

Olbrymi postęp w technice komputerowej umożliwił wdrożenie metody BLUP–RRM na początku XXI wieku. Najwcześniej (w 2000 roku) wdrożono tę metodę w Kanadzie. W Polsce ocenę wartości hodowlanej bydła mlecznego rasy polskiej holsztyńsko-fryzyskiej na podstawie próbnich udojów rozpoczęto w 2007 roku i jest używana do dziś [22].

W okresie ostatnich 15 lat dokonano olbrzymiego postępu w dziedzinie tzw. genotypowania zwierząt, czyli wykorzystania różnych technik molekularnych w celu zidentyfikowania określonej liczby SNP (Single Nucleotide Polimorphism) w obrębie genomu. Dostępność tej nowej technologii spowodowała zmiany w hodowli bydła, wynikające z możliwości wczesnego szacowania tzw. genomowej wartości hodowlanej. Znajomość wyników genotypowania oraz ocen fenotypowych odpowiednio dużej grupy zwierząt (tzw. populacji referencyjnej) pozwala na określenie związku między genotypami a wydajnością własną lub wydajnością potomstwa. Związek ten można wyrazić w postaci tzw. równań predykcji, służących do szacowania genomowej wartości hodowlanej (DGV) łączonej później z indeksem rodowodowym PI (Pedigree Index) [25], albo uwzględnić go w równaniach ssGBLUP (single step Genomic BLUP) obejmujących zarówno dane rodowodowe, jak i genomowe [11, 14]. W obu przypadkach otrzymane oszacowania wartości hodowlanej zgenotypowanych buhajów i jałówek charakteryzują się znacznie większą dokładnością niż stosowany wcześniej sam indeks rodowodowy (PI). Z kolei dostępność relatywnie dokładnych oszacowań wartości hodowlanej młodych zwierząt pozwala na wcześniejsze przeprowadzenie selekcji, zarówno wśród kandydatek na matki buhajów, jak i wśród kandydatów na ojców krów i ojców buhajów. W konsekwencji następuje zmniejszenie odstępów międzypokoleniowych i nawet dwukrotne zwiększenie oczekiwanego postępu genetycznego, co przedstawiono w tabeli.

#### Tabela

**Postęp genetyczny dla programów hodowlanych opartych na konwencjonalnej (klasycznej) i genomowej ocenie wartości hodowlanej (wg Simianer i wsp. [21])**

Ścieżka	Ostrość selekcji (%)	Standaryzowana różnica selekcyjna	Selekcja			
			klasyczna		genomowa	
			$r_{11}$	L	$r_{11}$	L
Ojcowie buhajów	5	2,1	0,99	6,5	0,75	1,8
Ojcowie krów	20	1,4	0,75	6,0	0,75	1,8
Matki buhajów	2	2,4	0,60	5,0	0,75	2,0
Matki krów	85	0,3	0,50	4,3	0,50	4,3
Postęp genetyczny w jednostkach $\sigma_a$				0,22		0,47

$r_{11}$  – dokładność oceny, L – odstęp międzypokoleniowy,  $\sigma_a$  – genetyczne standardowe odchylenie w populacji

Początki dużego zainteresowania zastosowaniem oceny genomowej w praktyce hodowlanej bydła związane były z opublikowaniem dwóch przełomowych prac: Meuwissena i wsp. [13] oraz Schaeffera [19]. W 2006 roku w USA rozpoczęto realizację zapla-

nowanego na dużą skalę, pierwszego projektu poświęconego ocenie i selekcji genomowej bydła mlecznego. Doświadczenie zdobyte w ramach tego projektu pozwoliło na zaplanowanie i wdrożenie programu hodowlanego, uwzględniającego elementy selekcji genomowej m.in. w USA i w Kanadzie.

Prace nad rozwojem systemu oceny genomowej w Polsce rozpoczęto w 2008 roku, wraz z utworzeniem konsorcjum MASin-BULL [23]. W 2012 roku konsorcjum, w poszerzonym składzie, zmieniło nazwę na Genomika Polska, a w 2013 roku zostało członkiem międzynarodowego konsorcjum EuroGenomics. Warto podkreślić, że Polska aktywnie uczestniczyła w kolejnych etapach rozwoju międzynarodowej genomowej oceny buhajów prowadzonej przez Interbull, a polskie buhaje uwzględniane były we wszystkich przebiegach implementacyjnych i pilotażowych. Od połowy 2014 roku także w Polsce publikowane są przez Instytut Zootechniki w Balicach wyniki genomowej oceny wartości hodowlanej buhajów [24].

**Literatura:** 1. **Bonnier G.**, 1936 – *Hereditas* 22, 145-166. 2. **Grosu H., Schaeffer L.R., Oltenacu P.A., Norman D., Powell R., Kremer V., Banos G., Mrode R., Carvalho J., Jamrozik J., Draganescu C., Lungu S.**, 2013 – History of genetic evaluation methods in dairy cattle. The Publishing House of the Romanian Academy, Bucarest. 3. **Hazel L.N.**, 1943 – *Genetics* 28, 476-489. 4. **Henderson C.R.**, 1966 – Sire evaluation method which accounts of unknown genetic and environmental trends, herd differences, seasons, age effects, and differential culling. *Proc. Nat. Symp. On Estimating Breeding Values of Dairy Sires and Cows*. USDA Mimeo, Washington, DC. 5. **Henderson C.R.**, 1973 – Sire evaluation and genetic trends. *Proceedings of the Animal Breeding and Genetics Symposium in Honor of J.L. Lush*. ASAS, Champaign, Ill. 6. **Henderson C.R.**, 1975 – *J. Dairy Sci.* 58, 1727-1730. 7. **Henderson C.R., Carter H.W., Godfrey J.T.**, 1954 – *J. Animal Sci.* 13, 959. 8. **Jagusiak W., Żarnecki A.**, 2000 – *J. Appl. Gen.* 41(3), 171-179. 9. **Jamrozik J.**, 1992 – *Zeszyty Naukowe AR w Krakowie, Rozprawa habilitacyjna nr 172*. 10. **Jamrozik J., Żarnecki A., Strzałkowski W., Morek-Kopeć M.**, 1994 – Ocena wartości hodowlanej przy pomocy modelu zwierzęcia. Ocena wartości hodowlanej buhajów pod względem wydajności mlecznej. *IZ Kraków*, 7-8, 1-17. 11. **Legarra A., Aguilar I., Misztal I.**, 2009 – *J. Dairy Sci.* 92, 4656-4663. 12. **Maciejowski J., Zięba J.**, 1982 – *Genetyka zwierząt i metody hodowlane*. PWN. 13. **Meuwissen T.H.E., Hayes B.J., Goddard M.E.**, 2001 – *Genetics* 157, 1819-1829. 14. **Misztal I., Legarra A., Aguilar I.**, 2009 – *J. Dairy Sci.* 92, 4648-4655. 15. **Ptak E., Schaeffer L.R.**, 1993 – *Livestock Prod. Sci.* 34, 23-34. 16. **Ptak E., Strabel T.**, 1999 – *Przegląd Hod.* 5, 9-11. 17. **Quaas R.L., Pollak E.J.**, 1980 – *J. Anim. Sci.* 51, 1277-1287. 18. **Radomska M.J.**, 1982 – *Metody i kierunki doskonalenia zwierząt (wyd. II)*. PWN. 19. **Schaeffer L.R.**, 2006 – *J. Anim. Breed. Genet.* 123, 1-6. 20. **Schaeffer L.R., Dekkers J.C.M.**, 1994 – *Proc. 5th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*, Guelph, Canada, 18, 443-446. 21. **Simianer H., Chen J., Erbe M.**, 2011 – *Book of Abstracts of the 62. Annual Meeting of the European Federation of Animal Science. Session 11*, p. 76. 22. **Strabel T., Szyda J., Ptak E., Jamrozik J.**, 2005 – *J. Dairy Sci.* 88, 3688-3699. 23. **Szyda J., Żarnecki A., Kamiński S.**, 2009 – *Interbull Bulletin* 39, 47-50. 24. **Szyda J., Żarnecki A., Suchocki T., Kamiński S.**, 2011 – *J. Appl. Genet.* 52, 363-366. 25. **Van Raden P.M.**, 2008 – *J. Dairy Sci.* 91, 4414-4423. 26. **Żarnecki A.**, 1985 – *Nowe Rolnictwo* 6, 29-33. 27. **Żuk B.**, 1973 – *Metody genetyki populacji w hodowli zwierząt*. PWRiL.

## Inbred w doskonalonych i chronionych populacjach zwierząt gospodarskich

Andrzej Filistowicz

Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu

Do początków XX wieku pojęcie inbrodu i jego negatywnych skutków nie było powszechnie znane, natomiast znana była zasada, że „podobne rodzi podobne”, stąd w uznanych hodowlach często prowadzono kojarzenia w bliskim pokrewieństwie, aby uzyskać

wybitne zwierzęta kumulujące najlepsze cechy przodków. Klasycznym przykładem jest byk Comet rasy shorthorn z hodowli braci Roberta i Charlesa Colling'ów, zimbredowany w znacznym stopniu, sprzedany w 1810 roku za rekordową cenę 1000 gwinei. Również jego ojciec – byk Durham Ox i inni przodkowie pochodzili z kojarzeń krewniaczych, często kazirodznych [<http://www.beefshorthorn.org/index.php/the-breed>].

Inbred w populacjach zwierząt gospodarskich nie stanowił większego problemu do połowy XX wieku, ale stał się wyzwaniem wraz z wprowadzeniem sztucznego nasieniania zwierząt. W Polsce już w połowie lat 50. XX w. nadzór hodowlany podjął działania zmierzające do ograniczenia kojarzeń krewniaczych w hodowli zwierząt gospodarskich. W hodowli bydła wprowadzono rejonizację ras, podzielono obszar ich występowania na rejony inseminacyjne i wprowadzono rotację grup genetycznych buhajów w rejonach inseminacyjnych [72]. Rozwiązanie to nie zawsze spełniało swoje zadanie, stąd wprowadzono także inne działania

ograniczające wzrost inbrodu, oparte na komputerowym doborze buhajów do rejonów inseminacyjnych [90] oraz na analizie rodowodów. Te metody ograniczania inbrodu stosowano powszechnie także po zniesieniu rejonizacji ras.

Regularne kojarzenia przez wiele pokoleń partnerów będących pełnym rodzeństwem lub półrodzeństwem prowadzą do całkowitej homozygotyczności populacji. Kojarzenia regularne typu potomek – młodszy rodzic oraz kojarzenia nieregularne w pokrewieństwie mogą zwiększyć średni współczynnik inbrodu do poziomu ponad 50% i są rzadziej stosowane w hodowli zwierząt. Współcześnie regularne kojarzenia w pokrewieństwie realizowane są głównie w tworzeniu linii inbredowanych w hodowli zwierząt laboratoryjnych oraz stosowane są przez firmy komercyjne w hodowli mieszańców użytkowych zwierząt gospodarskich. Ponadto kojarzenia krewniacze zalecane są do konsolidacji cech mieszańców w końcowym etapie krzyżowania twórczego i polepszającego, rzadziej w krzyżowaniu wypierającym. W przeszłości stosowano je również w hodowli na linii wybitnych przodków [14]. Z reguły wzrostowi homozygotyczności w populacji towarzyszy obniżenie przeciwnej wartości fenotypowej, zwane depresją inbredową. Dlatego stosowaniu kojarzeń krewniaczych zawsze musi towarzyszyć ostra selekcja, gdyż inaczej nie uzyskamy zakładanych efektów.

Podłoże depresji inbredowej najczęściej tłumaczy się jedną z dwóch teorii [43]. Według pierwszej, depresja inbredowa wynika z częstszego łączenia się w pary alleli recesywnych w różnych *loci*, a te z reguły obniżają wartości cech przystosowawczych (żywność, płodność, odporność) zwierząt. Zgodnie z drugą teorią, dochodzi do ograniczenia efektów naddominacji, zwiększającej wartość heterozygotycznych osobników w stosunku do obu form homozygotycznych. Zależność nieliniowa między średnią wartością fenotypową a wskaźnikiem inbrodu [11, 43] sugeruje, że w dodatnie skutki dominacyjne zaangażowane jest także zjawisko epistazy [43].

W licznych publikacjach wskazuje się głównie na ujemny wpływ inbrodu na cechy reprodukcyjne zwierząt gospodarskich [1, 2, 11, 13, 25, 26, 27, 33, 41, 48, 49, 62, 69], cechy produkcyjne, zwłaszcza związane z reprodukcją [2, 3, 4, 5, 12, 18, 25, 26, 27, 31, 32, 33, 36, 48, 49, 51, 52, 64, 69, 70, 77, 78, 85], cechy funkcjonalne [12, 27, 33, 48, 52] i pokrój zwierząt [12, 27, 33, 48, 53, 56, 84].

Depresja inbredowa w populacjach zwierząt gospodarskich na ogół nie jest duża, jednak do wielu jej oznaczeń trzeba podchodzić ostrożnie, ponieważ wielkość depresji inbredowej można dokładnie zmierzyć tylko wtedy, gdy w populacji – poza kojarzeniem w pokrewieństwie – nie działają czynniki zmieniające frekwencje genów i genotypów, w tym selekcja. Kojarzenie w pokrewieństwie może zmienić zdolność reprodukcyjną osobników, niektóre z nich nie pozostawiają potomstwa, a więc nawet gdy nie ma selekcji zootechnicznej, populacja będzie już zmieniana przez selekcję naturalną. Z tego względu pomiary depresji inbredowej mogą być precyzyjne tylko przy małym zimbredowaniu populacji, bo wtedy zdolność reprodukcyjna osobników nie jest jeszcze znacznie ograniczona.

Jeszcze do niedawna średnie zimbredowanie w populacjach zwierząt gospodarskich uznawano za niskie. W populacjach bydła mlecznego wskazywano wprawdzie na rosnący trend, ale średnie wskaźniki dla większości ras mlecznych można było uznać za stosunkowo niskie [1, 10, 11, 27, 28, 29, 40, 61, 70, 80]. Jednak już na początku lat 90. XX wieku w USA średnie zimbredowanie bydła rasy holenderskiej wynosiło 5,1%, a rasy jersey 5,2% [85], natomiast w 2014 roku wzrosło już do: 6,3% w rasie holenderskiej, 6,6% – ayrshire, 6,7% – brown swiss i 7,5% – guernsey [https://www.cdcbs.us/eval/summary/inbrd.cfm]. Również w Polsce znacząco wzrósł średni inbred w populacji bydła rasy polskiej holenderskiej z 0,6% w 1990 roku do 3,0% w 2006 roku [31, 32]. Podobny poziom inbrodu w czterech rasach (ayrshire, guernsey, holstein i jersey) odnotowano w RPA [44], w trzech rasach (duńskiej czerwonej, holenderskiej i jersey) w Danii [71], dwóch rasach (jersey i holenderskiej) w Australii [24] i w rasie holenderskiej w Niemczech [38] oraz o połowę mniejszy (1,5%) w rasie holenderskiej w Irlandii [48].

Wyniki obecnych oszacowań średniego inbrodu różnią się od wcześniejszych, gdyż zmianom uległy metody jego szacowania,

jednak wyraźny wzrost inbrodu w obecnym stuleciu jest skutkiem globalizacji hodowli. W badaniach nad inbredem uwzględnia się obecnie głębsze rodowody [84, 88], natomiast jeszcze 10 lat temu w ocenie zimbredowania bydła mlecznego sięgano nie głębiej niż do 1960 roku, w którym zapoczątkowano rejestrowanie rodowodów na nośnikach elektronicznych [73]. Między głębokością rodowodów zwierząt i oszacowaniami stopnia inbrodu zachodzi wyraźna zależność [67]; gdy uwzględnia się w rodowodach tylko rodziców i jednego dziadka, to wartości inbrodu są zaniżone o 50% w stosunku do obliczeń opartych na rodowodach liczących 4 pokolenia przodków. Użycie niekompletnych rodowodów zaniża oceny inbrodu, stąd zaproponowano stosowanie algorytmu Van Radena [81], który uzupełnia brakujące informacje w rodowodach średnimi wartościami inbrodu z pokoleń, do których należą nieznanymi przodkowie [42, 81, 85]. Zastosowanie algorytmu Van Radena w obliczeniach zwiększyło o ok. 50% oszacowany inbred buhajów i krów w stosunku do metody tradycyjnej, w której nie ma podziału zwierząt na grupy genetyczne [28]. Jankowski [30] dokonał oceny poziomu inbrodu buhajów rasy polskiej holenderskiej urodzonych w latach 1954-2002, używając trzech różnych procedur i wykazał, że metoda tabelaryczna oparta na całej informacji rodowodowej z uwzględnieniem poprawki Van Radena dała najdokładniejsze oceny inbrodu. Metoda obejmująca rodowody tylko do piątego pokolenia dała zaniżone oceny inbrodu buhajów urodzonych po 1980 roku, natomiast odmienne i bardzo nieregularne trendy uzyskano używając całej informacji rodowodowej bez poprawki Van Radena. Strabel [73] ocenia, że stosowanie tego algorytmu jest szczególnie ważne w populacjach korzystających z importu zwierząt, bo brak pełnych informacji rodowodowych osobników importowanych powoduje niedoszacowanie współczynników inbrodu ich potomstwa, przez co oceny wartości hodowlanej tych zwierząt są zawyżone.

Klasyczne metody oceny wartości hodowlanej (CC – contemporary comparison, HC – herdmate comparison oraz MCC – modified contemporary comparison), podobnie jak pierwsze modele BLUP (best linear unbiased prediction) – model ojcowski i model ojcowski z matczynym dziadkiem, nie uwzględniały spokrewnienia między ocenianymi samcami, stąd oceny samców, także spokrewnionych ze sobą, traktowano jak oceny niezależne. Obecnie selekcja oparta jest na ocenach wartości hodowlanej metodą BLUP z modelem zwierzęcia, która preferuje osobniki spokrewnione [73]. Wynika to bezpośrednio z podstawowego założenia metody, tj. uwzględniania spokrewnienia między ocenianymi osobnikami (macierz addytywnych spokrewnień), co zwiększa szanse wyboru krewnych zwierząt, których oceny są najwyższe. Gdy struktura populacji sprzyja szybkiemu wzrostowi inbrodu, efekty selekcji na podstawie ocen BLUP, opartych na modelu zwierzęcia, mogą być mniej efektywne w stosunku do selekcji na podstawie klasycznych indeksów selekcyjnych, bo będą obniżone przez depresję inbredową [33].

Tradycyjny sposób ograniczania inbrodu sprowadzał się do selekcji odpowiednio dużej liczby osobników na rodziców następnego pokolenia i unikania kojarzeń w bliskim pokrewieństwie. Obecnie systematycznie wzrasta średnie spokrewnienie w populacjach, mimo unikania kojarzeń krewniaczych, wskutek intensywnego użytkowania w wielu krajach świata małej liczby samców z czołówki rankingu światowego. Samce te pozostawiają dużo potomstwa (spokrewnionego ze sobą jako półrodzeństwo, rzadziej jako pełne rodzeństwo) i często spokrewnionego w mniejszym stopniu z potomstwem licznych buhajów wybranych na podstawie ocen wartości hodowlanej metodą BLUP opartą na modelu zwierzęcia.

Strabel [73] wskazuje sposoby minimalizacji inbrodu w doskonalonych populacjach bydła mlecznego, do których należą: odpowiedni dobór osobników do kojarzeń, ograniczenie wagi informacji rodzinowej w procedurach szacowania wartości hodowlanej, zmniejszenie intensywności selekcji oraz ograniczenie intensywności wykorzystania najlepszych zwierząt przy tworzeniu kolejnych pokoleń.

W strategiach służących ograniczeniu negatywnych skutków inbrodu proponuje się limitowanie porcji nasienia od jednego buhaja wykorzystywanych w hodowli [21, 22, 57] lub zastosowanie funkcji maksymalizującej zysk genetyczny, która uwzględni wartość hodowlaną i jej dokładność oraz wskaźnik inbrodu [86]. Wy-

kazano [50], że można istotnie zmniejszyć średnie spokrewnienie w populacji (o ok. 25%), gdy w selekcji buhajów opartej na wartościach hodowlanych uwzględnia się średnie spokrewnienie, przy nieznacznym (o ok. 5%) zmniejszeniu postępu genetycznego, lub zmniejszyć poziom inbrodu i straty z tytułu depresji inbredowej o około 35%, przy spadku reakcji na selekcję o zaledwie 1-3%, przy uwzględnieniu w schematach selekcji średniego spokrewnienia zwierząt [87].

Globalizacja hodowli oznacza szerokie wykorzystanie tej samej puli genów w wielu krajach. Najpopularniejsze obecnie buhaje rasy holenderskiej pozostawiają po sobie blisko ćwierć miliona córek, a liczba ich synów włączonych do hodowli dochodzi do 3000, co rokuje rosnące spokrewnienie i dalszy wzrost inbrodu w populacjach.

Jeszcze w połowie XX wieku niekorzystne mutacje ograniczały się do lokalnych populacji i rzadko rozprzestrzeniały się w innych krajach, z uwagi na małą wymianę materiału hodowlanego. W populacjach zwierząt gospodarskich utrzymują się różnorodne mutacje przez szereg lat, gdy mają charakter recesywny i wykazują mocny związek z cechami stanowiącymi kryteria selekcji. Obecnie, w dobie globalnej hodowli, jeśli rozplodnik będący nosicielem mutacji jest szeroko wykorzystywany w wielu krajach, ulega ona szerokiemu rozprzestrzenieniu. Klasyk jest mutacja BLAD (bovine leukocyte adhesion deficiency), o charakterze recesywnym (a więc ujawniająca swoje działanie w homozygotie recesywnej), przy czym córki buhajów – nosicielel wykazywały się bardzo wysoką wartością hodowlaną cech mleczności. Pierwszym nosicielem mutacji był buhaj Osborndale Ivanhoe urodzony w 1952 roku [23], a pierwszy test diagnozowania tej mutacji opracowano dopiero po 40 latach od jego urodzenia [65]. Wówczas okazało się, że Osborndale Ivanhoe był spokrewniony ze 180 buhajami, spośród 329 importowanych do Polski do 1992 roku [23]. Osborndale Ivanhoe przekazał wadliwy allel swemu potomstwu, w tym buhajowi Penstate Ivanhoe Star, a ten z kolei swojemu synowi Carlin-M Ivanhoe Bell, urodzonemu w 1974 roku [65], który okazał się nie tylko nosicielem mutacji BLAD (jak jego dziadek i ojciec), ale odziedziczył po matce zmutowany allel recesywny odpowiedzialny za CVM (complex vertebral malformation) [79, 89]. Każdy z tych buhajów pozostawił liczne potomstwo w wielu krajach (w tym w Polsce), przy czym buhaj Carlin-M Ivanhoe Bell odegrał szczególnie negatywną rolę w duńskiej populacji rasy holendersko-fryzyjskiej liczącej ok. 1,1 mln krów, bo był obecnie w rodowodach 76% krów i 95% byków [79].

Obecnie globalizacja hodowli nie ogranicza się do bydła mlecznego (rasa holendersko-fryzyjska i inne popularne rasy bydła mlecznego), ale jest obecna, choć w mniejszym zakresie, w hodowli bydła mięsnego (rasa charolaise), świń (rasa wielka biała) oraz owiec (kilka ras transgranicznych o zasięgu światowym). Można oczekiwać, że problemy opisywane obecnie w hodowli bydła mlecznego pojawią się niebawem także w hodowli innych gatunków zwierząt gospodarskich.

Problemy związane z systematyczną utratą zmienności w doskonalonych populacjach zwierząt gospodarskich oraz w rasach rodzimych wymagających działań ochronnych znalazły już odbicie w programach FAO oraz w krajowych strategiach zrównoważonego użytkowania i ochrony zasobów genetycznych [46]. Polska krajowa strategia przyjęta w grudniu 2013 roku przez Ministra Rolnictwa i Rozwoju Wsi [47] obejmuje całościowo ochronę i zrównoważone użytkowanie zasobów genetycznych ras doskonałych, uczestniczących w intensywnej produkcji zwierzęcej, oraz ras rodzimych zagrożonych wyginięciem i wymagających ochrony. Strategia zakłada monitorowanie trendów i zagrożeń, w tym poziom zmienności genetycznej w obrębie ras i między rasami poszczególnych gatunków zwierząt gospodarskich, aby można było możliwie wcześniej podjąć właściwe działania zaradcze.

Obecnie w Polsce ochroną *in situ* objęte są 84 rasy i odmiany zwierząt gospodarskich, użytkowane w 3010 stadach, o łącznej liczbie 90 460 osobników oraz 4 krajowe linie pszczoł [16]. Oczywiście, różnicowane są: liczba ras i odmian, wielkość chronionych populacji oraz okres rozpoczęcia programów ochrony zasobów genetycznych w obrębie poszczególnych gatunków zwierząt. Żadna z chronionych populacji nie przekracza obecnie 3000 osobników.

Gdy mówimy o populacji, mamy z reguły na myśli duże zbiorowisko zwierząt, którego struktura genetyczna nie ulega zmianom, gdy nie działają czynniki zakłócające losowe rozmnażanie się zwierząt. Jednak, gdy populacja jest liczebnie mała, nie jest prawdziwe stwierdzenie o niezmienności jej struktury genetycznej, wynikające z reguły Hardy'ego-Weinberga. Mała liczebność populacji, także rozmnażającej się losowo, powoduje, że występują przypadkowe zmiany frekwencji genów, bo ograniczona jest liczba gamet potrzebnych do utworzenia pokolenia potomnego i w kolejnych pokoleniach zwiększa się udział osobników homozygotycznych kosztem heterozygot. Jest to naturalne zjawisko występujące w małych populacjach. W małej populacji może się zdarzyć, że nie zostanie wybrana żadna gameta z określonym allelem i wtedy wszystkie gamety przenoszą do następnego pokolenia tylko allel przeciwny. Oczywiście, począwszy od tego pokolenia, w populacji występować będzie tylko jeden z dwóch alleli, jego frekwencja nie będzie się zmieniać i uzyska się populację z utrwalonym allelem. Opisane zjawisko zwane jest dryfem genetycznym lub dryfem losowym i odgrywa ważną rolę w procesach ewolucyjnych. Jeśli proces ten będzie trwał, to nie ograniczy się do jednej pary genów, ale większej ich liczby (w krańcowym przypadku do wszystkich par genów) i doprowadzi do znacznej homozygotyczności populacji. Przykładem może być dryf genetyczny w populacji rasy polskiej czerwonej, najwcześniej objętej ochroną zasobów genetycznych spośród wszystkich ras krajowych, który skutkowało obniżeniem w latach 1969-2002 frekwencji allelu C w *locus*  $\alpha_{S1}$ -kazeiny z 0,11 do 0,06, allelu B w *locus* k-kazeiny z 0,40 do 0,31 oraz allelu A w *locus*  $\beta$ -laktoglobuliny z 0,40 do 0,19 [15, 17].

W małej populacji działają ponadto selekcja oraz kojarzenia krewniacze (nawet niezamierzone), z uwagi na jej małą liczebność. Aby możliwe było kontrolowanie opisanych zjawisk, trzeba ustalić efektywną wielkość populacji, tj. taką liczebność populacji idealizowanej, w której tempo wzrostu inbrodu lub wariancja frekwencji genu jest taka sama jak w populacji, której efektywną wielkość się określa. W hodowli zwierząt określanie efektywnej wielkości populacji odgrywa dużą rolę przy ustalaniu wielkości grup kontrolnych w eksperymentach selekcyjnych lub w ustalaniu wielkości stada objętego ochroną zasobów genetycznych [68, 82]. W przypadku grup kontrolnych dąży się, aby grupa taka była mała, ze względów ekonomicznych, jednak nie za mała, aby nie wystąpiły w niej losowe zmiany frekwencji genów lub zbyt duże było tempo wzrostu inbrodu. Dokładnie te same warunki stawia się małym populacjom chronionym, ustalając maksymalny przyrost inbrodu na pokolenie lub rok użytkowania zwierząt.

Między efektywną wielkością populacji i tempem wzrostu inbrodu zachodzi ścisły związek, gdyż  $\Delta F = 1/2Ne$  (gdzie  $\Delta F$  oznacza tempo wzrostu inbrodu, a  $Ne$  – efektywną wielkość populacji). Oczywiście, na efektywną wielkość populacji wpływają także: stosunek (proporcja) liczby samców do liczby samic, długość życia i użytkowania zwierząt, płodność zwierząt, wariancja wielkości rodzin (grup zwierząt spokrewnionych) w populacji oraz sposób wyboru rodziców następnego pokolenia [68].

W stadach zwierząt gospodarskich objętych ochroną zasobów genetycznych na ogół mamy do czynienia z nierówną liczebnością samców i samic, z uwagi na nieproduktywność samców (gdy cecha jest ograniczona do płci żeńskiej) i wyższe koszty utrzymania samców. Tymczasem na efektywną wielkość populacji, tym samym na tempo wzrostu inbrodu i wariancję dryfu genetycznego, wpływa mniej liczna płeć. Jeśli w stadzie będą 4 samce i 4 samice, wtedy jej efektywna wielkość wyniesie  $Ne = 8$  i taką samą efektywną wielkość będzie miało stado złożone z 2 samców i 100 samic.

W stadach objętych ochroną zasobów genetycznych możemy zastosować jeden z dwóch sposobów wyboru rodziców następnego pokolenia: losowy (wybieramy określoną liczbę zwierząt nie uwzględniając ich pochodzenia) lub reprezentatywny (z męskiego potomstwa każdego ojca wybiera się jednego syna, a z żeńskiego potomstwa każdej matki – jedną córkę). W obu metodach wyboru na wielkość tempa wzrostu inbrodu (i na średni współczynnik inbrodu w populacji) decydujący wpływ ma liczba ojców, ale z racji większej wagi dla liczby ojców w systemie reprezentatywnym, jego zastosowanie jest efektywniejsze i pozwala osiągać mniejsze tempo inbrodu w porównaniu z systemem losowym.

Populacja objęta ochroną powinna mieć taką efektywną liczebność, aby jej wyjściowa zmienność genetyczna nie uległa zasadniczej redukcji przez co najmniej kilkadziesiąt pokoleń [68]. Gdy wyjściowa zmienność w populacji jest bardzo duża i efektywna wielkość populacji jest znaczna, wówczas tempo wzrostu inbrodu (0,5%/rok) oznacza pełną redukcję zmienności po 100 lub 200 pokoleniach, ale gdy zmienność jest znacznie ograniczona (populacja cechuje się już dużą homozygotycznością), redukcja nastąpi odpowiednio wcześniej, proporcjonalnie do stopnia zimbredowania populacji.

Obecnie nie znamy poziomu inbrodu w populacjach chronionych ras gęsi, kaczek i zwierząt futerkowych. Poziom inbrodu i jego skutki były badane w rodzimych rasach koni [7, 8, 9, 19, 20, 34, 35, 39, 41, 60, 66, 83], świń [6, 54, 55, 76], owiec [3, 4, 45, 58, 59, 61, 63], bydła [37] i w populacjach kur nieśnych [74, 75]. W populacji owiec rasy olkuskiej średnie współczynniki inbrodu samców wahały się od 4,3% do 8,2%, a samic od 3,4% do 8,6% [45], w hodowli koni rasy huculskiej inbred osiągnął poziom 4% [41], w populacjach świń objętych ochroną zasobów genetycznych wyniósł 2% (rasa złotnicka pstra), 2,9% (rasa złotnicka biała) i 4% (rasa puławska) [76], a w dwóch rodach kur nieśnych 2,5% (H77) i 3,5% (N88) [74].

Programy ochrony zasobów genetycznych poszczególnych ras i odmian zwierząt gospodarskich (ogólnie dostępne na stronie internetowej Instytutu Zootechniki – Państwowego Instytutu Badawczego w Krakowie) definiują cele ochrony, w których ekspozuje się odtworzenie i zachowanie populacji w określonym typie użytkowym, natomiast nie precyzują metod stosowanych w ochronie *in situ*. Poza ogólnikowymi stwierdzeniami, że należy zachować dużą zmienność i unikać kojarzeń krewniaczych, nie określono tempa wzrostu inbrodu i nie sprecyzowano sposobu wyboru rodziców następnego pokolenia (losowy lub reprezentatywny). Takie programy ochrony są archaiczne, gdyż są: a) mało efektywne i zakładają, że nie następują zmiany w populacji (tymczasem stale działają w niej dryf genetyczny i selekcja naturalna), b) są pozbawione mechanizmów stałego monitoringu chronionych populacji (nieznany jest średni poziom inbrodu i tempo jego przyrostu) oraz c) zakładają, że zwiększenie liczby samic stanowi rękomię ochrony, tymczasem czynnikiem limitującym jest liczba samców objętych ochroną zasobów genetycznych. Czas zatem przeprowadzić rzetelną dyskusję nad skutecznością krajowych programów ochrony zasobów genetycznych rodzimych ras i odmian zwierząt gospodarskich i dokonać takiej ich modyfikacji, aby ochrona zmierzała w pożądanym kierunku, miała trwały charakter i umożliwiała korzystanie w przyszłości z chronionych zasobów genetycznych. Obecnie stosowane programy w stadach zachowawczych, oparte na selekcji wewnątrz populacji, wypaczają ideę ochrony zasobów genetycznych ras i odmian, których genotypy chcemy chronić dla przyszłości.

**Literatura:** 1. Allaire F.R., Henderson C.R., 1965 – J. Dairy Sci., 48, 1366-1371. 2. Analla M., Montilla J.M., Serradilla J.M., 1999 – J. Anim. Breed. Genet. 116, 481-488. 3. Barczak E., Wolc A., Szwaczkowski T., Wójtowski J., 2007 – Proc. Inter. Symp. Perspektiven der Schaff- und Ziegenhaltung in Mitteleuropa, Iden (Germany), 71. 4. Barczak E., Wolc A., Wójtowski J., Ślósarsz P., Szwaczkowski T., 2009 – J. Anim. Feed Sci., 18, 42-50. 5. Bereskin B., Shelby C.E., Rowe K.E., Rempel W.E., Dettmers A.E., Norton H.W., 1970 – J. Anim. Sci. 31, 278-288. 6. Buczyński J. T., Szulc K., Fajfer E., Ćwiek I., 1999 – Zesz. Nauk. AR Kraków 352, 35-39. 7. Budzyński M., Kamieniak J., Budzyńska M., Sapuła M., Słomka M., Sołtys L., 2000 – Ann. UMCS Lublin, EE, 18, 133-139. 8. Budzyński M., Kamieniak J., Budzyńska M., Sapuła M., Sołtys L., Krupa W., 2000 – Ann. UMCS Lublin, EE, 18, 125-132. 9. Budzyński M., Kamieniak J., Sapuła M., Sołtys L., Budzyńska M., Krupa W., Stefaniuk A., 2001 – Ann. UMCS Lublin, EE, 19, 153-159. 10. Cassanova L., Hagger C., Kuenzl N., 1992 – J. Dairy Sci. 75, 1119-1126. 11. Chudoba K., Filistowicz A., Żuk B., 1988 – Zesz. Nauk. AR Wrocław, Zoot., 30, 7-20. 12. Croquet C., Mayeres P., Gillon A., Vanderick S., Gengler N., 2006 – J. Dairy Sci. 89, 2257-2267. 13. Ercanbreack S.K., Knight A.D., 1991 – J. Anim. Sci. 69, 4734-4744. 14. Filistowicz A., 1977 – Analiza genetyczna buhajów rasy nizinnej czerwono-białej użytkowanych na Dolnym Śląsku. AR Wrocław. 15. Filistowicz A., 2011 – XIX Szkoła Zimowa Hodowców Bydła. Zakopane, 4-8 kwietnia 2011 r., IZ-PIB Kraków, 69-81. 16. Filistowicz A., Martyniuk E., 2013 – Slovak J. Anim. Sci. 46 (4), 121-126. 17. Filistowicz A., Szulc T., Zatoń-Dobrowolska M., 2005 – Wiad. Zoot. 43 (2), 63-68. 18. Filistowicz A., Żuk B., Chudoba K., 1988 – Zesz. Nauk. AR Wrocław, Zoot., 30, 21-34. 19. Gancarz J., 2001 – Ann.

UMCS Lublin, EE, 19, 24, 189-197. 20. Gancarz J., Ruda M., Budzyński M., Budzyńska M., 2002 – Ann. UMCS Lublin, EE, 20, 30, 223-228. 21. Goddard M.E., 1992 – J. Dairy Sci. 75, 2902-2911. 22. Goddard M.E., Smith C., 1990 – J. Dairy Sci. 73, 1113-1122. 23. Grzybowski G., Lubieniecki K., Żurkowski M., Kurył J., 1995 – Przegl. Hod. 5, 10-14. 24. Haile-Mariam M., Bowman P.J., Goddard M.E., 2007 – Genet. Sel. Evol. 39, 369-389. 25. Hermas S.A., Young C.W., Rust J.W., 1987 – J. Dairy Sci. 70, 712-715. 26. Hodges J.T.L. Mc Gillivray B.J., Hiley P.G., Ellis S., 1979 – Can. J. Anim. Sci. 59, 153-158. 27. Hudson G.F.S., Van Vleck L.D., 1984 – J. Dairy Sci. 67, 161-170. 28. Jagusiak W., Ptak E., 2003 – Roczn. Nauk. Zoot. Suppl. 17 (1), 1-4. 29. Jagusiak W., Żarnecki A., 1994 – Pr. Mater. Zoot. 46, 75-81. 30. Jankowski T., 2007 – Optymalizacja doboru par rodzicielskich z uwzględnieniem inbrodu u bydła rasy polskiej holsztyńsko-fryzyskiej. Praca doktorska. UP Poznań. 31. Jankowski T., Strabel T., 2007 – Book of Abstracts of the 58th Annual Meeting of the EAAP, Dublin, 26-29 August 2007, 60. 32. Jankowski T., Strabel T., 2007 – II Polski Kongres Genetyki, Warszawa, 18-20 września 2007, 240. 33. Jeyaruban M.G., Gibson J.P., Gowe R.S., 1995 – Poultry Sci. 74, 1566-1576. 34. Jezierski T., 1993 – Pr. Mater. Zoot. 43, 109-114. 35. Jezierski T., Sobczyńska M., Górecka A., Walczak M., 2007 – Ann. Anim. Sci. 1, 149-152. 36. Kadlečík O., Kasarda M., Mészáros G., 2008 – Archiva Zootechnica 11 (2), 22-28. 37. Kania-Gierdziewicz J., 2005 – J. Appl. Genet. 46 (2), 187-193. 38. Koenig S., Simianer H., 2006 – Livest. Sci. 103, 40-53. 39. Kownacki M., Jaszczak K., 1968 – Biul. ZHDZ PAN 14, 161-169. 40. Krogmeier D., Aumann J., Averdunk G., 1997 – Züchtungs. 69, 233-243. 41. Kwiecińska K.M., Olech W., 2008 – Ann. Warsaw Univ. of Life Sci. – SGGW Anim. Sci. 45, 59-63. 42. Lutaaya E., Misztal I., Bertrand J.K., Mabry J.W., 1999 – J. Anim. Breed. Genet. 116, 475-480. 43. Lynch M., 1988 – Genetics 120, 791-807. 44. Maiwashe A., Nephawe K.A., van der Westhuizen R.R., Mostert B.E., Theron H.E., 2006 – South African J. Anim. Sci. 36 (1), 50-57. 45. Martyniuk E., 2007 – Wiad. Zoot. 45 (4), 29-39. 46. Martyniuk E., Krupiński J., 2013 – Przegl. Hod. 5, 5-8. 47. Martyniuk E., Krupiński J., Chelmińska A. (red.), 2014 – Krajowa strategia zrównoważonego użytkowania i ochrony zasobów genetycznych zwierząt gospodarskich. MRiRW. 48. Mc Parland S., Kearney J.F., Rath M., Berry D.P., 2007 – J. Dairy Sci. 90, 4411-4419. 49. Mc Parland S., Kearney J.F., Rath M., Berry D.P., 2007 – J. Anim. Sci. 85, 322-331. 50. Meuwissen T.H.E., Goddard M.E., 1997 – Livest. Prod. Sci. 52, 57-68. 51. Miglior F., Burnside E.B., Dekkers J.C.M., 1994 – J. Dairy Sci. 78, 1168-1173. 52. Miglior F., Szkotnicki B., Burnside E.B., 1992 – J. Dairy Sci. 75, 1112-1118. 53. Misztal I., Lawlor T.J., Gengler N., 1997 – Genet. Sel. Evol. 29, 319-326. 54. Mroczko L., 1999 – Roczn. Nauk. Zoot., Supl., 3, 187-193. 55. Mroczko L., Różycki M., 2001 – Ann. Anim. Sci. 1, 1, 39-49. 56. Nelson R.H., Lush J.L., 1950 – J. Dairy Sci. 33, 186-193. 57. Nomura T., Honda T., Mukas F., 2001 – J. Anim. Sci. 79, 366-370. 58. Olech W., Świderek W.P., Siudek T., 1996 – Zesz. Nauk. Przegl. Hod. 23, 166-170. 59. Pięta M., 1991 – Zesz. Nauk. Przegl. Hod. 4, 100-105. 60. Radomska M., Burzyńska B., Fiszdón-Stecko K., 1988 – Roczn. Nauk Rol., B, 103, 4, 23-36. 61. Radomska M.J., Skoczylas A., 1974 – Roczn. Nauk Rol., B, 96, 19-28. 62. Rodriguez J., Toro M.A., Rodriguez M.C., Silio M., 1998 – Anim. Sci. 67, 573-582. 63. Rzewuska K., Klewicz J., Martyniuk E., 2005 – Anim. Sci. Pap. Rep. 23, 4, 237-247. 64. Savas T., Preisinger R., Rohe R., Kalm E., Flock D.K., 1999 – Archiv für Geflüg. 63, 246-251. 65. Shuster D.E., Kehrl M.E., Ackermann M.R., Gilbert R.O., 1992 – Proc. Nat. Acad. Sci. USA 89, 9225-9229. 66. Sierszchulski J., Helak M., Wolc A., Szwaczkowski T., Schlote W., 2005 – Anim. Sci. Pap. Rep. 23, 51-59. 67. Sigurdsson A., Jonmundsson J.V., 1994 – Proc. 5th World Congress of Genetics Applied to Livestock Production, Guelph, Canada, 17, 140-143. 68. Smith C., 1984 – FAO Anim. Prod. Health Paper 44 (1), 18-24. 69. Smith L.A., Cassell B.G., Pearson R.E., 1998 – J. Dairy Sci. 81, 2729-2737. 70. Sobek Z., Różańska-Zawieja J., 2002 – Acta Scient. Polon., Zoot., 1 (1-2), 147-154. 71. Sørensen A.C., Sørensen M.K., Berg P., 2004 – 55th Annual Meeting of EAAP, Bled, Slovenia, 5-8 Sept. 2004. 1-7. 72. Staliński Z., 1966 – Przegl. Hod. 7, 7-9. 73. Strabel T., 2001 – Pr. Mater. Zoot. 59, 25-36. 74. Szwaczkowski T., Cywa-Benko K., Wężyk S., 2003 – Anim. Sci. Pap. Rep. 21 (2), 121-129. 75. Szwaczkowski T., Cywa-Benko K., Wężyk S., 2004 – J. Appl. Genet. 45, 343-345. 76. Szyndler-Nęda M., Eckert R., Szulc K., Blicharski T., Ciemiński Ł., Bartocha K., 2013 – Roczn. Nauk. Zoot. 40 (1), 33-44. 77. Thompson J.R., Everett T.W., Hammerschmidt N.L., 2000 – J. Dairy Sci. 83, 1856-1864. 78. Thompson J.R., Everett T.W., Wolfe C.W., 2000 – J. Dairy Sci. 83, 2131-2138. 79. Thomsen B., Horn P., Panitz F., Bendixen E., Petersen A.H., Holm L.E., Nielsen V.H., Agerholm J.S., Arnbjerg J., Bendixen C., 2006 – Genome Res. 16, 97-105. 80. Topolski P., Jagusiak W., 2011 – Roczn. Nauk. Zoot. 38 (2), 169-176. 81. Van Raden P. M., 1992 – J. Dairy Sci. 75, 3136-3144. 82. Van Raden P.M., Smith L.A., 1999 – J. Dairy Sci. 82, 2771-2778. 83. Walkowicz E., 2009 – Zesz. Nauk. UP Wrocław, Biol. Hod. Zwierz., 58, 572, 159-170. 84. Weigel K.A., Lin S.W., 2000 – J. Dairy Sci. 83, 822-828. 85. Wiggins G.R., Van Raden P.M., Zuurbier J., 1995 – J. Dairy Sci. 78, 1584-1590. 86. Wooliams J.A., Meuwissen T.H.E., 1993 – Anim. Prod. 56, 179-186. 87. Wray N.R., Goddard M.E., 1994 – Gen. Sel. Evol. 26, 431-451. 88. Young C.W., Seikora A.J., 1996 – J. Dairy Sci. 79, 502-505. 89. Zhang Y., Fan X., Sun D., Wang Y., Yu Y., Xie Y., Zhang S., Zhang Y., Ying Y., 2012 – J. Anim. Sci. Biotech. 24 (3), 1-6. 90. Żuk B., Filistowicz A., 1988 – Zesz. Probl. Post. Nauk Rol. 333, 199-205.