

## **Analiza struktury genetycznej populacji jako narzędzie ochrony zasobów genetycznych zwierząt w świetle ostatnich badań**

**Joanna Kania-Gierdziewicz**

*Uniwersytet Rolniczy im. Hugona Kołłątaja w Krakowie,  
Katedra Genetyki i Metod Doskonalenia Zwierząt,  
al. Mickiewicza 24/28, 30-059 Kraków*

Szacowanie zmienności genetycznej w populacji oraz analiza struktury genetycznej przy pomocy różnych metod i różnych wskaźników jest od dziesięcioleci jednym z ważniejszych nurtów badań biologicznych i zootechnicznych.

Ze względu na „Konwencję o różnorodności biologicznej”, podpisaną w 1992 r. przez 167 krajów zrzeszonych w ONZ, nakładającą na te kraje obowiązek zachowania różnorodności biologicznej na swoim terytorium, tak na obszarach chronionych, jak i użytkowanych rolniczo, wzrosło zainteresowanie monitorowaniem zmienności genetycznej populacji zwierząt dziko żyjących oraz wielu populacji zwierząt hodowlanych. Polska ratyfikowała tę Konwencję pod koniec 1995 r., włączając się tym samym do realizacji Światowej Strategii Zachowania Zasobów Genetycznych Zwierząt Gospodarskich, opracowanej przez FAO (Tomczyk-Wrona, 2006).

W 2002 r. EAAP (European Association for Animal Production) rozpoczęła realizację projektu unijnego, mającego na celu stworzenie zintegrowanego systemu baz danych dla potrzeb monitorowania zmienności genetycznej wszystkich gatunków zwierząt domowych w Europie. Projekt nosi nazwę EFABIS (European Farm Animal Biodiversity Information System), a tworzona baza zasobów genetycznych ma uwzględniać specyfikę wymagań krajów europejskich oraz być zgodna ze standardem światowego systemu informacyjnego FAO (Global Information System DAD-IS). Baza ta jest źródłem informacji o zasobach genetycznych zwierząt,

ich charakterystyce, możliwościach wykorzystania i sposobach doskonalenia, a głównie ochrony. Dzięki zgodności ze światową bazą DAD-IS umożliwia dostęp do wszystkich projektów realizowanych w ramach Światowej Strategii Zachowania Zasobów Genetycznych Zwierząt Gospodarskich FAO (<http://www.eaap.org/content/EFABIS.HTM>).

W 1999 r. rozpoczęto w Polsce prace nad Krajowym Programem Ochrony Zasobów Genetycznych Zwierząt, którego celem nadrzędnym było zapewnienie zachowania różnorodności genetycznej zwierząt gospodarskich (Tomczyk-Wrona, 2006). Polska, będąc jednym z uczestników projektu EFABIS, również tworzy krajową bazę danych, obejmującą wszystkie rodzime rasy zwierząt domowych.

Stworzenie baz rodowodowych całych populacji zwierząt, zasiedlających dane terytorium, np. kraj czy region, umożliwi monitorowanie poziomu spokrewnień oraz nasilenia inbrodu, efektywnej liczebności populacji i innych wskaźników, takich jak np. efektywna liczba założycieli i przodków (Kania-Gierdziewicz, 2006, 2008).

Populacje zwierząt domowych, stanowiące zasoby genetyczne danego kraju, mają przeważnie małą liczebność, tak więc kontrolowanie w nich zmienności genetycznej ma kluczowe znaczenie dla zachowania ich różnorodności genetycznej. Celem pracy było przeanalizowanie najnowszych opracowań polskich i zagranicznych, które dotyczyły monitorowania

zmienności genetycznej populacji przy pomocy wskaźników, szacowanych w oparciu o informację rodowodową oraz ochrony zasobów genetycznych zwierząt domowych.

### **Inbred i spokrewnienie**

Klasyczne monitorowanie zmienności genetycznej populacji będzie oznaczać szacowanie różnych wskaźników za pomocą analizy rodowodowej. Określane są przede wszystkim współczynniki spokrewnienia i inbredu, a na tej podstawie analizowany jest również wpływ inbredu na różne wskaźniki kondycji osobników (np. zdrowotność, płodność) i całości populacji. Oprócz szacowania inbredu, analiza rodowodowa służy również do określania innych wskaźników zmienności genetycznej populacji, np. efektywnej liczby założycieli i/lub efektywnej liczby przodków, w powiązaniu z poszukiwaniem najlepszych metod selekcji i kojarzenia osobników w obrębie populacji.

Wartości średnich współczynników spokrewnienia i inbredu w populacji są odzwierciedleniem pracy hodowlanej, prowadzonej przez hodowców, a w szczególności stosowanych przez nich metod doboru par rodzicielskich. Wysokie wartości tych parametrów oznaczają, że dobierając pary rodzicielskie, łączono zwierzęta spokrewnione ze sobą, czyli korzystano z tej samej puli genów. W skali populacji ważna jest częstość takich kojarzeń; im wyższe będą spokrewnienie i inbred w populacji, tym więcej osobników będzie miało w swoich rodowodach tych samych (wspólnych) przodków.

Wartości efektywnej liczby założycieli i efektywnej liczby przodków należy natomiast interpretować w odwrotny sposób niż wcześniej omawiane współczynniki inbredu i spokrewnienia. Niskie wartości efektywnej liczby założycieli i przodków oznaczają zawężenie puli genetycznej populacji, co będzie skutkowało znacznym wzrostem spokrewnienia oraz zimbredowania zwierząt. Wysokie wartości efektywnej liczby założycieli i przodków będą natomiast wskaźnikiem dobrej kondycji genetycznej badanej populacji, czyli posiadania przez nią odpowiednio szerokiej puli genów, przy której średnie współczynniki spokrewnienia i inbredu będą przyjmowały niskie wartości.

W przypadku wszystkich omówionych wskaźników bardzo ważna jest jednak jakość rodowodów, mierzona stopniem ich wypełnienia (kompletności). Im pełniejsze będą rodowody, tym większa będzie dokładność oszacowań tych wskaźników.

Wzrost zimbredowania, notowany w ostatnich latach w wielu populacjach zwierząt domowych i związane z tym niekorzystne zmiany w ich kondycji zdrowotnej i produkcji stały się ważnym problemem, szczególnie dla małych populacji gatunków czy ras zwierząt hodowlanych, zagrożonych wyginięciem. Ze względu na projekt FAO, dotyczący ochrony zagrożonych populacji, problem ten nabrał w ostatnim dziesięcioleciu dużego znaczenia.

### **Bydło**

Przegląd badań, dotyczących analizy struktury genetycznej populacji, należałoby rozpocząć od najpopularniejszego gatunku zwierząt hodowlanych, tzn. bydła domowego. W ciągu ostatnich dziesięciu lat powstała znaczna ilość prac, w których szacowano różne wskaźniki zmienności genetycznej u tego gatunku. Na przykład, Roughsedge i in. (1999) badali inbred brytyjskiego bydła holsztyńsko-fryzyjskiego, stwierdzając w latach 1987–1997 prawie stałą wartość inbredu w tej populacji, wynoszącą około 0,5%. Z drugiej strony, VanRaden i Smith (1999) szacowali inbred u buhajów oraz ich córek pięciu amerykańskich ras bydła mlecznego, prognozując w kolejnych latach znaczny wzrost inbredu – średnio od około 3,5 do prawie 5% – u buhajów i ich przyszłego potomstwa. Van Doormaal (1999, 2000), analizując poziom inbredu w kanadyjskich populacjach bydła, w tym najliczniejszej rasy holsztyńskiej, zaobserwował w latach 1988–1998 u większości z nich wzrost poziomu zimbredowania o około 0,26%. Także Nomura i in. (2001), analizując zmiany inbredu u bydła japońskiego czarnego, stwierdzili znaczny wzrost zimbredowania kolejnych pokoleń – z 4,7 do 5,4% oraz zmniejszanie się efektywnej liczebności populacji z powodu użytkowania w rozrodzie niewielkiej liczby najlepszych buhajów.

Problem kontroli inbredu oraz skutków jej braku u bydła, szczególnie holsztyńsko-fryzyjskiego, poruszali w swoich artykułach McDaniel (2001), Strabel (2001) i Weigel (2001). Również Bichard (2002) omawiał niekorzystne

zmiany, prowadzące u wielu ras bydła do wzrostu zimbredowania oraz do zmniejszenia efektywnej liczebności populacji, związanego m.in. z wprowadzeniem nowych biotechnik rozrodu.

Jagusiak i Ptak (2003) szacowali inbred populacji bydła czarno-białego w Polsce, stwierdzając w okresie ponad 20 lat (1978–1999) stały wzrost zimbredowania zarówno buhajów (do 0,57%), jak i krów (do 0,41%). Kearney i in. (2004) badali tempo wzrostu inbredu u bydła mlecznego w Wielkiej Brytanii, stwierdzając znaczny wzrost tego wskaźnika, wynoszący 0,17% na rok w latach 1995–2000, podczas gdy we wcześniejszych okresach wzrost ten był bliższy zera. Ci sami autorzy odnieśli się pozytywnie do możliwości wykorzystania metody selekcji, która miałaby za zadanie optymalizować poziom zimbredowania w brytyjskiej populacji bydła mlecznego.

W Polsce, inbred i spokrewnienie dla populacji buhajów czarno-białych, urodzonych w latach 1971–2000, szacowała Kania-Gierdziewicz (2005), otrzymując średnią jego wartość w wysokości około 0,3%, a spokrewnienia od 0,45 do 0,68% w kolejnych rocznikach. Sørensen i in. (2005) w populacji duńskiego bydła holsztyńskiego stwierdzili trend wzrostowy zimbredowania, wynoszący od 0,74% w latach 1983–1992 do 1,03% w późniejszym okresie. Z kolei, Cleveland i in. (2005) badali inbred u amerykańskiego bydła rasy Hereford w XX w., który dla zwierząt urodzonych w latach 1990–2001 wyniósł średnio około 10%.

Hammami i in. (2007) szacowali spokrewnienie i inbred dwóch populacji bydła holsztyńskiego, hodowanych w Luksemburgu i Tunezji, otrzymując wzrost inbredu od około 1% w 1990 r. do ponad 3% w 2000 w populacji tunezyjskiej oraz od 0,5 do ponad 2% w populacji luksemburskiej w tym samym czasie, przy czym spokrewnienie obu populacji w 2000 r. było wysokie i wynosiło ponad 2%. Mc Parland i in. (2007) również zanotowali wzrost inbredu u ras Hereford, simentalskiej i holsztyńsko-fryzyskiej, odpowiednio o 0,13, 0,06 i 0,10% w ciągu ostatnich dziesięciu lat (1994–2004), podczas gdy u pozostałych badanych przez nich w tym czasie ras wartość inbredu była mniej więcej stała.

Zagadnieniem wielkości zimbredowania zajmowali się również Carolino i Gama (2008) u zagrożonego wyginięciem portugalskiego by-

dła rasy Alentejana. Wspomniani autorzy oszacowali roczny wzrost inbredu w całej populacji tego bydła na 0,33%, a dla cieląt urodzonych w latach 2000–2003 nawet na ponad 8%, przy czym aż około 80% cieląt było zimbredowanych. Martínez i in. (2008) zajmowali się analizą zimbredowania bydła kreolskiego w Kolumbii. Stwierdzili oni, że u trzech z czterech badanych ras od 20 do ponad 30% zwierząt było zimbredowanych, przy czym u wszystkich ras zaobserwowali znaczny, sięgający ponad 20%, odsetek osobników o wartościach inbredu ponad 6,25%.

Sørensen i in. (2008) próbowali znaleźć dla mlecznego bydła duńskiego obiektywny wskaźnik, służący do oceny skutków stosowania selekcji, mającej na celu optymalizację wkładów genotypów rodzicielskich w pulę genetyczną następnego pokolenia, tak aby wzrost inbredu był możliwie najmniejszy. Analizowali oni również pod tym kątem wpływ błędnej czy niepełnej informacji rodowodowej na dokładność wspomnianego wskaźnika, stwierdzając znaczne zwiększenie jego dokładności po uzupełnieniu rodowodów zwierząt.

W badaniach struktury genetycznej populacji bydła rasy American Red Angus, które miały miejsce w okresie od 1960 do 2005 r., Márquez i in. (2010) otrzymali wyniki, sugerujące początkowy systematyczny spadek wartości średniego zimbredowania w populacji aż do roku 1975, spowodowany importem zwierząt i dopuszczeniem do rejestracji osobników uszlachetnionych oraz heterozygot o umaszczeniu czarnym. W następnych latach zanotowali nieznaczny wzrost wartości inbredu w badanej populacji.

### **Trzoda chlewna**

Problem inbredu u różnych ras świń nie był ostatnio tak popularny jak u bydła. Może to być po części spowodowane faktem, że znaczna część elitarniej hodowli trzody chlewnej pozostaje w gestii wielkich światowych koncernów hodowlanych, takich, jak np. holenderskie NUTRECO, w których interesie być może nie leży upowszechnianie tego typu badań, nawet jeśli są prowadzone w ich ośrodkach badawczych (informacja ustna, 2001).

W Bawarii, w ramach programu hodowlanego dla rasy Pietrain, zajmowali się jednak tym zagadnieniem Habier i in. (2009). Autorzy ci analizowali efektywną liczebność populacji tej

rasy stwierdzając, że była ona wysoka, ponieważ duża liczba knurów, dostępna w sztucznym unasienianiu, była kojarzona z mniejszą liczbą loch niż w przypadku knurów kryjących naturalnie.

Welsh i in. (2010) szacowali w USA w latach 1986–2006 średnie spokrewnienie, inbred oraz efektywną liczebność populacji dla pięciu ras świń: Berkshire, Duroc, Hampshire, Landrace i Yorkshire, w ramach programów ochrony mało licznych ras zwierząt domowych, jako ewentualnych rezerw genetycznych. Stwierdzili znaczny poziom zimbredowania u najmniej licznej rasy Berkshire, sięgający prawie 8%, jak również dość wysokie spokrewnienie wśród najlepszych knurów tej rasy, wynoszące średnio ponad 13%. U pozostałych ras, badanych przez wspomnianych autorów, poziom zimbredowania wynosił średnio od 3 do 5%, a spokrewnienia od 8 do niecałych 13%. Wobec przytoczonych wyników, wspomniani autorzy sugerują potrzebę stałego monitorowania wzrostu inbredu u badanych ras świń oraz konieczność opracowania takiej strategii selekcji i kojarzeń dla poszczególnych ras, aby wzrost zimbredowania w nich był jak najmniejszy (Welsh i in., 2010).

### **Owce**

Badaniami poziomu inbredu w hodowli zwierząt objęto w ostatnich latach także owce. Norberg i Sørensen (2007) analizowali zimbredowanie trzech ras owiec mięsnych, hodowanych w Danii – Texel, Shropshire i Oxford Down. Zaobserwowali oni wzrost spokrewnienia i inbredu we wszystkich badanych rasach w wysokości około 1% na pokolenie w latach 1996–2004, przy czym dla jagniąt urodzonych w 2004 r. wartość inbredu wahała się od około 6% u Texela do ponad 10% u rasy Shropshire.

Kuehn i in. (2008) badali efektywność różnych schematów kojarzeń u owiec w odniesieniu do spowolnienia wzrostu inbredu u potomstwa, przy równoczesnym zwiększeniu postępu genetycznego. Stwierdzili oni, że najkorzystniejsze ze względu na powolny wzrost inbredu i możliwie szybki postęp genetyczny są przypadki, w których hodowca wykorzystuje tryki, pochodzące z zewnątrz i użytkowane w sztucznym unasienianiu oraz częściowo pochodzące z własnego stada, zgodnie z ustalonym schematem wymiany reproduktorów. Najmniej korzystnym układem, według Kuehn i in.

(2008), był brak jakiegokolwiek programu wymiany reproduktorów między stadami, co oznaczało korzystanie tylko z tryków wyhodowanych we własnym stadzie.

Analiza poziomu inbredu owiec włoskiej rasy Ripollesa, przeprowadzona przez Casellas i in. (2009), wykazała stały jego wzrost na przestrzeni 15 lat (1991–2005), od nieco ponad 2% na początku tego okresu do około 8,5% w 2005 r.

Li i in. (2009) szacowali inbred i spokrewnienie dla populacji owcy fińskiej w Finlandii, obserwując stały wzrost inbredu, zarówno dla wszystkich badanych zwierząt, jak i dla populacji aktywnej, przy czym najwyższa wartość inbredu wynosiła w obu przypadkach prawie 3% w 2004 r. Stwierdzili także, że najbardziej spokrewnione między sobą były tryki (1,67%), znacznie mniej – owce i owce z trykami, odpowiednio 1,45 i 1,46%, co było zjawiskiem pozytywnym ze względu na zachowanie zmienności genetycznej tej rasy (Li i in. 2009).

Wyniki badań zimbredowania owiec rasy Dormer w stadzie Elsenburg w RPA, które prowadzili Van Wyk i in. (2009), wykazały średni poziom inbredu w tym stadzie w wysokości 16%, przy czym odpowiednie wartości wynosiły 14% dla owiec i 16% dla tryków.

### **Konie**

Duża grupa prac dotyczyła zmienności genetycznej różnych ras koni i innych gatunków koniowatych. Cunningham i in. (2001) oceniali spokrewnienie oraz inbred w populacji koni pełnej krwi angielskiej, otrzymując 13% inbredu dla wszystkich koni tej rasy, urodzonych w latach 1987–1996, a dla 211 zwierząt, dla których dostępne były wyniki analizy molekularnej, około 14%. Zechner i in. (2002) analizowali inbred koni lipicańskich z ośmiu europejskich stadnin. Otrzymali oni średnie wartości inbredu w granicach od prawie 11 do nieco ponad 2% w zależności od głębokości badanych rodowodów.

W badaniach, które prowadzili Piątek i Jagusiak (2003), szacowanie inbredu koni zimnokrwistych, hodowanych w stadninie Nowe Jankowice, wykazało prawie 2% zimbredowania u połowy klaczy stadnych, a nieco wyższą wartość, około 2,5%, dla około połowy ogierów czołowych.

Głazewska (2004) badała poziom inbredu u polskich koni arabskich, stwierdzając, że od czasów powojennych zimbredowanie wykazywało

tendencję wzrostową – od średnio około 4 do ponad 6%. Z kolei, Głazewska i Jeziński (2004) analizowali zmiany średniego inbrodu i spokrewnienia u polskich koni arabskich, obserwując od 1948 do 1997 r. stały wzrost ich spokrewnienia od około 4 do 7,5%, a inbrodu od ponad 3 do 5,3%.

Valera i in. (2005) szacowali inbred i spokrewnienie dla populacji koni andaluzyjskich, hodowanych w Hiszpanii. Stwierdzili oni zinzbredowanie ponad 93% zwierząt w badanej populacji, przy średniej wartości inbrodu dla nich, wynoszącej ponad 9% w porównaniu do odpowiedniej wartości dla wszystkich zwierząt, wynoszącej prawie 8,5%. Analiza różnorodności genetycznej, zagrożonej wyginięciem populacji osłów rasy katalońskiej, którą prowadzili Gutiérrez i in. (2005), wykazała średnią wartość inbrodu w wysokości 3,36% dla wszystkich zwierząt, a dla zinzbredowanych ponad 12,5%.

Royo i in. (2007) zajmowali się analizą zmienności genetycznej zagrożonej wyginięciem hiszpańskiej populacji karych kuców Asturcón. Autorzy ci otrzymali średnią wartość około 5% inbrodu dla całej populacji, a spokrewnienia ponad 9%.

Na podstawie badania historii powstania populacji hiszpańskich koni arabskich i ras od niej wywodzących się oraz jej zmienności genetycznej poprzez szacowanie inbrodu i spokrewnienia, Cervantes i in. (2008) stwierdzili stały wzrost wartości średnich współczynników spokrewnienia i inbrodu w ciągu ponad 100 lat hodowli, przy czym wartości ich najszybciej rosły w ostatnim dziesięcioleciu (1995–2004).

Hamann i Distl (2008), zajmując się badaniem zmienności genetycznej u koni hanowerskich, oszacowali średni inbred u tej rasy na poziomie 1,33%, przy czym u ogierów był on niższy (średnio 1,19%) niż u klaczy (1,29%).

Oszacowany przez Thirstrup i in. (2008) inbred koni, należących do trzech duńskich ras: fryderyksbordzkiej, jutlandzkiej i knabstrupp, wynosił odpowiednio 4, 6 i 3%. Avdi i Banos (2008), badając zagrożoną wyginięciem populację kuców Skyros w Grecji, otrzymali wartości inbrodu wynoszące średnio 11%, przy wahaaniach od ponad 2 do 25% dla poszczególnych zwierząt. Z kolei Bömcke i Gengler (2009) szacowali spokrewnienie dla kuców Skyros, które wahało się od 0 do 50%. Teegen i in. (2009) badali spokrewnienie i inbred dla koni trakeńskich

w Niemczech, otrzymując wzrost średniego spokrewnienia w latach 1990–2002 o 0,5%, a średniego inbrodu o 0,4%.

### **Psy**

Obiektem badań nad strukturą genetyczną populacji były również w ostatnim dziesięcioleciu niektóre rasy psów. W odniesieniu do tego gatunku jest to głęboko uzasadnione ze względu na konieczność ochrony zasobów genetycznych, szczególnie ras mniej popularnych i co za tym idzie mniej licznych. Należy tu wymienić pracę Cole i in. (2004), którzy badali trendy inbrodu owczarków niemieckich i labrador retrieverów, wykorzystywanych w USA jako przewodnicy osób niewidomych. Zaobserwowali oni wzrost inbrodu u obu ras, przy czym wyższe jego wartości, sięgające 25%, występowały u owczarków niemieckich; u labradorów stwierdzili natomiast wolniejszy wzrost tego wskaźnika i niższą jego wartość, wynoszącą 15%.

Głazewska (2008) szacowała inbred nielicznej populacji ogara polskiego. Zanotowała ona dla tej rasy znaczny wzrost inbrodu – od nieco ponad 7 do 37% w latach 1960–2004.

Obszerne badania, obejmujące 61 różnych ras psów hodowanych we Francji, przeprowadzili Leroy i in. (2009). Analizowali oni średni inbred u psów, otrzymując wartości od 0,2 do prawie 9% w zależności od rasy. Wnioskowali, że hodowcy trzech z 61 ras psów, mianowicie Berger des Pyrénées, Braque Saint-Germain i bullterier, powinni zwrócić szczególną uwagę na utrzymanie różnorodności genetycznej tych populacji ze względu na znaczne zinzbredowanie zwierząt.

### **Efektywna liczba założycieli i przodków**

#### **Bydło**

Wielu badaczy, także wspomnianych wcześniej, szacowało efektywną liczbę założycieli i przodków dla różnych populacji bydła. Buś i Kania-Gierdziewicz (2000) zajmowali się analizą udziałów założycieli i przodków w populacji bydła polskiego czerwonego, stwierdzając znaczną liczbę założycieli, należących do ras Angler i duńskiej czerwonej.

Maltecca i in. (2002) wyznaczyli udziały założycieli, pochodzących z różnych krajów,

u bydła holsztyńskiego z Francji, Niemiec, Włoch i Holandii stwierdzając, że w każdej z wymienionych populacji największą liczbę stanowili założyciele pochodzenia amerykańskiego i kanadyjskiego. Podobne wyniki, odnoszące się do pochodzenia założycieli, otrzymała też Kania-Gierdziewicz (2003) w polskiej populacji buhajów czarno-białych.

Hammami i in. (2007) oszacowali efektywną liczbę założycieli i efektywną liczbę przodków u bydła holsztyńskiego z Luksemburga i Tunezji, które od 1990 do 2000 r. w obydwu badanych krajach wykazywały tendencję spadkową. Wynosiły one w roku 2000 odpowiednio 295 i 44 dla Luksemburga oraz 112 i 22 dla Tunezji. Wyznaczyli także ranking udziałów najczęściej występujących przodków, wspólnych dla obu badanych populacji stwierdzając, że były to przeważnie buhaje pochodzenia północnoamerykańskiego.

Mc Parland i in. (2007) szacowali efektywną liczbę założycieli oraz efektywną liczbę przodków dla populacji bydła mięsnego i mlecznego w Irlandii oraz określili trendy w średnim zimbredowaniu u tego bydła. Wspomniani autorzy stwierdzili, że obrębnie każdej z badanych ras ponad połowa osobników była zimbredowana, jednak – jak wykazały stosunkowo wysokie wartości efektywnej liczby założycieli i przodków – poziom zimbredowania wszystkich badanych ras był niski.

Efektywną liczbę założycieli i przodków oraz efektywną liczebność populacji dla portugalskiego bydła rasy Alentejana szacowali również Carolino i Gama (2008). Ze względu na wysoki poziom zimbredowania, efektywna liczebność populacji, a także efektywna liczba założycieli i przodków u badanej rasy bydła przyjmowała niskie wartości, świadczące o zmniejszeniu się zmienności genetycznej w tej populacji oraz konieczności podjęcia ochrony rasy.

Martínez i in. (2008) badali udziały założycieli i przodków, szacując ich efektywną liczbę dla czterech ras bydła kreolskiego w Kolumbii. U wszystkich badanych ras liczba przodków, których udziały obejmowały 50% zmienności populacji, była niewielka i wynosiła od 8 do 22, co świadczy o znacznym zmniejszeniu się zmienności genetycznej tych populacji i konieczności wdrożenia ich ochrony.

Udziały założycieli w populacji bydła American Red Angus analizowali natomiast

Márquez i in. (2010), uzyskując wysoką wartość efektywnej liczby założycieli, wynoszącą 649, przy całkowitej liczbie założycieli, wynoszącej ponad 40 tysięcy, co jest potwierdzeniem poszerzenia bazy genetycznej badanej rasy.

### **Konie**

Byli również badacze, którzy szacowali, oprócz spokrewnienia i inbredu, inne parametry struktury genetycznej populacji koniowatych. Głazewska (2000) określiła liczbę założycieli w populacji współcześnie żyjących klaczy arabskich w Polsce, stwierdzając, że 91 osobników występowało we wszystkich badanych rodowodach, a kolejnych 43 w rodowodach co najmniej 200 klaczy, natomiast udziały 54 założycieli obejmowały około 84% zmienności badanej populacji.

Cunningham i in. (2001) oceniali udziały założycieli w populacji koni pełnej krwi angielskiej, otrzymując efektywną ich liczbę równą 28,15, przy ogólnej liczbie założycieli dla tej rasy, wynoszącej 158.

Analiza efektywnej liczby założycieli i efektywnej liczby przodków u koni lipicańskich z ośmiu europejskich stadnin, którą prowadzili Zechner i in. (2002), wykazała średnie wartości, wynoszące odpowiednio 48,2 i 26,2. Głazewska i Jezierski (2004), badając w polskiej populacji koni arabskich wkłady poszczególnych założycieli stwierdzili, że ich liczba wahała się w zależności od okresu czasu od 191 do 206.

Dla populacji koni andaluzyjskich, hodowanych w Hiszpanii, Valera i in. (2005) szacowali efektywną liczbę założycieli i efektywną liczbę przodków – w wysokości 39,6 i 16,5, przy czym 50% udziałów w puli genów badanej populacji wniosło tylko 6 przodków.

Gutiérrez i in. (2005), analizując różnorodność genetyczną zagrożonej wyginięciem populacji osłów rasy katalońskiej otrzymali niską wartość efektywnej liczby przodków, wynoszącą 27, przy czym 11 przodków obejmowało 50% zmienności genetycznej całej populacji osłów.

Z kolei, Royo i in. (2007), zajmując się analizą zmienności genetycznej zagrożonej wyginięciem hiszpańskiej populacji karych kuców Asturcón, otrzymali efektywną liczbę ich założycieli w wysokości około 18, a efektywną liczbę przodków równą 13, przy czym w 50% puli genów populacji kuców tylko 6 przodków miało swoje udziały.

Cervantes i in. (2008) badali historię powstania populacji hiszpańskich koni arabskich i ras od niej pochodzących oraz jej zmienność genetyczną. Stwierdzili oni, że efektywna liczba założycieli i efektywna liczba przodków dla populacji hiszpańskich koni arabskich, urodzonych w ostatnich 10 latach, wynosiła 327 i 311 dla zbioru, obejmującego tylko daną rasę oraz 87 i 41 dla zbioru uzupełnionego o kilka pokoleń wstecz. Dla pozostałych ras, tzn. anglo-arabów i hiszpańskich koni sportowych, urodzonych w ostatnich 11–12 latach, autorzy ci otrzymali wartości efektywnej liczby założycieli i przodków odpowiednio: 433 i 241 dla zbioru obejmującego tylko daną rasę oraz 210 i 98 dla zbioru uzupełnionego o anglo-arabów, a dla koni sportowych: 762 i 736 dla zbioru obejmującego tylko daną rasę oraz 602 i 436 dla zbioru uzupełnionego o kilka pokoleń wstecz. Zmniejszanie się wartości efektywnej liczby założycieli i przodków po dodaniu kilku pokoleń świadczyło o istnieniu wspólnych korzeni tych ras (Cervantes i in., 2008).

Badania zmienności genetycznej koni hanowerskich, które prowadzili Hamann i Distl (2008), dały wartości efektywnej liczby założycieli – odpowiednio około 245 dla wszystkich zwierząt, 364 dla ogierów i 249 dla klaczy. Efektywna liczba przodków tej rasy była natomiast równa około 78 dla wszystkich zwierząt oraz około 112 i 81, odpowiednio dla ogierów i klaczy. Ci sami autorzy stwierdzili też, że największy udział, około 50% w tworzeniu puli genów współczesnej populacji koni hanowerskich miały konie tej rasy. Znaczący wpływ miały też, według wspomnianych autorów, konie pełnej krwi angielskiej z udziałem około 40% genów oraz rasy: trakeńska z około 8% udziału genów, holsztyńska (od 2 do ponad 5%) i arabska (około 3%). Najmniejszy wpływ wywarła rasa oldenburska, mając poniżej 1% udziału genów (Hamann i Distl, 2008).

Teegen i in. (2009) zajmowali się szacowaniem efektywnej liczebności populacji koni trakeńskich ze względu na zmniejszającą się ostatnio liczebność populacji i ewentualne zagrożenie jej istnienia. Wartość efektywnej liczebności populacji wyniosła w latach 1990–2002 około 100, co okazało się wartością mniejszą niż notowane dla wcześniejszego okresu przez wspomnianych autorów ponad 200. Określili oni też udział innych ras w puli genów

współczesnych koni trakeńskich, otrzymując ponad 22% udziału genów pełnej krwi angielskiej oraz około 12% półkrwi anglo-arabskiej.

Kwiecińska i Purzyc (2009) zajmowały się analizą udziałów założycieli w populacji koni huculskich stwierdzając, że konie urodzone w latach 1999–2003 pochodziły od 112 założycieli, przy czym tylko 23 z nich miało ponad 1% udziały w puli genów badanej populacji.

### **Trzoda chlewna**

Jedynymi, którzy szacowali dodatkowe wskaźniki struktury genetycznej dla populacji trzody chlewnej byli Welsh i in. (2010). Otrzymali oni najniższą efektywną liczebność populacji, wynoszącą nieco ponad 74, dla rasy Landrace; rasa Berkshire znalazła się na drugim miejscu z wartością efektywnej liczebności populacji wynoszącą ponad 77, a u pozostałych ras odpowiednio wartości wahały się od 109 do ponad 113.

### **Psy**

Kilku badaczy zajmowało się też szacowaniem efektywnej liczby założycieli i przodków dla różnych ras psów. Cole i in. (2004) badali w USA wielkość tych wskaźników dla owczarków niemieckich i labrador retrieverów, służących jako przewodnicy osób niewidomych. Efektywna liczba założycieli i efektywna liczba przodków dla owczarków niemieckich wyniosła odpowiednio około 35 i 25, a dla labradorów około 25 i 30, co świadczyło według autorów o stałym dopływie genów do obu ras.

Głazewska (2008) szacowała udziały założycieli i przodków w nielicznej populacji ogara polskiego w latach 1960–2004. Wartości efektywnej liczby założycieli w populacji ogara były niskie i wynosiły od 4 na początku badanego okresu do 14 w późniejszym czasie, przy czym od 2 do 6 założycieli występowało w 50% rodowodów.

W badaniach, obejmujących 61 różnych ras psów hodowanych we Francji, Leroy i in. (2009) oszacowali efektywną liczbę założycieli, które wahały się w granicach od 10 do 656 oraz efektywną liczbę przodków – od 9 do 209, zależnie od rasy.

### **Króliki**

Jedno opracowanie dotyczyło badania zmienności genetycznej i struktury genetycznej populacji królików syntetycznie wytworzonej

rasy panońskiej białej. Nagy i in. (2010) badali ich spokrewnienie i inbred, a także szacowali efektywną liczbę założycieli i przodków. Otrzymali oni u królików tej rasy w latach 1992–2007 sukcesywny wzrost zimbredowania – do ponad 5,5% i spokrewnienia – do około 5%. Zanotowali też konsekwentny spadek efektywnej liczby założycieli z około 120 do około 30, a efektywnej liczby przodków z około 120 do niecałych 25 w wymienionym okresie.

### Negatywne skutki inbredu

#### *Bydło*

Wielu autorów badało również skutki, jakie wywołuje wzrost zimbredowania osobników w populacji. Literatura najczęściej dotyczy hodowli bydła. Cassell i in. (2003) badali wpływ wypełnienia (kompletności) rodowodów amerykańskiego bydła holsztyńskiego i Jersey na dokładność oszacowań inbredu oraz wpływ poziomu zimbredowania na parametry rozrodu i wydajność mleczną u wspomnianych ras. Zaobserwowali oni, że zwiększenie ilości informacji, dostępnych w rodowodach powoduje wzrost dokładności oszacowania inbredu. Wspomniani autorzy stwierdzili spadek wydajności mleka o 0,06 do 0,12 kg u bydła holsztyńskiego i o 0,08 kg u rasy Jersey oraz nieznaczne wydłużenie liczby dni do pierwszego krycia u obu ras, związane z poziomem inbredu.

Badania Adamec i in. (2006) dotyczyły wpływu inbredu na trudne ocielenia i martwe urodzenia u bydła holsztyńskiego w USA. Autorzy ci stwierdzili największy wzrost prawdopodobieństwa trudnego porodu u krowy pierwiastki rodzącej buhajka, wynoszący 0,42% na 1% wzrostu inbredu. U pierwiastek rodzących cieliczki prawdopodobieństwo trudnego ocielenia było niższe i wynosiło 0,30% na 1% wzrostu inbredu. Wzrost inbredu o 1% u krów pierwiastek powodował wzrost frekwencji martwych urodzeń o 0,25% i 0,20%, odpowiednio dla cieląt płci męskiej i żeńskiej.

Croquet i in. (2006) badali wpływ inbredu na cechy produkcyjne, punktację komórek somatycznych (SCS) oraz cechy pokroju u bydła holsztyńskiego w Belgii. Stwierdzili oni, że wzrost poziomu inbredu najsilniej wpływał na cechy produkcyjne, zmniejszając wydajność

mleka o 19,68 kg, a wydajność białka i tłuszczu w mleku o 0,96 kg i 0,69 kg. Jednocześnie, obniżał wartość indeksu ekonomicznego o ponad 6 € na 1% wzrostu inbredu. Autorzy ci zaobserwowali nieznaczny wpływ inbredu na cechy pokrojowe oraz zwiększenie podatności zimbredowanych krów na mastitis, mimo że ze wzrostem inbredu o 1% wartość SCS rosła u nich średnio tylko o 0,005 punktu.

Wpływem poziomu zimbredowania na długowieczność u kanadyjskiego bydła mlecznego ras Jersey, Ayrshire i holsztyńskiej zajmowali się Sewalem i in. (2006), stwierdzając, że we wszystkich trzech populacjach wzrost poziomu zimbredowania krów pociągał za sobą wzrost prawdopodobieństwa wybrakowania ich ze stada. Także Gulisija i in. (2007) badali wpływ zimbredowania na wydajność mleka oraz białka i tłuszczu w mleku u amerykańskich krów rasy Jersey. Stwierdzili oni spadek wydajności mleka i jego składników przy wzroście inbredu. Sørensen i in. (2006) szacowali wpływ inbredu na zdrowotność wymienia u bydła holsztyńskiego w Danii, obserwując, że wzrost zimbredowania krów z 2 do 5% spowodował zwiększenie podatności tych ostatnich na mastitis i wzrost liczby komórek somatycznych (SCC) w ich mleku.

Badania, które prowadzili VanRaden i Miller (2006), dotyczące wpływu m.in. inbredu na straty cieląt, spowodowane poronieniami do 70. dnia ciąży u bydła, wykazały, że współczynnik regresji liniowej tej cechy wynosił -0,0096% na 1% inbredu cielęcia. Wpływem inbredu na cechy produkcyjne zajmowali się też Croquet i in. (2007), którzy u belgijskiego bydła holsztyńskiego odnotowali nieznaczne straty w produkcji mleka, białka i tłuszczu w pierwszej laktacji u krów, związane ze wzrostem inbredu.

Badania z tego zakresu prowadzono także dla bydła mięsnego. Mc Parland i in. (2008) określili wpływ inbredu na cechy produkcyjne, budowę i cielność u irlandzkiego bydła mięsnego. Stwierdzili oni, że wraz ze wzrostem inbredu o 1% obniża się masa tuszy bydlęcej, przy czym u rasy Charolaise spadek był najmniejszy – 0,87 kg, natomiast u Hereford największy – sięgający prawie 2 kg. Zaobserwowali też różnice we wpływie inbredu na cechy budowy w zależności pochodzenia rasy. Rasy angielskie, jak Hereford i Angus, były odporniejsze na zimbredowanie niż rasy pochodzenia europejskiego: Charolaise,



Limousine i simentalska. U tych ostatnich ras zwierzęta zimbredowane były mniejsze, węższe i słabiej umięśnione. Mc Parland i in. (2008) stwierdzili również istotny, niekorzystny wpływ inbredu, zarówno matki jak i cielęcia, na śmiertelność cieląt w okresie okołoporodowym.

### **Owce**

Także w tym gatunku zajmowano się wpływem wzrostu inbredu na różne cechy produkcyjne mięsnych ras owiec. Norberg i Sørensen (2007) badali wpływ zimbredowania na masę ciała jagniąt przy urodzeniu, przyrostyienne oraz liczebność miotu u trzech hodowanych w Danii mięsnych ras owiec: Texel, Shropshire i Oxford Down. Wspomniani autorzy stwierdzili u wszystkich badanych ras obniżenie masy ciała jagniąt przy urodzeniu o 80 do ponad 100 g, przyrostów dziennych o około 6 do ponad 7 g oraz nieznaczne zmniejszenie liczby jagniąt w miocie na każde 10% inbredu.

Casellas i in. (2009) analizowali wpływ inbredu na masę ciała przy urodzeniu u jagniąt włoskiej rasy Ripollesa, stwierdzając obniżenie masy ciała jagniąt o 13,64 g na 1% wzrostu inbredu, co powodowało wymierne straty w odchowie.

Badania wpływu inbredu na różne cechy związane z reprodukcją i przeżywalnością u owiec rasy Dormer w stadzie Elsenburg w RPA prowadzili Van Wyk i in. (2009). Zanotowali oni również istotne obniżenie masy ciała jagniąt przy urodzeniu – o 0,006 kg oraz masy ciała przy odсадzeniu – o 0,093 kg na 1% wzrostu inbredu i stwierdzili, że konieczne jest planowanie kojarzeń w tym stadzie w taki sposób, który pozwoliłby uniknąć dalszego wzrostu jego zimbredowania.

### **Konie**

U koni również prowadzono badania nad wpływem zimbredowania na niektóre cechy, szczególnie pokrojowe i związane z rozrodem. Głazewska (2004) zanotowała, że wraz ze wzrostem inbredu rosła liczba klaczy arabskich wykazujących jałowość, jak również zwiększała się liczba porodów kończących się poronieniem lub urodzeniem martwego źrebca.

Sevinga i in. (2004) zajmowali się wpływem inbredu na zatrzymanie łożyska u klaczy fryzjskich, stwierdzając, że zimbredowanie ich populacji, wynoszące obecnie średnio ponad 15%, przyczynia się do częstszego występowania pro-

blemów z wydalaniem łożyska u klaczy tej rasy.

Wpływ inbredu na wysokość w kłębie, obwód klatki piersiowej i obwód nadpęcia przedniego u polskich klaczy arabskich badali Sierszchulski i in. (2005), stwierdzając nieznaczne zmniejszenie wspomnianych cech pokroju u klaczy o wysokim wskaźniku zimbredowania.

Gómez i in. (2009) też analizowali wpływ inbredu na wartości niektórych pomiarów zoometrycznych u koni andaluzyjskich, stwierdzając pogorszenie parametrów pokroju u zwierząt o wysokim wskaźniku i konieczność uwzględnienia poprawki na zimbredowanie osobnika przy ocenie jego wartości hodowlanej.

### **Psy**

Jedno opracowanie dotyczyło wpływu inbredu na frekwencję występowania dysplazji stawu biodrowego u psów. Ólafsdóttir i Kristjánsson (2008) analizowali wpływ inbredu na częstość występowania dysplazji stawu biodrowego u owczarka islandzkiego, stwierdzając wysoki stopień zimbredowania tej populacji (średnio 21%), przyczyniający się do istotnego wzrostu liczby przypadków tego schorzenia.

## **Ochrona zasobów genetycznych zwierząt domowych**

Mnogość organizacji, koordynujących działania związane z ochroną zasobów genetycznych zwierząt domowych, spowodowała potrzebę ujednoczenia kryteriów oceny zagrożenia dla danego gatunku czy rasy. Gandini i in. (2004) próbowali określić kryteria klasyfikacji ras zwierząt hodowlanych w Europie pod względem stopnia zagrożenia wyginięciem, takie jak np. liczba samców i samic w populacji, efektywna liczebność populacji, czy odstęp między pokoleniami, a także przeanalizować różnice w sposobach oceny zagrożenia według wytycznych Unii Europejskiej, EAAP, FAO i RBI (Rare Breed International). Autorzy ci przeanalizowali również sytuację demograficzną 110 ras bydła, hodowanych w Europie. Alderson (2009) próbował natomiast ujednoczyć definicje i klasyfikację stopni zagrożenia wyginięciem, które są stosowane przez różne organizacje, zajmujące się ochroną zasobów genetycznych zwierząt hodowlanych. Stwierdził on, że większość organi-

zacji jako najważniejsze kryterium klasyfikacji używa efektywną liczebność populacji i zaproponował dwa dodatkowe kryteria, tj. rozmieszczenie geograficzne i stopień erozji genetycznej danej rasy. Niemniej, autor ten był zdania, że w przypadku wielu ras ich rozdrobnienie i różne warunki geograficzne mogą powodować kolejne trudności klasyfikacyjne.

Z przeglądu piśmiennictwa ostatniego dziesięciolecia wynika, że coraz częściej pojawiają się w pracach wskaźniki zmienności genetycznej populacji, szacowane w oparciu o informację rodowodową, tj. współczynniki inbredu i spokrewnienia, efektywną liczebność populacji oraz efektywną liczbę założycieli i efektywną liczbę przodków. Stosuje się je głównie do monitorowania zmienności genetycznej populacji bydła – ras o dużej liczebności, jak np. holsztyńsko-fryzy, w których nastąpiły niekorzystne zmiany, spowodowane zachwianiem proporcji płci w populacji aktywnej na skutek stosowania wydajnych biotechnik rozrodu i w konsekwencji drastycznej redukcji liczby buhajów. Podobne badania przeprowadzono dla niektórych ras bydła mięsnego, u których jednak nie zanotowano problemów związanych ze wzrostem zimbredowania, ze względu na inną niż u bydła mlecznego organizację hodowli. Ostatnio podobnymi badaniami obejmuje się też coraz więcej ras bydła o znaczeniu lokalnym, które są o wiele bardziej narażone na niekorzystne skutki wysokiego spokrewnienia i zimbredowania ze względu na małą liczebność.

Wymienione wcześniej wskaźniki były również używane do monitorowania zmienności genetycznej wielu ras koni, zarówno tych bardzo

popularnych, jak np. konie arabskie czy konie pełnej krwi angielskiej, których populacje, mając zasięg światowy, są bardzo liczne, jak i ras o mniejszym znaczeniu i zasięgu regionalnym, jak konie zimnokrwiste czy kuce iberyjskie. W tym przypadku znów, niezależnie od liczebności badanej rasy koni, notowano niekorzystne skutki chowu wsobnego.

Znacznie mniejszym zainteresowaniem badaczy cieszyły się inne gatunki zwierząt domowych, jak owce, trzoda chlewna, króliki czy psy. Niemniej, również u tych gatunków zanotowano niekorzystne skutki hodowli prowadzonej w dużym pokrewieństwie, która była przeważnie spowodowana niewielką liczebnością badanych ras.

Dla genetyki populacji, a w szczególności wspomnianych wskaźników zmienności genetycznej, znaleziono ostatnio jeszcze jedno zastosowanie, a mianowicie służą one analizowaniu zmienności genetycznej małych populacji zwierząt hodowlanych, które miałyby podlegać ochronie zasobów genetycznych.

Jak wynika z przedstawionego przeglądu, tematyka ta nie traci na aktualności. Systematycznie są publikowane prace, w których analizuje się różnorodność genetyczną małych populacji zwierząt domowych różnych gatunków i ras, które ze względu na słabą wydajność i/lub małą popularność znajdują się już na granicy zagrożenia swojego istnienia. Są one obecnie coraz częściej postrzegane jako rezerwa genetyczna danego kraju lub regionu, którą należałoby zachować dla przyszłych pokoleń, stąd monitorowanie zmian w puli genetycznej tych populacji i ras staje się bardzo ważnym zadaniem.

## Literatura

- Adamec V., Cassell B.G., Smith E.P., Pearson R.E. (2006). Effects of inbreeding in the dam on dystocia and stillbirths in US Holsteins. *J. Dairy Sci.*, 89: 307–314.
- Alderson L. (2009). Breeds at risk: Definition and measurement of the factors which determine endangerment. *Livest. Sci.*, 123: 23–27.
- Avdi M., Banos G. (2008). Genetic diversity and inbreeding in the Greek Skyros horse. *Livest. Sci.*, 114: 362–365.
- Bichard M. (2002). Genetic improvement in dairy cattle – an outsider's perspective. *Livest. Prod. Sci.*, 75: 1–10.
- Bömcke E., Gengler N. (2009). Combining microsatellite and pedigree data to estimate relationships among Skyros ponies. *J. Appl. Genet.*, 50 (2): 133–143.
- Buś M., Kania-Gierdziewicz J. (2000). Genetic variability in Polish Red cattle population. *Rocz. Nauk. Zoot.–Ann. Anim. Sci.*, 27, 4: 29–41.

- Carolino N., Gama L.T. (2008). Indicators of genetic erosion in a endangered population: The Alentejana cattle breed in Portugal. *J. Anim. Sci.*, 86: 47–56.
- Casellas J., Piedrafita J., Caja G., Varona L. (2009). Analysis of founder-specific inbreeding depression on birth weight in Ripollesa lambs. *J. Anim. Sci.*, 87: 72–79.
- Cassell B.G., Adamec V., Pearson R.E. (2003). Effect of incomplete pedigrees on estimates of inbreeding and inbreeding depression for days to first service and summit milk yield in Holsteins and Jerseys. *J. Dairy Sci.*, 86: 2967–2976.
- Cervantes I., Molina A., Goyache F., Gutiérrez J.P., Valera M. (2008). Population history and genetic variability in the Spanish Arab Horse assessed via pedigree analysis. *Livest. Sci.*, 113: 24–33.
- Cleveland M.A., Blackburn H.D., Enns R.M., Garrick D.J. (2005). Changes in inbreeding of U.S. Herefords during the twentieth century. *J. Anim. Sci.*, 83: 992–1001.
- Cole J.B., Franke D.E., Leighton E.A. (2004). Population structure of a colony of dog guides. *J. Anim. Sci.*, 82: 2906–2912.
- Croquet C., Mayeres P., Gillon A., Vanderick S., Gengler N. (2006). Inbreeding depression for global and partial economic indexes, production, type and functional traits. *J. Dairy Sci.*, 89: 2257–2267.
- Croquet C., Mayeres P., Gillon A., Hammami H., Soyeurt H., Vanderick S., Gengler N. (2007). Linear and curvilinear effects of inbreeding on production traits for Walloon Holstein cows. *J. Dairy Sci.*, 90: 465–471.
- Cunningham E.P., Dooley J.J., Splan R.K., Bradley D.G. (2001). Microsatellite diversity, pedigree relatedness and contributions of founder lineages to thoroughbred horses. *Anim. Genet.*, 32: 360–364.
- EAAP. EFABIS project (<http://www.eaap.org/content/EFABIS.HTM>).
- Gandini G.C., Ollivier L., Danell B., Distl O., Georgoudis A., Groeneveld E., Martyniuk E., van Arendonk J.A.M., Woolliams J.A. (2004). Criteria to assess the degree of endangerment of livestock breeds in Europe. *Livest. Prod. Sci.*, 91: 173–182.
- 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. (2008). Genetic diversity in Polish hounds estimated by pedigree analysis. *Livest. Sci.*, 113: 296–301.
- Głazewska I., Jezierski T. (2004). Pedigree analysis of Polish Arabian horses based on founder contributions. *Livest. Prod. Sci.*, 90: 293–298.
- Gómez M.D., Valera M., Molina A., Gutiérrez J.P., Goyache F. (2009). Assessment of inbreeding depression for body measurements in Spanish Purebred (Andalusian) horses. *Livest. Sci.*, 122: 149–155.
- Gulisija D., Gianola D., Weigel K.A. (2007). Non-parametric analysis of the impact of inbreeding on production in Jersey cows. *J. Dairy Sci.*, 90: 493–500.
- Gutiérrez J.P., Marmi J., Goyache F., Jordana J. (2005). Pedigree information reveals moderate to high levels of inbreeding and weak population structure in the endangered Catalanian donkey breed. *J. Anim. Breed. Genet.*, 122: 378–386.
- Habier D., Götz K.-U., Dempfle L. (2009). Breeding program for Pietrain pigs in Bavaria with an estimation of genetic trends and effective population size. *Livest. Sci.*, 123: 187–192.
- Hamann H., Distl O. (2008). Genetic variability in Hanoverian warmblood horses using pedigree analysis. *J. Anim. Sci.*, 86: 1503–1513.
- Hammami H., Croquet C., Stoll J., Rekik B., Gengler N. (2007). Genetic diversity and joint-pedigree analysis of two importing Holstein populations. *J. Dairy Sci.*, 90: 3530–3541.
- Jagusiak W., Ptak E. (2003). Inbred w populacji polskiego bydła czarno-białego. *Rocz. Nauk. Zoot. (Supl.)*, 17: 377–380.
- Kania-Gierdziewicz J. (2003). Efektywna liczba założycieli krajowej populacji buhajów czarno-białych. *Zesz. Nauk. Prz. Hod.*, 68, 1: 167–174.
- Kania-Gierdziewicz J. (2005). Inbreeding and relationship in Polish Black-and-White sires. *J. Appl. Genet.*, 46 (2): 187–193.
- Kania-Gierdziewicz J. (2006). Analiza struktury genetycznej populacji – udział założycieli w puli genów

- populacji. *Wiad. Zoot.*, XLIV, 2: 11–18.
- Kania-Gierdziewicz J. (2008). Metody szacowania spokrewnienia i inbrodu stosowane w analizie struktury genetycznej populacji. *Wiad. Zoot.*, XLVI, 3: 29–41.
- Kearney J.F., Wall E., Villanueva B., Coffey M.P. (2004). Inbreeding trends and application of optimized selection in the UK Holstein population. *J. Dairy Sci.*, 87: 3503–3509.
- Kuehn L.A., Notter D.R., Lewis R.M. (2008). Assessing genetic gain, inbreeding, and bias attributable to different flock genetic means in alternative sheep sire referencing schemes. *J. Anim. Sci.*, 86: 526–535.
- Kwiecińska K.M., Purzyc H. (2009). Contribution founders genes in population of Hucul horses born in years 1951–1955 and 1999–2003. *Electronic Journal of Polish Agricultural Universities, Anim. Husb.*, 12, 2 (<http://www.ejpau.media.pl>).
- Leroy G., Verrier E., Meriaux J.C., Rognon X. (2009). Genetic diversity of dog breeds: within-breed diversity comparing genealogical and molecular data. *Anim. Genet.* (2009); doi:10.1111/j.1365-2052.2008.01842.x.
- Li M.-H., Strandén I., Kantanen J. (2009). Genetic diversity and pedigree analysis of the Finnsheep breed. *J. Anim. Sci.*, 87: 1598–1605.
- Maltecca C., Canavesi F., Gandini G., Bagnato A. (2002). Pedigree analysis of Holstein dairy populations. *INTERBULL*, pp. 168–172.
- Márquez G.C., Speidel S.E., Enns R.M., Garrick D.J. (2010). Genetic diversity and population structure of American Red Angus cattle. *J. Anim. Sci.*, 88: 59–68.
- Martínez R.A., García D., Gallego J.L., Onofre G., Pérez J., Cañón J. (2008). Genetic variability in Colombian Creole cattle populations estimated by pedigree information. *J. Anim. Sci.*, 86: 545–552.
- McDaniel B.T. (2001). Uncontrolled inbreeding. *J. Dairy Sci.*, 84 (E. Suppl.): E185–E186.
- Mc Parland S., Kearney J.F., Rath M., Berry D.P. (2007). Inbreeding trends and pedigree analysis of Irish dairy and beef cattle populations. *J. Anim. Sci.*, 85: 322–331.
- Mc Parland S., Kearney J.F., MacHugh D.E., Berry D.P. (2008). Inbreeding effects on postweaning production traits, conformation, and calving performance in Irish beef cattle. *J. Anim. Sci.*, 86: 3338–3347.
- Nagy I., Curik I., Radnai I., Cervantes I., Gyovai P., Baumung R., Farkas J., Szendro Z. (2010). Genetic diversity and population structure of the synthetic Pannon White rabbit revealed by pedigree analysis. *J. Anim. Sci.*, 88: 1267–1275.
- Nomura T., Honda T., Mukai F. (2001). Inbreeding and effective population size of Japanese Black cattle. *J. Anim. Sci.*, 79: 366–370.
- Norberg E., Sørensen A.C. (2007). Inbreeding trend and inbreeding depression in the Danish populations of Texel, Shropshire, and Oxford Down. *J. Anim. Sci.*, 85: 299–304.
- Ólafsdóttir G.Á., Kristjánsson T. (2008). Correlated pedigree and molecular estimates of inbreeding and their ability to detect inbreeding depression in the Icelandic sheepdog, a recently bottlenecked population of domestic dogs. *Conserv. Genet.*, 9: 1639–1641.
- Piątek H., Jagusiak W. (2003). Inbred w stadninie koni zimmokrwistych Nowe Jankowice. *Rocz. Nauk. Zoot. (Supl.)*, 17: 509–512.
- Roughsedge T., Borthstone S., Visscher P.M. (1999). Quantifying genetic contributions to a dairy cattle population using pedigree analysis. *Livest. Prod. Sci.*, 60: 359–369.
- Royo L.J., Álvarez I., Gutiérrez J.P., Fernández I., Goyache F. (2007). Genetic variability in the endangered Asturcón pony assessed using genealogical and molecular information. *Livest. Sci.*, 107: 162–169.
- 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.
- Sewalem A., Kistemaker G.J., Miglior F., Van Doormaal B.J. (2006). Analysis of inbreeding and its relationship with functional longevity in Canadian dairy cattle. *J. Dairy Sci.*, 89: 2210–2216.
- Sierszchulski J., Helak M., Wolc A., Szwaczkowski T., Schlote W. (2005). Inbreeding rate and its effect on three body conformation traits in Arab mares. *Anim. Sci. Pap. Rep.*, 23, 1: 51–59.
- Sørensen A.C., Sørensen M.K., Berg P. (2005). Inbreeding in Danish dairy cattle breeds. *J. Dairy Sci.*, 88: 1865–1872.

- Sørensen A.C., Madsen P., Sørensen M.K., Berg P. (2006). Udder health shows inbreeding depression in Danish Holsteins. *J. Dairy Sci.*, 89: 4077–4082.
- Sørensen M.K., Sørensen A.C., Baumung R., Borchersen S., Berg P. (2008). Optimal genetic contribution selection in Danish Holstein depends on pedigree quality. *Livest. Sci.*, 118: 212–222.
- Strabel T. (2001). Ograniczanie inbredu we współczesnej hodowli bydła mlecznego. *Pr. Mat. Zoot.*, 59: 25–36.
- Teegen R., Edel C., Thaller G. (2009). Population structure of the Trakehner Horse breed. *Animal*, 3 (1): 6–15.
- Thirstrup J.P., Pertoldi C., Loeschcke V. (2008). Genetic analysis, breed assignment and conservation priorities of three native Danish horse breeds. *Anim. Genet.*, 39: 496–505.
- Tomczyk-Wrona I. (2006). Ochrona zasobów genetycznych zwierząt gospodarskich. (<http://www.pzhk.pl/art.php?id=ochrona.htm>).
- Valera M., Molina A., Gutiérrez J.P., Gómez J., Goyache F. (2005). Pedigree analysis in the Andalusian horse: population structure, genetic variability and influence of the Carthusian strain. *Livest. Prod. Sci.*, 95: 57–66.
- 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](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](http://www.cdn.ca/Articles/0008/inbreeding_update.htm)).
- VanRaden P.M., Miller R.H. (2006). Effects of non-additive genetic interactions, inbreeding, and recessive defects on embryo and fetal loss by seventy days. *J. Dairy Sci.*, 89: 2716–2721.
- VanRaden P.M., Smith L.A. (1999). Selection and mating considering expected inbreeding of future progeny. *J. Dairy Sci.*, 82: 2771–2778.
- Van Wyk J.B., Fair M.D., Cloete S.W.P. (2009). Case study: The effect of inbreeding on the production and reproduction traits in the Elsenburg Dormer sheep stud. *Livest. Sci.*, 120: 218–224.
- Weigel K.A. (2001). Controlling inbreeding in modern breeding programs. *J. Dairy Sci.*, 84 (E. Suppl.): E177–E184.
- Welsh C.S., Stewart T.S., Schwab C., Blackburn H.D. (2010). Pedigree analysis of 5 swine breeds in the United States and the implications for genetic conservation. *J. Anim. Sci.*, 88: 1610–1618.
- Zechner P., Sölkner J., Bodo I., Druml T., Baumung R., Achmann R., Marti E., Habe F., Brem G. (2002). Analysis of diversity and population structure in the Lipizzan horse breed based on pedigree information. *Livest. Prod. Sci.*, 77: 137–146.

## **ANALYSIS OF POPULATION GENETIC STRUCTURE AS A TOOL TO PRESERVE GENETIC RESOURCES – A REVIEW**

### **Summary**

In biology and in animal science estimating genetic variability has always been one of prime issues. Therefore, in 1992 in Nairobi, the UN adopted the Agreed Text of the Convention on Biological Diversity (ratified in Poland in 1995), and in 2002 the EU started the EFABIS project “to create an integrate infrastructure of databases to monitor farm animal biodiversity (FAB) in Europe”.\*

The standard approach to monitor genetic diversity is to estimate inbreeding and relationship coefficients to avoid inbreeding depression. Additionally, effective population size, effective number of founders and ancestors are calculated. The topics dealt with are, for example, in cattle population: estimation of inbreeding and relationship coefficients, their trends, their effect on stillbirth or longevity, effective number of founders and ancestors; in pigs: effective population size; in sheep: influence of mating system on inbreeding and the effect of the latter on body weight, longevity and reproduction; in horse family (*Equidae*): inbreeding and relationship coefficients, their effect on retained placenta or zoometric measurements; in dogs: inbreeding (also its influence on hip dysplasia) and effective population size, means of avoiding increased homozygosity or even extinction of

small breeds. Even in apparently large cattle populations the effective size is a problem because of distorted sex ratio resulting from artificial insemination.

In response to increasing needs for the exchange of information on endangered populations, since 2004, there have been attempts to unify the criteria for classifying endangerment level.

In short, estimating genetic variability is of prime importance in small populations or in those in which sex ratio has changed, leading to a decline in effective size.

\*<http://www.ist-world.org/ProjectDetails.aspx?ProjectId=6c86c087a02649d5981f6b02f73e2090>



Fot.: D. Dobrowolska