

Wykorzystanie wartości hodowlanej nerek w doskonaleniu cech reprodukcyjnych

Iwona Rucińska, Grażyna Jeżewska, Grzegorz Zięba

Akademia Rolnicza w Lublinie, Katedra Biologicznych Podstaw Produkcji Zwierzęcej,
ul. Akademicka 13, 20-950 Lublin

Celem przeprowadzonych analiz była ocena możliwości wykorzystania szacunków wartości hodowlanej nerek przy wyborze samic do stada reprodukcyjnego. Informacje dotyczące rozrodu nerek pochodziły od 7228 samic stada podstawowego, od których uzyskano 12 455 miotów. Komponenty wariancji i kowariancji liczebności urodzonych miotów oszacowano metodą REML, na podstawie modelu osobniczego, uwzględniając czynniki losowe: addytywny wpływ osobnika, addytywny wpływ matki, wpływ specyficznego środowiska osobnika oraz czynniki stałe: wpływ roku wykotu, wieku matki i sezonu wykotu. Metodą BLUP oceniono wartości hodowlane zwierząt. Oszacowane korelacje rangowe, pomiędzy liczebnością miotu pochodzenia samicy (kryterium selekcyjne) a liczebnością jej miotów, były małe i wynosiły 0,10. Zgodność uszeregowania pomiędzy wartością hodowlaną samic a wartością ich matek wynosiła około 0,7. Zbliżone wartości uzyskano pomiędzy wartością hodowlaną samic a wartością hodowlaną ich ojców (0,76). Stwierdzono wysoką korelację rangową (0,93) pomiędzy wartością genetyczną samic a łączną wartością ich rodziców. Wybór zwierząt do stada podstawowego mógłby opierać się o łączną wartość hodowlaną ich rodziców.

SŁOWA KLUCZOWE: norki / plenność / wartość hodowlana / selekcja

Właściwie prowadzona ocena i selekcja zwierząt jest podstawą uzyskania konsekwentnego postępu hodowlanego. W dążeniu do podniesienia efektywności selekcji w roku 1977 wprowadzono indeks zwierzęcia, który był liczbowym wskaźnikiem obejmującym sumę wartości ocen wybranych cech osobnika [3]. Indeks ten, obok cech pokroju, uwzględniał pochodzenie zwierzęcia oraz liczebność miotu pochodzenia. W indeksach wykorzystywano informacje nie tylko o użytkowości osobnika, ale również jego pełnego rodzeństwa [12]. Obecnie przy selekcji wykorzystuje się wiele źródeł informacji, obejmujących ocenę pokroju młodych zwierząt, wyniki rozrodu i odchovu szczeniąt [1] oraz dane na temat klasy różnicowania sprzedawanych skór. Jednak

w dalszym ciągu wybór zwierząt na rodziców kolejnego pokolenia odbywa się przy założeniu, że uszeregowanie fenotypowe odzwierciedla uszeregowanie genotypowe.

Większość ekonomicznie ważnych cech, w tym cechy związane z reprodukcją, charakteryzują się niską odziedziczalnością [4, 5, 6, 18], stąd doskonalenie zwierząt wyłącznie na podstawie wartości użytkowej może być mało skuteczne.

Celem przeprowadzonych analiz była ocena możliwości wykorzystania wyników wartości hodowlanej nerek przy wyborze samic do stada reprodukcyjnego.

Materiał i metody

Materiał do badań stanowiły dane zawarte w dokumentacji hodowlanej fermy zarodowej nerek odmiany standard. Badaniami objęto 12 pokoleń zwierząt. Informacje dotyczące rozrodu nerek pochodziły od 7228 samic stada podstawowego, od których uzyskano 12 455 miotów, w tym 9577 miotów z żywo urodzonym potomstwem.

Wcześniej przeprowadzone analizy wykazywały wysoką genetyczną korelację pomiędzy liczbą urodzonych i odchowanych norcząt [15], dlatego obecnie szacowanie wartości hodowlanej zwierząt przeprowadzono wyłącznie dla liczby urodzonych norcząt. Rodowód obejmował 13 565 osobników (2751 osobników o nieznanym rodzicach, 669 – znane jedno z rodziców, 10 145 – znani oboje rodzice). Komponenty wariancji i kowariancji oszacowano metodą REML, a wartości hodowlane metodą BLUP na podstawie modelu osobniczego, stosując pakiet programów DMU [11]. Przyjęto następujący model liniowy:

$$y = Xb + Za + Wm + Sp + e$$

gdzie:

y – wektor obserwacji;

b – wektor rozwiązań wpływów czynników stałych, wybranych na podstawie wcześniej prowadzonych analiz: roku wykotu, wieku matki i sezonu wykotu (liczba tygodni od początku roku do wykotu);

a – wektor rozwiązań losowych genetycznych efektów addytywnych osobnika;

m – wektor rozwiązań losowych genetycznych efektów addytywnych matecznych (babki miotu);

p – wektor rozwiązań wpływów specyficznego środowiska osobnika;

e – wektor efektów losowych błędów;

X, Z, W, S – macierze wiążące obserwacje z czynnikami.

Zgodność między ocenami wartości hodowlanej zwierząt określono za pomocą korelacji rangowych Spearmana [16]. Obliczono współczynnik tej korelacji pomiędzy:

- wartością hodowlaną samic a wartością hodowlaną ich matek;
- wartością hodowlaną samic a wartością hodowlaną ojców;
- wartością hodowlaną samic a łączną wartością hodowlaną ich rodziców.

Łączną wartość określono jako sumę wartości hodowlanej matki i ojca.

W pracy określono również korelacje rangowe pomiędzy liczebnością miotu pochodzenia samic, a średnią liczebnością ich miotów, jako wartością użytkową.

Wyniki i dyskusja

Cechy związane z rozrodem należą do nisko odziedziczalnych i wahają się w granicach od 0,05 do 0,20 [8, 9, 13, 17]. Różnice wynikają z gatunku zwierząt i przede wszystkim z metody szacowania parametrów. Przeszacowane wartości h^2 mogą dotyczyć analiz opartych na komponencie maticznym.

Niską wartość współczynnika odziedziczalności cech reprodukcyjnych odnotowano również we wcześniej prowadzonych badaniach [15]. Odziedziczalność liczby urodzonych norcząt wynosiła 0,02, wskazuje to na niewielką zgodność pomiędzy wartością użytkową i hodowlaną zwierząt. Jednocześnie korelacje rangowe pomiędzy wartością fenotypową i hodowlaną nerek były zbliżone do zera [14]. W większości ferm wybór zwierząt do stada podstawowego odbywa się na podstawie liczebności miotu pochodzenia osobnika. Postępowanie takie wydaje się nieuzasadnione, biorąc pod uwagę przytoczone wyniki [14].

Potwierdzają to również rezultaty analiz przeprowadzonych w niniejszej pracy. Oszacowane korelacje rangowe pomiędzy liczebnością miotu pochodzenia samicy (jako kryterium selekcyjne), a liczebnością jej miotów były niskie i wynosiły 0,10 (tab.). Oznacza to, że uszeregowanie zwierząt pod względem liczebności miotu pochodzenia nie odpowiada uszeregowaniu pod względem ich własnej wartości użytkowej. W tym przypadku hodowca popełnia znaczny błąd posługując się tym kryterium selekcyjnym. Doskonalenie zwierząt i uzyskanie postępu hodowlanego jest zdecydowanie utrudnione.

Analiza trendów genetycznych badanej populacji nerek potwierdza niestety te wnioski [14]. Pomimo wahań średniej wartości hodowlanej w pokoleniach, ogólna tendencja linii trendu genetycznego cech reprodukcyjnych wykazywała wyraźny spadek [14]. Na konieczność zmian w metodach prowadzonej selekcji zwracali uwagę również inni autorzy, między innymi Socha [17], Filistowicz i Żuk [2], Filistowicz i wsp. [1].

Wybór właściwych osobników do stada podstawowego jest niemożliwy w sytuacji, kiedy brakuje wyraźnych powiązań pomiędzy wartością użytkową samic a cechami uznawanymi za kryterium selekcyjne. Konieczna jest zmiana systemu prowadzonej pracy hodowlanej na fermach polskich. W sytuacji, kiedy odziedziczalność cech reprodukcyjnych kształtuje się na niskim poziomie, posługiwanie się wartością fenotypową zwierząt, jako kryterium selekcyjnym, nie może przynieść pozytywnych rezultatów w doskonaleniu zwierząt.

Podstawą efektywnego programu hodowlanego powinna być więc wiarygodna kontrola użyteczności zwierząt oraz ocena ich wartości hodowlanej. Szacowanie wartości hodowlanej zwierząt gospodarskich opiera się na zastosowaniu odpowiednich modeli matematycznych. W zależności od tego na ile trafnie model taki tłumaczy rzeczywistość zmienność cechy, zależy jakość oszacowania jej wartości genetycznej [7]. W przeprowadzonych analizach oszacowano wartość hodowlaną zwierząt, wykorzystując BLUP z modelem osobniczym. Szacunki posłużyły do obliczenia korelacji rangowych pomiędzy wartością hodowlaną rodziców i potomstwa (samic) – tabela. Zgodność uszeregowania pomiędzy samicami a ich matkami wynosiła około 0,7. Zbliżone wartości uzys-

Tabela – TableKorelacje rangowe pomiędzy wybranymi wskaźnikami
Rank correlations between chosen coefficients

Wskaźniki – Coefficients	Korelacje rangowe* Rank correlations*
Liczebność miotu pochodzenia i użytkowość własna The origin litter size and their own usefulness	0,102
Wartość hodowlana córek i wartość hodowlana matek The daughters' breeding value and their father' breeding value	0,714
Wartość hodowlana córek i wartość hodowlana ojców The daughters breeding value and their father' breeding value	0,757
Wartość hodowlana córek i łączna wartość hodowlana rodziców The daughters' breeding value and total breeding value of their parents	0,929

*Wszystkie korelacje istotne przy $P \leq 0,0001$ – All correlations significant at $P \leq 0,0001$

kano pomiędzy wartością hodowlaną samic a wartością hodowlaną ich ojców (0,76). Na uwagę zasługuje bardzo wysoka korelacja rangowa pomiędzy wartością genetyczną samic a łączną wartością ich rodziców. Zgodność uszeregowania zwierząt wynosiła w tym przypadku około 0,93.

Uzyskane wyniki świadczą o możliwościach prowadzenia wyboru zwierząt do stada selekcyjnego na podstawie wartości hodowlanej rodziców. Oszacowanie wartości genetycznej pozwalałoby na uszeregowanie rodziców pod względem cech reprodukcyjnych i następnie wybór młodych osobników pochodzących po najlepszych rodzicach. Wysoka zgodność pomiędzy wartością hodowlaną rodziców i ich potomstwa jest szczególnie ważna w przypadku cech reprodukcyjnych nerek. Decyzję o pozostawieniu w stadzie zwierząt jako rodziców kolejnego pokolenia, hodowca musi podjąć w momencie, kiedy brakuje jeszcze informacji o użytkowości własnej tych osobników.

Skuteczność zastosowania takiego systemu selekcji nerek wymaga prowadzenia dalszych badań, a w szczególności wyboru właściwego modelu do szacowania wartości hodowlanej zwierząt. W zależności od tego, na ile trafnie model taki będzie tłumaczył rzeczywistą zmienność cechy, zależy jakość oszacowania jej wartości genetycznej [7]. Z badań prowadzonych w Danii [10] wynika, że właściwie dobrany model hodowlany oraz selekcja zwierząt na podstawie wartości genetycznej umożliwiły zwiększenie liczebności miotów nerek (na samicę krytą) średnio o 0,1 szczenięcia na rok. Był to korzystniejszy wynik w porównaniu do sytuacji, kiedy selekcję w populacji przeprowadzano wyłącznie na podstawie wartości fenotypowej osobników, czyli w tym przypadku liczebności miotów, z których pochodziły szczenięcia.

Reasumując należy stwierdzić, że niezgodność uszeregowania zwierząt na podstawie liczebności miotu pochodzenia (jako kryterium selekcyjnego) i ich własnej użytkowości była bardzo wysoka. Stwierdzono wysokie korelacje rangowe pomiędzy łączną wartością hodowlaną rodziców a wartością genetyczną ich córek pod względem cech reprodukcyjnych. Wybór zwierząt do stada podstawowego, pod względem cech reprodukcyjnych, mógłby opierać się na łącznej wartości hodowlanej ich rodziców.

PIŚMIENNICTWO

1. FILISTOWICZ A., SZWACZKOWSKI T., ŻUK B., PIOTROWSKI P., PRZYSIECKI P., 1999 – Model ciągłej oceny wartości hodowlanej i selekcji w populacji lisa polarnego. *Zeszyty Naukowe Przeglądu Hodowlanego* 42, 35-43.
2. FILISTOWICZ A., ŻUK B., 1995 – Zastosowanie programów hodowlanych w doskonaleniu zwierząt futerkowych w Polsce. *Zeszyty Naukowe Przeglądu Hodowlanego* 21, 55-67.
3. Instrukcja w sprawie szczegółowych zasad prowadzenia dokumentacji hodowlano-fermowej zwierząt futerkowych. Ministerstwo Rolnictwa, Departament Produkcji Zwierzęcej. Warszawa, 1977.
4. JEŻEWSKA G., ROZEMPOLSKA-RUCIŃSKA I., ZIĘBA G., NOWAK M., 2003 – Genetyczne uwarunkowania wybranych cech rozrodu szynszyli. *Zeszyty Naukowe Przeglądu Hodowlanego* 68(6), 35-41.
5. JEŻEWSKA G., TARKOWSKI J., NIEZGODA G., JAKUBCZAK A., 1996 – Phenotypic and genetic variability of some reproductive features in blue fox (*Alopex lagopus*). *Animal Production Review Applied Science Reports* 27, 199-204.
6. KENTTAMIES H., 1996 – Genetic and environmental factors affecting fertility traits in foxes. *Animal Production Review Applied Science Reports* 27, 63-66.
7. KULISIEWICZ Z., 1998 – BLUP – teoria, historia, zastosowanie. *Prace i Materiały Zootechniczne* 53, 7-20.
8. LAGERKVIST G., JOHANSSON K., LUNDEHEIM N., 1994 – Selection for Litter Size, Body Weight, and Pelt Quality in Mink (*Mustela vison*): Correlated Responses. *Journal of Animal Science* 72, 1126-1137.
9. LAGERKVIST G., 1992 – Selection for fertility, body size and pelt quality in mink and effects of crossing. *Norwegian Journal of Agricultural Science* 9, 39-48.
10. LOHI O., 1993 – Reproduction results – Reproduction problems and Future Challenges for Research with Fur Animals. *Zeszyty Naukowe Przeglądu Hodowlanego* 12, 19-25.
11. MADSEN P., JENSEN J., 2000 – DMU. A package for the analyzing multivariate mixed models. Version 6, release 4.
12. NARUCKA I., ŻUK B., GEDYMIN J., 1980 – Opracowanie modelu zbierania danych o użyteczności i ich wykorzystanie do pracy hodowlanej w populacji lisa polarnego. *Poznańskie Towarzystwo Przyjaciół Nauk, Wydział Nauk Rolniczych i Leśnych, Poznań XLIX*, 203-212.
13. PRZYSIECKI P., WIERZBICKI H., FILISTOWICZ A., 2000 – Genetic determination of reproduction traits in silver fox (*Vulpes vulpes*). *Animal Science Papers and Reports* 18, 3, 209-216.
14. ROZEMPOLSKA-RUCIŃSKA I., JEŻEWSKA G., ZIĘBA G., 2004 – „Evaluation of breeding activities of a mink farm”. *Electronic Journal of Polish Agricultural Universities, Animal Husbandry*, Volume 7, Issue 2.
15. ROZEMPOLSKA-RUCIŃSKA I., 2004 – „Genetic background of performance and functional traits in mink”. *Electronic Journal of Polish Agricultural Universities, Animal Husbandry*, Volume 7, Issue 2.
16. SAS Institute, 2000 – SAS® User's Guide. SAS Institute Inc., Cary.
17. SOCHA S., 1995 – Wyniki pracy hodowlanej nad lisami polarnymi na przykładzie fermi reprodukcyjnej. *Zeszyty Naukowe Przeglądu Hodowlanego* 21, 27-53.
18. SOCHA S., 1996 – Ocena skuteczności pracy hodowlanej na fermie lisów polarnych niebieskich *Alopex lagopus* L. Rozprawa Naukowa nr 43. Wyższa Szkoła Rolniczo-Pedagogiczna w Siedlcach.

Utilization of the breeding value in the improvement of reproductive traits in the mink

S u m m a r y

Evaluation of possibility of utilizing the estimates of minks' breeding value, during the females' choice to the reproduction herd was the aim of the conducted analyses. Reproduction evaluation was carried on 12 455 litters, born by 7228 herd females. Variance as well as co-variance components of litter size were by evaluated REML method, basing on the individual model, with respect to random effects: additive effect of animal, additive effect of animal's mother, effect of specific environment of animal, as well as permanent effects: effect of year of whelping, effect of mother's age and effect of whelping season. Breeding values of animals were estimated by the BLUP method. Estimated rank correlations between the female-origin litter size (the selection criterion), and their litter sizes were small and amounted to 0.10. Convergence of rank between the females' breeding value and their mothers' value amounted to about 0.7. Similar values between the breeding values of females and their fathers (0.76), were obtained. The high rank correlation (0.93) between females' genetic value and total value their parents was affirmed. Animals' choice to basic herd could be based on total breeding value of their parents.