

Postęp genetyczny u zwierząt w świetle stosowania nowoczesnych biotechnik gamet i zarodków

Tomasz Szwaczkowski
Marek Świtoński
Katedra Genetyki
i Podstaw Hodowli Zwierząt
Akademia Rolnicza
Poznań

1. Wstęp

Dokonujący się postęp genetyczny w populacjach zwierząt gospodarskich determinowany jest w głównej mierze intensywnością selekcji, rozmiarem zmienności genetycznej i dokładnością oceny wartości genetycznej (lub hodowlanej, gdy uwzględniane są jedynie efekty działania genów addytywnych) osobników. Celem wprowadzania do hodowli nowych biotechnik rozrodu czy inżynierii genetycznej jest przede wszystkim wzrost intensywności selekcji osobników. Od lat pięćdziesiątych służy temu zastosowanie sztucznego zapłodnienia (inseminacji) samic, którego głównym efektem jest zwiększenie ostrości selekcji rozplodników. Podobny cel ma także introdukcja do programów hodowlanych metody poliowulacji i transplantacji zarodków, zwanej MOET (*Multiple Ovulation and Embryo Transfer*). W związku z większą liczbą potomstwa uzyskiwaną od samic gatunków niskoplennych, głównie krów, pojawiła się możliwość wzrostu intensywności selekcji samic. Tym tendencjom w selekcji w wydatny sposób może też sprzyjać klonowanie osobników oraz zapłodnienie *in vitro*, szczególnie przy zastosowaniu przyżyciowej metody pobierania niedojrzałych oocytów z jajników.

Selekcja prowadzi jednak do zmniejszenia się zmienności genetycznej, indukując tym samym prawdopodobieństwo wzrostu homozygotyczności (inbrodu). Wiąże się z tym szereg niekorzystnych zjawisk, określanых mianem depresji inbredowej. Jednak przy odpowiednio dobranym systemie kojarzeń osobników, zmniejszaniu się zmienności genetycznej nie zawsze musi towarzyszyć zimbredowanie populacji. Jednocześnie warto zauważyć, że jedna z bardziej obiecujących biotechnik — produkcja zwierząt transgenicznych sprzyja rozszerzeniu zmienności genetycznej poprzez wprowadzenie nowych genów do puli genowej danej populacji, które do tej pory w niej nie występowały.

Tak jak już wspomniano, trzecim z czynników wywierających istotny wpływ na kształtowanie się trendów genetycznych jest dokładność oceny zwierząt, której odzwierciedleniem jest korelacja między wartością fenotypową i genetyczną osobników. Wykreowane w ciągu ostatnich dziesięcioleci metody oceny wartości hodowlanej dostosowane były do warunków hodowli tradycyjnej, w której reprodukcja bazowała na kryciu naturalnym, bądź inseminacji samic. Taki sposób rozrodu sprawiał, że najbardziej stabilnym elementem wartości genetycznej osobnika pozostawały efekty genetyczne addytywne, będące skutkiem sumującego działania genów. Inne składowe wartości genetycznej, będące wynikiem interakcji w ramach jednej pary genów (dominacja) i między różnymi parami genów (epistaza), w pewnym stopniu ulegały entropii. W praktyce dominacja i epistaza postrzegane były najczęściej jako komponenty heterozji. Zasadniczym kryterium selekcyjnym zwierząt były zatem wielkości genetycznych efektów addytywnych, zwane wartością hodowlaną. Wprowadzenie nowych metod reprodukcji zwierząt otworzyło możliwości uzyskania większej liczby identycznych (lub o wysokim stopniu spokrewienia) osobników co sprawiło, że rola efektów dominacyjnych i epistatycznych znacznie wzrosła. Połącza to za sobą także wzrost znaczenia innych źródeł zmienności genetycznej cech, uważanych dotychczas za marginalne, takich jak dziedziczenie cytoplazmatyczne, czy zjawisko „imprintingu gametycznego”.

Pojawienie się w populacji większej liczby podobnych genetycznie osobników, jak również konieczność uwzględnienia innych aniżeli addytywne efektów genetycznych, nieco skomplikowało możliwości aplikacyjne dotychczasowych metod hodowlanych. Z kolei osiągnięcia ostatnich lat w dziedzinie mapowania i identyfikacji genów głównych poddały w wątpliwość jedno z zasadniczych założeń konwencjonalnych metod hodowlanych — poligeniczność cech. Także realne już perspektywy uzyskania zwierząt transgenicznych wskazują na potrzebę rewizji programów hodowlanych.

W pracy tej przedstawiono wpływ niektórych nowoczesnych biotechnologii stosowanych w hodowli na dynamikę postępu genetycznego populacji ze szczególnym uwzględnieniem rekonstrukcji dotychczasowych modeli oceny zwierząt.

2. Przenoszenie zarodków zwierząt

Głównym motywem wprowadzenia w połowie lat siedemdziesiątych tego stulecia metody MOET do programów hodowlanych było zwiększenie rozrodczości samic gatunków niskoplennych, a w konsekwencji przyspieszenie postępu hodowlanego (4). Największe możliwości zastosowania tej metody, ze względu na relatywnie łatwy (niechirurgiczny) sposób wypłukiwania zarodków od dawczyń i ich dalszej transplantacji do biorczyń, zarysowały się w hodowli bydła. W przypadku innych gatunków zwierząt (koni, trzody chlewnej, owiec) z różnych względów metoda ta nie znalazła do tej pory szerszego zastosowania. System MOET stawał się sukcesywnie elementem programów hodowlanych bydła w wielu krajach. Efektem tego była pewna rekonstrukcja sche-

matu transmisji wartości genetycznej pokoleń (postępu hodowlanego) wykreowanego w dobie intensywnego rozwoju inseminacji krów. Model oparty o szeroko stosowaną inseminację sprawiał, że prawie połowa (43%) postępu hodowlanego determinowana była ścieżką ojciec-syn. Uzyskiwany postęp hodowlany wynikający z przepływu informacji genetycznej między pokoleniami innymi ścieżkami był znacznie niższy (4): ojciec-córka (18%), matka-syn (33%) i matka-córka (6%). Zastosowanie MOET stworzyło szanse zwiększenia intensywności selekcji krów. McDaniel i Cassel (11) wykazali, że w stadach tradycyjnych (tzn. średnio jedno cielę od jednej krowy w ciągu roku) dla zachowania reprodukcji prostej, 90% krów stanowić musi stado selekcyjne. Natomiast, możliwość uzyskania od jednej krowy około 20 cieląt rocznie sprawia, że na matki przyszłego pokolenia można wybrać, po znacznie ostrzejszej niż poprzednio selekcji, tylko kilka procent krów. Z tym zagadnieniem ściśle wiąże się kwestia dokładności oceny wartości hodowlanej krów dawczyń zarodków. Konsekwencje ewentualnych błędów w rankingu krów są o wiele większe, aniżeli w przypadku konwencjonalnej hodowli. Do oczywistych korzyści płynących z zastosowania MOET należy zaliczyć możliwość wcześniejszej oceny bydła (głównie buhajów) w oparciu o grupy rodzeństwa i półrodzeństwa. Dodatkowym elementem, który wpływa na intensywność selekcji, a tym samym na wielkość uzyskiwanego postępu hodowlanego jest odstęp pokoleń. W metodzie MOET parametr ten ulega pożądanemu zmniejszeniu poprzez przyspieszenie oceny wartości genetycznej buhaja, którą prowadzi się w oparciu o wydajność sióstr i półsióstr, zamiast córek jak ma to miejsce w programach konwencjonalnych. Przytoczone opinie zawierały niewątpliwe argumenty przemawiające za coraz szerszym wprowadzaniem techniki przenoszenia zarodków do programów hodowlanych, mimo relatywnie wysokich kosztów tych operacji.

W konwencjonalnych metodach oceny wartości hodowlanej bydła, głównie metodą CC (*Contemporary Comparison*) i jej modyfikacjami, mimo wielu restrykcyjnych założeń i pewnej popularności wśród hodowców, nie uzyskiwano faktycznie predyktorów wartości hodowlanych, rozumianych jako genetyczne efekty addytywne. Stąd też ocena ta uniemożliwiała identyfikację poszczególnych efektów genetycznych, wynikających z różnych form współdziałania genów (addytywność, dominacja itp.). Perspektywy otrzymania precyzyjnych ocen tych efektów pojawiły się wraz z zastosowaniem w ocenie wartości hodowlanej tzw. modelu zwierzęcego (*Animal Model*), opartego o formułę najlepszego liniowego nieobciążonego przewidywania — BLUP (8). Tak jak już podkreślono wprowadzeniu systemu MOET towarzyszy wzrost liczebności grup pełnego rodzeństwa, co wiąże się ściśle z większą rolą efektów genetycznych nieaddytywnych. Niekorzystnym skutkiem hodowlanym tego systemu może być także zimbredowanie osobników. Przytoczone kwestie (jak również wspomniana już większa intensywność selekcji) nieco utrudniają ocenę wartości hodowlanej w oparciu o *Animal Model*. Trudności te mają różnorakie źródła. Najczęściej jednym z nich jest konieczność uwzględnienia w modelu liniowym oceny efektów genetycznych nieaddytywnych, gdyż w przeciwnym przypadku predyktory wartości hodowlanej (genetycznych efektów addytyw-

nych) są obciążone błędem (19). Zachodzi zatem potrzeba skonstruowania macierzy spokrewnień: addytywnych, dominacyjnych, itp. Maki-Tanila i Kennedy (10) wskazują na dodatnią zależność między depresją inbredową, a wzrostem spokrewnień dominacyjnych. Pewnym paradoksem pozostaje zatem fakt, że zimbredowanie utrudnia, a wręcz uniemożliwia uzyskanie odwrotnej macierzy spokrewnień dominacyjnych (5,3) niezbędnej do predykcji efektów dominacyjnych. Procedura *Animal Model* wymaga także podstawienia ocen komponentów kowariancji genetycznych (addytywnych i nieaddytywnych) oraz błędu do układu równań mieszanych. Uzyskanie nieobciążonych ocen tych komponentów jest znacznie ograniczone przez selekcję. Innym istotnym problemem jest konstrukcja algorytmów obliczeniowych pozwalających na szacowanie (estymację) komponentów wariancji genetycznej (szczególnie epistatycznej wyższych stopni — obejmującej wiele par genów) i predykcję odpowiednich efektów w populacjach wielopokoleniowych.

Rekapitulując należy stwierdzić, że wprowadzenie techniki poliwulacji powiązanej z transplantacją zarodków do praktyki hodowlanej (szczególnie hodowli bydła) prowadzi w pierwszym rzędzie do wzrostu intensywności selekcji, stymulując tym samym postęp genetyczny. Ograniczeniu ulega jednak zmienność genetyczna, co w konsekwencji prowadzi do komplikacji w ocenie wartości genetycznej zwierząt.

3. Zapłodnienie *in vitro*

Pozyskiwanie zarodków od wartościowych samic może bazować na zapłodnieniu *in vivo* lub *in vitro*. Poliwulacja, zapłodnienie *in vivo*, niechirurgiczne pozyskiwanie zarodków (wyplukiwanie) oraz ich przenoszenie do samic-biorczyń jest podstawą systemu MOET u bydła. Coraz większe osiągnięcia w zakresie przeprowadzania zapłodnienia *in vitro* stanowią obiecującą możliwość rozwinięcia dotychczasowego modelu MOET. Szczególnie interesująca jest technika zapłodnienia *in vitro* bazująca na przyżyciowym pozyskiwaniu oocytów od krów (9,20). Technika ta pozwala na uzyskiwanie kilkunastu oocytów podczas jednego zabiegu, przy cotygodniowej częstotliwości zabiegów. Wykorzystanie tej techniki pozwoli na dalsze zintensyfikowanie selekcji samic. Jeżeli technika ta mogłaby być zastosowana w odniesieniu do młodych samic, to wówczas także by osiągnięto skrócenie odstepu pokoleń. Jeszcze radykalniejsze skrócenie odstepu pokoleń będzie możliwe jeżeli uda się opanować technikę dojrzewania i zapłodnienia *in vitro* oocytów pozyskiwanych z płodów żeńskich (2).

4. Regulacja płci potomstwa

Skuteczna regulacja płci potomstwa może być prowadzona po opanowaniu rozdziału plemników na frakcję z chromosomem X i na frakcję z chromosomem Y lub oznaczenia płci zarodków przy okazji dokonywania zabiegu ich

przenoszenia. Obecny stan wiedzy pozwala już na skuteczną i szybką ocenę płci zarodków. Ocena ta bazuje na identyfikacji DNA chromosomu Y dzięki metodzie PCR (*Polymerase Chain Reaction*). Bardzo interesujące są prace zmierzające do opanowania techniki rozdziału plemników w oparciu o pomiar zawartości DNA w cytofotometrze przepływowym (14).

Regulacja płci potomstwa może pozwolić na dalszy rozwój systemu MOET poprzez szybsze uzyskanie potomstwa pożądanej płci. Wpłyne to również na zagwarantowanie niezbędnej dokładności oceny wartości genetycznej selekcyonowanych buhajów.

5. Klonowanie zwierząt

Obecny rozwój badań embrionalnych pozwala na praktyczne wykorzystanie najprostszej formy klonowania jaką jest mechaniczny podział zarodka (w stadium moruli lub wcześniej blastocysty) na dwie części. Zastosowanie takiej procedury do podziału na więcej części nie daje spodziewanych rezultatów ze względu na bardzo niską przeżywalność i niezdolność do dalszego rozwoju tak podzielonych zarodków. Inne metody klonowania takie jak: transplantacja izolowanych jąder blastomerów lub wykorzystanie pluripotentnych komórek pnia znajdują się na razie na poziomie eksperymentów laboratoryjnych i trudno przewidzieć kiedy i w jakim zakresie będą wprowadzane do praktyki hodowlanej (12). Równoległe powstają programy hodowlane oparte wyłącznie na klonowaniu embrionów (13). Obejmują one selekcję osobników przewidzianych do kojarzeń, następnie testowanie i selekcję klonów oraz etap komercyjny (klonowanie „towarowe”). Z każdego wyprowadzonego klonu część zarodków jest zamrożona, a reszcie umożliwia się dalszy rozwój. Uzyskane osobniki podlegają ocenie pod kątem cech ważnych z ekonomicznego punktu widzenia. Po przeprowadzonej ocenie część osobników ponownie jest wykorzystywana do kojarzeń w celu uzyskania kolejnych klonów, a pozostałe są wykorzystywane do celów komercyjnych (obejmuje to również zarodki rozmrożone, które oczekiwały na wyniki oceny). W tym miejscu należy wspomnieć o ewentualności wyprowadzenia wyspecjalizowanych klonów (linie męskie — *terminal clones* i żeńskie — *maternal clones*). Główny nacisk w kreowaniu linii męskich położony byłby na cechy użytkowe: przyrosty masy ciała, skład tuszy, konwersja paszy itp. Natomiast w przypadku linii żeńskich szczególną wagę przywiązywano by do cech reprodukcyjnych. Przedstawiony zarys metod hodowlanych klonów znacznie odbiega od metod hodowli tradycyjnej nie tylko w odniesieniu do intensywności selekcji, ale przede wszystkim do struktury genetycznej populacji. Głównym skutkiem klonowania jest powstanie grup genetycznie identycznych osobników. Miarą podobieństwa klonu jest współczynnik korelacji wewnątrzklonowej (H^2), który definiowany jest (przez analogię do współczynnika odziedziczalności) jako stosunek wariancji (obejmującej komponent genetyczny addytywny, dominacyjny, epistatyczny, cytoplazmatyczny i część wariancji środowiskowej) do wariancji fenotypowej. Wiel-

kość współczynnika H^2 jest miernikiem podobieństwa osobników pochodzących z jednego zarodka, a przez to dostarcza informacji o wiarygodności prognoz dotyczących wartości genetycznej klonu uzyskiwanych w oparciu o obserwację jednego osobnika. Należy zaznaczyć, że źródłem zmienności współczynnika korelacji wewnątrzklonowej jest nie tylko środowisko, aproksymacja wynikająca z zastosowanych metod, czy niedokładność pomiaru cech, ale również różnice genetyczne. Genetyczna identyczność osobników jest kwestionowana na podstawie przypuszczenia, że po implantacji zarodka może nastąpić wymiana (kontakt) pomiędzy cytoplazmą komórek zarodkowych i cytoplazmą komórek macicy samicy-biorczyni (13). Jest kwestią oczywistą, że problem ten w pewnym stopniu dotyczy również innych metod bazujących na przenoszeniu zarodków (np. takich jak MOET). Jednak wówczas ze względu na inne różnice genetyczne występujące między pełnym rodzeństwem, efekt cytoplazmatyczny odgrywa relatywnie mniejszą rolę w różnicowaniu osobników. Źródłem efektów cytoplazmatycznych u zwierząt jest mitochondrialny DNA. Odnośnie do zakresu i siły ekspresji genów mitochondrialnych oraz ewentualnych interakcji z genami jądrowymi istnieją w literaturze dość sprzeczne ze sobą opinie (15). Bell i in. (1) oraz Huizinga i in. (6) wskazali na znaczny udział komponentu cytoplazmatycznego w zmienności cech mleczności krów. Jednakże wyniki uzyskane przez Bella i in. (1) zostały zakwestionowane przez Kennedy'ego (7). Wydaje się, że główna przyczyna tych rozbieżności leży w trudnościach metodologicznych związanych z oddzieleniem efektu cytoplazmatycznego od innych efektów matecznych.

Podobnie jak w przypadku MOET, również i tutaj większa rola przypada nieaddytywnym formom współdziałania genów. Wiąże się to z faktem bardzo wysokiego stopnia pokrewieństwa klonowanych osobników oraz z potencjalnym efektem heterozji powstającym przy krzyżowaniu klonów wyspecjalizowanych linii.

Przedstawione zagadnienia wywierają istotny wpływ na złożoność oceny wartości hodowlanej osobników. Zachodzi konieczność uwzględnienia większej liczby efektów genetycznych, chociażby wspomnianych już efektów cytoplazmatycznych. Z włączeniem tych efektów do modelu ściśle wiąże się kwestia estymacji odpowiednich komponentów wariancji-kowariancji oraz konstrukcji macierzy spokrewnień i ich odwrotności. Szczególnym czynnikiem komplikującym znajdowanie odwrotnych macierzy spokrewnień jest fakt wystąpienia identycznych genotypów podlegających ocenie. Prowadzi to do sytuacji, w której macierz spokrewnień jest macierzą osobliwą i tym samym nie istnieje jej odwrotność. A zatem niemożliwe staje się uzyskanie predyktorów efektów genetycznych w oparciu o klasyczną formułę równań modelu mieszanego (8). Jednym z propagowanych w literaturze rozwiązań tego problemu jest potraktowanie osobników o identycznych genotypach jako wydajności tego samego osobnika. Konsekwencją takiego założenia jest uzyskanie takich samych ocen dla identycznych osobników bez względu na przestrzeń (środowisko) i czas oceny. Drugim rozwiązaniem tego problemu jest pewna dekompozycja układu równań mieszanych (MME), w którym zamiast znajdowania odwrotności ma-

cierzy spokrewnień, znajduje się odwrotność całej macierzy „lewych stron” układu równań mieszanych, co prowadzi do poważnych ograniczeń dotyczących liczby ocenianych osobników.

Klonowanie zwierząt w większym stopniu niż MOET może wpływać na intensywność selekcji. Przy optymalnym wykorzystaniu wyspecjalizowanych linii klonów (efekt heterozji) nie musi ona prowadzić do zmniejszenia się zmienności genetycznej. Nader ważnym problemem jest zagadnienie oceny zwierząt z punktu widzenia doboru osobników do kojarzeń w celu uzyskania klonów. Nie mniej ważne są komplikacje związane ze złożonością modeli przy ocenie klonowanych osobników. Bliższe poznanie wpływu komponentu cytoplazmatycznego oraz „mieszania się” cytoplazmy przy transplantacji zarodków na zmienność cech, może w przyszłości ukierunkować pracę hodowlaną także w stronę oceny samic-biorczyń zarodków.

6. Przenoszenie genów (zwierzęta transgeniczne)

Ostatnie lata przyniosły szereg istotnych osiągnięć w dziedzinie genetyki molekularnej zwierząt. Należy zaliczyć do nich badania nad mapowaniem genów (potencjalnych markerów genetycznych) i opisem różnych systemów polimorficznych, identyfikowanych bezpośrednio w DNA: RFLP oraz sekwencje mini- i mikrosatelitarne (17, 18). Ponadto udało się zidentyfikować i opisać tzw. geny główne (16). Znaczącymi przykładami są tutaj geny: karłowatości drobiu, podwójnego umięśnienia niektórych ras mięsnych bydła, plenności owiec Booroola, czy gen zdolności wydojowej kóz. Wykorzystanie tej wiedzy w programach hodowlanych daje realne perspektywy istotnego przyspieszenia postępu genetycznego.

Z drugiej strony osiągnięcia na polu genetyki molekularnej stanowią podstawę dla rozwoju inżynierii genetycznej, w tym przede wszystkim kompleksu zagadnień związanych z przenoszeniem genów. Dotychczasowe eksperymenty dotyczyły przenoszenia pojedynczych genów (21). Oznacza to, że technika ta ma szczególne znaczenie w odniesieniu do cech jakościowych determinowanych przez pojedyncze geny. Przykładami mogą być próby modyfikowania składu białek mleka. W przypadku cech ilościowych, które są warunkowane przez dość dużą (bliżej nieznaną) liczbę genów o małych wyrównanych efektach oraz ewentualnie przez geny z dużymi efektami (geny główne), możliwości wykorzystania tej techniki są praktycznie ograniczone do genów głównych, np. gen hormonu wzrostu.

Ocena wartości genetycznej zwierząt oparta o *Animal Model* — BLUP składa się z minimum dwóch składowych: oceny efektu genotypu głównego (trakowanego w mieszanym modelu liniowym jako efekt stały), predyktora efektów losowych, genetycznych, addytywnych i ewentualnie predyktorów efektów losowych, genetycznych, nieaddytywnych. Taka procedura, przy zidentyfikowanych genotypach głównych, zapewnia teoretycznie wysoką dokładność ocen, ale praktycznie natrafia na bariery związane z estymacją genetycznych kom-

ponentów wariacji wolnych od zmienności wynikającej z efektów genotypów głównych. Do tej pory nie znana jest metoda pozwalająca na w miarę precyzyjne rozróżnienie tych komponentów wariacji. Konsekwencją tego jest obciążenie błędem ocen genetycznych efektów losowych.

Z partycypacją genów głównych w determinowaniu cech użytkowych zwierząt wiążą się dwa ważne aspekty hodowlane. Pierwszy z nich dotyczy rewizji paradygmatu poligeniczności. Istotą stosowanych obecnie metod hodowlanych (oceny parametrów genetycznych, wartości hodowlanej, trendów genetycznych itp.) jest przyjęcie założenia genetycznej determinacji cech przez dużą nie znaną liczbę par genów addytywnych (poligeniczność). Założenie to stworzyło przesłanki do korzystania z pakietu znanych i popularnych metod statystycznych, znajdujących zastosowanie w hodowli i genetyce zwierząt, bazujących na rozkładzie normalnym obserwacji cech. Udział genów głównych w determinowaniu cech sprawia, że rozkład zarówno genotypów, jak i fenotypów osobników może diametralnie odbiegać od rozkładu normalnego. Pominięcie tego faktu prowadzi do obarczenia dokonywanych ocen i prognoz dużym błędem. Drugim aspektem hodowlanym omawianego zagadnienia jest zmiana struktury genetycznej populacji i jej konsekwencje znajdujące odzwierciedlenie w efektywności selekcji. Dochodzi do wzrostu zmienności genetycznej (rozumianej tutaj jako finalny efekt oddziaływań wszystkich genów, w tym głównych), a tym samym wzrostu reakcji na selekcję (jej genetycznym odpowiednikiem jest postęp hodowlany). Wpływać z tego może także wzrost reakcji skorelowanej z innymi cechami — na skutek sprzężeń, bądź pleiotropowego działania genów.

Przedstawiony w artykule przegląd niektórych aspektów hodowlanych — związanych z wykorzystaniem nowoczesnych technik — jasno pokazuje, że towarzyszyć im winno nowe spojrzenie na zagadnienie oceny wartości genetycznej zwierząt, która jest podstawą ich selekcji.

Literatura

1. Bell B. R., McDaniel B. T., Robinson O. W., (1985), *J. Dairy Sci.*, 68, 2038.
2. Betteridge K. J., Smith C., Stubbings R. B., Xu K. P., King W. A., (1989), *J. Reprod. Fert., Suppl.*, 38, 87.
3. De Boer I. J. M., Van Arendonk J. A. M., (1992), *Theor. Appl. Genet.*, 84, 451.
4. Dymnicki E., Reklewski Z., (1989), *Post. Nauk Roln.*, 4(5) 6, 57.
5. Hoeschele I., Van Raden P. M., (1991), *J. Dairy Sci.*, 74, 557.
6. Huizinga H. A., Korver S., McDaniel B. T., Politiek R. D., (1986), *Livest. Prod. Sci.*, 15, 11.
7. Kennedy B. W., (1986), *J. Dairy Sci.*, 69, 3100.
8. Kennedy B. W., (1989), *Animal Model — BLUP*. Erasmus Graduate Course, Trinity College Dublin.
9. Kruij Th. A. M., Pieterse M. C., Van Beneden Th. H., Vos P. L. A. M., Wurth Y. A., Taverne M. A. M., (1991), *Vet. Rec.*, 128, 208.
10. Maki-Tanila A., Kennedy B. W., (1986), 3rd World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod., XII, 443.
11. McDaniel B. T., Cassel B. G., (1981), *J. Dairy Sci.*, 64, 2484.
12. Modliński J., Karasiewicz J., (1992), *Zesz. Nauk. Przegl. Hodowl.*, 6, 133.

13. Smith C., (1989), Anim. Prod., 49, 49.
14. Smorąg Z., (1992), Zesz. Nauk. Przegl. Hodowl., 6, 91.
15. Szwaczkowski T., (1992a), Przegl. Hodowl., 1, 22.
16. Szwaczkowski T., (1992b), Przegl. Hodowl., 6, 3.
17. Świtoński M., (1992a), Zesz. Nauk. Przegl. Hodowl., 6, 31.
18. Świtoński M., (1992b), Biotechnologia, 1, 16, 76.
19. Tempelman R. J., Burnside E. B., (1991), J. Anim. Breed. Genet., 108, 330.
20. Van Der Schans A., Van Rens B. T. T. M., Van Der Westerlaken L. A. J., De Wit A. A. C., (1992), 12 Internat. Congr. Anim. Reprod., 3, 1366.
21. Zwierzchowski L., (1992), Zesz. Nauk. Przegl. Hodowl., 6, 118.

Genetic gain in livestock populations and application of modern biotechniques of gametes and embryos

Summary

The objective of this paper was to present an influence of some new biotechnologies on the increase of the livestock genetic gain. The effects of the following biotechniques were discussed: embryo transfer, multiple ovulation, *in vitro* fertilization of oocytes, embryo and semen sexing, cloning as well as creating transgenic animals. Application of these biotechniques increases selection intensity and decreases genetic variability (except for creating transgenic individuals). Moreover, modification of classical models of evaluation of the genetic value of animals is necessary.

Key words:

in vitro fertilization, embryo transfer, multiply ovulation, transgenic animals.

Adres dla korespondencji:

Tomasz Szwaczkowski, Katedra Genetyki i Podstaw Hodowli Zwierząt, Akademia Rolnicza, ul. Wołyńska 33, 60-637 Poznań.