

## A 2023-BAN SIKERESEN MEGVÉDETT PHD DISSZERTÁCIÓK ÖSSZEFOGLALÓI - HARMADIK RÉSZ

### (SUMMARIES OF PHD DISSERTATIONS IN THE YEAR OF 2023 - PART THREE)

#### A mezőhegyesi történelmi lófajták populációgenetikai értékelése

#### Genetic assessment of historical Hungarian horse breeds from Mezőhegyes

KLEIN Renáta

Debreceni Egyetem

(*University of Debrecen*)

Állattenyésztési Tudományok Doktori Iskola

(*Doctoral School of Animal Science*)

Debrecen, 2023.

Témavezető (supervisor): POSTA János PhD

#### ÖSSZEFOGLALÁS

A kutatás célja a három őshonos, nemzeti kincsként védett mezőhegyesi eredetű lófajta (a gidrán, a nóniusz és a furioso-north star) pedigreeelemzéssel végzett populációgenetikai állapotfelmérése. Kiemelt figyelemmel a genetikai variabilitásra és a beltenyésztettségre, amelyet több számítási módon is meghatároztam.

A munka alapját egy Microsoft Access adatbázis felépítése adta, amely tartalmazta az egyes egyedek nevét, ivarát, apja nevét, anyja nevét, születési idejét, fajtáját, és azonosítóját. Az alapadatokat az egyes fajták tenyésztő egyesületei bocsátották rendelkezésemre. Ezt a három adatbázist fésültem és kapcsoltam össze, majd online adatbázisok, méneskönyvek, szakirodalmi források és származási lapok használatával kiegészítettem. Az elemzéshez felhasznált végleges adattábla 47682 egyed adatait tartalmazta. A vizsgálat során a fajták 2019-ben aktív, törzskönyvi ellenőrzésben tartott állományokat választottam referencia populációknak. A referencia populációkra különböző populációgenetikai mutatók értékeit határoztam meg. A vizsgálatokat ENDOG, PopRep és Grain szoftverekkel végeztem.

Elsőként a vizsgált állományok pedigreejeltségét értékeltem. Ennek értéke határozza meg az adatbázis minőségét. Minél teljesebb a pedigree, a számított értékek annál pontosabbak. A maximálisan ismert nemzedékek száma mindhárom fajtában meghaladja a 36 generációt. A leghosszabb származású egyed 43 generációra vezethető vissza. A 2019-ben aktív állományokat alkotó 1534 ló 99,3%-ának a 30. ősi sorban is volt ismert felmenője. A teljes ismert ősi sorok száma heterogénebb képet mutatott. A gidránok 6,1, míg a furioso-north star populáció egyedei átlagosan 4,69 teljes ismert generációval rendelkeztek. A nóniusz populáció értéke ehhez közel állt (4,95). A referencia populációkba tartozó egyedek 78,6%-a legalább 5 teljesen ismert nemzedékre visszanyúló származással rendelkezett. A teljes generációs ekvivalens értékek 12,64 és 16,45 közötti intervallumban helyezkedtek el.

Előbbi a nóniusz, utóbbi a gidrán fajtához tartozott. A furioso-north star egyedek átlagos értéke 15,18. A pedigrelteljesség évenkénti alakulását tekintve a gidrán állomány származásai a legteljesebbek. A hosszú pedigrék háttérében a fajták tenyésztése során bevont angol telivér egyedek állnak.

Az elemzés során a nemzedékköz értékeket négy leszármazási úton (ménelőállító mén, kancaelőállító mén, ménnevelő kanca, kancanevelő kanca) határoztam meg. A leghosszabb leszármazási útvonalak minden esetben a ménekhez kötődtek értékük 12,54–12,77 év között változott. Előbbi a nóniuszhoz (ménelőállító mén), utóbbi a gidránhoz (kancaelőállító mén) kapcsolódott. A furioso-north star fajta leghosszabb nemzedékköz értéke 12,64 év a ménelőállító mének leszármazási útvonalán. A négyféle szülő-ivadék leszármazási út megfelelő nemzedékköz értékeit páronként kétmintás t- próbával összehasonlítva a mének leszármazási útjain számított értékek és az egyes kanca leszármazási utak értékei között minden fajta vonatkozásában szignifikáns eltérést tapasztaltam ( $p < 0,05$ ), továbbá a gidrán fajta esetében a két kanca leszármazási útvonal között is. A hosszabb nemzedékköz értékeket egy egyed hosszú ideig tenyésztésben tartása eredményezte, ez idő alatt a genetikai sokféleség nem csökken.

Az alapító ősök tényleges száma a furioso-north star fajtában a legmagasabb (2874), míg a gidrán populáció esetében a legalacsonyabb (1725). A nem alapító ősök tényleges száma szintén ezt a tendenciát követi, 311 egyed a furioso-north star fajtában és 138 a gidrán esetében. Az effektív alapító ősök száma egyaránt 99–99 a gidrán és a furioso-north star fajták referencia populációban, ettől kissé elmarad a nóniusz esetében (95). Az effektív és a valós számok közötti igen nagymértékű különbség miatt a genetikai variabilitás jelentős mértékű csökkenésére következtethetünk. Az effektív számok egymáshoz viszonyított arányának különbsége szembeűnő, a palacknyak hatás mindhárom fajtát sújtotta. A mértéke a gidrán és a nóniusz fajták esetében volt magasabb. A nagymértékű gényvesztés okai a fajták tenyésztéstörténetében keresendők. Az alapító ősök genom ekvivalens értéke a gidrán esetében 7,84 a nóniusz esetében 7,97, ezekről magasabb 11,75 a furioso-north star fajtában. A génsodródás mértéke a korábban bemutatott együttműködőkkel összhangban áll, ezért a szélsőértékeket ezúttal is a gidrán (7,9%) és a furioso-north star (12%) fajtákra állapítottam meg. A nóniusz populáció 8,4%-os értéke ezúttal is a gidránhoz állt közel.

A referencia állományok genetikai variabilitása mindhárom esetben csökkent a teljes állományhoz képest. A gidrán és a nóniusz állományok diverzitásának feléért 9–9 egyed felelős, a furioso-north star esetén ez 17, mely némiképp kedvezőbb. A teljes állományokat a furioso-north star és a gidrán esetében leginkább angol telivérek határozzák meg. A fajták telivérezettsége régről jövő, a referencia populációt lefedő genetikai variabilitást leginkább meghatározó angol telivér mének a XVIII-XIX. századból származnak. A referencia populációk genetikai variabilitásáért fajtába tartozó törzsmének és nemesítő egyedek felelősek.

Mindhárom fajta állománya beltenyésztett. A Wright-féle beltenyésztési együttható a furioso-north star fajtában a legalacsonyabb (4,31%), míg a nóniusznál (5,59%) a legmagasabb. A Kalinowski módszere a Wright-féle beltenyésztési együtthatót két részre bontja. Minél magasabb a Kalinowski-féle beltenyésztettség értéke, a jelenleg származásilag azonos allélek annál nagyobb része került a korábbi generációk során már legalább egyszer ilyen állapotba. Míg ha az új Kalinowski-féle mutató

értéke magas, akkor ennek fordítottja igaz. Az új Kalinowski-féle beltenyésztési együtttható értékei kisebbek voltak a Kalinowski-féle együtttható értékeinél, így a beltenyésztés többnyire a múltból származik. A múltban lejátszódott beltenyésztés hányada hasonló volt a vizsgált fajták esetében. Ez valószínűleg a közös kanca-alapnak és az angol telivér ménnek használatának korábbi eredménye.

Az egyes referencia állományokban számos 15–20%, sőt néhány akár 30%-os Wright-féle beltenyésztettségi együttthatóval rendelkező egyed szerepelt. A legmagasabb együttthatóval rendelkező egyedek szülő-ivadék párosításból származnak, azonban az ilyen szoros rokonpárosításból származó egyedek születése elkerülendő. Jelenlétük a populációban megfelelő párosítások esetén a fajta tágabb helyzetére hatást nem gyakorol.

Megvizsgáltam a fajták parciális beltenyésztettségét a fajta- illetve vonalalapító ménekre. Minden fajta esetében bebizonyosodott, hogy a genealógiai vonalak jelentős része nem mutat különösebb beltenyésztettséget az alapító ménre. A fajtáknál genealógiai vonalak és nem genetikai vonalak szerinti tenyésztés zajlik.

A referencia populációkba tartozó egyedek átlagos rokonsági fok értéke a furioso-north star populációnál a legmagasabb (4,08) és a nónius állománynál a legalacsonyabb (3,68), de alapvetően mindhárom populációban mintegy 4%. A teljes állomány értékéhez képest a gidrán és a furioso-north star esetében csökkenés a nóniusznál mutatkozott. Mivel minden fajta vonatkozásában a koefficiens értéke nagyobb, mint a Wright-féle beltenyésztési együtttható fele, az érték megerősíti, hogy nem sikerült elkerülni a rokon egyedek párosítását.

Az effektív populációméret kulcsfontosságú koefficiens a géntartalék-védelem alatt álló fajták esetében. Mindhárom referencia populáció értéke meghaladta a kritikus 50-es határt. A legalacsonyabb együtttható (70,35) a furioso-north star állományt jellemezte. A gidrán és nónius fajták értéke egyaránt 77,67 volt. Mindhárom populáció beleesett a genetikai diverzitás fenntartásához szükséges minimum 50 és 100 közötti intervallumba.

## SUMMARY

The aim of the study was to evaluate the population genetic status of the three indigenous horse breeds (Gidran, Nonius, Furioso-North Star) from Mezőhegyes with pedigree analysis. The main focuses were on the genetic variability and the inbreeding, which was measured in several different ways.

The research work was based on a Microsoft Access database, in which the name and sex of each horse, name of sire and dam, date of birth, breed and identification number were registered. The base pedigree information for each breed was given by the appropriate breeding associations. These three databases were connected to each other, and after that completed with the missing data from online databases, studbooks and literature sources. Altogether, there were the pedigree data of 47,682 animals in the database. The active populations in 2019 were chosen as reference population for each breed. Several population genetic coefficient were calculated for these reference populations. Databases were analysed by using the ENDOG, PopRep and GRain software.

First of all, the pedigree completeness was evaluated, as it describes the quality of the dataset. The more complete pedigree allows more precise results.

The average maximum generations were close to 36 generations for each breeds. There was one individual with 43 generations length pedigree. In the active populations almost every horses (99.3%) had ancestors at least 30 generations back. The number mean number of complete generations was more heterogenic. The mean number of complete generations was 6.1 for the Gidran, and 4.69 for the Furioso-North Star. The Nonius (4.95) were close to the Furioso-North Star. At least five generations were completely known for the 78.6% of the animals in the three reference populations. The complete generations equivalent varied between 12.64 and 16.45. The Gidran was the highest and the Nonius was the lowest. The mean number was 15.18 for Furioso-North Star reference population. The pedigree completeness per year was more completed for the Gidran breed. The background of the long pedigrees was the usage of the English Thoroughbred breeding stallions.

The generation interval was measured in four different pathways (sire–daughter, sire–son, dam–daughter, dam–son). The longest pathways were computed for the sire pathways the values varied between 12.54 and 12.77 years. The lower was the Nonius 95 (sire-to-son) and the higher was the Gidran (sire-to-daughter). The sire-to-son pathway was the longest for the Furioso-North Star breed, these value was 12.64 years. The four pathways were compared pairwise for each breed, using independent samples t-test. There were significant differences between the mare and the sire pathways ( $p < 0.05$ ) for the Furioso-North Star and the Nonius breed as sire pathways were approximately two years longer than those of broodmares. Besides the significant different between the sire and dam pathways, dam-to-son and dam-to-daughter pathways was also significantly different for the Gidran breed. The longer breeding time was caused to longer generation interval, in this time the genetic diversity still constant.

The number of founders was the highest for the Furioso-North Star breed (2874), and the lowest for the Gidran population (1725). The tendency of the number of ancestors was similar, there were 311 ancestors for the Furioso-North Star and 138 for the Gidran breed. The effective numbers of founders were both 99 for the Gidran and the Furioso-North Star, and 95 for the Nonius reference population. The difference between the total and the effective numbers was high, so gene loss was considerable. The ratio between the coefficients was reasonable, each breed suffered the bottleneck effect. The values were lower for the Gidran and the Nonius breeds. The reason behind these huge gene losses might be found in their breeding history. The calculated founder genome equivalent was estimated at 7.84 for Gidran, and 7.97 for the Nonius reference population. The value for the Furioso-North Star was higher than that, 11.75. The level of the genetic drift was in the same tendency, the lowest (7.9%) for the Gidran and the highest (12%) for the Furioso-North Star. The Nonius population were close to the Gidran (8.4%).

The genetic variability was decreased in each reference population to the total population. Only 9-9 animals cover the 50% of the genetic variability for Gidran and Nonius breeds, respectively. In the Furioso-North Star population that was a bit higher, 17 horses. The English Thoroughbred horses were most influential for the total populations. The value of the English Thoroughbred gene percentage originated mainly from the past, the most influential stallions responsible for the genetic diversity lived in the 18th and 19th century. The genetic variability for the reference populations was mostly covered by breeding stallions from each breed.

Each reference population was inbred. The Wright inbreeding coefficient was the lowest for the Furioso-North Star (4.31%) and highest for the Nonius population (5.59%). The Wright inbreeding coefficient was split into two parts using Kalinowski's method: alleles which had undergone inbreeding in the past and alleles identical by descent for the first time. The higher the value of Kalinowski coefficient means that the inbreeding was from the past, if the new Kalinowski coefficient was higher the alleles identical by descent for the first time. The estimated new Kalinowski values were smaller than Kalinowski values, so inbreeding originated mostly from the past, and these levels were similar in each breed. This was probably the result of the common mare base and the usage of English Thoroughbred stallions.

There were some highly inbred (15-20%) horses in each reference population, moreover there were a few animals more than 30% Wright coefficients. The individuals with highest coefficient came from father-daughter mating, that type of mating should be avoided. These highly inbred animals are still in the population, but if they will be mated with an appropriate breeding stallion they won't make an effect for the population structure.

The partial inbreeding coefficient was analyzed for each breed to their breed founder and line founder stallions. It was proven for each breed there wasn't high partial inbreeding for these stallions in their genealogical line. In these breeds the breeding method was genealogical and not genetical.

The average relatedness was the highest for the Furioso-North Star (4.08%) and the lowest for the Nonius breed (3.68%), but the value was approximately 4% for each reference population. Compared to the value of the total population the Gidran and the Furioso-North Star were decreased, the Nonius slightly increased. Because the value of the coefficient was higher than the half of the Wright coefficient there were mating between relatives in the breeding.

The effective population size was crucial part in the endangered populations. The coefficient for each reference population was above the critical 50. The lowest effective population size (70.35) was characterized the Furioso-North Star population. The value of the Gidran and the Furioso-North Star were both 77.67. Each population was between 50 and 100, these levels are necessary to maintain the genetic diversity.

Forrás (source): <https://dea.lib.unideb.hu/items/e431960d-7dc4-4ca2-a169-18c5b1d5d01f>