

Streszczenie najważniejszych pozycji literatury nawiązujących do tematu „wartości hodowlanej”

- 1) **R.D. Green**; 2009; ASAS Centennial Paper: Future needs in animal breeding and genetics; *J. Anim Sci.* 2009. **87**: 793-800.

Streszczenie:

Opisowy artykuł mówiący co zostało zrobiono w celu lepszej oceny hodowlanej u zwierząt (kury, świnie i bydło) oraz co zostało jeszcze do zrobienia. Autorzy wspominają o potrzebie rozwijania metod opartych na nierównowadze sprzężeń w celu analizowania całych genomów dla wielu cech. Zaznaczają również, że istotną sprawą jest ocena zwierząt we wczesnym okresie ich życia.

Jednak według autorów najważniejszą rzeczą jest dokładne zrozumienie genów i metabolizmu, co w przeszłości było tłumaczone jako interakcje typu genotyp z efektem środowiskowym lub genotypu z genotypem (Mam dostęp tylko do abstraktu ale według tego co zrozumiałem autorzy trochę podważają sens stosowania interakcji, a próbują te rzeczy wytłumaczyć przy pomocy procesów zachodzących podczas metabolizmu).

Dodatkowo trzeba zająć się analizą takich cech jak stres, żywotność, adaptowalność do środowiska oraz sprawność wykorzystania składników pokarmowych.

- 2) **B. J. Hayes, P. J. Bowman, A. J. Chamberlain and M. E. Goddard**; 2009; Invited review: Genomic selection in dairy cattle: Progress and challenges; *J. Dairy Sci.* 2009. **92**: 433-443.

Streszczenie:

Autorzy zaznaczają wielką rolę selekcji genomowej w ocenie bydła mlecznego. Opisują na czym ta selekcja polega i mówią, że wyliczanie indeksu może przebiegać po wszystkich pojedynczych SNP lub po haplotypach. Zaznaczają także, iż do wyliczenia indeksu selekcyjnego dla późniejszych pokoleń potrzebna jest jedynie wiedza genomowa a nie fenotypowa. Mówią również o wyznaczeniu dokładności i wychwalają, że największy (a może jedyny) wkład w rozwój dokładności miały USA, Australia, Nowa Zelandia i Holandia. Wspominają także o zaletach stosowania metody BLUP oraz włączania efektu addytywnie poligenicznego, w celu modelowania wszystkich wariacji genetycznych nie wynikających z markerów. Zaznaczają także, że dokładność dla GEBV była istotnie większa niż dokładność rodziców dla uśrednionej wartości hodowlanej.

- 3) **F. Miglior, W. Gong, Y. Wang, G. J. Kistemaker, A. Sewalem and J. Jamrozik**; 2009; Short communication: Genetic parameters of production traits in Chinese

Holsteins using a random regression test-day model; *J. Dairy Sci.* 2009. **92**: 4697-4706.

Streszczenie:

- a) do estymacji parametrów genetycznych został użyty model mieszany z regresjami losowymi;
 - b) efekty modelowano przy pomocy wielomianów Legendre stopnia czwartego;
 - c) zbiór danych składa się z 9 706 (posiadano 109 005 próbných udojów) krów rasy chińskiej HF pochodzących z 54 stad (był to losowy podzbiór losowany ze zbioru 30 942 krów pochodzących ze 105 stad);
 - d) analizowane cechy to wydajność mleka, tłuszczu, białka oraz liczba komórek somatycznych;
 - e) analiza była przeprowadzana w celu uzyskania wartości hodowlanej w narodowym programie wyznaczania wartości hodowlanej u rasy chińskiej HF;
- 4) **I. Strandén and D. J. Garrick**; 2009; Technical note: Derivation of equivalent computing algorithms for genomic predictions and reliabilities of animal merit; *J. Dairy Sci.* 2009. **92**: 2971-2975.

Streszczenie:

Autorzy artykułu proponują metodę obliczania zmniejszającą ilość równań potrzebnych do obliczenia macierzy współczynników w przypadku gdy ilość zwierząt użytych w analizie jest znacznie większa niż liczba SNP.

- 5) **S. König, H. Simianer and A. Willam**; 2009; Economic evaluation of genomic breeding programs; *J. Dairy Sci.* 2009. **92**: 382-391.

Streszczenie:

Tu tak dla zauważenia, że ukazał się artykuł, który Sven König prezentował podczas seminarium w Wojnowicach.