A., Ferretti L., 2012 – *PLoS ONE* 7(6), e38601; doi:10.1371/journal.pone.0038601. 3. Diez-Sanchez C., Ruiz-Pesini E., Lapena A.C., Montoya J., Perez-Martos A., Enriquez J.A., Lopez-Perez M.J., 2003 – *Biol. Reprod.* 68, 180-185. 4. Edwards C.J., Baird J.F., Machugh D.E., 2007 – *Anim. Genet.* 38, 520-524. 5. Edwards C.J., Bollongino R., Scheu A., Chamberlain A., Tresset A., Vigne J.D., Baird J.F., Larson G., Ho S.Y., Heupink T.H. et al., 2007 – *Proc. Biol. Sci.* 274, 1377-1385. 6. Edwards C.J., Ginja C., Kantanen J., Perez-Pardal L., Tresset A., Stock F., European Cattle Genetic Diversity Consortium, Gama L.T., M. Penedo C.T., Bradley D.G., Lenstra J.A., Nijman I.J., 2011 – *PLoS ONE* 6(1), e15922; doi:10.1371/journal.pone.0015922. 7. Götherström A., Anderung C., Hellborg L., Elburg R., Smith C., Bradley D.G., Ellegren H., 2005 – *Proc. Biol. Sci.* 272, 2345-2350. 8. <http://www.biorxiv.org/content/10.1101/000000>. 9. Kantanen J., Edwards C.J., Bradley D.G., Viinalass H., Thessler S., Ivanova Z., Kiselyova T., Cinkulov M., Popov R., Stojanovic S., Ammosov I., Vilki J., 2009 – *Heredity* 103, 404-415. 10. Konwencja o różnorodności biologicznej sporządzona w Rio de Janeiro dnia 5 czerwca 1992 roku (Dz.U. z 2002 r. nr 184, poz.1532). 11. Krupiński J., 2009 – *Przegląd Hodowlany* 2, 1-8. 12. Loftus R.T., MacHugh D.E., Bradley D.G., Sharp P.M., Cunningham P., 1994 – *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 91, 2757-2761. 13. Nagahata H., 2004 – *J. Vet. Med. Sci.* 66(12), 1475-1482. 14. Oppenheimer S., 2003 – *The Real Eve: Modern Man's Journey out Africa*. Carroll&Graf Publishers, New York. ISBN 0-7867-1192-2. 15. Pidancier N., Jordan S., Luikart G., Taberlet P., 2006 – *Mol. Phyl. Evol.* 40(3), 739-749. 16. Prusak B., Kujawa N., Rogalla U., Grzybowski T., 2013 – Zróżnicowanie haplotypów w loci mikrosatelitów chromosomu Y u wybranych ras bydła objętych w Polsce programem ochrony zasobów genetycznych. IV Polski Kongres Genetyki, 10-13 września, Poznań. Materiały str. 167 (ZP79). 17. Reynier P., May-Panloup P., Chretien M.F., Morgan C.J., Jean M., Sauvanger F., Barriere P., Malthiery Y., 2001 – *Mol. Hum. Reprod.* 7, 425-429. 18. Risch N., Tang H., Katzenstein H., Ekstein J., 2003 – *Am. J. Hum. Genet.* 72(4), 812-822. 19. Shuster D.E., Kehrl M.E.Jr, Ackermann M.R., Gilbert R.O., 1992 – *Proc. Natl. Acad. Sci. (USA)* 89, 9225-9229. 20. Slatkin M., 2004 – *Am. J. Hum. Genet.* 75(2), 282-293. 21. Sutovsky P., vanLeyen K., Mc Cauley T., Day B.N., Sutovsky M., 2004 – *Reprod. Biomed.* 8, 24-33. 22. Torrioni A., Achilli A., Macaulay V., Richards M., Bandelt H.J., 2006 – *Trends Genet.* 22, 339-245. 23. Troy C.S., Machugh D.E., Bailey J.F., Magee D.A., Loftus R.T., Cunningham P., Chamberlain A.T., Sykes B.C., Bradley D.G., 2001 – *Nature* 410, 1088-1091.

Hodowla bydła mlecznego rasy polskiej czarno-białej i polskiej holsztyńsko-fryzyjskiej w gospodarstwie ekologicznym w ZD IZ-PIB Chorzelów

Piotr Wójcik

Instytut Zootechniki – Państwowy Instytut Badawczy w Krakowie

Gospodarstwo ekologiczne przy Zakładzie Doświadczalnym Instytutu Zootechniki w Chorzelowie powstało w 2008 r. na bazie dawnych obiektów po hodowli królików. Ferma w otoczeniu pastwisk, odległa od pozostałych obiektów produkcyjnych, spełnia wszelkie wymogi dla tego typu gospodarstwa. Po rocznej modernizacji stworzono oborę wolnostanowiskową dla krów ras mlecznych, pozwalającą na utrzymywanie osobno kilku grup doświadczalnych, w tym cieląt. Wygrodzono także pastwiska i utworzono okólniki, doświetlając jednocześnie wspomniany obiekt i budując halę udojową.

Traktując gospodarstwo ekologiczne jako obiekt doświadczalny, gdzie prowadzone są różne tematy badawcze, łączną powierzchnię 1215,5 m² podzielono na 10, przy czym liczba sektorów jest zmienna w zależności od potrzeb. Żywnienie zwierząt oparte jest na paszach własnych pochodzących z gruntów certyfikowanych oraz zakupionych certyfikowanych komponentach. W okresie sezonu pastwiskowego krowy mają dostęp do grodzonych pastwisk ekologicznych. Celem stworzenia takiej bazy doświadczalnej było nie tylko wykorzystanie istniejącej i nieużywanej infrastruktury, ale przede wszystkim możliwość prowadzenia badań i doświadczeń na modelowych grupach bydła w zakresie dobrostanu, żywienia, produkcji mleka specjalnej jakości w warunkach chowu ekologicznego, jak również wdrażania nowoczesnych rozwiązań proekologicznych, w tym prowadzenia szkoleń dla zainteresowanych hodowców.

W 2008 r. rozpoczęto zasiedlanie obory własnym materiałem hodowlanym z gospodarstwa konwencjonalnego oraz materiałem pochodzącym z zakupu. Utworzono dwie grupy doświadczalne po 39 osobników:

- grupa I – bydło rasy polskiej czarno-białej objętej programem ochrony (ZB);
- grupa II – bydło rasy polskiej holsztyńsko-fryzyjskiej (PHF).

Zwierzęta do poszczególnych grup były wybrane na zasadzie analogów, tak pod względem wieku, jak i stanu fizjologicznego (laktacja). W badaniach wykorzystano dane produkcyjne poszczególnych krów począwszy od drugiej laktacji (wydajność mleka oraz zawartość tłuszczu, białka i suchej masy), pochodzące z