

Genomika v chovatelské praxi

Malé zamyšlení nad novou metodou šlechtění skotu, která nedávno rozčeřila vcelku poklidné vody zaběhaných selekčních postupů.

Pojem genomika dokázal velmi rychle zpolarizovat také chovatelskou a plemenářskou veřejnost v ČR. Zkusme v několika odstavcích glosovat jiskřící plochy této problematiky. Pro snadnější pochopení poměrně složitých dějů je článek veden v populárnějším a volnějším duchu, nejedná se tedy o žádné vědecké pojednání.

Genomování představuje počátek významné, pravděpodobně průlomové biotechnologické metody šlechtění hospodářských zvířat zaváděné od loňského roku v chovatelsky pokrokových zemích do běžné praxe. Lze předpokládat, že s pomocí genomování (určení plemenné hodnoty zvířete podle utváření jeho DNA) se šlechtitelský proces urychlí a doufejme, že snad i zlevní. Očekává se samozřejmě postupné a průběžné zpřesňování genomické selekce, která by měla zcela nahradit dosavadní a ne zcela přesné metody šlechtění a výpočtů PH (plemenných hodnot).

V praxi by bylo možné v prvních letech mimo jiné očekávat především zrychlení genetického pokroku v běžných stádech například tím, že by chovatel nemusel selektovat v takové míře dcery po tzv. nepodařených či chovatelsky nezajímavých testantech (zhoršovatelé a indiferenti), kterých podle statistiky není málo. Nejméně 50-60%.

Pokud se později na potomstvu potvrdí dostatečná přesnost genomového odhadu PH býků, povede to k zásadní změně v držení plemenných býků na stanicích. Pravděpodobně i ke změně (snížení) využívání části býků prověřených na potomstvu, neboť v okamžiku jejich prověření budou již k dispozici další a patrně lepší mladí býci z nových genomově testovaných ročníků.

Někteří přední světoví šlechtitelé zmiňují jako perspektivní výhodu genomové selekce také rozšíření variability genetického základu populací. Osobně se domnívám, že v prvních letech nás čeká spíše pravý opak. A to zejména proto, že genomový profil vybraných býků je průběžně stanovován a zpětně hodnocen podle odhadů PH zjištěných na potomstvu, kde víme, že v tomto směru sehrává určitý negativní vliv právě matice příbuznosti v animal modelu, která kontinuálně zužuje genetickou špičku. To je zvláště výrazné dnes u holštýnského plemene a myslím, že to později vyústí v opravdu silnou potřebu vyhledávání málo frekventovaných, tzv. outcrossových jedinců či linií. Nejen z těchto důvodů se domnívám, že je velmi důležité, aby byla genomicky testována také domácí populace a mohla se v následující etapě zapojit do mezinárodního obchodu s geneticky zajímavými, mnohdy méně obvyklými až specifickými geny, tak jak k tomu u nás vcelku věcně přistoupil holštýnský svaz avšak při jednoznačném zachování výpočtů PH domácí populace v ČR s předpokladem budoucího využití nejspíše interbullové báze pro stanovení genomových PH jednotlivých zvířat.

Odpověď na otázku jak se bude genomika využívat v našich chovech bude záležet na více faktorech. Především na chovatelských záměrech. Zda půjde o chovatele zabývajících se běžnou komerční produkcí mléka a masa za účelem tvorby zisku, nebo chovatele, který má kupříkladu plemenářskou tradici a také dobré a úspěšné rodiny krav. Kromě komerční činnosti má pak ještě záměry v plemenáření, takže ho může zajímat i genomování samic.

Jak konkrétně se pak budou genomovaná zvířata využívat, na to bude mít důležitý vliv i to, jak budou chovatelé o celé problematice informováni. Mezi odborníky i obchodníky lze potkat jak nadšené propagátory, tak i zarputilé odpůrce. Většinou je to podle toho, jak snadný či nesnadný přístup mají k produktům a výsledkům této metody.

Osobně je mi blízký pragmatický pohled doplněný špetkou lehké skepse. Vycházím z předpokladu, že jestli se něco skutečně dědí, tak je to právě a přesně DNA. Nikoliv tedy zkažená loňská siláž, vadná technologie ustájení, či jiný pozitivní, respektive negativní vliv vnějšího prostředí, který dnes ještě stále obecně rozostřuje výsledky současně používaných, klasických výpočetních plemenářských metod. Proto jsem zcela přesvědčen o mimořádném významu této technologie pro budoucnost, byť cesta k její precizaci nemusí být až tak snadná, jak by se mohlo aktuálně zdát.

Putování po šroubovici DNA v praxi sice slibně začalo, ale vědce i spotřebitele čekají navzdory velkým počátečním pokrokům nejen známé, ale možná i neznámé překážky.

Další etapu využití genomovaných zvířat (tedy za cca 1-2 roky) asi nejsilněji ovlivní skutečnost, jak dopadne porovnání původních odhadů PH na základě DNA s odhady PH zjištěných na potomstvu podle stávajícího systému hodnocení PH, jehož základem je ovšem animal model. O něm se ví, že rovněž není dokonalý, jinak by se asi nehledala cesta k jeho náhradě. Bohužel dnes neexistuje žádná přesnější metoda. To je myslím jedno z větších rizik na této cestě a jistá nevyhnutelná překážka k dosažení větší přesnosti již při počátečních lokalizacích markerů zodpovědných za jednotlivé znaky.

Když to pro přiblížení opravdu velmi populárně zjednodušíme, tak animal model má jakési dvě hlavní části.

Ta první vychází ze skutečně zjištěných a naměřených hodnot (KU, lineární popis) jednotlivých zvířat ve vztahu k jejich vrstevníkům, vrstevnicím. Tato část se obvykle jeví zootechnikům a farmářům z pohledu jejich chovu celkem logická a fungující. Chovatelsky zajímavým a ne vždy doceněným údajem, který je ovlivněn pouze zjištěnými hodnotami jednotlivých zvířat v konkrétním stádě je zde například stájový index (index stáda).

Té druhé části animal modelu se také někdy říká matice příbuznosti. Zde navíc ještě vstupují do hry veškeré dostupné údaje (PH) o předcích a příbuzných těchto jednotlivých zvířat. Nicméně tyto údaje o různé kvalitě předků, sourozenců, atd. přímo ovlivňují vlastní vypočtenou plemennou hodnotu zvířete v tom smyslu, že má-li dané zvíře dobrou konstelaci příbuzenstva, tak mu to plemenné hodnoty zvyšuje a v opačném případě zase snižuje. Proto zde, a všimaví farmáři či zootechnici to již dávno zjistili, dost často dochází k paradoxním situacím v jejich stádech, kdy například evidentně lepší dojnice v určitém znaku (např. produkci bílkovin) má vůči svým vrstevnicím ve stejné fázi laktace, na shodném ustájení a na shodné výživě překvapivě dosti horší plemennou hodnotu pro tento znak. To je právě pro animal model charakteristické, že údaje zjištěné i na vrstevnicích v jiných chovech, na jiných ustájeních, jiné výživě, a k tomu navíc ještě na rodičích a sourozencích třeba v dřívějších obdobích, jsou zde na základě logické a nepochybně správné úvahy, že na větších počtech zvířat je vlastní dědičnost daných znaků statisticky průkaznější, použity pro korekci daných výsledků zmíněného zvířete ve stádě. Ono se totiž může stát, že např. původově špičková plemence má problémy s porodem, úrazem či podobně a její laktace tím značně utrpí. Nebylo to ale způsobeno zděděnými geny, nýbrž vlivem vnějšího prostředí. Kdyby k tomu ale nedošlo, měla by asi užiteklost podstatně vyšší. Proto získala vyšší PH, než skutečně prokázala v daném stádě.

To je ta pozitivní stránka působení animal modelu, který má hlavně co nejpřesněji stanovovat plemennou hodnotu, tedy vlastní genetickou výbavu zvířete.

To je ale současně i ta negativní stránka animal modelu. Jejím nositelem je rovněž tato matice příbuznosti. Jejím původcem jsou právě rozdílné podmínky chovatelských prostředí a různorodé frekvence zastoupení odlišných genotypů v populaci a jejich vzájemné interakce. Tyto poměry pochopitelně nejsou vždy přenositelné, nicméně do animal modelu se promítají. Projeví se již i na trochu odlišných chovech v rámci jednoho regionu, natož pak na odlišných populacích. Je známo dost případů geneticky identických jedinců (jednovaječných dvojčat), kteří získali v rámci jedné referenční populace i významně odlišné PH.

Z těchto důvodů lze v současné fázi procesů stanovování genomů obecně dovodit, že při převodu primárních údajů (SNP a markerů) odečtených z DNA na konkrétní podobu PH jednotlivých znaků u jednotlivých jedinců hraje stávající animal model pozitivní, ale i negativní roli.

Vůbec nejdůležitější roli zde ale hraje právě velikost (početnost) a homogenita tzv. referenční populace, vůči níž se údaje získané z DNA porovnávají. To je taková populace, o které lze obecně říci, že je dlouhodobě ovlivňována stejnými ekonomickými, tradičními chovatelskými, klimatickými i dalšími poměry a jejíž genotypový profil nevykazuje významné prvky nehomogenity.

Korelačními rozdíly mezi jednotlivými populacemi skotu se dlouhodobě a vcelku úspěšně zabývá mezinárodní organizace Interbull, jejímž členem je i naše země. Právě Interbull v současné době vyvíjí zajímavou aktivitu v oblasti využití svých dovedností a zkušeností k budoucímu možnému a účelnému porovnávání a převoditelnosti těchto referenčníchází.

A jak se bude vyvíjet další využívání genomové selekce? Tak za 3-5 let? Na to bych se sám nejraději podíval do skleněné koule. Domnívám se jen mlhavě, že během tohoto období by mohlo dojít k dalšímu zpřesnění metody genomování až do té úrovně, že již nebude nutně potřeba národních referenčních populací, ale odhadovat se bude za pomoci nějaké obdoby interbullu či jakési univerzální báze. A toto období by mohlo být ve znamení naléhavého hledání outcrossových výštepů napříč všemi populacemi. Pokud se ovšem již mezitím nezačne cíleně zasahovat do struktury DNA.

Další etapu využívání genomiky bych si už pak raději ani vůbec nepředstavoval.

Zde ale musím bohužel zmínit, že za nešťastné a především pro chovatele nic neřešící opatření považují rozhodnutí našeho strakatého svazu přenést výpočty PH z naší populace na populaci německo-rakouskou. Dojde pouze k přerušení kontinuity českých výpočtů. Pochopitelně pak vlivem jinak nastaveného animal modelu (podle německo-rakouské populace s tamní odlišnou maticí příbuznosti) vzniknou značné rozdíly oproti současným domácím výsledkům v PH a dojde tím ke zneprůhlednění průběžné práce nejen domácích šlechtitelů, kteří pochopitelně ne vždy používají pouze býky německo-rakouské provenience. Dojde i k významnému ovlivnění výsledků zvířat, která nejsou na této cizí populaci původově známá. Tito, především pak ti lepší jedinci, mohou být navzdory výsledkům dosaženým na české populaci znevýhodněni, a ti horší zase naopak, spíše zvýhodněni. Ve světle nejsilnějšího argumentu uváděného obvykle ve prospěch domácího šlechtění, kterým bývá právě prověřování, ale i výpočet PH v podmínkách autentické, byť u nás silně nehomogenní domácí populace, je toto rozhodnutí více než zarážející. Případná argumentace o přesnějších výpočtech na této cizí bázi, pokud by byla míněna vážně, by proto vyvolávala spíše úsměv.

Je dobré zmínit, že toto opatření nemůže nijak zásadně pomoci v dohledné době ani českým chovatelům strakatých dojnic s uplatněním na mezinárodním trhu genomovaného materiálu. Mám bohužel obavu, aby k nemilému překvapení domácích šlechtitelů to nebylo právě v těchto zemích ležících bezprostředně na západ a jih od nás. Sny a představy mohou být krásné, ale zvířata se třemi generacemi velmi úspěšných fleckvieh býků v původech, kterážto podmínka bývá esenciální pro přesnost stanovení úspěšného genomového indexu českého zvířete na německo-rakouské referenční bázi, je vůči této osmissetisícové kontrolované populaci velice málo. Je možno s lehkou nadsázkou hovořit o kapce v moři. Délku cesty ke změně tohoto stavu pak při generačních intervalech skotu si každý farmář dopočítá. Potenciální trh pro produkty našeho šlechtění bych nejspíše hledal na sever a východ od našich hranic, případně na Balkáně. Jako přímý důsledek tohoto přesunu výpočtů do ciziny bych spíše očekával výrazné posílení vlivu německo-rakouských býků na našem trhu především na úkor produktů domácího šlechtění. Komu by to prospělo, nechť každý posoudí sám.

Především je tu ale otázka, zda je tato (DEU-AUT) cesta českými chovateli opravdu tak plošně žádaná, jak se prezentuje, nebo je-li šlechtění primárně orientované na typ menších německo-rakouských chovů, vůbec do našich často velkovýrobních podmínek právě ideální?

Je zde logická možnost využití i německých genomiků na naší populaci. K tomuto také brzy dojde i přes některé současné obavy a rozporuplné názory právě strakatých šlechtitelů. Ty ale s příchodem prvních německých genomiků rychle zmizí. Pro tento účel pak, ale vůbec není nutno složitě přenášet výpočet PH na populaci zahraniční a ještě za to platit. Tam tito býci výsledky získají automaticky. Pro nás je naopak zajímavé znát pro korelační hodnocení jejich výsledky na populaci naší s příbuzenskými vazbami českými a nikoliv německými. Není zde totiž žádný (mimo obchodního) důvod, proč by pak měli být tito německo-rakouští genomici pro českého farmáře v žebříčku PH zvýhodňování maticí příbuznosti populace německo-rakouské, která ale v ČR opravdu neexistuje a hned tak existovat nebude! Navíc, je-li metoda genomování tak imaginární a nepřesná, na což někteří šlechtitelé chovatelskou veřejnost upozorňují, tak tím spíše je potřeba, aby se tato skutečnost ukázala v kontinuálním porovnání na domácí populaci počítané v Česku

nepřerušeně. Jinak se samozřejmě nezjistí vůbec nic, což je stav ideální pro slibotechny a mystifikátory všeho druhu. Nezbyvá než doufat, že pro chovatele, navzdory různým marketingovým hrátkám a zájmům, zůstane přeci jenom nedůležitější znát co nejobektivnější výsledky, které by mu ale ve stáji skutečně pomohly! K tomuto přání bohužel, pokud si ale zpětně rozebereme dlouhodobější statistiku domácího strakatého šlechtění, tak ona deklarovaná orientace na fleckvích dobytek, a to i přes nepochybně velmi aktivní podporu strakatého svazu a fanoušků těchto zvířat, zatím mnoho nepřispívá. A to zejména z důvodů ekonomických, což je nejvíce ovlivněno nerovnými dotačními poměry v EU a v jednotlivých zemích. Kromě toho se očividně a zjevně v domácí produkci strakatých býků prosazuje spíše typ skotu montbeliardského. To rozhodně není nevýznamný signál. Toto by především chovatelé, jako jediní nositelé ekonomických rizik a případných neúspěchů, neměli podceňovat. Doufejme jen, že tyto skutečnosti nejsou nakonec hlavní příčinou onoho výpočetního exodu?

Ať již se vývoj v genomice bude ubírat tím či oním směrem, tak nepochybně zůstane ještě nějakou dobu zdrojem diskusí i překvapení. Rozhodně ale není žádný důvod propadat jakékoliv malověrnosti. Vždyť třeba ve Francii existují krom jiných také např. populace Jerseyká (1300 ks v KU) či dokonce Simmentálská (15000 ks v KU). Také oni šlechtí svůj „internacionální“ dobytek, mají své programy, mají samozřejmě i spočtené a zveřejněné plemenné hodnoty a indexy se kterými pracují. Úvaha že by měli předat tyto své výpočty do jiné země, a to i navzdory takto málo početným domácím populacím, rozhodně není na pořadu dne. Možná to s tím „evropanstvím“ není v Evropě až tak vážné. Konec konců, každý má nějaké zkušenosti. Z historie i současnosti.