

Streszczenie rozprawy doktorskiej mgr inż. Dawida Słomiana pt.:

Ocena wartości hodowlanej bydła przy użyciu modelu jednostopniowego

Promotor: prof. dr hab. Joanna Szyda

Promotor pomocniczy: dr inż. Kacper Żukowski

Data sporządzenia streszczenia: 05.12.2025

Praca wykonana w Instytucie Zootechniki Państwowym Instytucie Badawczym w Balicach.

Modele jednostopniowe stają się standardową procedurą używaną w ocenie wartości hodowlanej bydła w wielu krajach. Modele te, cechuje wykorzystanie wszystkich dostępnych informacji o zwierzęciu, tj. informacji fenotypowej, genotypowej i rodowodowej. Korzyść płynąca z użycia modeli jednostopniowych to wspólna ocena wartości hodowlanej zarówno dla zwierząt zgenotypowanych i niezgenotypowanych. Jednakże, złożoność modelu wynikająca z dużej liczby skorelowanych efektów, prowadzi do wyzwań obliczeniowych. Najczęściej stosowane formuły statystyczne to model jednostopniowy genomowej najlepszej liniowej nieobciążonej predykcji (**G-BLUP**) oraz model jednostopniowy najlepszej liniowej nieobciążonej predykcji opartej na markerach polimorfizmu pojedynczego nukleotydu (**SNP-BLUP**).

Celem niniejszej rozprawy było zastosowanie i sprawdzenie jakości predykcji wartości hodowlanych, przy użyciu modeli jednostopniowych w oparciu o populację bydła Holsztyńsko-fryzyjskiego pochodzącej z rutynowej oceny wartości hodowlanej w Polsce. W szczególności skupiono się na aspektach metodycznych, takich jak: wpływ głębokości rodowodu na ogólną zbieżność modelu, porównaniu różnych podejść modeli jednostopniowych, porównaniu wyników pomiędzy dwoma oprogramowaniami MiXBBLUP i BLUPF90 oraz porównaniu różnych podejść kodowania brakujących informacji rodowodowych w zależności od ilości brakujących danych.

Podsumowując, głębokość rodowodu ma znaczący wpływ na tempo zbieżności, im większa liczba pokoleń, tym więcej czasu potrzebuje model do uzyskania zbieżności. Różne podejścia modeli jednostopniowych dają zbliżone wyniki i nie zaobserwowano znaczących różnic, jednakże należy zwrócić uwagę na liczbę osobników rdzeniowych w podejściu **APY**

(model **G-BLUP** z użyciem zestawu osobników rdzeniowych), ponieważ zbyt mała liczba może skutkować niedoszacowanymi wynikami. Kolejnym aspektem jest wydajność obliczeniowa, która jest istotna przy analizowaniu dużej liczby danych. Model jednostopniowy **SNP-BLUP** potrzebował najmniej czasu do osiągnięcia zbieżności i zużył najmniej pamięci podręcznej. Porównanie wyników wartości hodowlanych modeli jednostopniowych pomiędzy oprogramowaniami MiXBBLUP i BLUPF90 wykazały zbliżone rezultaty. Kodowanie brakujących informacji rodowodowych ma wpływ na jakość oszacowań wartości hodowlanych. Podejścia z użyciem grup genetycznych i kodów metafounders, wykazują lepsze wyniki niż użycie rodowodu z brakami. Jednakże, podejście z użyciem kodów metafounders może prowadzić do niedoszacowań wartości hodowlanych przy wysokiej niekompletności rodowodu.

Uzyskanie wyniki poszerzają wiedzę na temat modeli jednostopniowych i ich zastosowaniu w ocenie wartości hodowlanej bydła. Dane genomowe są uzupełnieniem informacji wykorzystywanych w konwencjonalnej ocenie wartości hodowlanej, poprawiają zbieżność i dzięki nim model jest odporny na występujące braki danych. Wybór modelu, oprogramowania, podejścia kodowania brakujących rodziców zależy od kompletności, jakości i typu danych.