



THE GLOBAL STANDARD FOR LIVESTOCK DATA

Część 21 - Wytyczne dotyczące rejestracji mięsności, rozrodu i cech matczynych u owiec i kóz

Wersja: czerwiec 2021

Oficjalna, zatwierdzona przez ICAR, jest wyłącznie wersja angielska
Wytycznych dostępna [tutaj](#).

Spis treści

1	Cechy wzrostu	6
1.1	Uwagi ogólne i uzasadnienie	6
1.1.1	Uwagi ogólne.....	6
1.1.2	Uzasadnienie.....	8
1.2	Definicje cech.....	8
1.3	Główne geny związane ze wzrostem	10
1.4	Ocena genetyczna	10
1.4.1	Model oceny	10
1.4.2	Parametry genetyczne	12
1.4.3	Zalecane warunki wstępne do rejestracji zwierzęcia	12
2	Cechy mięsne	12
2.1	Uwagi ogólne i uzasadnienie	12
2.1.1	Technologie skanowania	12
2.1.2	Punktacja liniowa.....	16
2.2	Definicja cechy.....	18
2.3	Główne geny związane z mięsem.....	19
2.3	Ocena genetyczna	20
2.3.1	Model oceny	20
2.4.2	Parametry genetyczne	21
2.4.3	Zalecane warunki wstępne do rejestracji zwierzęcia	22
3	Cechy reprodukcji, matek i przeżywalności jagniąt.....	23
3.1	Ogólne rozważania i uzasadnienie	23
3.1.1	Ogólne rozważania.....	23

3.1.2	Uzasadnienie.....	24
3.2	Definicja cechy	26
3.3	Główne geny związane z plennością	27
3.4	Ocena genetyczna	28
3.4.1	Model oceny.....	28
3.4.2	Parametry genetyczne	30
4	Literatura.....	31
5	Załącznik A: Obliczanie masy ciała w znormalizowanym wieku i przyroście.....	34

Change Summary

Date of Change	Nature of Change
June 2021	First edition of the present Guidelines

Niniejsza część obejmuje rejestrowanie cech użytkowych, które należy uwzględnić w genetycznym i genomowym doskonaleniu poziomu przyrostu, mięsności, reprodukcji i zdolności matczynej u owiec i kóz. Obejmuje niektóre (nie wszystkie) główne indywidualne cechy zwierząt ważne dla posiadania bardziej produktywnych i wydajnych samic hodowlanych, a także potomstwa (jagniąt i koźląt). Poniższe wytyczne zakładają, że planowany program doskonalenia rasy na poziomie populacji zostanie wprowadzony też w celu porównania zwierząt

- a. w obrębie rasy
- b. pomiędzy rasami oraz / lub
- c. na poziomach krajowym i międzynarodowym.

Podane informacje służą wyłącznie jako wskazówka.

Wytyczne odnoszą się do systemów dwukierunkowego użytkowania zwierząt: mięsno - wełnistego, mięsno - mlecznego oraz mleczno- wełnistego.

Niniejszy raport zawiera definicję każdej cechy, powód jej rejestrowania oraz zalecenia dotyczące rejestrowania uzyskiwanych wyników. Zawiera również wytyczne dotyczące modelu genetycznego, który powinien być używany do ocen genetycznych, w tym typowe parametry genetyczne.

W kolejnych podrozdziałach rozważamy:

- a. Cechy wzrostu
- b. Cechy jakości tuszy i mięsa
- c. Cechy reprodukcyjne i matczyne.

W każdym podrozdziale przedstawimy kilka ogólnych rozważań, zdefiniujemy cechy, które mogą być gromadzone lub obliczone, zapewnimy zrozumienie uzasadnienia włączenia cechy, informacji genomowych i oszacowań parametrów genetycznych do wykorzystania w ocenach genetycznych.

Wytyczne nie obejmują organizacji programu hodowlanego i różnych lokalizacji, w których dokonywana jest selekcja (w gospodarstwie, w centralnej stacji testowej) oraz rodzaju selekcji (selekcja masowa, testowanie na potomstwie). Koncentrują się na cechach zgromadzonych podczas rejestracji wyników.

1 Cechy wzrostu

Przyrosty jagniąt/koźląt do odsadzenia i po odsadzeniu do uboju są kluczowym aspektem systemów produkcji mięsa. Wielkość dorosłego ojca i matki wpływa na przyrost do osiągnięcia dojrzałości jagniąt i koźląt zgodnie z typowym przebiegiem krzywej Gompertza (Lambe i in., 2006). Optymalny punkt na krzywej wzrostu dla pozyskania mięsa różni się w zależności od różnych preferencji międzynarodowych, a także jest częściowo określany przez przewidywaną dojrzałość potomstwa przeznaczonego do uboju.

Na przykład w przypadku braku jakiegokolwiek selekcji genetycznej, jagnięta/koźłeta urodzone po ojcach i od matek o wyższej masie osiągną ten sam poziom dojrzałości w późniejszym wieku w porównaniu do jagniąt/koźląt urodzonych po ojcach i od matek o niskiej masie po osiągnięciu dojrzałości.

1.1 Uwagi ogólne i uzasadnienie

1.1.1 Uwagi ogólne

Cechy wzrostu są zwykle rejestrowane w gospodarstwie. Można rejestrować różne masy ciała, w tym masę zwierzęcia przy urodzeniu, w wieku 30, 42 do 120 dni, przyrost jagniąt po odsadzeniu (6-10 miesięcy), masę po 12 miesiącach i masę dorosłych osobników przed kryciem. Masę dorosłych zwierząt można rejestrować corocznie.

Należy odnotować pełny zestaw mas przy odsadzeniu dla wszystkich zwierząt, ponieważ informacje te są przydatne do wnioskowania o przeżywalności, wpływie matczynym owiec/kóz i uwzględnianiu selektywnego uboju zwierząt przed zapisaniem późniejszych pomiarów cech.

W przypadku jagniąt i koźląt należy rejestrować następujące dane:

- a. Niepowtarzalna identyfikacja jagnięcia/koźlęcia (zazwyczaj zawiera informacje o stadzie, oznaczeniu i roku urodzenia, może zawierać kraj i rasę).
- b. Identyfikacja genetycznego ojca i matki oraz mamki (jeśli różni się od matki genetycznej).
- c. Czy jagnię urodziło się w wyniku sztucznego unasieniania (AI) lub przeniesieniu zarodka (ET).¹

- d. Zarejestrowana data urodzenia lub oszacowana data urodzenia [na podstawie wieku płodu podczas USG ciąży (najlepiej w odstępach 7-dniowych) lub wieku (dni) w czasie ważenia].
- e. Typ urodzenia (*od tłum.: pojedyncze, bliźniaki*) i typ odchowu (ile przeżyło), wiek matki i wszelkie inne powiązane dane, takie jak zwierzęta zastępcze¹, karmienie z ręki.
- f. Jeśli jagnięta/koźłeta urodzą się martwe lub padną w ciągu 24 godzin od urodzenia, tym jagniętom/koźłębom należy nadać nominalny numer identyfikacyjny w celu zapisania go w bazie danych (aby można było zarejestrować śmiertelność i powiązać ją z genetycznym ojcem i matką).
- g. Płeć jagnięcia/koźłęcia, data kastracji, jeśli dotyczy.
- h. Stado urodzenia, stado odchowu, stado aktualne.
- i. Data rejestracji i zapis masy zwierzęcia.
- j. Grupy technologiczne (np. grupa wypasu) [dotyczy gospodarowania zwierzętami w okresie przed pomiarem]
- k. Data i powód śmierci (lub brakowania)
- l. Masa tuszy.
- m. Data każdego pomiaru i osoba odpowiedzialna za przyznaną ocenę.

Jeżeli zwierzęta były zarządzane inaczej w okresie poprzedzającym pomiar, należy przydzielić grupę technologiczną. Przy obliczaniu wpływów środowiskowych między grupami bardzo ważne jest, aby posiadać skuteczne powiązania genetyczne między grupami. Za skuteczne powiązanie genetyczne uważa się zwykle 20 osobników ocenianego potomstwa wspólnego ojca w obu grupach technologicznych. W zależności od wielkości struktury stada w programie hodowlanym, liczba ta może zostać zmieniona, aby jak najlepiej dopasować się do rzeczywistych realiów.

Istnieje kilka metod badania stopnia powiązania i oszacowania ryzyka porównań szacowanych wartości hodowlanych (EBV - *Evaluated Breeding Value*) w systemach oceny między stadami, w których ma miejsce naturalne kojarzenie, takich jak: indeks powiązania obserwacji (Foulley i in., 1992), uogólniony współczynnik determinacji

¹ Ma to na celu zapewnienie rozróżnienia między genetycznym reproduktorem i matką, matką biorczynią i mamką (jeśli różni się od matki biorczyńni).

(Laloe, 1993), średni przewidywany błąd wariancji różnic szacowanych wartości hodowlanych między zwierzętami (Kennedy i Trus, 1993), wariancja oszacowanych różnic między efektami jednostki zarządzania (Kennedy i Trus, 1993), ocena powiązań (Mathur, 2002) i kryterium przyjęcia do grupy połączonych stad (Fouilloux i in., 2008).

Metody te polegają głównie na posiadaniu potomstwa od wspólnego ojca reprezentowanego w różnych grupach technologicznych.

1.1.2 Uzasadnienie

Masa jagniąt i koźląt w różnym wieku oraz ocena tempa wzrostu między poszczególnymi ważeniami stanowią podstawę do porównywania produktywności, wydajności i efektywności gospodarstwa zgodnie z różnymi systemami zarządzania i wypasu. Masy urodzeniowe mogą mieć pozytywny lub negatywny wpływ na przeżycie po urodzeniu. Przyrost do sześciu tygodni lub do odsadzenia może informować o mleczności matki a bezpośredni przyrost jagniąt/koźląt do odsadzenia i w okresie po odsadzeniu, może wpływać na okres trwania wzrostu, koszty oraz spożycie paszy. Wielkość dorosłego zwierzęcia jest ważna ze względu na wydajność, utrzymanie i szybkości wymiany pokoleniowej u ras matecznych.

1.2 Definicje cech

Cechy te opierają się na zapisie masy zwierzęcia w danym momencie, zwykle w określonym wieku lub przy określonym wydarzeniu życiowym, np. przy odsadzeniu. Definicja każdej masy różni się w zależności od systemu oceny danego kraju. Cechą może być „masa zwierzęcia w danym wieku” lub „przyrost masy jagniąt/koźląt” między dwoma różnymi określeniami wieku. Dodatkowo można obliczyć przebieg indywidualnej krzywej wzrostu jagniąt/koźląt, korzystając ze wszystkich dostępnych zapisów masy zwierzęcia w określonym okresie. Wymaga to większej mocy obliczeniowej i do tej pory nie jest rutynowo wykorzystywane w ocenach genetycznych prowadzonych na dużą skalę. Poniżej znajdują się sugestie dotyczące masy w różnym wieku. Wybór wieku będzie zależał od rodzaju systemu produkcyjnego i wymaganej intensywności rejestracji.

- **Masa zwierząt przy urodzeniu** - mierzona w kg najlepiej po urodzeniu i przed

karmieniem. Powinna być mierzona dla urodzonych żywych i martwych jagniąt/koźląt.

- **Masa zwierzęcia w 30. dniu** – mierzona między 21 a 46 dniem (a następnie przeliczana na 30. dzień).
- **Masa zwierzęcia w 6. tygodniu** – mierzona między 20 a 65 dniem (a następnie przeliczana na 42. dzień).
- **Masa zwierzęcia w 100. dniu** – mierzona między 66 a 120 dniem (a następnie przeliczana na 100. dzień).
- **Masa zwierzęcia w 150. dniu** – mierzona między 121 a 180 dniem (a następnie przeliczana na 150. dzień).
- **Dopuszczalne są masy zwierzęcia w wieku 30 dni, 8 tygodni i 100 dni** (lub w innym wieku)
- **Przyrost od urodzenia do określonego wieku** - masa urodzeniowa (w ciągu 24 godzin od urodzenia), masa 30-dniowa do celów rejestracji dla matki, masa przy odsadzeniu (od 42 do 120 dni w zależności od systemu).
- **Tempo przyrostu jagniąt/koźląt po odsadzeniu** – masa od odsadzenia do 12 miesiąca życia.
- **Masa dorosłego osobnika** — masa dorosłego osobnika rejestrowana corocznie przed kryciem. Można ją uznać za cechę powtarzalną.
- **Liczba dni do uboju** - okres w dniach, od daty urodzenia do daty uboju.
- **Żywa masa przedubojowa** – ostatnia masa zwierzęcia zarejestrowana dla zwierzęcia przed sprzedażą do uboju.

Powyższe określenia wieku i masy zwierzęcia są stosowane najczęściej i należy je traktować jako informacyjne. Niemniej jednak każdy kraj x rasa x system może mieć swój odpowiedni wiek, aby podjąć ważenie w celu dopasowania do tego systemu.

Zwierzęta powinny być traktowane konsekwentnie podczas ważenia (należy również wziąć pod uwagę spójność w zarządzanej grupie). Muszą być ważone mniej więcej o tej samej porze dnia. Z wyjątkiem masy urodzeniowej, pomiary masy ciała należy wykonywać dopiero po okresie postu trwającym co najmniej 2 godziny (bez paszy i wody).

Masę zwierzęcia należy oszacować z dokładnością co najmniej do 0,5 kg (do 0,1 kg dla masy urodzeniowej).

Uwaga: wszystkie wagi (w tym wagi do wełny i wagi do ważenia zwierząt) powinny być kalibrowane na początku każdej sesji ważenia, aby zapewnić ich dokładność. Aby skalibrować wagę, należy zważyć znaną standardową masę trzy razy, aby upewnić się, że rejestrowana masa jest niezmiennie dokładna. Masa standardowa powinna być zbliżona do masy runa ważonego zwierzęcia. Przed kalibracją wagi należy upewnić się, że ustawienie tary jest ustawione na zero. Jeśli odczyt masy różni się od masy standardowej o więcej niż 0,1 kg (masa runa lub masa urodzeniowa) lub 0,5 kg (późniejsza masa zwierzęcia), należy wyregulować lub naprawić wagę aż do uzyskania wymaganego poziomu dokładności.

Przykład obliczenia masy dla znormalizowanego wieku i przyrostu podano w załączniku A.

1.3 Główne geny związane ze wzrostem

Ogólnie uważa się, że tempo wzrostu jest cechą poligeniczną (pod kontrolą wielu genów z niewielkim efektem addytywnym). Do chwili obecnej żaden program hodowlany nie obejmuje żadnych poważnych efektów genowych wpływających na tempo wzrostu.

1.4 Ocena genetyczna

1.4.1 Model oceny

Model genetyczny stosowany do oceny cech wzrostu powinien wykorzystywać model „zwierzęcia”, tj. informacje o rodowodach, które obejmują informacje o ojcu i matce dla każdego zwierzęcia. Efekt genetyczny matki powinien być uwzględniony w modelu, jeśli jest znacząco różny od zera. Skalowanie/poprawki są wymagane przed analizą dla różnych średnich w grupach porównawczych.

Typowe i zalecane czynniki stałe są wymienione w tabeli 1 poniżej, która zawiera podsumowanie wytycznych dotyczących oceny masy i wzrostu zwierzęcia. Czasami, w zależności od oceny, brana jest pod uwagę rasa.

Tabela 1. Podsumowanie oceny żywej masy i przyrostu.

Nazwa cechy	Definicja	Rejestracja	Model analizy czynników stałych	Czynniki losowe	Dodatkowe uwagi
Masa zwierzęcia w określonym wieku, np. -urodzenie -8 tygodni -odsadzenie -po odsadzeniu -12 miesięcy -dorosły	Pomiar (np. kg) z wykorzystaniem wagi.	Masy mogą się różnić w zależności od systemu oceny w każdym kraju.	-stado -rok urodzenia -okres wykotu matki -płeć -wiek matki -typ urodzenia i odchowu -laktacja matki	-zwierzę -genetyczny wpływ matczyny jeśli jest istotny - stały wpływ środowiskowy matki - stały wpływ środowiskowy dla powtarzających się zapisów np. masa dorosłego osobnika -ojciec x stado x rok -grupy genetyczne	Poprawka dokonana przed analizą dla różnych średnich w grupach porównawczych
Tempo wzrostu / przyrost	Zmiana masy zwierzęcia między 2 punktami czasowymi (obliczona na podstawie mas w różnych punktach czasowych).	Urodzenie - w połowie laktacji Urodzenie - odsadzenie Po odsadzeniu	- inne czynniki zarządzania (-rasa)		Nieczęsto używany w ocenach

Tabela 2. Parametry genetyczne cech przyrostu.

Cechy	Odziedziczalność	Współczynnik wariacji (%)
Masa urodzeniowa	0.15-0.21	14.2-19.2
Masa przy odsadzeniu	0.18-0.23	15.8-18
Przyrost jagnięcia/koźlęcia po odsadzeniu	0.21-0.33	10.6-12.8
Masa dorosłego zwierzęcia	0.30-0.41	6-12.4

1.4.2 Parametry genetyczne

Zdecydowanie zaleca się stosowanie parametrów genetycznych oszacowanych w ocenianej populacji. Każdy kraj x populacja powinien wykorzystywać własne parametry genetyczne (wariancje genetyczne, trwałe wariancje środowiskowe, wariancje rezydualne, kowariancje w przypadku oceny wielocechowej). Jeśli nie ma dostępnego zasobu danych w celu ustalenia tych wariancji genetycznych, sugerujemy użycie wariancji, które zostały opublikowane z innych programów hodowlanych o podobnej strukturze zarządzania i wielkości stada, dopóki nie będzie wystarczających danych do ustalenia wariancji z tego programu hodowlanego.

W celach informacyjnych, powyżej podano najczęściej występujący zakres parametrów genetycznych (Safari i wsp., 2005).

1.4.3 Zalecane warunki wstępne do rejestracji zwierzęcia

Zobacz listę w części 1.1 „Uwagi ogólne i uzasadnienie”.

2 Cechy mięsne

2.1 Uwagi ogólne i uzasadnienie

Mięso jest głównym produktem uzyskiwanym od owiec w wielu krajach i znaczącym źródłem dochodów z hodowli owiec i kóz. Ponieważ cechy tuszy są wyrażane *post mortem*, stosowane są predyktory *in vivo* dla jakości tuszy, które są skorelowane z ekonomicznie ważnymi pomiarami poubojowymi. Zwykle odzwierciedlają to, za co faktycznie rolnicy uzyskują zapłatę.

2.1.1 Technologie skanowania

Istnieje kilka narzędzi służących do przewidywania jakości tusz i mięsa. Obecnie technologie skanowania mogą być wykorzystywane do przewidywania wydajności mięsa i otluszczenia żywych zwierząt. Należą do nich USG (US) i tomografia komputerowa (CT). USG jest stosunkowo niedrogię w przeliczeniu na zwierzę, ale jest umiarkowanie dokładne w przewidywaniu masy mięśni i tłuszczu w tuszy. Skanowanie CT jest metodą bardzo precyzyjną (dokładność do 96%) ale jest narzędziem kosztownym. Tomografia komputerowa jest zwykle używana jako

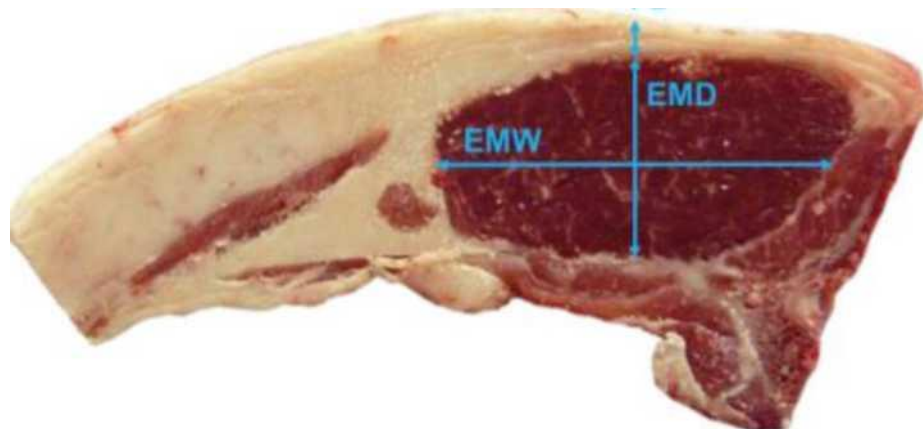
dwuetapowe narzędzie selekcji, w której zwierzęta są najpierw poddawane wstępnemu badaniu przesiewowemu za pomocą ultradźwięków.

Pomiary (mm) tłuszczu podskórnego są dokonywane nad mięśniem najdłuższym grzbietu w wyznaczonym miejscu lub miejscach, zazwyczaj na wysokości 3. kręgu lędźwiowego (Wielka Brytania i Irlandia) lub między 12. a 13. żebrem (Australia i Nowa Zelandia) przez przeszkolonego akredytowanego operatora skanera ultrasonograficznego. Operatorzy skanerów powinni być akredytowani a przeprowadzane przez nich oceny powinny być regularnie ujednolicane, najlepiej na podstawie pomiaru CT lub wyrębów tuszy. Sondę ultradźwiękową stosuje się w miejscu rozczesanej wełny lub ostrzyżonym, z użyciem oleju w celu wygenerowania wzmocnionego sygnału. Masę zwierzęcia zmierzoną w czasie skanowania należy zarejestrować, aby móc dokonać korekty na masę zwierzęcia. Pomiary należy rejestrować w przypadku występowania różnic między zwierzętami – zazwyczaj powyżej 35 kg masy zwierzęcia, przy co najmniej 2-3 mm zmierzonej okrywie tłuszczowej, w zależności od rasy.

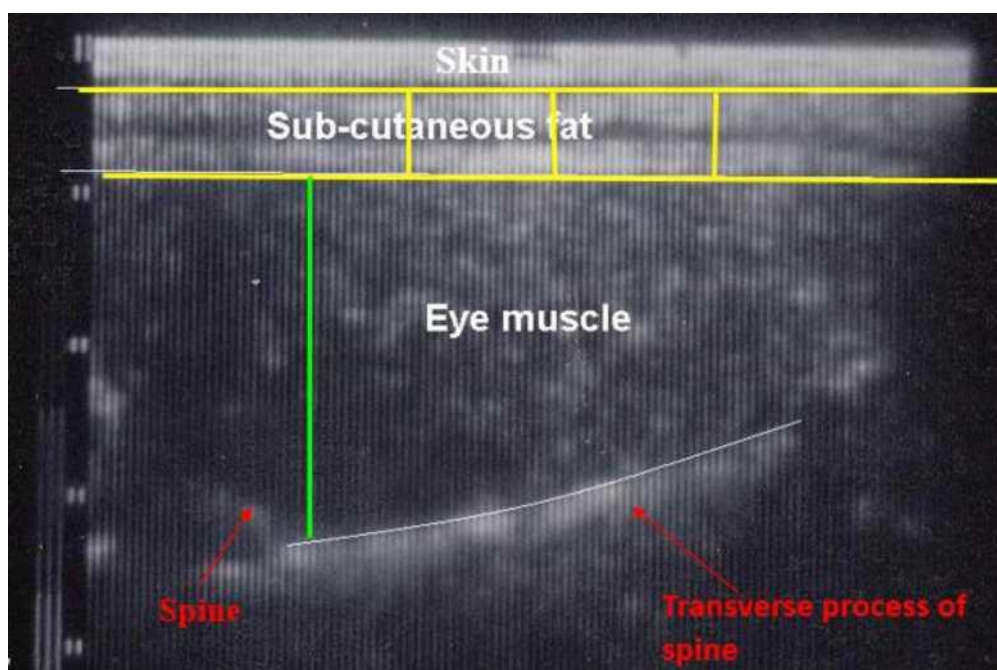
Rejestrowane pomiary zwykle odnoszą się w szczególności do identyfikacji wartościowych wyrębów mięsa, które występują w okolicach połówicy i udźca, np. pomiary „oka połówicy” (*longissimus dorsi*) – szerokość i głębokość (mm), powierzchnia „oka połówicy” (cm²), głębokość tłuszczu (mm) mierzona w kilku różnych punktach powyżej „oka połówicy” (i uśredniona) oraz dwuwymiarowo mięśnie udźca. Obecnie istnieje możliwość wykorzystania oceny umięśnienia w 3D (rutynowo stosowane w Wielkiej Brytanii).

Rysunek 1. Przekrój poprzeczny mięśnia najdłuższego grzbietu i obraz USG (FD = głębokość tłuszczu; EMD = wysokość „oka połędwicy”; EMW = szerokość „oka połędwicy”)

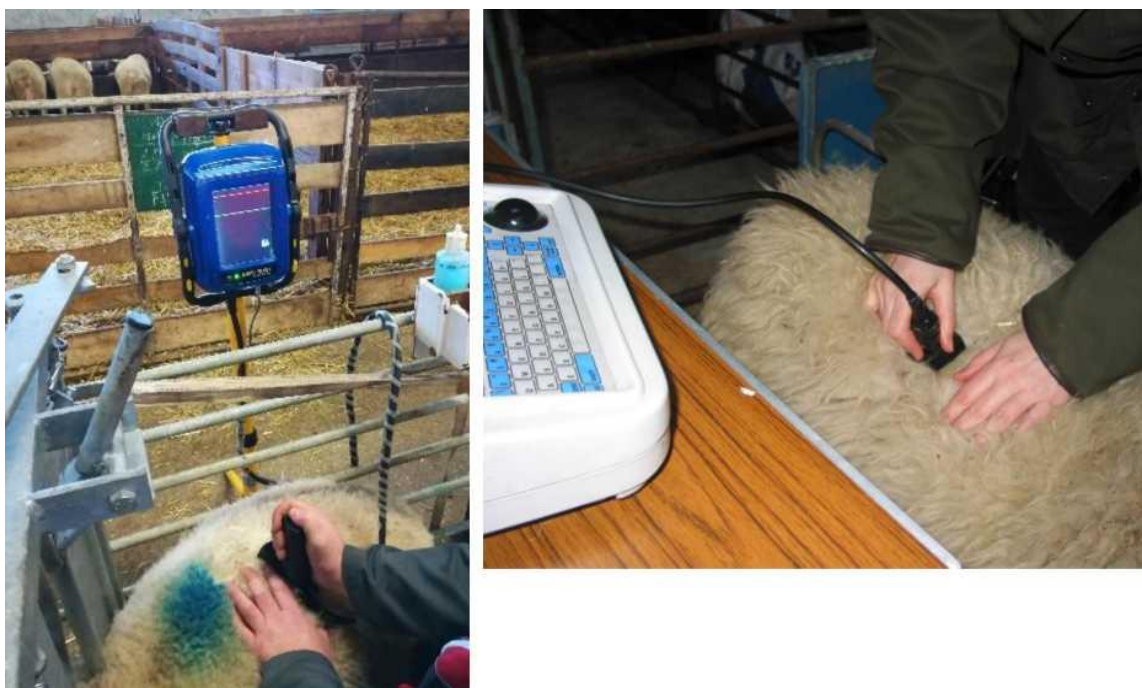
FD



Przekrój połędwicy skanowany za pomocą ultradźwięków



Rysunek 2. Badanie ultrasonograficzne i jego zastosowanie w ocenie stada



Pomiary tomografii komputerowej (CT) (patrz rysunek 3) można wykonać na żywych lub martwych zwierzętach. Dokładność pomiaru zależy częściowo od częstotliwości skanowanych przekrojów tuszy. Oszacowania dla tłuszczu i mięśni są zazwyczaj dokładne w ponad 95%. Nowa technologia umożliwia teraz „skanowanie spiralne”, polegające na skanowaniu przekrojów całego ciała w odstępach 5 mm (jak sprężyna), a następnie, na potrzeby analizy, komputerowo wygenerować obraz odpowiedniej części ciała w czasie rzeczywistym. Do określenia całkowitej zawartości tłuszczu i mięśni oraz kości można użyć wybranych obrazów CT. Większa liczba skanów może być wykorzystana do określenia rozmieszczenia tłuszczu i mięśni w tuszy, informując o wartościach kluczowych wyrębów, takich jak przednia ćwiartka/łopatka, polędwica/comber i zad lub wymiary mięśni udźca (tylnej nogi). Można również rejestrować dodatkowe pomiary, takie jak długość kręgosłupa, numer kręgu i zawartość tłuszczu śródmięśniowego (IMF - *intra-muscular fat*). Ponieważ

tomografia komputerowa jest tak bardzo dokładna, może być używana do kalibracji innych pomiarów mięsa, m.in. ultradźwiękowych, technologie wideo tuszy i rentgenowskie lub systemy cięcia tuszy przez przetwórcę. Rysunek 3. Obraz pomiarów CT



Rysunek 3. Obraz pomiarów CT

2.1.2 Punktacja liniowa

Dodatkowo (lub jako metoda alternatywna) do USG i tomografii komputerowej, do oceny jakości tuszy i mięsa żywych zwierząt można zastosować punktację liniową. Punktacja jest często dokonywana przy pomocy skali ocen od 1 do 10 (na przykład). Może dotyczyć następujących kryteriów: szerokość barków, szerokość zadu, lędźwie, nogi (rysunek 4). Szerokość barków, szerokość i głębokość zadu, lędźwie, umięśnienie udźca są wskaźnikami oceny umięśnienia. Do prawidłowej punktacji potrzebny jest przeszkolony technik. Coroczne sesje szkoleniowe i harmonizacja.

między technikami są wymagane w celu utrzymania jakości punktacji.

Szerokość barków

Opis wielkości masy mięśniowej między łopatkami = oszacowanie odległości między nimi



Characteristics	Pointed	Medium	Very large
Score	1 - 2 - 3	4 - 5 - 6	7 - 8 - 9

Rozstaw nóg

Rozstaw nóg widziany od tyłu (ocena nóg pozwala na potwierdzenie pojęć rozstawu)

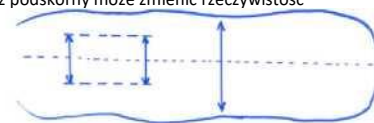


Characteristics	Very flat	Medium	Very bouncy
Score	1 - 2 - 3	4 - 5 - 6	7 - 8 - 9

Szerokość i grubość poledwicy grzbietowej

Szerokość łędźwi jest we względnej ciągłości z tą zweryfikowaną w barkach

Grubość jest doceniana przez obstępę (wzmocniona przez wygląd mniej lub bardziej wystającego procesu)
Zewnętrzny tłuszcz podskórny może zmienić rzeczywistość



Characteristics	Narrow	Medium	Very large
Score	1 - 2 - 3	4 - 5 - 6	7 - 8 - 9

Głębokość uda

Noga odchodzi mniej lub więcej od stawu skokowego
The leg descends more or less on the hocks



Characteristics	Very cut out	Moderately cut out	Full
Score	1 - 2 - 3	4 - 5 - 6	7 - 8 - 9

Rysunek 4 . Przykład punktacji we francuskiej stacji oceny indywidualnej.

2.1.2.1 Bezpośrednie pomiary tuszy

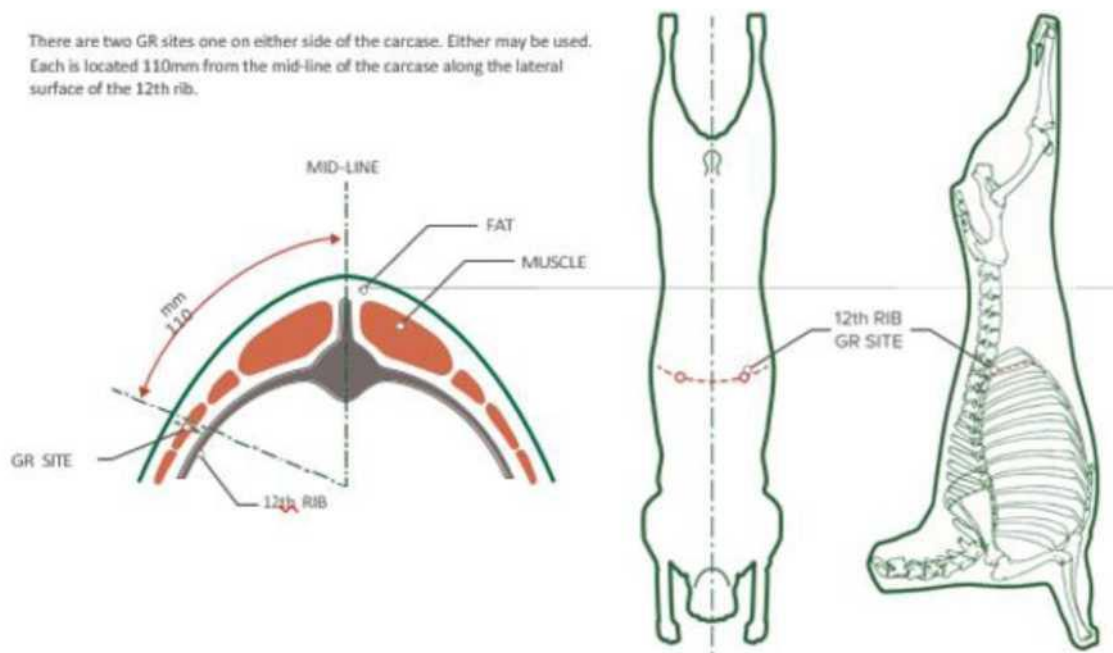
Podczas przetwarzania można zarejestrować masę tuszy i okrywą tłuszczową nad 12. żebrzem (GR). Można zastosować szereg innych pomiarów, takich jak skanowanie wideo i technologie rentgenowskie, jeśli są one kalibrowane względem dysekcji tuszy lub spiralnej tomografii komputerowej.

Pomiary jakości mięsa, takie jak tłuszcz śródmięśniowy, punktacja marmurkowatości, pH i kolor, można również rejestrować na tuszach za pomocą technologii NIR.

Raportowanie masy tuszy ciepłej i zimnej w rzeźni - Masa tuszy ciepłej to masa tuszy po dotarciu do końca linii technologicznej. Masę zimnej tuszy rejestruje się 24 godziny po schłodzeniu. Te dwie masy są wysoko istotnie skorelowane. Kluczową sprawą jest zapewnienie spójności rejestrowanych danych.

Czas rejestrowania masy zwierzęcia w celu uzyskania KO% (KO% - *killing-out percentage* – wydajność rzeźna) – najlepiej byłoby gdyby, zwierzęta zostały zważone w dniu uboju po okresie postu, aby układ pokarmowy był opróżniony

Rysunek 5: lokalizacja punktu GR.



2.1.2.2 Nowatorskie cechy (mięsoznawstwo, sensoryka)

Inne cechy, które nie są rutynowo brane pod uwagę, mogą być mierzone/oceniane: cechy sensoryczne (soczystość, smak, delikatność, ogólne upodobanie), zawartość składników odżywczych (żelazo, cynk), aminokwasy (Omega 3), kolor (świeży/dojrzały/detaliczny), Ph.

Cechy te są wymienione w celach informacyjnych, ale ponieważ są zbyt kosztowne do zmierzenia, żaden indeks selekcyjny jak dotąd ich nie uwzględnia.

2.1.3 Uzasadnienie

W systemach produkcji owiec/kóz ukierunkowanych na mięso - mięso jest produktem końcowym przeznaczonym do spożycia. Zysk finansowy dla producenta uzależniony jest od masy tuszy, pokroju i otluszczenia. Mięso i tłuszcz są cechami zarówno odziedzicznymi, jak i zmiennymi, co pozwala na genetyczną poprawę tych cech.

2.2 Definicja cechy

Indeksy dla mięsa można wyrazić na wiele sposobów w zależności od oceny:

- **Masa tuszy (zimnej):** masa oczyszczonej tuszy podana na podstawie informacji o

przyroście i wydajności mięsa żywych zwierząt lub zmierzonej masy tuszy zwierząt po uboju.

- **Grubość warstwy tłuszczu:** opisuje wartość grubości warstwy tłuszczu przy stałej masie. Wartość ujemna oznacza zwierzę genetycznie mniej tłuste, wartość dodatnia lub wyższa zwierzę grubsze przy stałej masie tuszy.
- **Wydajność tłuszczu:** stosunek masy tłuszczu do masy tuszy (kg) przy stałej masie tuszy.
- **Wydajność chudego mięsa:** stosunek masy mięśni do masy tuszy (kg) przy stałej masie tuszy.
- **Wysokość oka polędwicy:** opisuje wartość wysokości oka polędwicy przy stałej masie. Wartość dodatnia wskazuje na wyższy udział tkanki mięśniowej w tuszy i wyrębach cennych.
- **Powierzchnia oka polędwicy:** opisuje wielkość pola powierzchni oka polędwicy przy stałej masie. Wartość dodatnia wskazuje na wyższy udział tkanki mięśniowej w tuszy i wyrębach cennych.
- **Wydajność w zależności od wyrębu:** jeśli dostępne są dane umożliwiające rozróżnienie zwierząt pod względem tkanki tłuszczowej i beztłuszczowej w głównych wyrębach tuszy; łopatka, polędwica, ćwiartka tylna lub udziec (duży mięsień nóg) przy stałej masie tuszy.
- **Wydajność rzeźna (KO% - *killing out* %):** procentowy stosunek masy zimnej tuszy do masy zwierzęcia na czczo przed ubojem.
- **Dni do uboju:** wiek w momencie uboju.

2.3 Główne geny związane z mięsem

U owiec odkryto kilka głównych genów, które mają wpływ na cechy mięsne, takie jak:

- Callipyge – hipertrofia mięśniowa kończyn tylnych i lędźwi.
- Carwell - zwiększenie masy i wymiarów mięśni lędźwi.
- GDF8 - związane ze zwiększeniem masy mięśniowej i zmniejszeniem otluszczenia z powodu działania miostatyny.
- BCO2 - Gen recesywny odpowiedzialny za występowanie żółtego tłuszczu (Vage i Boman, 2010).

Inne ważne geny powinny zostać wkrótce odkryte lub ujawnione. Dlatego ta lista nie jest ostateczna. Dokładniejsze informacje o ww. genach zawarte są w raportach dostępnych w [OMIA](#) (Online Mendelian Inheritance in Animals), który jest katalogiem/kompendium zaburzeń dziedzicznych, innych cech (pojedynczego locus) i genów zwierząt.

2.4 Ocena genetyczna

2.4.1 Model oceny

Model genetyczny stosowany do oceny cech mięsnych powinien wykorzystywać model „zwierzęcia”, tj. informacje o rodowodach zawierające informacje o ojcu i matce dla każdego zwierzęcia. Należy uwzględnić wpływ genetyczny matki, jeśli jest on istotny. Skalowanie/poprawki są wymagane w analizie dla różnych średnich w grupach porównawczych.

Poniższa tabela zawiera zestawienie wytycznych dotyczących oceny ultradźwiękowej tkanki tłuszczowej i mięśniowej, cech tomografii komputerowej oraz cech tuszy. To podsumowanie zawiera zazwyczaj wykorzystywane i zalecane czynniki stałe.

Tabela 3. Podsumowanie oceny cech USG, tomografii komputerowej (CT) i tuszy

Nazwa cechy	Definicja	Rejestracja	Czynniki stałe modelu analizy	Czynniki losowe	Dodatkowe uwagi
Ultradźwiękowa grubość tłuszczu i mięśni zwierzęcia	Pomiar (mm) podskórnej tkanki tłuszczowej nad mięśniem najdłuższym grzbietu w wyznaczonym miejscu lub miejscach, np. 3. kręg lędźwiowy lub między 12-13 żebrem . Rejestruje się głębokość, szerokość lub powierzchnię mięśnia najdłuższego grzbietu mierzone w tym samym miejscu .	Sonda ultradźwiękowa używana w miejscu z rozczesaną wełną zagruntowana olejem w celu wygenerowania wzmocnionego sygnału przez przeszkolonego operatora .	- stado - rok urodzenia - płeć - wiek matki - typ urodzenia i typ odchowu - wiek w momencie pomiaru - sposób utrzymania (wypas) (-rasa)	- zwierzę - ojciec x rok stada - grupy genetyczne	Operatorzy USG powinni być akredytowani a przeprowadzane przez nich oceny powinny być regularnie ujednolicane, najlepiej według złotego standardu CT . W punkcie badania ultradźwiękowego należy określić masę żywego zwierzęcia. Skanowanie ultradźwiękowe powinno nastąpić w takim czasie, gdy istnieje wystarczająca ekspresja zmienności danej
CT	umięśnienie udźca IMF Długość kręgosłupa Numer kręgu CT chudego mięśnia CT tłuszczu CT kości Ćwiartka przednia /łopatka Połudwica/comber Ćwiartka tylna		W przypadku ultradźwiękowego pomiaru tkanki tłuszczowej i mięśni: podczas skanowania uwzględnić masę zwierzęcia.		
Cechy tuszy	Masa tuszy cieplej/zimnej Grubość tłuszczu i mięśni/ powierzchnia/szerokość Wydajność rzeźna /KO% masa wyrębów			- zwierzę - ojciec x rok w stadzie - grupy genetyczne	Do KO% potrzebna jest masa przedubojowa

2.4.2 Parametry genetyczne

Zdecydowanie zaleca się stosowanie parametrów genetycznych oszacowanych w ocenianej populacji. Każdy kraj x populacja powinien wykorzystywać własne parametry genetyczne (wariancje genetyczne, trwałe wariantcje środowiskowe, wariantcje rezydualne, kowariancje w przypadku oceny wielocехowej).

W celach informacyjnych poniżej podano zazwyczaj wykorzystywane parametry

genetyczne (Safari et al, 2005; parametry francuskie).

Tabela 4. Parametry genetyczne cech mięsnych.

Cechy	Odziedziczalność	Współczynnik wariancji (%)
Masa tuszy	0.20-0.30	17.6
Grubość tłuszczu – przyżyciowo, masa skorygowana	0.25	12.7
Grubość tłuszczu – punkt C tuszy	0.30	46.2
Grubość tłuszczu - punkt GR tuszy	0.32	40.1
Wysokość oka polędwicy - przyżyciowo, masa skorygowana	0.22	10.8
Szerokość oka polędwicy - przyżyciowo, masa skorygowana	0.04	6.3
Powierzchnia oka polędwicy - przyżyciowo, masa skorygowana	0.14	7.9
Wysokość oka polędwicy - tusza	0.30	11
Szerokość oka polędwicy - tusza	0.38-0.50	6.9
Powierzchnia oka polędwicy - tusza	0.41	13.8
Wydajność chudego mięsa - przyżyciowo, masa skorygowana	0.35	9

2.4.3 Zalecane warunki wstępne do rejestracji zwierzęcia

- Rasa.
- Rodzaj urodzenia/odchowu.
- Stado urodzenia / stado odchowu.
- Ojciec.
- Matka genetyczna.
- Matka odchowująca.
- Zastosowanie AI / ET.
- Płeć.
- Data kastracji (jeśli dotyczy).
- Wiek matki.
- Data urodzenia i data ważenia lub wiek w dniu ważenia.
- Zarządzanie grupą technologiczną (np. grupy pastwiskowe).
- Data i powód śmierci.
- Data pomiaru i nazwisko/kod operatora.

Jeżeli zwierzęta były zarządzane inaczej w okresie poprzedzającym pomiar, należy przydzielić grupę technologiczną. Przy obliczaniu wpływu środowiskowego grupy bardzo ważne jest posiadanie skutecznych powiązań genetycznych między grupami. Za skuteczne powiązanie genetyczne uważa się zwykle 20 ocenionych potomków wspólnego ojca w obu grupach technologicznych.

3 Cechy reprodukcji, matek i przeżywalności jagniąt

Cechy matczyne to zazwyczaj albo: 1. Mierzone bezpośrednio u samic hodowlanych, 2. Mierzone u samców hodowlanych, lub 3. Mierzone bezpośrednio u potomstwa, oraz 4. Mierzone bezpośrednio u potomstwa i odpowiednio podzielona wariancja genetyczna matki.

- Skanowanie ultradźwiękowe liczby jagniąt/koźląt (1).
- Liczba żywo urodzonych jagniąt/koźląt (1).
- Liczba martwo urodzonych jagniąt/koźląt (1).
- Liczba odchowanych (do zdefiniowanego punktu końcowego) jagniąt/koźląt (1).
- Przeżywalność jagniąt/koźląt do określonego wieku lub terminu ważenia (1, 3, 4).
- Obwód moszny (2).
- Problemy z wykotem (1).
- Wydajność mleka maciorek/kóz (1 – zmierzona bezpośrednio) albo oszacowana na podstawie tempa wzrostu jagniąt/koźląt jako cecha zastępcza dla wydajności mleka w określonym punkcie w czasie (3).
- Przeżywalność maciorek/kóz (1).

3.1 Ogólne rozważania i uzasadnienie

3.1.1 Ogólne rozważania

Cechy reprodukcyjne i matczyne są rejestrowane w gospodarstwie. W przypadku niektórych informacji (np. informacje z USG ciąży) dane są gromadzone przez przeszkolonych techników. O przeżywalności jagniąt/koźląt żywo urodzonych można wnioskować z danych zebranych przy urodzeniu i późniejszych ważeniach. Alternatywnie, przeżywalność jagniąt/koźląt jako cechę matki można opisać jako różnicę między liczbą płodów w połowie ciąży (badanie USG) a liczbą jagniąt/koźląt odchowanych przez matkę do określonego czasu (późniejsza okazja do rejestracji).

Należy zebrać wszystkie dane dotyczące wykotów zwierząt, które mają być utrzymywane jako zwierzęta hodowlane. Zakłada to, że wszystkie takie zwierzęta utrzymywane w celach hodowlanych, które zostaną wprowadzone do bazy danych, posłużą do oceny genetycznej. W niektórych krajach istnieje również wymóg, aby były one także zarejestrowane z numerem identyfikacyjnym związku hodowców (ID). Inwentaryzacja stada musi być prowadzona i aktualizowana (identyfikatory nowych zwierząt przeznaczonych do hodowli oraz identyfikatory zwierząt przeznaczonych na ubój lub sprzedawanych z zarejestrowanego stada).

Dla matki należy odnotować następujące dane (dane dotyczące wykotów i narodzin zebrane przez hodowców):

- a. ID matki genetycznej
- b. ID owcy mamki (jeśli inny niż 1). Należy zwrócić uwagę, że jeśli mamka nie należy do stada hodowlanego i nie ma oficjalnego numeru identyfikacyjnego, należy nadać obojętny numer, jak również odnotować rasę i wiek mamki.
- c. Data wykotu.
- d. ID jagniąt/koźląt. Należy pamiętać, że martwo urodzonym jagniętom należy przypisać numer identyfikacyjny, aby można było przypisać masę urodzeniową i płeć tym jagniętom/koźlątom i rodzeństwu.
- e. Płeć żywo i martwo urodzonych jagniąt/koźląt .

Dla ojca podczas krycia należy zarejestrować następujące dane:

- a. ID ojca
- b. Data wprowadzenia samca do stada, data wyprowadzenia. Wszelkie kolejne użyte samce należy rejestrować w ten sam sposób. Powinny one oznaczać grzbiety maciorek/kóz, aby określić, które owce będą rodić tryki/kozły po różnych ojcach i upewnić się w sprawie pochodzenia jagniąt/koźląt, które mogą pochodzić od obu ojców.
- c. Metoda reprodukcji (inseminacja lub krycie naturalne).

3.1.2 Uzasadnienie

Cechy reprodukcyjne są rejestrowane w celu poprawy genetycznej owiec mięsnych, ponieważ:

- a. są one motorem dochodów gospodarstwa (np. plenność);

- b. przy uwzględnieniu jedynie cech wzrostu i tuszy w programach hodowli owiec mogą wystąpić ujemnie skorelowane reakcje na płodność, oraz
- c. kilka zarejestrowanych cech płodności jest wykorzystywanych w modelu genetycznym do oceny wartości hodowlanej (np. wielkość miotu, w którym urodziło się jagnię).

Plenność (liczba urodzonych jagniąt/koźląt) zależy głównie od wskaźnika owulacji i przeżywalności zarodków.

Liczba odchowanych jagniąt/koźląt zależy zarówno od plenności, jak i przeżywalności jagniąt/koźląt od urodzenia do określonego punktu końcowego. Na przykład liczba jagniąt/koźląt odchowanych do 8 tygodnia życia.

Kluczowe wskaźniki efektywności stada często obejmują dwie definicje:

- a. Liczba urodzonych jagniąt/koźląt (martwych + żywych) na liczbę samic dopuszczonych do kryjącego samca(ów).
- b. Liczba urodzonych jagniąt/koźląt (martwych + żywych) na wykot.

Korzystanie z USG ciąży jest dobrym wskaźnikiem płodności, ponieważ zlicza liczbę płodów stwierdzonych u samicy w połowie ciąży. Informacje te mogą być następnie wykorzystane do przydzielenia odpowiedniego żywienia w późniejszych stadiach ciąży, w zależności od liczby jagniąt/koźląt noszących przez owcę/kozę.

Wiek pierwszego wykotu może dostarczać informacji na temat przedwczesnej dojrzałości matek, chociaż duży wpływ mają na niego decyzje dotyczące zarządzania stadem. Na przykład hodowca może zdecydować, że nie przeznaczają do krycia młodych owiec/kóz, które osiągnęły mniej niż 60% masy dojrzałego zwierzęcia w momencie możliwości pierwszego krycia.

Z tego samego powodu odstęp między wykotami (definiowany jako różnica między kolejnymi wykotami) może być również wskaźnikiem płodności samic, chociaż, ponieważ wiele owiec ma silną sezonową ruję, rzeczywiste opóźnienie czasowe jest głównie wskaźnikiem „pominięcia roku kojarzenia” w przypadku systemów wykotów raz do roku.

Sztuczna synchronizacja, stosowanie terapii hormonalnych lub narażenie na „nieznanych” samców przed kryciem oraz reżimy AI i ET wpływają na płodność i jakość owulacji.

Z tego powodu, aby porównać takie zwierzęta pod względem płodności, ważne jest,

aby wiedza na temat systemu hodowli i praktyk hodowlanych została ujęta w planowanym programie hodowlanym. W ten sposób informacje te mogą być odpowiednio „dostosowane” przy użyciu wiedzy o rodzaju zarządzania.

3.2 Definicja cechy

Ultrasonograficznie stwierdzona liczba jagniąt/koźląt w połowie ciąży: zwykle wykonywana około 70. dnia ciąży (60-90 dni). Można odnotować obecność/brak ciąży, ale najbardziej użyteczna jest liczba jagniąt/koźląt stwierdzonych u ciężarnej matki. Może to być 0,1,2,3, 4 lub więcej. Można zebrać dodatkowe informacje na temat etapu ciąży (np. wykot wczesny/późny w stosunku do określonej daty rozpoczęcia wykotów).

Liczba jagniąt/koźląt urodzonych żywych lub martwych: jest to liczba jagniąt/koźląt urodzonych (żywych i martwych), gdy ciąża osiąga pełną długość. Inne używane terminy to **wielkość miotu przy urodzeniu** lub **plenność**. Wartości mogą wynosić 1,2,3,4 lub więcej. Jagnięta/koźłeta, które padły wkrótce (w ciągu 24 godzin) po urodzeniu, muszą być odnotowane (oznaczone numerem) jako martwe. Aborcje można rejestrować jako owce/kozy „nie kocące się”. Czasami trudno jest stwierdzić, czy przedwczesne kocenie owiec/kóz są aborcjami. Ogólnie rzecz biorąc, późne aborcje zdarzają się rzadko i (w przypadku ekstensywnie zarządzanych stad) czasami nie można znaleźć poronionych jagniąt/koźląt.

Liczba odchowanych jagniąt/koźląt: jest to liczba jagniąt/koźląt odchowanych przez owcę/kozę, które nadal żyją w danym wieku. Jako informację dodatkową należy podać wiek, w którym uważa się, że jagnię/koźlę jest odchowane. Na przykład wiek można określić poprzez ważenie (na przykład w wieku ośmiu tygodni). Wartości mogą wynosić 1,2,3,4 lub więcej.

Przeżycie jagniąt/koźląt do określonego wieku: można je zapisać jako cechę matki (tj. jako liczbę żyjących własnych jagniąt/koźląt w danym wieku). Dane można wygenerować na podstawie obecności lub braku żywej masy jagnięcia/koźlęcia zarejestrowanej w docelowym wieku. Można to również zarejestrować jako bezpośrednią cechę jagnięcia/koźlęcia (tj. przypisanie własnych genów jagnięcia/koźlęcia do tego, czy przeżyją, czy nie). Cecha może być analizowana jako bezpośrednia cecha jagnięcia/koźlęcia, a matczyrna wariancja genetyczna stosowana

jako matczyzna składowa przeżywalności jagniąt/koźląt.

Odstęp między wykotami: odpowiada liczbie dni pomiędzy kolejnymi wykotami.

Wiek pierwszego wykotu: jest to wiek owcy podczas pierwszego wykotu.

Mleczność matki: jest również nazywana **zdolnością do macierzyństwa** owiec/kóz lub **zdolnością do doju**. Klasycznym wskaźnikiem jest masa potomstwa w połowie laktacji (30-50 dni), która reprezentuje zdolność matki do produkcji wystarczającej ilości mleka dla swojego potomstwa. Poniżej opisano przykładowe metody szacowania standaryzowanej masy po 30 dniach.

Łatwość wykotu: ocena przyznana przez rolnika opisująca, w jakim stopniu narodziny jagnięcia/koźlęcia były łatwe albo nie.

Wigor/aktywność jagnięcia/koźlęcia przy urodzeniu: ocena przyznana przez rolnika opisująca, w jakim stopniu jagnię/koźlę jest aktywne tuż po urodzeniu.

3.3 Główne geny związane z plennością

Kilka głównych genów zostało odkrytych w wielu rasach owiec od pierwszego odkrycia w Booroola Merinos (1982), które wpływają na tempo owulacji, a więc pośrednio na plenność. Możemy wymienić niektóre z nich:

- Merinos Booroola BMPR1B (Piper & Bindon, 1982; Davis *et al.*, 1992)
- BMP15 (X chromosome)
- Galway GDF9 (Hanrahan *et al.*, 2004)
- FecL mutation (autosomal chromosome) (Drouilhet *et al.*, 2009)
- Thoka gene (Russel *et al.*, 2010)
- Inverdale gene (Davis *et al.* 1991; 1992)

Lista ta nie jest ostateczna gdyż inne ważne geny powinny zostać wkrótce odkryte lub ujawnione. Dokładniejsze informacje o ww. genach zawarte są w raportach dostępnych w OMIA (*Online Mendelian Inheritance in Animals*), który jest katalogiem/kompendium zaburzeń dziedzicznych, innych cech (pojedynczego locus) i genów zwierząt.

Niektóre programy hodowli owiec aktywnie zgłaszają obecność lub brak głównych genów dla kluczowych aspektów produkcji, zdrowia lub wydajności. Niektórymi z tych

genów należy aktywnie zarządzać. Na przykład, w niektórych przypadkach, jeśli allel bardzo dobrej plenności ma pozytywny wpływ na heterozygotyczną samicę, jego wpływ jest często zbyt duży (prowadząc do wysokiego wskaźnika śmiertelności noworodków jagniąt) lub szkodliwy (z powodu problemów z płodnością) u homozygotycznych samic nosicielek.

3.4 Ocena genetyczna

3.4.1 Model oceny

Niektóre kraje uważają wykot w wieku 1 roku za cechę odrębną od wykotów w późniejszym wieku.

Dlatego zwierzęta mają dwie wartości hodowlane dla płodności, a także dla liczby urodzonych jagniąt/koźląt.

Zwierzęta można podzielić na grupy porównawcze, które mogą obejmować stado, rok urodzenia, sezon wykotów, miejsce wypasu.

3.4.1.1 Plenność

Wielkość miotu jest cechą dyskretną; z dobrą zgodnością między podstawowym modelem normalnym a obserwowaną częstotliwością wielkości miotu. Oceny genetyczne można uzyskać bazując na tej ukrytej skali rozkładu normalnego. Parametry progowe i ich rozmieszczenie uważa się za znane a priori (w praktyce oblicza się je dla każdej rasy zgodnie z częstością wielkości miotu). Analizowana zmienna to wynik normalny.

Jeśli genotypowany jest główny gen, zaleca się uwzględnienie tej informacji w modelu w celu lepszego oszacowania zmienności poligenicznej.

Model genetyczny obejmuje wartość genetyczną zwierzęcia, trwałe czynniki środowiskowe i czynniki stałe, w tym:

- a. Rasa ojca i matki
- b. Grupa porównawcza zdefiniowana jako stado*rok*sezon i ewentualnie miejsce wypasu
- c. Metoda reprodukcji i metody inseminacji / embryo-transfer
- d. Stan fizjologiczny owiec/kóz podczas wykotów (takie informacje jak: wiek

wykotu/kolejny wykot oraz liczba jagniąt odsadzonych od maciorki/kozy podczas poprzedniego wykotu)

e. Sezon urodzenia dla maciorek/kóz, matek jagniąt/koźląt

Plenność w rui wywołanej i plenność w rui naturalnej to dwie różne cechy (korelacja genetyczna około 0,75). Gdy w populacji praktykuje się wywołanie rui, możliwe jest uwzględnienie obu cech w ocenie, biorąc pod uwagę dwuczynnikowy model zwierzęcia z powtarzanymi pomiarami.

W takim przypadku można opublikować indeks EBV łączący plenność w przypadku rui wywołanej i naturalnej taki jak

$$EBV_{\text{prolificacy}} = a \text{ EBV}_{\text{natural oestrus}} + b \text{ EBV}_{\text{induced oestrus}}$$

Tłumaczenie:

Prolificacy – plenność

Natural oestrus – ruja naturalna

Induced oestrus – ruja wywołana

3.4.1.2 Zdolności matczyne

W celu oceny zdolności matczynej można ocenić dwie cechy w modelu dwucechowym:

- Wydajność mleczna (zastępczo — masa standaryzowana na 30 dzień);
- przeżywalność młodzięży przy odsadzeniu.

Wartości fenotypowe mierzy się u jagniąt/koźląt.

Model genetyczny obejmuje wartość genetyczną zwierzęcia, trwały czynnik środowiskowy i czynniki stałe, w tym:

- Rasa ojca i matki.
- Grupa porównawcza zdefiniowana jako stado * rok * sezon.
- Typ ssania (*od tłum.: czy jagnię/koźlę ma dostęp do matki ciągly czy kontrolowany np. 3 razy dziennie*).
- Typ urodzenia (urodzone jedno jagnię/koźlę, dwoje, troje...)
- Typ odchowu (odchowywane jedno jagnię/koźlę, dwoje, troje...)
- Liczba jagniąt/koźląt płci męskiej w miocie.
- Okres między wykotami.

- Wiek pierwszego wykotu.
- Kolejny wykot (ciąża).
- Liczba jagniąt/koźląt odsadzonych od maciorki podczas poprzedniego wykotu.

Czynniki te można połączyć lub oszacować jako interakcję.

Na przykład, możliwe jest rozważenie stanu fizjologicznego matki podczas kocenia jako kombinację między okresem między wykotami lub wiekiem pierwszego wykotu, kolejnym wykotem i liczbą jagniąt/koźląt odsadzonych od maciorki/kozy podczas poprzedniego wykotu; możliwe jest rozważenie kombinacji między rodzajem wykotu a rodzajem odchowu.

Można opublikować indeks łączący zdolność dojenia i przeżywalność młodzieży przy odsadzeniu EBV, taki jak:

$$EBV_{\text{maternal ability}} = a \cdot EBV_{\text{young survival at weaning}} + b \cdot EBV_{\text{milking ability}}$$

Tłumaczenie:

Maternal ability – zdolność macierzyńska

Lamb survival at weaning – przeżywalność młodzieży przy odsadzeniu

Milking ability – wydajność mleczna

3.4.2 Parametry genetyczne

Główne cechy zmienności poligenicznej to:

- Plenność ma niską odziedziczalność (0,08 - 0,10) i niską powtarzalność (0,15 - 0,20), ale dość wysoki współczynnik zmienności (35-45%);
- Korelacja genetyczna między rują naturalną i wywoływaną: 0,75.

Poniższa tabela przedstawia typowy zakres parametrów genetycznych rozrodu i cech matczynych.

Tabela 5. Parametry genetyczne cech reprodukcji.

Cecha	Odziedziczalność	Powtarzalność	Współczynnik zmienności
Liczba urodzonych jagniąt/koźląt	0.08-0.11	0.15-0.20	35-40% w warunkach naturalnych; 40-45% po wywołanej rui
Liczba odchowanych jagniąt/koźląt	0.03-0.09		
Okoloporodowa przeżywalność jagniąt/koźląt	0.05		
Przeżywalność jagniąt/koźląt przy odsadzeniu	0.10 (wpływ bezpośredni) 0.15 (wpływ matki)	0.30	

Źródła: ocena francuska.

4 Literatura

1. Davis, G.H., McEwan, J.C., Fennessy, P.F., Dodds, K.G., Farquhar, P.A. (1991). Evidence for the presence of a major gene influencing ovulation rate on the X chromosome of sheep. *Biol. Reprod.* 1991 Apr; 44(4):620-4.
2. Davis, G.H., McEwan, J.C., Fennessy, P.F., Dodds, McNatty, K.P., O, W.S. (1992). Infertility due to bilateral ovarian hypoplasia in sheep homozygous (FecXI FecXI) for the Inverdale prolificacy gene located on the X chromosome. *Biol. Reprod.* 1992 Apr; 46(4):1636-40.
3. Drouilhet, L., Lecerf, F., Bodin, L., Fabre, S., Mulsant, P. 2009. Fine mapping of the FecL locus influencing prolificacy in Lacaune sheep. *Animal Genetics*, Vol 40, issue 6, dec. 2009.
4. Fouilloux *et al.*, 2008. Measuring connectedness among herds in mixed linear models: from theory to practice in large sized genetic evaluations. *GSE* 40:145-159.
5. Foulley J.L., Hanocq E., Boichard D. 1992. A criterion for measuring the degree of connectedness in linear models of genetic evaluation. *Genet. Sel. Evol.*, 24: 315-330.
6. Hanrahan, J.P., Gregan, S.C., Mulsant, P., Mullen, M., Davis, G.H., Powell, R., Galloway, S.M. 2004. Mutations in the Genes for Oocyte-Derived Growth

- Factors GDF9 and BMP15 Are Associated with Both Increased Ovulation Rate and Sterility in Cambridge and Belclare Sheep (*Ovis aries*), *Biology of Reproduction*, Volume 70, Issue 4, 1 April 2004, Pages 900-909.
7. Kennedy B.W., Trus D. 1993. Considerations on genetic connectedness between management units under an animal-model. *J. Anim. Sci.*, 71: 2341-2352.
 8. Laloe D. 1993. Precision and information in linear models of genetic evaluation. *Genet. Sel. Evol.*, 25: 557-576.
 9. Lambe, N.R., Navajas, E.A., Simm, G., Bunger, L. (2006). A genetic investigation of various growth models to describe growth of lambs of two contrasting breeds. *J Anim Sci*. 2006 Oct; 84(10):2642-54.
 10. Lewis *et al.*, 1999. Assessing connectedness in across-flock genetic evaluations. In: *Proc. Br. Soc. Anim. Sci.*, Scarborough, England. p. 121.
 11. Macfarlane, J.M., Lambe, N.R., Matika, O., McLean, K.A., Masri, A.Y., Johnson, P.L., Wolf, B.T., Haresign, W., Bishop, S.C. & Bunger, L. (2010). Texel loin muscling QTL (TM-QTL) located on ovine chromosome 18 appears to exhibit imprinting and polar overdominance. *Proceedings of the 9th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*, Leipzig Abstract 199
 12. Macfarlane, J.M., Lambe, N.R., Bishop, S.C., Matika, O., Rius-Vilarrasa, E., McLean, K.A., Haresign, W., Wolf, B.T., McLaren, R.J. & Bunger, L. (2009). Effects of the Texel muscling quantitative trait locus on carcass traits in crossbred lambs. *Animal* 3, 189199
 13. Mathur P.K., Sullivan B.P., Chesnais J.P. 2002. Measuring connectedness: concept and application to a large industry program. In *Proc 7th World Congr. Genet. Applied to Livest. Prod.*, vol 32. Montpellier, pp 545-548.
 14. Piper, L. R. and Bindon, B. M. 1982. Genetic segregation for fecundity in Booroola Merino sheep. *Proceedings of the world congress on sheep and beef cattle breeding*, New Zealand (ed. Barton, R. A. and Smith, W. C.), vol. 1, pp. 395-400.
 15. Russel, A., Alexieva, S., & Elston, D. (1997). The effect of the introduction of the Thoka gene for fecundity on lamb production from Cheviot ewes. *Animal Science*,

64(3), 503507.

16. Safari, E., Fogarty, N.M. & Gilmour, A. R. (2005). A review of genetic parameter estimates for wool, growth, meat and reproduction traits in sheep. *Livestock Production Science*, 92 (3), 271-289
17. Vage, D.I. and Boman, I.A. 2010. A nonsense mutation in the beta-carotene oxygenase 2 (BCO2) gene is tightly associated with accumulation of carotenoids in adipose tissue in sheep (*Ovis aries*). *BMC Genet.* 2010 Feb 2;11:10.

5 Załącznik A: Obliczanie masy ciała w znormalizowanym wieku i przyroście

Obliczanie masy w znormalizowanym wieku i przyroście

Założmy, że mamy 2 masy w różnym wieku (masy W_1 i W_2 w datach A_1 i A_2)

Średni dzienny przyrost między D_1 i D_2 można obliczyć jako $ADG_{1,2}=(W_2-W_1)/(A_2-A_1)$.

Następnie możemy obliczyć masę W_n w standaryzowanym wieku (powiedzmy wiek A_n), używając $ADG_{1,2}$ przez ekstrapolację liniową lub interpolację.

Niezależnie od tego, jakie A_n jest przed A_1 , za A_2 , między A_1 i A_2

$$W_n=W_1+(ADG_{1,2} * (A_n-A_1))$$

$$\text{Lub (podobnie) } W_n= W_2 + (ADG_{1,2} * (A_n-A_2))$$

Przykład numeryczny

$W_1=10$ kg; $W_2=20$ kg; $A_1=30$; $A_2=50$ j

$$\text{- } ADG_{30,50}=(20-10)/(50-30)=0,5\text{kg/j}$$

$$\text{- } W_{40}=10+0,5 * (40-30)=15 \text{ kg}$$

$$\text{- } W_{20}=10+0,5 * (20-30)=5 \text{ kg}$$

$$\text{- } W_{60}=10+0,5 * (60-30)=25 \text{ kg}$$

Zasady braku obliczeń (np. w przypadku, gdy docelowy standaryzowany wiek jest zbyt odległy od wieku ze zmierzoną masą) muszą być opisane przez organizację odpowiedzialną za rejestrację wyników