

Analiza struktury genetycznej - udział założycieli w puli genów populacji

Joanna Kania-Gierdziewicz

*Akademia Rolnicza, Katedra Genetyki i Metod Doskonalenia Zwierząt,
al. Mickiewicza 24/28, 30-059 Kraków*

Każda populacja jest zbiorem osobników posiadających geny różnych cech w układach homo- lub heterozygotycznych. Geny wszystkich osobników tworzących populację nazywane są pulą genową tej populacji. Badaniem struktury genetycznej populacji oraz badaniem zmian zachodzących w jej puli genów, jak również sił wywołujących te zmiany, zajmuje się genetyka populacji. Tę dziedzinę genetyki zapoczątkowali niezależnymi badaniami Hardy i Weinberg, określając warunki, przy których częstości poszczególnych genotypów i genów w populacji diploidalnego gatunku osiągają stały stan równowagi z pokolenia na pokolenie. Równowaga genetyczna takiej populacji wynika z jej dostatecznie dużej wielkości, losowego kojarzenia się osobników, braku mutacji i migracji oraz braku doboru (selekcji), które zmieniają frekwencje poszczególnych alleli.

Oczywiście, żadna z populacji rzeczywistych nie odpowiada założeniom populacji opisywanej przez Hardy'ego i Weinberga. W większości takich populacji może ujawniać się działanie doboru naturalnego, nielosowego systemu kojarzenia, np. podobny z podobnym, następuje też zjawisko migracji, tzn. osobniki z różnych powodów opuszczają swoją dotychczasową populację i przenoszą się do innej, zaś na ich miejsce przychodzą osobniki z zewnątrz, np. zwierzęta hodowlane zostają sprzedane lub kupione przez hodowcę. W populacjach rzeczywistych zachodzą też mutacje oraz występuje zjawisko selekcji, przy której nie wszystkie osobniki mają jednakowe szanse przekazania swoich genów potomstwu, np. człowiek – hodowca eliminuje osobniki o określonych cechach pokroju czy gorszej wydajności.

W większości populacji rzeczywistych mogą istnieć grupy, w obrębie których podobieństwo genetyczne osobników jest większe niż między grupami, np. podgatunki, rasy, odmiany, rodziny. Szczególnie dotyczy to różnych gatunków zwierząt hodowlanych, gdzie często bywa stosowane kojarzenie spokrewnionych ze sobą osobników. Mogą to być osobniki należące do danej rasy, subpopulacji regionalnej i kojarzone między sobą, albo też osobniki ze sobą spokrewnione, tzn. należące do jednej rodziny. W jednym i drugim przypadku, na skutek łączenia ze sobą osobników genetycznie podobnych następuje zmiana struktury genetycznej populacji objawiająca się zwiększeniem jej homozygotyczności i w konsekwencji np. ujawnienie się cech letalnych.

Do określenia zmian struktury genetycznej populacji wykorzystuje się różne wskaźniki szacowane na podstawie analizy rodowodowej. Najpowszechniej stosowanymi są współczynniki spokrewnienia (R_{XY}) i inbrodu (F_X) oraz efektywna liczebność populacji (N_e), która, w zależności od liczby samców i samic w populacji rodzicielskiej, wskazuje tempo narastania inbrodu w populacji badanej w stosunku do populacji będącej w równowadze genetycznej (Wright, 1922, 1931). Zmniejszanie się efektywnej liczebności populacji, np. na skutek znacznego ograniczenia liczby osobników jednej płci w stosunku do drugiej, wskazuje na możliwość wzrostu spokrewnienia i wystąpienia inbrodu, a w konsekwencji depresji inbredowej.

W ostatnim czasie wprowadzono nowe wskaźniki, które mają służyć badaniu struktury genetycznej populacji należących do różnych

gatunków zwierząt hodowlanych, a mianowicie: efektywną liczbę założycieli (f_e) i efektywną liczbę przodków populacji (f_a) (Boichard i in., 1995, 1996, 1997). Pierwotnie wskaźniki te, a szczególnie efektywna liczba założycieli populacji, były stosowane przez zoologów do szacowania różnorodności genetycznej w populacjach dzikich zwierząt utrzymywanych w ogrodach zoologicznych (Lacy, 1989, 1995). Są to zazwyczaj z konieczności populacje o małej liczebności, w których bardzo szybko maleje zmienność genetyczna. Częściowo może to być spowodowane losową zmianą frekwencji alleli, czyli tzw. dryfem genetycznym, ale głównie jest skutkiem kojarzenia zwierząt blisko ze sobą spokrewnionych, co przyspiesza te losowe zmiany. Zinbredowanie zwierząt i związana z tym utrata pewnej części genów z puli genowej powoduje wystąpienie wszelkich negatywnych skutków związanych z depresją inbredową, tzn. przede wszystkim zmniejszenie płodności zwierząt oraz ujawnienie wielu wad genetycznych, co przy naturalnych niekiedy trudnościach w rozmnażaniu w niewoli niektórych gatunków zwierząt dzikich powoduje dalszy spadek liczby osobników w populacji. Monitorowanie zmienności genetycznej populacji zwierząt utrzymywanych w ogrodach zoologicznych staje się więc w tym momencie koniecznością, co potwierdziły badania m.in. Lacy'ego (1989, 1995), a ostatnio Szablewskiego i Szwaczkowskiego (2003).

W analogicznej sytuacji znalazło się wiele populacji zwierząt hodowlanych. Jedne z powodu małej liczebności – na przykład konie fryzyjskie hodowane w Holandii (Sevinga i in., 2004), albo też niektóre, czasem mniej popularne z powodu niskiej wydajności rasy bydła, mające status populacji zachowawczych, jak choćby rasa polska czerwona czy Pinzgauer lub Grauvieh hodowane w Austrii (Sölkner i in., 1998). Dotyczy to też owcy wrzosówki, konika polskiego czy hucuła. Problem zinbredowania nie ominął również nieco liczniejszych populacji, jak np. koni czystej krwi arabskiej, które muszą być kojarzone w pokrewieństwie, jako że w tej populacji nie ma obecnie osobników ze sobą niespokrewnionych (z wyjątkiem może kilku ogierów importowanych z Półwyspu Arabskiego) (Głazewska, 2004). W ostatnim czasie inbred okazał się bardzo znaczącym problemem również dla hodowców bydła mlecznego, należącego do ras,

które z racji znacznej liczebności, jak np. holsztyno-fryzy, powinny być wolne od skutków depresji inbredowej. W tym jednak przypadku przyczynę wzrostu homozygotyczności wymienionej populacji bydła stanowiło powszechne stosowanie sztucznego unasieniania, które umożliwiło rozprzestrzenienie genów tylko niewielkiej liczby najlepszych buhajów. Były to głównie buhaje holsztyńsko-fryzyjskie pochodzenia amerykańskiego i kanadyjskiego, które posiadając potomstwo we wszystkich populacjach bydła czarno-białego spowodowały znaczne zmniejszenie różnorodności genetycznej tych populacji. W pierwszej kolejności dotknęło to przede wszystkim populację bydła holsztyńsko-fryzyjskiego w krajach Ameryki Północnej. Następnie zaś przeniosło się na populacje bydła czarno-białego w większości krajów Europy, do czego, jak się później okazało, przyczyniła się tzw. holsztynizacja, poprzez użycie stosunkowo niewielkiej liczby spokrewnionych ze sobą buhajów hf do krzyżowania z bydlęciem czarno-białym. Zaistnienie inbredu, a szczególnie depresji inbredowej, w wymienionych populacjach, a zwłaszcza w amerykańskiej populacji bydła holsztyńsko-fryzyjskiego, spowodowało zwiększenie zainteresowania problemem skutków inbredu (m.in. Young i in., 1988; Te Braake i in., 1994; Miglior i Burnside, 1995; Wiggans i in., 1995; Young i Seykora, 1996; Van Doormaal, 1999, 2000; Weigel, 2001; Harris i Kolver, 2001; McDaniel, 2001) oraz poszukiwanie nowych narzędzi do monitorowania krótkoterminowych zmian wynikających ze wzrostu spokrewnienia populacji (m.in. Boichard i in., 1995, 1996, 1997; Sölkner i in., 1998; VanRaden i Smith, 1999; Roughsedge i in., 1999).

Pojęcie „efektywnej liczby założycieli” badanej populacji, wprowadzone przez Lacy'ego (1989), opiera się na analizie prawdopodobieństwa pochodzenia genów od tzw. „założycieli”, czyli przodków o nieznanym pochodzeniu, tj. mających nieznaną rodziców. Zazwyczaj osobniki nie posiadające przodków są najstarszymi zwierzętami występującymi w rodowodach osobników należących do badanej populacji.

Udział genów danego założyciela w puli genów wybranej tzw. *populacji referencyjnej*, którą może stanowić całość lub część populacji badanej, określa się jako prawdopodobieństwo, że losowo wybrane z populacji geny pochodzą

od tego założyciela. Łączny udział wszystkich założycieli w puli genów całej populacji referencyjnej jest sumą prawdopodobieństw pochodzenia genów od każdego z nich i wynosi jeden (Lacy, 1989, 1995; Boichard i in., 1995), zaś liczba osobników mających jednakowe (co do wartości) udziały (prawdopodobieństwa) w puli genów badanej populacji jest „efektywną liczbą założycieli” (Lacy, 1989; Rochambeau i in., 1989; Lacy, 1995). Efektywna liczba założycieli osiąga maksimum, gdy prawdopodobieństwo pochodzenia genów od każdego z założycieli jest równe i zarazem jest wtedy równa rzeczywistej liczbie założycieli. Jeżeli zaś niektórzy z założycieli będą mieli wyższe udziały niż pozostali, tzn. będą występować częściej w rodowodach osobników z populacji badanej, to wtedy efektywna liczba założycieli będzie mniejsza od faktycznej ich liczby. Zatem, zdefiniowana w ten sposób efektywna liczba założycieli szacuje maksymalną liczbę różnych genotypów założycieli, którzy przekazali geny osobnikom w badanej populacji (Lacy, 1989, 1995).

Zdefiniowana w powyższy sposób efektywna liczba założycieli nie uwzględnia jednak utraty genów spowodowanej występowaniem tzw. efektu „szyjki butelki” (ang. *bottleneck*), czyli przewężeń w rodowodzie. Przewężenie takie występuje w sytuacji, w której duża liczba zwierząt ma bardzo niewielką liczbę potomków, te zaś znów posiadają liczne potomstwo. Jest to sytuacja często spotykana, szczególnie w populacjach zwierząt domowych, w których zazwyczaj tylko część jest tzw. populacją aktywną. W niej odbywa się proces doskonalenia, a więc oceny wartości hodowlanej i selekcji, a potomstwo tej części jest podstawą do odtworzenia reszty populacji (tzw. pogłowia masowego). Jeżeli w populacji aktywnej nastąpi znaczne zmniejszenie liczebności (choćby tylko jednej płci), np. jak u bydła mlecznego poprzez stosowanie sztucznego unasieniania, spowoduje to zawężenie dostępnej puli genów (efekt „szyjki butelki”) skutkujące nagłym wzrostem spokrewnienia u potomstwa oraz, u wielu z nich, możliwością wystąpienia inbrodu.

Modyfikację metody obliczania efektywnej liczby założycieli, uwzględniającą istnienie efektu „szyjki butelki”, zaproponowali Boichard i in. (1995). Modyfikacja ta polega na tym, że zamiast efektywnej liczby założycieli

szacuje się tzw. „efektywną liczbę przodków”, uwzględniającą udziały zwierząt będących wg definicji Lacy’ego założycielami populacji, tzn. mających nieznaną rodziców bądź takich, które nie są założycielami, ponieważ posiadają znanych przodków, ale również wniosły wkład genetyczny do badanej populacji. Osobniki takie najczęściej są tymi, które „spowodowały” zaistnienie efektu szyjki butelki, tzn. na przykład były szeroko używane jako reproduktory i zostawiły znaczną liczbę potomstwa. Zatem, „efektywna liczba przodków” będzie oznaczała minimalną liczbę przodków (będących lub nie będących założycielami), niezbędną do wyjaśnienia pochodzenia całej zmienności genetycznej w badanej populacji. W sytuacji, gdy w tejże populacji wystąpił efekt „szyjki butelki”, efektywna liczba przodków będzie odzwierciedlała liczbę zwierząt, które „znalazły się w szyjce”, a nie liczbę ich przodków, których geny w pewnej części, poprzez zaistnienie przewężenia, zostały wyeliminowane z puli genów populacji. Zatem, z logicznego (i matematycznego) punktu widzenia „efektywna liczba przodków” powinna osiągać niższe wartości niż wspomniana wcześniej „efektywna liczba założycieli” populacji.

Reasumując, efektywna liczebność populacji może być użytecznym wskaźnikiem przewidywania zmian w zmienności genetycznej populacji, zachodzących w dłuższym okresie czasu, odzwierciedlającym liczbę osobników rodzicielskich oraz sposób ich doboru (selekcji) we wcześniejszych pokoleniach. Zaś „efektywna liczba założycieli” i „efektywna liczba przodków”, jako wskaźniki opierające się na prawdopodobieństwie pochodzenia genów, będą nadały się bardziej do opisu struktury populacji w krótkim czasie, tzn. po niewielkiej liczbie pokoleń. Mogą one zatem służyć charakterystyce podejmowanych decyzji hodowlanych lub wykryciu stosunkowo niedawnych a znaczących zmian w strategiach prowadzenia hodowli, jeszcze zanim pojawią się ich konsekwencje, tzn. wzrost inbrodu. Z tego względu, omawiane wskaźniki mogą być dobrym uzupełnieniem dla tradycyjnie stosowanych współczynników spokrewnienia i inbrodu, służącym analizie zmian struktury genetycznej nie tylko małych populacji zwierząt utrzymywanych w ogrodach zoologicznych, ale również dużych populacji zwierząt hodowlanych, w których zazwyczaj dostępna in-

formacja rodowodowa jest ograniczona pokole-
niowo i często niekompletna, zaś zmiany strate-
gii hodowlanej bywają dość znaczne i mają zna-
czący wpływ na strukturę genetyczną populacji,
np. „holsztynizacja” bydła czarno-białego.

**Szacowanie efektywnej liczebności populacji,
efektywnej liczby założycieli i efektywnej
liczby przodków**

Wielokrotnie podejmowano się szaco-
wania efektywnej liczebności populacji, efek-
tywnej liczby założycieli i efektywnej liczby
przodków i używania ich jako narzędzi do mo-
nitorowania zmian w populacjach zwierząt ho-
dowlanych. Liczne prace autorów francuskich
dotyczyły hodowanych we Francji ras bydła, tak
mlecznego, jak i mięsnego. Boichard i in. (1995)
szacowali efektywną liczbę założycieli dla trzech
ras bydła we Francji. Dla rasy Abondance, liczą-
cej ponad 106 tysięcy zwierząt, otrzymali efek-
tywną liczbę założycieli równą 69, a efektywną
liczbę przodków równą 23, przy ogólnej liczbie
założycieli dla tej rasy wynoszącej 6109. Przy
tym, 55% puli genów populacji pochodziło jedy-
nie od 10 głównych przodków. Drugą badaną
przez autorów rasą była Montbeliarde, licząca
ponad 1 mln 660 tysięcy zwierząt. Dla tej rasy
badacze otrzymali efektywną liczbę założycieli
równą 146, zaś efektywną liczbę przodków 63,
przy ogólnej liczbie założycieli około 123 tysiące

i 10 głównych przodkach obejmujących nieco
ponad 24% puli genów populacji. Autorzy badali
też francuską populację bydła holsztyńskiego,
liczącą ponad 11 mln sztuk, otrzymując nastę-
pujące wyniki: przy ogólnej liczbie założycieli
ponad 802 tysiące efektywna liczba założycieli
równała się 140, efektywna liczba przodków 43,
a ponad 37% puli genowej pochodziło po 10
głównych przodkach. Przy czym, w tej populacji
100% osobników było spokrewnionych, a zna-
czna ich liczba również była zimbredowana, co
pokazały późniejsze badania tych samych auto-
rów (Boichard i in., 1996). Stwierdzili oni, że we
Francji duże populacje bydła mlecznego,
z powodu używania w sztucznym unasienianiu
małej liczby buhajów w stosunku do faktycznej
liczebności danej rasy, genetycznie stają się ma-
łymi populacjami, tzn. następuje w nich znaczne
zmniejszenie różnorodności genetycznej na skut-
tek wzrostu spokrewnienia osobników do nich
należących.

Badania różnorodności genetycznej hodo-
wanych we Francji ras mlecznych, przeprowadzone
przez Maignela i in. (1996) u wcześniej badanych
ras: Holstein, Abondance i Montbeliarde oraz
u pozostałych ras hodowanych w tym kraju, tzn. ras
Normande, Brown Swiss, Tarentaise, Simmentaler
i Pie Rouge des Plaines, dotyczyły efektywnej li-
czebności populacji i ogólnej oraz efektywnej liczby
założycieli i przodków (tab. 1).

**Tabela 1. Efektywna liczebność populacji (N_e), efektywna liczba założycieli (f_e) i efektywna
liczba przodków (f_a) oraz ogólna liczba przodków dla ośmiu ras mlecznych (Maignel i in., 1996)**

*Table 1. Effective population size (N_e), effective number of founders (f_e), effective
number of ancestors (f_a) and total number of founders in 8 dairy breeds (Maignel et al., 1996)*

Rasa <i>Breed</i>	N <i>No</i>	Ogólna liczba założycieli <i>Total number of founders</i>	Efektywna liczba założycieli <i>Effective number of founders</i> f_e	Efektywna liczba przodków <i>Effective number of ancestors</i> f_a	Efektywna liczebność populacji <i>Effective popula- tion size</i> N_e
Abondance	106 520	6109	69	25	106
Pie Rouge des Plaines	102 270	5442	96	64	2500
Brown Swiss	91 579	6291	84	28	56
Tarentaise	48 320	2942	50	17	27
Simmentaler	121 239	7604	75	33	208
Montbeliarde	1 664 506	122 981	146	63	125
Normande	2 338 305	138 291	132	40	47
Holstein	11 180 346	802 289	140	43	46



Fot. M. Rychlak

Rozszerzone badania uprzednio wspomnianych autorów, przeprowadzone na ośmiu rasach mlecznych we Francji, doprowadziły do podobnych wniosków jak u Boicharda i in. (1995), iż z powodu używania w sztucznym unasienianiu małej liczby buhajów w stosunku do faktycznej liczebności danej rasy genetycznie rasy te stają się małymi populacjami. Prowadzi to do znacznego wzrostu spokrewnienia, wystąpienia inbrodu oraz możliwego pojawienia się depresji inbredowej. Również małe wartości efektywnej liczebności populacji mlecznych ras Normande i Holstein, w stosunku do ich faktycznej liczebności są, zdaniem autorów, wynikiem znacznych dysproporcji płci spowodowanej użyciem do rozrodu nasienia małej liczby najlepszych buhajów w stosunku do liczby inseminowanych krów, co również potwierdza istnienie znacznego spokrewnienia w obrębie tych populacji.

Boichard i in. (1997) analizowali ponownie rodowody francuskich populacji bydła mlecznego ras Abondance i Normande oraz rasy mięsnej Limousine. Otrzymali oni dla rasy Abondance efektywną liczbę założycieli równą 69, efektywną liczbę przodków - 25 oraz ogólną liczbę założycieli - nieco ponad 6 tysięcy. Dla rasy Normande odpowiednie wyniki odnoszące

się do efektywnej liczby założycieli, efektywnej liczby przodków i ogólnej liczby założycieli wynosiły 132, 40 i ponad 138 tysięcy, zaś dla rasy Limousine - 790, 360 i prawie 27 tysięcy. Autorzy stwierdzili, że stosunkowo wysokie wartości efektywnej liczby założycieli i efektywnej liczby przodków u rasy Limousine są wynikiem używania na szeroką skalę krycia naturalnego zamiast sztucznej inseminacji, jak to ma miejsce u ras mlecznych, a co za tym idzie, bardziej wyrównanych proporcji płci w pokoleniu rodzicielskim, co pozwala uniknąć szybkiego wzrostu spokrewnienia.

Badania różnorodności genetycznej czterech austriackich populacji bydła mlecznego ras: Simmentaler, Braunvieh, Grauvieh i Pinzgauer, przeprowadzone przez Sölknera i in. (1998) wykazały, że u rasy Simmentaler, liczącej ponad 1 mln 400 tysięcy zwierząt, ogólna liczba założycieli równała się około 85 tysięcy, efektywna liczba założycieli około 221, a efektywna liczba przodków ponad 113. U rasy Braunvieh dla ponad 547 tysięcy sztuk - ogólna liczba założycieli wynosiła około 29,5 tysiąca, efektywna liczba założycieli prawie 97 i efektywna liczba przodków około 52. U pozostałych ras wyniki wynosiły odpowiednio: u 39,5 tysiąca sztuk Grauvieh

- ogólna liczba założycieli 1675, efektywna liczba założycieli około 113, a przodków prawie 39; zaś u rasy Pinzgauer dla 169,5 tysiąca zwierząt - odpowiednio ponad 10 tysięcy, około 66 i prawie 47. Wspomniani autorzy konkludują, że otrzymane przez nich wyniki dotyczące efektywnej liczby założycieli i efektywnej liczby przodków potwierdzają istnienie pewnej izolacji regionalnej austriackich ras bydła, powodującej wzrost spokrewnienia osobników należących do poszczególnych ras. Ci sami autorzy oszacowali również efektywną liczebność populacji czterech wyżej wspomnianych austriackich ras mlecznych. Wynosiła ona: u rasy Simmentaler – 258, Braunvieh – 109; Grauvieh – 73 i Pinzgauer – 232. Sölkner i in. (1998) stwierdzili, że populacja bydła rasy Grauvieh, będąca najmniejszą liczebnie, okazała się również najmniej zróżnicowaną genetycznie. Natomiast, zbliżone wartości efektywnej liczebności populacji u mniej licznych Pinzgauerów i Simmentalerów, najliczniejszej z ras austriackich, mogą sugerować istnienie znacznego stopnia spokrewnienia osobników należących do drugiej z wymienionych ras.

Roughsedge i in. (1999) analizowali brytyjską populację bydła czarno-białego urodzonego w latach 1967-1997. Efektywna liczba założycieli zmniejszyła się z 1353 w roku 1967 do 93 w roku 1997, efektywna liczba przodków spadła z 702 w 1967 roku do 93 w 1997 roku, zaś ogólna liczba założycieli wzrosła z 2535 w 1967 roku do 6640 w 1997. Autorzy stwierdzili, że przy zwiększeniu się w badanym okresie ogólnej liczby założycieli na skutek importu buhajów holsztyńsko-fryzyjskich, efektywna liczba założycieli i efektywna liczba przodków zmalała na skutek intensywnego użycia w inseminacji nasienia importowanych buhajów.

Buś i Kania-Gierdziewicz (2000) szacowali różnorodność genetyczną u 715 sztuk bydła rasy polskiej czerwonej (u 371 buhajów i 344 krów). Otrzymali oni efektywną liczbę założycieli dla wszystkich zwierząt łącznie równą 98, zaś efektywną liczbę przodków 67. U buhajów odpowiednie wartości efektywnej liczby założycieli i efektywnej liczby przodków wynosiły 82 i 54, zaś u krów 112 i 80. Ogólna liczba założycieli wynosiła 216. Udziały 10 najważniejszych przodków obejmowały około 29% puli genów populacji wszystkich zwierząt, dla buhajów około 33%, zaś dla krów około 26%. Otrzymane

wartości efektywnej liczby założycieli i efektywnej liczby przodków dowodzą znacznego zróżnicowania genetycznego badanej populacji bydła polskiego czerwonego, szczególnie zaś krów tej rasy.

Kania-Gierdziewicz (2003), analizując populację ponad 25 tysięcy buhajów czarno-białych, holsztyńsko-fryzyjskich i ich mieszańców, oszacowała efektywną liczbę założycieli na 1460 dla populacji referencyjnej, obejmującej wszystkie zwierzęta oraz ogólną liczbę ponad 19 tysięcy założycieli dla tej populacji. Udziały 10 najważniejszych przodków, głównie buhajów holsztyńsko-fryzyjskich, obejmowały tylko około 9% populacji, co dowodzi znacznego zróżnicowania genetycznego.

Głazewska (2000), badając różnorodność genetyczną populacji koni czystej krwi arabskiej hodowanych w Polsce otrzymała 202 założycieli (115 ogierów i 87 klaczy), przy czym udziały 54 założycieli stanowiły około 84% całej puli genów badanej populacji, którą stanowiło 268 klaczy zarodowych zapisanych w Suplemencie V do XIII tomu Polskiej Księgi Stadnej koni arabskich. A zatem, większość współcześnie żyjących klaczy arabskich posiadało geny pochodzące od wspomnianych 54 założycieli.

Głazewska (2004) oraz Głazewska i Jezierski (2004) analizowali strukturę genetyczną populacji koni arabskich (1032 klacze i 154 ogiery) z lat 1948–1997. Badana populacja miała 213 założycieli (121 ogierów i 92 klacze), przy czym od roku 1975 autorzy zanotowali systematyczny wzrost, z około 20% do ponad 38%, udziału założycieli występujących w rodowodach wszystkich koni należących do badanej populacji.

Wnioski

Okresowe zmniejszanie się liczebności populacji, czego odzwierciedleniem jest istnienie przewężeń w rodowodach (efekt „szyjki butelki”), zdarza się w populacjach zwierząt hodowlanych dość często. Efekt ten jest niemal nieunikniony w przypadku bydła mlecznego. Powszechność użycia w rozrodzie sztucznego unasienniania zmniejsza drastycznie liczbę użytkowanych buhajów – potencjalnych ojców następnego pokolenia i powoduje, że każdy z nich może mieć niemal nieograniczoną liczbę potomstwa. Skutkiem tego jest zwiększenie w popula-

cji liczby osobników ze sobą spokrewnionych i zinhredowanych, wzrost wartości inbredu w populacji oraz możliwe wystąpienie jego niekorzystnych skutków.

Z analizy cytowanych prac wynika, że efektywna liczebność populacji oraz efektywna liczba założycieli i efektywna liczba przodków będą przyjmowały tym niższe wartości, im większa liczba zwierząt w badanej populacji będzie ze sobą spokrewniona i zinhredowana. Można je zatem uznać za dobre wskaźniki różnorodności genetycznej badanych populacji, będące uzupełnieniem do zazwyczaj szacowanych współczynników spokrewnienia i inbredu. Efektywna liczebność populacji będzie przy tym bardziej użyteczna do analizy zmian struktury genetycz-

nej zachodzących w dłuższym okresie czasu. Zaś efektywna liczba założycieli i efektywna liczba przodków będą raczej bardziej użyteczne do monitorowania bieżących zmian wynikających ze sposobu prowadzenia pracy hodowlanej.

Z uwagi na wykorzystanie do szacowania efektywnej liczby założycieli i efektywnej liczby przodków danych rodowodowych, podobnie jak przy szacowaniu spokrewnienia i inbredu, bardzo ważna jest jakość tej informacji. Należałoby więc dążyć do posiadania jak najpełniejszych wielopokoleniowych rodowodów, bo tylko w takim przypadku otrzymane wyniki będą miały zadowalającą dokładność, dając gwarancję dobrego monitorowania zmian w różnorodności genetycznej danej populacji.

Literatura

- Boichard D., Maignel L., Verrier E. (1995). Estimation of the effective number of a population from pedigree information. 2nd European Workshop on Advanced Biometrical Methods in Animal Breeding, Salzburg, Austria.
- Boichard D., Maignel L., Verrier E. (1996). Analyse généalogique des races bovines laitières françaises. INRA Prod. Anim., 9 (5): 323-335.
- Boichard D., Maignel L., Verrier E. (1997). The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. Genet. Sel. Evol., 29: 5-23.
- Buś M., Kania-Gierdziewicz J. (2000). Genetic variability in Polish Red cattle population. Roczn. Nauk. Zoot., 27, 4: 29-41.
- Crow J.F., Kimura M. (1970). An introduction to population genetics theory. Harper and Row, New York.
- Głazewska I. (2000). The founder contribution analysis in currently living Polish Arabian brood mares. Anim. Sci. Pap. Rep., 18, 1: 19-31.
- Głazewska I. (2004). Mating and selection in national Arabian horse breeding: inbreeding coefficients analysis. Electronic Journal of Polish Agricultural Universities, Anim. Husb., 7 (1); (<http://www.ejpau.media.pl>).
- Głazewska I., Jezierski T. (2004). Pedigree analysis of Polish Arabian horses based on founder contributions. Livest. Prod. Sci., 90: 293-298.
- Harris B.L., Kolver E.S. (2001). Review of Holsteinization on intensive pastoral dairy farming in New Zealand. J. Dairy Sci., Suppl., 84: 56-61.
- Kania-Gierdziewicz J. (2003). Efektywna liczba założycieli krajowej populacji buhajów czarno-białych. Zesz. Nauk. PTZ, Prz. Hod., 68, 1: 167-174.
- Lacy R.C. (1989). Analysis of founder representation in pedigrees: Founder Equivalents and Founder Genome Equivalents. Zoo Biology, 8: 111-123.
- Lacy R.C. (1995). Clarification of genetic terms and their use in the management of captive populations. Zoo Biology, 14: 565-578.
- Maignel L., Boichard D., Verrier E. (1996). Genetic variability of French dairy breeds estimated from pedigree information. Interbull Meeting, Veldhoven, Holandia.
- McDaniel B. (2001). Uncontrolled inbreeding. J. Dairy Sci., Suppl., 84: 185-186.
- Miglior F., Burnside E.B. (1995). Inbreeding of Canadian Holstein cattle. J. Dairy Sci., 78: 1163-1167.
- Rochambeau H. de, Fuente L.F. de la, Rouvier R., Ouhayoun J. (1989). Selection sur la vitesse de croissance post-sevrage chez le lapin. Genet. Sel. Evol., 21: 527-546.
- Roughsedge T., Brotherstone S., Visscher P.M. (1999). Quantifying genetic contributions to a dairy cattle population using pedigree analysis. Livest.

Prod. Sci., 60: 359-369.

Sevinga M., Vrijenhoek T., Hesselink J.W., Barkema H.W., Groen A.F. (2004). Effect of inbreeding on the incidence of retained placenta in Friesian horses. *J. Anim. Sci.*, 82: 982-986.

Sölkner J., Filipeic L., Hampshire N. (1998). Genetic variability of populations and similarity of subpopulations in Austrian cattle breeds determined by analysis of pedigrees. *Anim. Sci.*, 67: 249-256.

Szablewski P., Szwaczkowski T. (2003). Poziom zimbredowania w obrębie trzech dzikich gatunków *Ungulata* utrzymywanych w ogrodach zoologicznych. *Pr. Mat. Zoot.*, 61: 113-122.

Te Braake M.F.H., Groen A.F., Lugt A.W. van der (1994). Trends in inbreeding in Dutch Black and White dairy cattle. *J. Anim. Breed. Genet.*, 111: 356-366.

Van Doormaal B. (1999). Inbreeding in Canadian dairy breeds. Canadian Dairy Network, Guelph, Ontario, Kanada; (http://www.cdn.ca/Articles/9908/inbreeding_in_canadian_dairy_bre.htm).

Van Doormaal B. (2000). Inbreeding in Canadian dairy breeds. Inbreeding Update. Canadian Dairy

Network, Guelph, Ontario, Kanada; (http://www.cdn.ca/Articles/0008/inbreeding_update.htm).

VanRaden P.M., Smith L.A. (1999). Selection and mating considering expected inbreeding of future progeny. *J. Dairy Sci.*, 82: 2771-2778.

Weigel K.A. (2001). Controlling inbreeding in modern breeding programs. *J. Dairy Sci., Suppl.*, 84: 177-184.

Wiggans G.R., Vanraden P.M., Zuurbier J. (1995). Calculation and use of inbreeding coefficients for genetic evaluation of United States dairy cattle. *J. Dairy Sci.*, 78: 1584-1590.

Wright S. (1922). Coefficients of inbreeding and relationship. *Amer. Nat.*, 56: 330-338.

Wright S. (1931). Evolution in Mendelian populations. *Genetics*, 16: 97-159.

Young C.W., Bonczek R.R., Johnson D.G. (1988). Inbreeding of and relationship among registered Holsteins. *J. Dairy Sci.*, 71: 1559-1666.

Young C.W., Seykora A.J. (1996). Estimates of inbreeding and relationship among registered Holstein females in the United States. *J. Dairy Sci.*, 79: 502-505.

ANALYSIS OF THE GENETIC STRUCTURE OF POPULATION – FOUNDER AND ANCESTOR CONTRIBUTION IN POPULATION GENE POOL

Summary

Monitoring population genetic structure has become a necessity in most wild animal species kept in zoological gardens. Also, many livestock breeds exist in small populations, sometimes almost at the brink of extinction because of poor performance, i.e. Polish Red cattle. The solution in both cases is to establish small nucleus populations (herds). It is inevitable that in small herds most animals will be related or even inbred. Uncontrolled increase of inbreeding rate or, in other words, the rise of homozygosity of individuals in the population, lead to inbreeding depression, which is the reason for lower fertility, poor longevity and decrease in performance. Similar problem with rising inbreeding occurs in the breeds which, despite of large number of animals (like US Holstein cattle population), will behave genetically like small populations. This is the case in many dairy cattle populations in which, as the result of using artificial insemination, the number of animals in active population (mostly sires) decreased rapidly.

The paper briefly characterizes possible changes in population genetic structure and presents indicators of such changes. The review of using effective population size and two new indicators i.e. effective number of founders and effective number of ancestors to analyze genetic structure of a population was also presented. The attempt was also made to assess the quality of those new indicators for complete or incomplete pedigrees. The analysis of some of the presented papers justifies the hypothesis that effective number of founders and effective number of ancestors may be used to estimate changes in population gene pool, given fairly complete pedigree information.