

Problemy hodowlane populacji o małej liczebności na przykładzie owcy rasy olkuskiej

Elżbieta Martyniuk

*Szkoła Główna Gospodarstwa wiejskiego, Katedra Genetyki i Ogólnej Hodowli Zwierząt,
ul. Ciszewskiego 8, 02-786 Warszawa, e-mail: elzbieta_martyniuk@sggw.pl*

Wstęp

Populacje ras rodzimych, które charakteryzuje często mała liczebność, są szczególnie narażone na potencjalne negatywne skutki inbrodu. Stąd też jest niezmiernie ważne, żeby hodowcy, a szczególnie hodowcy prywatni, których stada uczestniczą w Programach ochrony zasobów genetycznych, mieli wystarczającą wiedzę na ten temat.

Aczkolwiek takie terminy, jak pokrewieństwo czy inbred są powszechnie stosowane w języku potocznym, ich definicje mogą wymagać przypomnienia. I tak, przez pokrewieństwo rozumiemy związek genetyczny między osobnikami wynikający z posiadania identycznych genów. Identyczne geny u dwóch osobników mogą pochodzić od wspólnego przodka, w takim przypadku mówimy o krewnych w linii bocznej, bądź mogą być przekazywane osobnikowi bliżej znajdującemu się w rodowodzie przez osobnika, który jest jego przodkiem, co określamy terminem krewni w linii prostej.

Miarą pokrewieństwa dwóch osobników X i Y jest współczynnik spokrewnienia, określający prawdopodobieństwo, że dany gen z pojedynczej pary alleli osobnika X jest identyczny z jednym genem analogicznej pary alleli osobnika Y.

Warto dodać, że w przypadku spokrewnienia w linii prostej mamy pewność, że spokrewnione osobniki posiadają identyczny materiał genetyczny, bo jest on przekazywany poprzez gamety bezpośrednio, w następujących po sobie pokoleniach (np. dziadkowie – rodzice – wnuki). W przypadku spokrewnienia w linii bocznej współczynnik spokrewnienia obrazuje

prawdopodobieństwo, a nie pewność, bowiem między osobnikami spokrewnionymi w linii bocznej nie zachodzi bezpośrednio przekazywanie materiału genetycznego. Stąd też np., identyczne geny u rodzeństwa pochodzą od jednego lub drugiego z rodziców.

Aczkolwiek przeciętne spokrewnienie między pełnym rodzeństwem wynosi 50%, to w przypadku pojedynczej polimorficznej pary alleli dwoje potomków tej samej pary rodziców może być spokrewnionych w 100% (posiadać w danym locus dwa takie same allele) lub w 0% (w danym locus posiadać odmienny genotyp). Fakt ten tłumaczy różnice w fenotypach cech jakościowych uwarunkowanych przez allele, wielokrotnie obserwowane u potomstwa pochodzącego od tych samych rodziców (np. kolor oczu czy włosów u dzieci tych samych rodziców).

W stadzie, gdzie występują osobniki spokrewnione, czasem nie do uniknięcia jest prowadzenie **chovu krewniaczego** (wsobnego), który polega na kojarzeniu ze sobą osobników spokrewnionych, co prowadzi do wzrostu homozygotyczności potomstwa. Potomek z takiego kojarzenia jest zimbredowany, czyli w części genotypu posiada geny pochodzące od wspólnego przodka przekazane przez oboje rodziców.

Miarą nasilenia poziomu homozygotyczności jest współczynnik inbrodu, który określa prawdopodobieństwo, że obydwie allele w danym locus są identyczne dzięki pochodzeniu. Współczynnik inbrodu określa udział w genotypie danego osobnika loci homozygotycznych, czyli zawierających geny identyczne przez pochodzenie.

Szacowanie inbrodu, zgodnie z metody-

ką zaproponowana przez Wrighta (1922), opiera się na wykorzystaniu następującego wzoru:

$$F_X = \frac{1}{2} \sum \left[\left(\frac{1}{2} \right)^n \cdot (1 + F_A) \right]$$

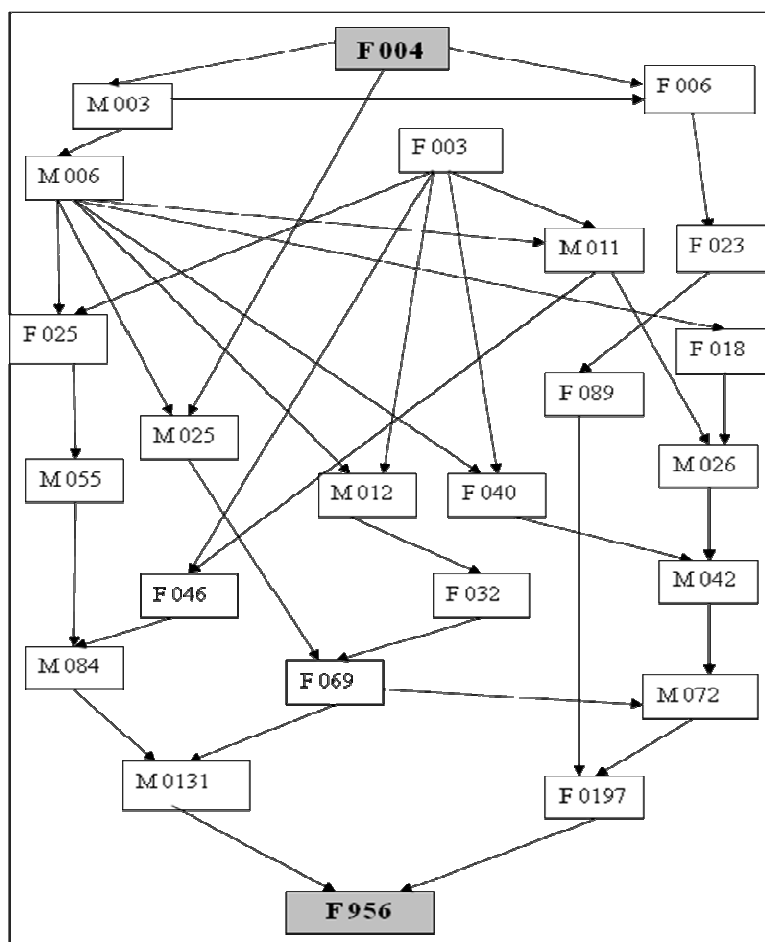
gdzie:

F_X – współczynnik inbrodu danego osobnika;
 n – liczba ścieżek (pokoleń) łączących rodziców osobnika X poprzez wspólnego przodka F_A ;
 F_A – współczynnik inbrodu wspólnego przodka;
 Σ – oznacza sumowanie po wszystkich ścieżkach łączących rodziców osobnika X poprzez wszystkich wspólnych przodków;
 $\frac{1}{2}$ – obrazuje przekazywanie połowy materiału genetycznego, w kolejnych pokoleniach, od rodzica do potomka.

Ten sposób prowadzenia obliczeń wymaga znalezienia wszystkich ścieżek łączących matkę i ojca osobnika X przez wszystkich wspólnych przodków, wykluczając ścieżki, gdzie jakkolwiek element jest równocześnie identyczny na ścieżkach od strony ojca i matki.

Jeśli jakkolwiek wspólny przodek rodziców X jest zimbredowany, to zwiększa to prawdopodobieństwo przekazywania jednakowych genów jego potomstwu, a tym samym zwiększa inbred osobnika X.

Na przykład, jeśli osobnik X jest potomkiem rodziców, będących półrodzeństwem (np. tryk i maciorka miały tego samego ojca), to jego inbred F_X wynosi 0,125. Gdyby dziadek tego osobnika X był sam zimbredowany i F_A wynosiłby np. 0,25 (był potomkiem pełnego rodzeństwa), to w takim wypadku inbred jego wnuczka – F_X wzrósłby do 0,156.



Rys. 1. Rodowód strukturalny maciorzki olkuskiej (M – tryki, F – maciorzki) (Martyniuk, 2009)
 Fig. 1. Structural pedigree of Olkuska ewe (M – rams, F – ewes) (Martyniuk, 2009)

Rysunek 1 przedstawia rodowód strukturalny maciorki olkuskiej o numerze 755-001-956, rocznik 1989, która została zakupiona podczas tworzenia stada w RZD Żelazna (Martyński, 2009). W rodowodzie występuje kilku wspólnych przodków rodziców tej maciorki, czyli tryka 0131 i matki 0197. Ich pierwszym wspólnym przodkiem była Greta, wysokoplenna maciorka o numerze 004, która bardzo często występuje w rodowodach najplenniejszych matek olkuskich użytkowanych obecnie w populacji.

Jak widać na przykładzie tego dość prostego rodowodu, wyszukanie ścieżek może być czasochłonne i skomplikowane; np. jeden ze wspólnych przodków, tryk 006, miał sześciu potomków, co powoduje wiele możliwości, jak jego geny mogły być przekazywane do rodziców maciorki 755-001-956 i tym samym wpływać na jej inbred.

Jest też niezmiernie ważne, aby szacowanie inbredu było oparte o pełny rodowód zwierzęcia, a nie tylko z uwzględnieniem pierwszych czterech pokoleń przodków, które zwykle umieszczane są w rodowodzie. Przy ograniczeniu liczby pokoleń można pominąć wspólnych przodków, którzy są w dalszych pokoleniach, a tym samym zaniżyć wartość oszacowanego współczynnika inbredu. Na przykład, podczas oceny poziomu zimbredowania kłusaków norweskich, jeśli analiza oparta była o 5 pokoleń przodków, średni inbred wynosił 3,5%, natomiast przy uwzględnieniu pełnych rodowodów wartość ta wzrosła do 5,5% (Klemetsdal, 1998). Wykorzystanie pełnych i skomplikowanych rodowodów wymaga stosowania programów komputerowych.

Jest wiele programów służących do oceny spokrewnienia i inbredu w populacjach zwierząt. Niektóre z nich oparte są o metodę ścieżkową Wrighta, inne o tzw. współczynnik wspólnego pochodzenia (*coancestry*), zaproponowany przez Falconera (1974). Obecnie ten współczynnik określany jest mianem *kinship*. Współczynnik *kinship* informuje, w jakim stopniu osobniki X i Y są do siebie podobne genetycznie, czyli jakie jest prawdopodobieństwo, że gamety osobników X i Y będą zawierały identyczne allele dzięki pochodzeniu od wspólnych przodków. Tym samym, współczynnik *kinship* określa inbred hipotetycznego potomka osobników X i Y. Współczynnik ten oblicza się dla każdej pary

osobników. *Kinship* dla dwóch osobników X i Y szacuje się jako połowę współczynników *kinship* między osobnikiem X oraz ojcem (S) i matką (D) osobnika Y, co przedstawia następujący wzór:

$$\Phi_{XY} = 0,5 (\phi_{XS} + \phi_{XD})$$

Przy zastosowaniu tej metody współczynnik inbredu danego osobnika szacowany jest jako współczynnik *kinship* jego rodziców. Metoda ta wymaga śledzenia rodowodów od początku istnienia populacji (np. od założycieli populacji) aż do osobników współcześnie w niej występujących. Okazała się ona bardzo przydatna do opracowania programów komputerowych do szacowania współczynników spokrewnienia i inbredu. Najczęściej stosowanym rozwiązaniem jest metoda tabelaryczna Quassa-Hendersona, w której rodowody przedstawiane są w formie wierszy, zawierających dane o osobniku, jego płci, roku urodzenia i numerach rodziców. Wiersze uporządkowane są chronologicznie, czyli dane o rodzicach są wcześniej niż dane o potomkach.

Wiele programów komputerowych wykorzystuje metodę tabelaryczną Quassa-Hendersona, jak np. program SPIN (Olech i Michalska, 1990; Olech, 2003), stosowany w stadzie RZD Żelazna od początku jego powstania. Jest to prosty w użytkowaniu i bardzo przydatny program, ale ma ograniczenia związane z liczbą zwierząt w bazie rodowodowej. Obecnie dostępnych jest wiele innych programów, np. EVA czy ENDOG, które potencjalnie mogą być zastosowane w szacowaniu różnych parametrów określających strukturę genetyczną danej populacji, w tym oczywiście spokrewnienie poszczególnych osobników i ich inbred.

Skutki inbredu

Wzrost poziomu zimbredowania i występująca w jego konsekwencji depresja inbredowa są obserwowane zarówno w małych, zamkniętych populacjach, jak i w populacjach o dużej liczebności, gdzie intensywna selekcja i sztuczna inseminacja powodują użytkowanie niewielkiej

liczby samców. Dodatkowym problemem przy nadmiernym inbredzie jest ujawnienie się wad letalnych. Szczegółowy przegląd prac dotyczących zakresu i wielkości depresji inbredowej u owiec przedstawiono we wcześniejszej pracy, opublikowanej w Wiadomościach Zootechnicznych (Martyniuk, 2007).

U ras owiec, u których plenność uwarunkowana jest addytywnie, inbred wpływa na wielkość miotu oraz jego składowe, szczególnie na owulację maciorek, poziom zapłodnienia i przeżywalność zarodków (Ercanbrack i Knight, 1991; Wiener i in., 1992 c, Norberg i Sørensen, 2007).

Doświadczenia Wienera i in. (1992 abc) pozwoliły na wszechstronną analizę tego problemu. Wpływ inbrodu szacowany był w czterech liniach (I_1 , I_2 , I_3 , i I_4), pochodzących z systematycznych kojarzeń krewniaczych. Średni poziom inbrodu wynosił w nich odpowiednio: 0,25, 0,38, 0,50 i 0,59. Wielkość miotu z 1,73 jagniąt urodzonych w populacji outbredowej obniżyła się od 1,37 w linii I_1 do 1,24 w linii I_4 (Wiener i in., 1992 a). Inbred wpływał także istotnie na składowe wielkości miotu, np. przebieg procesu zapłodnienia. W pierwszej rui pokryto skutecznie 71% maciorek z populacji niekrewniaczej i tylko 41% z linii I_4 , o najwyższym poziomie inbrodu; analiza regresji wykazała spadek zapłodnienia w pierwszej rui o 0,42%, przy wzroście inbrodu maciorek o 1%.

Zupełnie inaczej wygląda sytuacja u tych ras owiec, u których plenność uwarunkowana jest działaniem pojedynczego genu, który skokowo zwiększa liczbę owulujących komórek jajowych, a tym samym wielkość urodzonego miotu. Potwierdziły to badania Rzewuskiej i in. (2005) na merynosach rasy Booroola, gdzie przy

średnim inbredzie stada, wynoszącym 9,8%, nie stwierdzono negatywnego wpływu inbrodu na cechy reprodukcyjne: płodność, wielkość miotu, częstość występowania martwych urodzeń oraz wynik odchowu jagniąt. Poziom owulacji także nie był zależny od zimbredowania matek.

Takie same wyniki uzyskano w badaniach prowadzonych na owcach olkuskich w RZD Żelazna, obejmujących wszystkie maciorki utrzymywane w stadzie w latach 1992–2006. Analizy statystyczne, z zastosowaniem procedury GLM pakietu SAS (SAS, 2002–2003), wykazały, że wysoko istotny wpływ na liczbę owulujących komórek jajowych miały takie czynniki, jak: klasyfikacja pod względem genu o dużym efekcie, typ urodzenia, rok urodzenia, rok obserwacji i masa ciała maciorek. Jedynym czynnikiem, którego wpływ okazał się nieistotny, był inbred maciorki (Martyniuk, 2009). Najwyraźniej efekt pojedynczego genu jest tak duży, że pozwala na jego ekspresję i niweluje potencjalne działanie depresji wynikającej z wysokiej homozygotyczności.

Niemniej jednak, depresja inbredowa może mieć negatywny wpływ na inne cechy bardzo ważne z punktu widzenia hodowców, jak obniżenie żywotności, zdrowia, masy ciała i tempa wzrostu. Depresję inbredową, dotyczącą masy ciała i tempa wzrostu, stwierdzono u wielu ras. W sześciu liniach merynosa hiszpańskiego 10% wzrost inbrodu powodował spadek masy ciała przy urodzeniu o 0,10 kg (Analla i in., 1998). W stadzie owiec rasy Booroola, przy inbredzie powyżej 0,20, masa ciała jagniąt przy urodzeniu była niższa o 0,6 kg od średniej stada; w wieku 4 tygodni ta różnica wynosiła 1,3 kg, a w wieku 8 tygodni już 2,01 kg (Rzewuska i in., 2005).

Tabela 1. Inbred w stadzie owiec olkuskich w RZD Żelazna w 2010 r.
Table 1. Inbreeding in the flock of Olkuska Sheep at the Agricultural Experimental Station Żelazna in 2010

Osobnik <i>Animal</i>	Rocznik <i>Year of birth</i>	Płeć <i>Sex</i>	Inbred <i>Inbreeding</i>	Osobnik <i>Animal</i>	Rocznik <i>Year of birth</i>	Płeć <i>Sex</i>	Inbred <i>Inbreeding</i>
100002085316	2005	M	0,0275	100007619745	2008	F	0,0304
100000612071	2006	M	0,1716	100007619769	2008	F	0,0387
100005766649	2007	M	0,0708	100007619776	2008	F	0,0625
100007619639	2008	M	0,0708	100007619783	2008	F	0,0807
100007619646	2008	M	0,0581	100007619790	2008	F	0,0705

100013176249	2009	M	0,1050
100013176140	2009	M	0,0594
100013176157	2009	M	0,1050
100013176201	2009	M	0,0876
755-001-4406	2004	F	0,0259
755-001-4419	2004	F	0,0275
100002085460	2005	F	0,0275
100002085477	2005	F	0,0275
100002085507	2005	F	0,0291
100005765369	2006	F	0,0592
100005765413	2006	F	0,0475
100005765284	2006	F	0,0384
100005765291	2006	F	0,0384
100005766960	2007	F	0,0469
100005766977	2007	F	0,0469
100005766984	2007	F	0,1075
100005766946	2007	F	0,1043
100005767011	2007	F	0,0621
100005767035	2007	F	0,0394
100005767042	2007	F	0,0625
100005767059	2007	F	0,0055
100005767141	2007	F	0,0640
100005767158	2007	F	0,0640
100007619837	2008	F	0,0708
100007619844	2008	F	0,0581
100007619851	2008	F	0,0581
100007619868	2008	F	0,0581
100007619882	2008	F	0,0625
100007619899	2008	F	0,0625
100007619912	2008	F	0,0815
100007619950	2008	F	0,0625
100013176331	2009	F	0,0387
100013176348	2009	F	0,0387
100013176355	2009	F	0,0594
100013176386	2009	F	0,0860
100013176393	2009	F	0,0860
100013176409	2009	F	0,0358
100013176416	2009	F	0,1050
100013176430	2009	F	0,0972
100013176485	2009	F	0,0876
100013176492	2009	F	0,0386
100013176508	2009	F	0,0386
100013176515	2009	F	0,1050
100013176539	2009	F	0,1050
100013176546	2009	F	0,1050
100013176553	2009	F	0,0886
100013176560	2009	F	0,1000

Inbred w stadzie owiec olkuskich w RZD Żelazna

W tabeli 1 zestawione są wartości współczynnika inbredu dla tryków (M) i macierek (F) olkuskich utrzymywanych w stadzie owiec w Żelaznej w 2010 r. Inbred tryków pochodzących z własnej hodowli wynosił od 2,7% do 10,5% w przypadku dwóch najmłodszych tryków z rocznika 2009. Najwyższy inbred miał tryk z zakupu, ze stada p. Korczyńskiego, urodzony w 2006 r. Wśród macierek wysoki inbred, powyżej 10%, obserwowano u 7 osobników – dwóch z rocznika 2007 i 5 urodzonych w 2009 roku.

Wyniki przedstawione w tabeli 2 wskazują, że mimo wieloletnich starań o ograniczanie tempa przyrostu inbredu w stadzie, on nadal rośnie, osiągając przeciętnie blisko 7,9% w roczniku jagniąt urodzonych w 2009 r.

Tabela 3 wskazuje, że spokrewnienie matek z trykami w stadzie RZD Żelazna jest już bardzo wysokie. We wszystkich przypadkach spokrewnienie macierek z trykami w relacji matka – syn, ojciec – córka oraz brat – siostra przekracza oczekiwane 50%, co oznacza, że poza zasadniczym pokrewieństwem wynikającym z posiadania wspólnych rodziców czy relacji rodzic – potomek osobniki te posiadają dodatkowych wspólnych przodków, dzięki którym ich spokrewnienie ma wyższą wartość. Ale co jest najbardziej niepokojące, to rosnący udział w stadzie par maciora – tryk, dla których spokrewnienie jest bliskie bądź przekracza 40%.

Oznacza to, że inbred potencjalnego potomstwa będzie wynosił około 20%. Zgodnie z rekomendacjami FAO (1998), w hodowli zwierząt tempo wzrostu inbredu powinno być utrzymywane na poziomie od 0,5 do 1,0% na pokolenie.

Tabela 2. Średni poziom inbredu w kolejnych rocznikach owiec olkuskich utrzymywanych w stadzie w RZD Żelazna w 2010 r.

Table 2. Mean level of inbreeding in successive year-birth groups of Olkuska sheep kept in the flock at the Agricultural Experimental Station Żelazna in 2010

Rocznik Year of birth	Liczebność Number	Średnia Mean	Błąd standardowy Standard error
2004	2	0,0267	0,0008
2005	4	0,0279	0,0004
2006	5	0,0710	0,0254
2007	11	0,0613	0,0086
2008	15	0,0617	0,0035
2009	20	0,0786	0,0061

Tabela 3. Spokrewnienie matek z trykami w stadzie RZD Żelazna, stanówka w 2010 r.

Table 3. Relatedness between ewes and rams in the flock at the Agricultural Experimental Station Żelazna, mated in 2010

Numer matki Ewe no.	Rok Year	1000020- 85316	1000006- 12071	1000057- 66649	1000076- 19639	1000076- 19646	1000131- 76249	1000131- 76140	1000131- 76157	1000131- 76201	
		2005	2006	2007	2007	2008	2009	2009	2009	2009	
755-001-4406	2004	0,1773	0,1209	0,2084	0,2084	0,2084	0,1881	0,1243	0,1881	0,1775	
755-001-4419		0,5230	0,2417	0,2002	0,2002	0,2068	0,2945	0,2119	0,5807	0,2276	
100002085460	2005	0,4064	0,2963	0,2002	0,2002	0,2642	0,5807	0,2263	0,2945	0,2559	
100002085477		0,4064	0,2963	0,2002	0,2002	0,2642	0,3507	0,2263	0,2945	0,2559	
100002085507	2006	0,3015	0,2023	0,1744	0,1744	0,1748	0,2312	0,5497	0,2312	0,1988	
100005765369		0,1793	0,1420	0,1500	0,1500	0,3588	0,1741	0,1239	0,1603	0,2583	
100005765413		0,2053	0,1432	0,1641	0,1641	0,2020	0,1797	0,1394	0,1797	0,1857	
100005765284		0,2393	0,2041	0,1518	0,1518	0,1922	0,2181	0,2566	0,1901	0,1816	
100005765291		0,2393	0,2041	0,1518	0,1518	0,1922	0,2181	0,2566	0,1901	0,1816	
100005766960		2007	0,1698	0,1318	0,3485	0,3485	0,2154	0,2534	0,1198	0,2534	0,2651
100005766977			0,1698	0,1318	0,3485	0,3485	0,2154	0,2534	0,1198	0,2534	0,2651
100005766984			0,5823	0,1898	0,2108	0,2108	0,2281	0,2467	0,1731	0,2738	0,2160
100005766946	0,2969		0,2164	0,2111	0,2111	0,2561	0,2742	0,1803	0,2471	0,2300	
100005767011	0,1757		0,1697	0,3544	0,3544	0,1808	0,2591	0,1193	0,2591	0,2511	
100005767035	0,2402		0,1893	0,1631	0,1631	0,2300	0,2240	0,1513	0,1961	0,2056	
100005767042	0,2596		0,1966	0,1642	0,1642	0,3993	0,2337	0,1630	0,2060	0,5757	
100005767059	0,2109		0,1551	0,1413	0,1413	0,1914	0,1996	0,1466	0,1712	0,1750	
100005767141	2008	0,2609	0,2001	0,2687	0,2687	0,2149	0,2857	0,1546	0,2580	0,2518	
100005767158		0,2609	0,2001	0,2687	0,2687	0,2149	0,2857	0,1546	0,2580	0,2518	
100007619745		0,1395	0,1448	0,1264	0,1264	0,1530	0,1365	0,3196	0,1295	0,1329	
100007619769		0,1671	0,1582	0,1208	0,1208	0,1467	0,1470	0,3366	0,1400	0,1378	
100007619776		0,2596	0,1966	0,1642	0,1642	0,3993	0,3467	0,1630	0,2060	0,2923	
100007619783		0,2356	0,1696	0,3547	0,3547	0,2054	0,3019	0,1488	0,2882	0,2709	
100007619790		0,2313	0,5860	0,1497	0,1497	0,1658	0,1990	0,1573	0,1852	0,1692	

Problemy hodowlane populacji o małej liczebności

100007619837		0,2002	0,1487	0,5609	0,5609	0,1911	0,3726	0,1240	0,3726	0,3595
100007619844		0,2068	0,1757	0,1911	0,1911	0,5429	0,2214	0,1309	0,1937	0,2921
100007619851		0,2068	0,1757	0,1911	0,1911	0,5429	0,2214	0,1309	0,1937	0,2921
100007619868		0,2068	0,1757	0,1911	0,1911	0,5429	0,2214	0,1309	0,1937	0,2921
100007619882		0,2596	0,1966	0,1642	0,1642	0,3993	0,2337	0,1630	0,2060	0,3493
100007619899		0,2596	0,1966	0,1642	0,1642	0,3993	0,2337	0,1630	0,2060	0,3493
100007619912		0,1918	0,1534	0,1988	0,1988	0,2141	0,2040	0,1219	0,1903	0,1999
100007619950		0,3170	0,1698	0,1642	0,1642	0,3710	0,2060	0,1560	0,3467	0,2784
100013176331	2009	0,1671	0,1582	0,1208	0,1208	0,1467	0,1470	0,3366	0,1400	0,1378
100013176348		0,1671	0,1582	0,1208	0,1208	0,1467	0,1470	0,3366	0,1400	0,1378
100013176355		0,2119	0,1852	0,1240	0,1240	0,1309	0,1701	0,5349	0,1632	0,1421
100013176386		0,2169	0,1664	0,5763	0,3583	0,2074	0,4019	0,1355	0,3882	0,3872
100013176393		0,2169	0,1664	0,5763	0,3583	0,2074	0,4019	0,1355	0,3882	0,3872
100013176409		0,1494	0,1527	0,2136	0,2136	0,1536	0,1842	0,3272	0,1772	0,1778
100013176416		0,3507	0,1897	0,5887	0,3726	0,1937	0,4318	0,1632	0,5697	0,3939
100013176430		0,2653	0,6024	0,1677	0,1677	0,1805	0,2240	0,1914	0,2104	0,1845
100013176485		0,2276	0,1709	0,5773	0,3595	0,2921	0,4076	0,1421	0,3939	0,5709
100013176492		0,1545	0,1580	0,1141	0,1141	0,2264	0,1447	0,3292	0,1307	0,1749
100013176508		0,1545	0,1580	0,1141	0,1141	0,2264	0,1447	0,3292	0,1307	0,1749
100013176515		0,2945	0,2160	0,5887	0,3726	0,2214	0,4588	0,1701	0,4318	0,4634
100013176539		0,2945	0,2160	0,5887	0,3726	0,2214	0,5697	0,1701	0,4318	0,4076
100013176546		0,2945	0,2160	0,5887	0,3726	0,2214	0,5697	0,1701	0,4318	0,4076
100013176553		0,5695	0,1843	0,3719	0,3719	0,1723	0,3186	0,1509	0,3459	0,2832
100013176560		0,2542	0,1687	0,1564	0,1564	0,1931	0,2131	0,1732	0,1995	0,1913

Tabela 4. Współczynnik inbredu maciorek w stadzie p. Rybki w 2010 r.
 Table 4. Coefficient of ewe inbreeding in the flock of Mr. Rybka in 2010

Maciorki Ewes	Rocznik Year of birth	Inbred Inbreeding	Maciorki Ewes	Rocznik Year of birth	Inbred Inbreeding
100000149904	2005	0,0000	100005142603	2009	0,0384
100000149850		0,0619	100011150647		0,0942
100009175577	2006	0,0840	100011150654		0,0942
100009175584		0,0840	100011150661		0,0942
100005142412	2007	0,0000	100011150708		0,0390
100009175744		0,0000	100011150777		0,0471
100005142375		0,0000	100011150555		0,0000
100005142627	2008	0,0942	100011150906		0,0000
100005142658		0,0942	100011150753		0,0000
100005142566		0,0384	100005142481		0,0664
100005142696		0,0780			
100005142528		0,0590			
100005142511		0,0590			
100005142726		0,0884			

Analizując sytuację w niektórych stadach prywatnych, z pozoru wydaje się, że jest ona dużo lepsza, poziom inbredu jest niższy, a nawet występują osobniki niezinbredowane. Przykładem może być zestawienie zinbredowania maciorek w stadzie należącym do p. Rybki (tab. 4). Ale są to tylko pozory. Nie jest możliwe, aby w stadzie, które powstało z materiału hodowlanego z zakupu, z kilku stad owiec wywodzących się od niewielkiej grupy zwierząt, które w latach 80. XX w. stanowiły populację pełnej owcy olkuskiej, występowały obecnie osobniki zupełnie niezinbredowane. Powodem takich wyników obliczeń, jakie przedstawia tabela 4, jest brak pełnych danych rodowodowych

o trykach, które były zakupione do tego stada od innych hodowców z terenu. Np., niezinbredowane maciorki urodzone w 2009 r. pochodziły po ojcu 100007733069, zakupionym z terenu. Dokumentacja hodowlana kupowanych tryków obejmowała wymagane minimum pokoleń. Niemniej jednak, ich rodowody nie były wystarczająco głębokie, aby było możliwe uwzględnienie w obliczeniach wspólnych przodków tych tryków i maciorek, które występują w odległych pokoleniach. Tym samym, maciorki i tryki, które nie miały żadnych wspólnych przodków w ostatnich paru pokoleniach, dawały potomstwo, którego oszacowany inbred wynosił zero. Ale to nie oznacza, że było tak w rzeczywistości.

Tabela 5. Spokrewnienie matek olkuskich w stadzie należącym do p. Rybki z trykami z RZD Żelazna w 2010 r.

Table 5. Relatedness between Olkuska ewes from the flock of Mr. Rybka and rams from the Agricultural Experimental Station Żelazna in 2010

Numer Matki Ewe no.	Rok Year	1000054- 22897	1000020- 85316	1000057- 66649	1000076 -19646	1000131- 76140	1000131- 76157	1000131 - 76201	1000131 -76249
		2007	2005	2007	2008	2009	2009	2009	2009
100000149904	2005	0,0935	0,1581	0,1187	0,1130	0,1304	0,1347	0,1151	0,1347
100000149850		0,1811	0,2155	0,1800	0,1699	0,1916	0,1925	0,1710	0,1925
100009175577	2006	0,3131	0,2774	0,1773	0,2096	0,2970	0,2210	0,2015	0,2484
100009175584		0,3131	0,2774	0,1773	0,2096	0,2970	0,2210	0,2015	0,2484
100005142412	2007	0,1630	0,1444	0,0923	0,1091	0,1546	0,1151	0,1049	0,1293
100009175744		0,0467	0,0790	0,0594	0,0565	0,0652	0,0673	0,0576	0,0673
100005142375		0,1077	0,0828	0,0832	0,0843	0,0963	0,0809	0,0801	0,0809
100005142627	2008	0,2269	0,2280	0,1588	0,2017	0,2262	0,1881	0,1858	0,2085
100005142658		0,2269	0,2280	0,1588	0,2017	0,2262	0,1881	0,1858	0,2085
100005142566		0,1189	0,1699	0,1307	0,1554	0,1444	0,1462	0,1443	0,1532
100005142696		0,1754	0,1704	0,1512	0,1793	0,1717	0,1566	0,1633	0,1634
100005142528		0,1674	0,1483	0,1328	0,1614	0,1606	0,1369	0,1462	0,1438
100005142511		0,1674	0,1483	0,1328	0,1614	0,1606	0,1369	0,1462	0,1438
100005142726		0,2206	0,2421	0,1638	0,2037	0,2279	0,1974	0,1902	0,2178
100005142603		0,1189	0,1699	0,1307	0,1554	0,1444	0,1462	0,1443	0,1532
100011150647	2009	0,2269	0,2280	0,1588	0,2017	0,2262	0,1881	0,1858	0,2085
100011150654		0,2269	0,2280	0,1588	0,2017	0,2262	0,1881	0,1858	0,2085
100011150661		0,2269	0,2280	0,1588	0,2017	0,2262	0,1881	0,1858	0,2085
100011150708		0,1258	0,1329	0,1132	0,1412	0,1276	0,1198	0,1271	0,1268
100011150777		0,1523	0,1625	0,1172	0,1528	0,1556	0,1360	0,1387	0,1500

100011150555	0,1187	0,1192	0,0830	0,1055	0,1183	0,0984	0,0972	0,1090
100011150906	0,0606	0,0866	0,0666	0,0792	0,0736	0,0745	0,0735	0,0781
100011150753	0,0861	0,0763	0,0683	0,0830	0,0827	0,0704	0,0752	0,0740
100005142481	0,1624	0,1986	0,1613	0,1833	0,1750	0,1751	0,1720	0,1820

Tabela 6. Informacje o trykach przeznaczonych do sprzedaży ze stada RZD Żelazna
Table 6. Data on rams intended for sale from the flock at the Agricultural Experimental Station Żelazna

Tryk Ram	Rok urodz Year of birth	Typ urodz Birth type	Inbred Inbreeding	Matka Ewe	Genotyp matki Ewe geno- type	Ojciec Sire	Genotyp babki Granddam genotype
100002085316	2005	1	0,0275	755-001-0417	OO	755-001-9408	O+
100000612071	2006	3	0,1716	358-001-4012	14/4	100000243794	0091 46/10
100005766649	2007	3	0,0708	755-001-2414	OO	100002085309	O+
100007619639	2008	2	0,0708	755-001-2414	OO	100002085309	O+
100007619646	2008	5	0,0581	755-001-4405	OO	755-001-4414	O+
100013176140	2009	2	0,0594	100002085507	O+	100000611951	OO
100013176157	2009	3	0,1050	755-001-4419	O+	100005766649	OO
100013176201	2009	3	0,0876	100005767042	OO	100005766649	OO
100013176249	2009	3	0,1050	100002085460	O+	100005766649	OO

Powyższy wniosek potwierdzają wyniki analiz zestawione w tabeli 5. Wszystkie macioraki ze stada p. Rybki są spokrewnione z trykami ze stada w RZD Żelazna, bo rodowodowa baza danych jest w przypadku stada RZD pełna, obejmuje informacje o wszystkich przodkach maciorek, które w 1992 r. zostały wprowadzone do stada. Kolorem zaznaczony jest tryk z własnego stada hodowcy.

Podsumowując należy stwierdzić, że sytuacja w populacji owiec olkuskich wymaga kompleksowych rozwiązań. Konieczne jest stworzenie wspólnej bazy rodowodowej dla wszystkich stad owiec olkuskich utrzymywanych obecnie w kraju, obejmującej wszystkie pokolenia wstecz, aż do początków wydzielenia populacji pełnej owcy olkuskiej w latach 80. Dalszy obrót materiałem hodowlanym między hodowcami prywatnymi powinien odbywać się w oparciu o rzetelną analizę spokrewnienia między trykami przeznaczonymi do sprzedaży a maciorkami ze stada, do którego planuje się zakup tryka. Prace takie zostały już rozpoczęte w Katedrze Genetyki i Ogólnej Hodowli Zwierząt SGGW. Po uzyskaniu pełnej bazy danych zostanie opracowana propozycja obrotu materia-

łem hodowlanym i optymalizacji kojarzeń, której wdrożenie pozwoli na ograniczenie tempa przyrostu zimbredowania tej populacji.

Warunkiem niezbędnym dla powodzenia takiej inicjatywy jest uzyskanie wyjściowych danych ze wszystkich stad, a następnie po każdym wykocie, a przede wszystkim szybki transfer informacji dotyczących urodzonych jagniąt od hodowców, przez Polski Związek Hodowców Owiec do Instytutu Zootechniki PIB. Obecnie proces ten trwa ponad 1,5 roku, np. obecnie dostępne są dane z wykotu 2009 r., podczas gdy tryki z tego rocznika były już używane w stánówce 2010 r.

Poza kwestią spokrewnienia matek z trykami ważnym elementem, decydującym o wyborze tryka, powinien być jego potencjał w zakresie poprawy plenności. W wielu stadach prywatnych zbyt duże mioty, liczące cztery, pięć jagniąt, nie są pożądane ze względu na wysokie wymagania matek w zakresie żywienia i opieki, trudności z odchowem jagniąt i duże upadki. Stąd, bardzo pomocna byłaby możliwość steroowania, w pewnym zakresie, poziomem plenności stada. Obecnie tryki wybierane są na remont w oparciu o plenność lub poziom owulacji ich

matek i ocenę ich oczekiwanego genotypu w zakresie pojedynczego, o dużym efekcie, który warunkuje poziom owulacji, a tym samym wpływa na wielkość miotu. Tabela 6 przedstawia przykładowe informacje o trykach w RZD Żelazna. Kolorem zaznaczone są tryki z zakupu, rocznik 2006, ze stada p. Korczyńskiego.

Klasyfikacja genotypów opiera się na ocenie ich poziomu owulacji; OO oznacza homozygotyczne, a O+ heterozygotyczne nosicielki genu. Segregację genu o dużym efekcie w plenności w populacji owiec olkuskich udowodniono, stosując metody statystyczne. Gen ten oznaczono symbolem *FecO* (Martyniuk, 2009). Obecnie trwają badania, mające na celu znalezienie jego markerów molekularnych. Jeśli ba-

dania te, prowadzone w ramach projektu 3SR (7 Program Ramowy KE), przyniosą oczekiwane wyniki, możliwe będzie identyfikowanie nosicieli genu. Jest to szczególnie istotne w przypadku tryków, bo może pozwolić na taki ich dobór, żeby uzyskać oczekiwany przez hodowcę poziom plenności stada.

Wysoka plenność daje duże możliwości poprawy opłacalności produkcji, ale wyłącznie wówczas, gdy warunki środowiskowe, żywienie, profilaktyka i pielęgnacja stada są na odpowiednio wysokim poziomie. Wielu hodowców osiągałoby lepsze wyniki ekonomiczne, gdyby średnia plenność nie przekraczała 2–2,5 szt. jagniąt, a występowanie bardzo licznych miotów było ograniczone.

Literatura

- Analla M., Montilla J.M., Serradilla J.M. (1998). Analyses of lamb weight and ewe litter size in various lines of Spanish Merino sheep. *Small Rumin. Res.*, 29: 255–259.
- ENDOG v 4,8 (2011). A Computer Program for Monitoring Genetic Variability of Populations Using Pedigree Information (http://www.ucm.es/info/prodanim/html/JP_Web_archivos/EN_Us_G_.pdf).
- Ercanbrack S.K., Knight A.D. (1991). Effects of inbreeding on reproduction and wool production of Rambouillet, Targhee and Columbia ewes. *J. Anim. Sci.*, 69: 4734–4744.
- EVA, EVolutionary Algorithm (2011). (<http://www.nordgen.org/index.php/en/content/view/full/1715>)
- Falconer D.S. (1974). Dziedziczenie cech ilościowych. PWN, Warszawa.
- FAO (1998). Secondary guidelines for development of national farm animal genetic resources management plans. Management of small populations at risk, Rome.
- Klemetsdal G. (1998). The effect of inbreeding on racing performance in Norwegian cold-blooded trotters. *Genet. Sel. Evol.*, 30: 351–366.
- Martyniuk E. (2007). Problem inbredu w populacji owiec olkuskich uczestniczących w programie ochrony zasobów genetycznych zwierząt. *Wiad. Zoot.*, XLV, 4: 29–39.
- Martyniuk E. (2009). Genetyczne uwarunkowanie wysokiej plenności owcy rasy olkuskiej. *Rozpr. hab.*, Wyd. SGGW, Warszawa.
- Norberg E., Sørensen A.C. (2007). Inbreeding trend and inbreeding depression in the Danish populations of Texel, Shropshire and Oxford Down. *J. Anim. Sci.*, 85: 299–304.
- Olech W. (2003). Wpływ inbredu osobniczego i inbredu matki na przeżywalność cieląt żubra (*Bison bonasus*). *Rozpr. hab.*, Wyd. SGGW, Warszawa.
- Olech W., Michalska E. (1990). Comparison of inbreeding in two closed herds. *Zwierz. Lab.*, 27: 3–8.
- Rzewuska K., Klewec J., Martyniuk E. (2005). Inbred effect on reproduction and body weight in a closed flock of Booroola sheep. *Anim. Sci. Pap. Rep.*, 23, 4: 237–247.
- SAS Institute Inc. (2002–2003). User's Guide for Windows Version 9.1. SAS Institute Inc., Cary NC, USA.
- Wiener G., Leet G.J., Woolliams J.A. (1992 a). Effects of rapid inbreeding and of crossing of inbred lines on the body weight growth of sheep. *Anim. Prod.*, 55: 89–99.

Wiener G., Leet G.J., Woolliams J.A. (1992 b). Effects of rapid inbreeding and of crossing of inbred lines on the growth of linear body dimensions of sheep. *Anim. Prod.*, 55: 101–114.

effects of rapid inbreeding and of crossing of inbred lines on conception rate, prolificacy and ewe survival in sheep. *Anim. Prod.*, 55: 115–121.

Wiener G., Leet G.J., Woolliams J.A. (1992 c). Ef-

Wright S. (1922). Coefficients of inbreeding and relationship. *Amer. Nat.*, 56: 330–338.

BREEDING PROBLEMS OF SMALL POPULATIONS USING THE EXAMPLE OF OLKUSKA SHEEP

Summary

The current population of Olkuska sheep derives from a small group of animals that gave rise to prolific Olkuska sheep in the 1980s. Research showed that this population is threatened with an increasing level of inbreeding. The paper presents issues related to the interpretation and estimation of relatedness between animals and the coefficient of inbreeding. The consequences of inbreeding are discussed with particular reference to reproductive traits. This paper presents current inbreeding in one of the leading flocks kept at the Agricultural Experimental Station of the Warsaw University of Life Sciences in Żelazna. Issues related to accurate estimation of inbreeding in private flocks of Olkuska sheep included in the genetic resources conservation programme are also discussed. The paper concludes with potential ways of improving inbreeding control in this small native breed of sheep.



Owca żelaźnieńska – *Żelaźnieńska sheep* (fot. J. Sikora)