

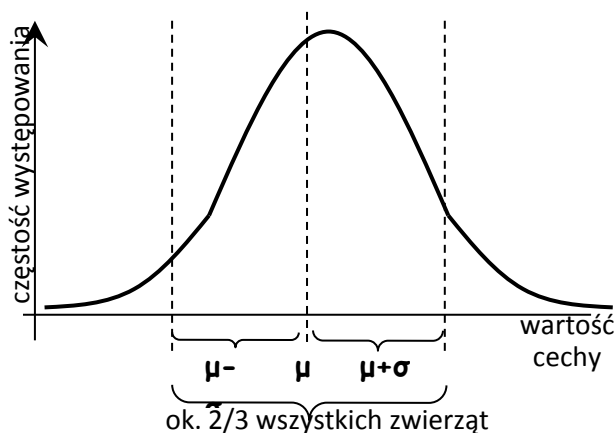
Standaryzacja wartości hodowlanych – kluczem do zrozumienia oceny

Posługiwanie się ocenami wartości hodowlanych (OWH) jest niezbędne w codziennej pracy hodowlanej w stadzie. Na każdym kroku: przy wyborze buhajów do krycia, przy ich indywidualnym doborze do każdej samicy czy przy podejmowaniu decyzji o selekcji młodzieży na remont stada lub do sprzedaży mamy do czynienia z OWH. Proces doskonalenia genetycznego, mający na celu uzyskanie potomstwa lepszego od swoich rodziców, w całości oparty jest na wykorzystaniu OWH. Spróbujemy w możliwie przystępny sposób wyjaśnić, co wyrażają wartości hodowlane.

Rozkład wartości cechy w populacji i jego parametry

Wartość fenotypową bądź hodowlaną zwierząt pod względem większości cech użytkowych wyrażamy za pomocą różnych jednostek miar: kilogramów, litrów, centymetrów itp. W populacji, zazwyczaj najwięcej jest zwierząt o wartościach bliskich średniej. Rozkład wartości dla typowej cechy użytkowej opisujemy za pomocą tak zwanej krzywej normalnej (Rys. 1). Krzywa normalna jest określona przez dwa parametry: średnią (μ) i odchylenie standardowe (σ). Średnia, to inaczej wartość oczekiwana, czyli najbardziej prawdopodobna w populacji. Z kolei odchylenie standardowe jest miarą zmienności, wpływającą na kształt krzywej normalnej. Im odchylenie standardowe jest mniejsze, tym wartości zwierząt w populacji są bardziej podobne do średniej, a krzywa będzie zwarta i stroma. Większe odchylenie standardowe oznacza, że obserwacje są bardziej zróżnicowane, a krzywa normalna jest bardziej płaska i rozchodząca się w prawo i lewo. W przedziale od $\mu - \sigma$ do $\mu + \sigma$ mieszczą się wartości 68,2% (czyli nieco ponad dwóch trzecich) wszystkich zwierząt.

Rys.1 Rozkład normalny



Wartość hodowlana krowy a średnia i odchylenie standardowe w populacji

Wyobraźmy sobie teraz, że nasza krowa ma oszacowaną wartość hodowlaną (OWH) równą 6 jednostek. Bez informacji o ocenach innych krów nie wiemy, czy to dużo, czy mało. Nie wiemy nawet, czy jest ona lepsza, czy gorsza od przeciętnej krowy w populacji. Ale jeżeli informacja o OWH naszej krowy zostanie wzbogacona o wartość średniej OWH w całej populacji wynoszącą na przykład 3, to możemy już łatwo wywnioskować, że nasza krowa jest lepsza od przeciętnej o 3 jednostki. Jednak dalej nie wiemy czy to dużo, czy mało. Dopiero znana wartość odchylenia standardowego w tej populacji pozwala nam na pełną interpretację OWH naszej krowy. Jeżeli wynosi ono na przykład 1,5 (przy średniej równej 3), to znaczy, że krowa z OWH równą 6 jednostek jest lepsza od przeciętnej o dwa odchylenia standardowe, czyli jej wartość hodowlana jest wysoka.

Standaryzacja ocen wartości hodowlanych – zabieg pożyteczny i niezbędny

Opisane wyżej rachunki niezbędne do prawidłowego zinterpretowania OWH to nic innego jak podstawa tak zwanej standaryzacji wartości hodowlanych, wykonywanej w ośrodkach obliczeniowych po każdej rutynowej ocenie i można je zapisać wzorem:

$$OWH_s = \frac{OWH - \overline{OWH}}{SD_{OWH}}$$

gdzie,

\overline{OWH} oznacza oszacowaną wartość hodowlaną,

\overline{OWH} - średnią OWH w populacji,

OWH_s - oszacowaną wartość hodowlaną standaryzowaną,

SD_{OWH} - odchylenie standardowe OWH w populacji.

W praktyce rzadko standaryzuje się OWH przy użyciu parametrów jej rozkładu w całej ocenianej populacji. Populacja ta składa się zazwyczaj ze zwierząt o bardzo wysokiej, ale też bardzo niskiej wartości hodowlanej i obejmuje ona zwierzęta urodzone na przestrzeni wielu lat. Należy pamiętać o tym, że intensywna praca hodowlanej sprawia, że każdy kolejny rocznik zwierząt jest przeciętnie lepszy od poprzedniego. Zastosowanie standaryzacji opartej na parametrach rozkładu OWH w całej populacji spowodowałoby, że prawie wszystkie OWH_s dla krów aktualnie utrzymywanych przez hodowców byłyby bardzo wysokie i bardzo mało zróżnicowane.

Baza genetyczna – inna dla każdego kraju

Uniknięcie tego zjawiska jest możliwe, dzięki zastosowaniu w trakcie standaryzacji wartości parametrów rozkładu OWH w pewnej ograniczonej liczebnie grupie zwierząt, nazywanej bazą genetyczną. Za bazę genetyczną przyjmuje się na ogół grupę zwierząt starszych (ale nie zbyt starych!) tej samej płci, urodzonych w tym samym okresie (np. w tym samym roku lub w ciągu kilku kolejnych lat). Zwierzęta te powinny mieć odpowiednio dokładne i stabilne (to znaczy nie zmieniające się z sezonu na sezon) oceny wartości hodowlanych. Procedura standaryzacyjna, w której zamiast wartości średniej i odchylenia standardowego OWH w całej populacji zastosujemy wartości odpowiednich parametrów rozkładu OWH, obliczonych w grupie bazowej, pozwala nam odnieść OWH aktualnie żyjących zwierząt do tej właśnie grupy, a nie do całej populacji.

W tym miejscu koniecznie trzeba też wspomnieć o tym, że w różnych krajach stosuje się różne grupy bazowe, często bardzo różniące się pod względem średniej i odchylenia standardowego od naszej "bazy". Porównywanie wartości hodowlanych publikowanych w obcych katalogach z wartościami oszacowanymi w Polsce na pewno doprowadzi hodowcę do wyciągnięcia błędnych wniosków.

W polskim systemie oceny wartości hodowlanych przyjęto zestandaryzowane wartości hodowlane skalować dodatkowo na średnią 100 i odchylenie standardowe 10 wg prostej formuły: względna wartość hodowlana = $OWH_s * 10 + 100$. Takie skalowanie nie jest konieczne i przeprowadza się je głównie ze względu na przyzwyczajenie hodowców.

Dlaczego trzeba zmieniać bazę genetyczną?

W Tabeli 1. zamieszczono standaryzowane OWH dla dwóch krów będących w podobnym wieku i utrzymywanych w tej samej oborze z których jedna otrzymała najniższą ocenę ($OWH_1=5$), a druga charakteryzowała się najwyższą oceną w tej oborze ($OWH_2=9$). W pierwszym przypadku zastosowano standaryzację opartą na średniej i odchyleniu standardowym obliczonym w całej populacji, a w drugim wykorzystano wartości parametrów rozkładu OWH w grupie bazowej, za którą

przyjęto buhaje urodzone w 2012 r. Jak widać w wyniku standaryzacji z wykorzystaniem bazowej grupy buhajów otrzymaliśmy dla pierwszej krowy niższą OWH_5 w porównaniu z OWH_5 standaryzowaną przy użyciu parametrów całej populacji (70 zamiast 113), a dla drugiej krowy wyższą (150 zamiast 140). Ponadto, różnica między OWH_5 obu krów jest w przypadku standaryzacji opartej na bazowej grupie buhajów większa (80 zamiast 27). Takie wartości OWH_5 pozwalają na wygodniejsze i bardziej czytelne szeregowanie krów przed podjęciem decyzji hodowlanej, a co więcej: ustalenie takiej samej grupy bazowej dla kilku różnych cech uwzględnionych w systemie oceny wartości hodowlanej, ułatwia ich łączenie w indeksy hodowlane.

Tabela 1. Standaryzowana wartość hodowlana dwóch krów w zależności od przyjętej grupy bazowej.

Grupa bazowa	\overline{OWH}	SD_{OWH}	$OWH_1=5$	$OWH_2=9$
Wszystkie buhaje w populacji objętej oceną	3	1,5	113	140
Buhaje ur. w 2012 r.	6,5	0,5	70	150

Niestety, z tym wygodnym rozwiązaniem wiąże się dość poważny kłopot, wynikający z konieczności okresowego "przesuwania" bazy. Nieco wyżej wspomniano o trendach genetycznych w populacjach zwierząt hodowlanych będących efektem m.in. intensywnej pracy hodowlanej, które powodują, że każdy kolejny rocznik zwierząt jest trochę lepszy od pozostałych. Jeżeli bazowa grupa jest zbyt stara, to najmłodsze zwierzęta z wysoką wartością hodowlaną będą w odniesieniu do tej grupy charakteryzować się nieproporcjonalnie wysokimi OWH_5 . Przeciwdziałanie temu zjawisku polega na dokonywaniu w regularnych odstępach czasu zmian definicji grupy bazowej, tak aby składała się ona z coraz młodszych zwierząt.

W marcowym wydaniu, w drugiej części artykułu, wytłumaczymy, z jakimi konsekwencjami można się liczyć przy zmianie bazy genetycznej. Zabieg ten, zgodnie z metodyką oceny wartości hodowlanych stosowaną w naszym kraju, wykonuje się co 5 lat. Będziemy mieć z nim do czynienia przy ocenie w sezonie 2020.1 tj. w kwietniu br.

Wojciech Jagusiak
Anna Siekierska