

## **Wpływ głębokości rodowodu i stopnia jego wypełnienia na dokładność oszacowania spokrewnienia i inbrodu buhajów**

**Joanna Kania-Gierdziewicz, Maciej Gierdziewicz**

Uniwersytet Rolniczy w Krakowie, Katedra Genetyki i Metod Doskonalenia Zwierząt,  
al. Mickiewicza 24/28, 30-059 Kraków; e-mail: rzkania@cyf-kr.edu.pl

Podstawowymi i najczęściej szacowanymi parametrami analizy struktury genetycznej są współczynniki inbrodu i pokrewieństwa. Jakość posiadanej informacji rodowodowej bywa z różnych powodów niedostateczna, co może wpływać na wyniki oszacowań wspomnianych współczynników, powodując ich zaniżenie lub zawyżenie. Stąd celem pracy było zbadanie wpływu głębokości rodowodu oraz stopnia jego wypełnienia na dokładność oszacowań pokrewieństwa i inbrodu w populacji. Analizowano rodowody 25 036 krajowych buhajów czarno-białych, holsztyńsko-fryzyjskich oraz ich mieszańców urodzonych w latach 1960-2000. Oszacowano współczynniki pokrewieństwa i inbrodu przy różnej głębokości rodowodów buhajów. Następnie rodowody uzupełniono w drugim pokoleniu, wstawiając dla nieznanego przodka wartość średniego współczynnika inbrodu znanych przodków z pokolenia, do którego należały i powtórzono obliczenia. W zbiorze niepoprawionym wszystkie osobniki zinbredowane wykryto dopiero po 12 pokoleniach. Średni współczynnik inbrodu dla osobników zinbredowanych wynoszący 0,0216 osiągnięto w 11. pokoleniu. Zaś dla wszystkich osobników wartość inbrodu wynoszącą 0,0013 otrzymano już w 9. pokoleniu. Liczba par spokrewnionych w zbiorze niepoprawionym osiągnęła maksimum w 17. pokoleniu. Średnie spokrewnienie dla wszystkich par wzrastało do 8. pokolenia, osiągając wartość 0,0017. Dla par spokrewnionych stała wartość 0,0282 osiągnęło ono w 13. pokoleniu. W zbiorze poprawionym wzrosła około dziesięciokrotnie liczba zwierząt zinbredowanych. Średni inbred wzrósł do 0,0016, zaś średni inbred zwierząt zinbredowanych – do 0,027. Po wprowadzeniu poprawek nie uległo zmianie średnie spokrewnienie. Wprowadzenie poprawek na inbred dla nieznanego przodka, przy dużych brakach w informacji rodowodowej, nie ma większego znaczenia dla dokładności oszacowań współczynników pokrewieństwa i inbrodu, ponieważ wartości tak uzyskanych poprawek są niskie. Analizę rodowodową należy przeprowadzić biorąc pod uwagę jak najgłębsze rodowody, nawet gorszej jakości, gdyż każde ograniczenie liczby pokoleń może skutkować utratą ważnych informacji.

**SŁOWA KLUCZOWE:** bydlę / analiza rodowodowa / współczynniki pokrewieństwa i inbrodu

Informacja rodowodowa jest wykorzystywana do szacowania wielu parametrów stosowanych w analizie struktury genetycznej populacji. Podstawowymi i najczęściej szacowanymi parametrami są współczynniki inbrodu i pokrewieństwa [2, 7, 12, 13, 16, 20, 22, 23]. Służą one do monitorowania zmian homo- i heterozygotyczności w populacji. Nagły wzrost homozygotyczności populacji, objawiający się wzrostem wartości inbrodu, jest sygnałem sugerującym możliwość zaistnienia niekorzystnych zmian w populacji, które prowadzą do wystąpienia depresji inbredowej [1, 11, 17]. Dla wielu populacji hodowlanych, nie tylko bydłowych, wzrastające w szybkim tempie zinbredowanie osobników stało się obecnie znaczącym problemem gospodarczym i hodowlanym [3, 4, 6, 10, 14, 15, 21].

Innym problemem jest jakość posiadanej informacji rodowodowej gromadzonej dla wielu populacji, która bywa z różnych powodów niedostateczna. Może to wpływać na wyniki oszacowań współczynników pokrewieństwa i inbrodu, powodując np. ich zniżenie lub zawyżenie, co sugeruje wielu autorów [3, 9, 19]. Proponują oni stosowanie różnego rodzaju poprawek mających na celu zwiększenie stopnia wypełnienia rodowodów, a tym samym poprawienie dokładności oszacowań współczynników pokrewieństwa i inbrodu. Na przykład poprawka, którą zaproponował VanRaden [19] przyporządkowywała osobnikom o nieznanym pochodzeniu wartość współczynnika inbrodu równą średniemu inbredowi ich rówieśników, których rodzice są znani. Przy czym rówieśnicy bez rodowodu zostali przypisani do specjalnych grup osobników z nieznanymi rodzicami, podobnie jak się to robi w ocenie wartości hodowlanej zwierząt metodą BLUP – model zwierzęcia [19]. Zaś Cassell i wsp. [3] zaproponowali metodę analizy wypełnienia rodowodu osobnika, która pozwalała wykryć możliwe zinbredowanie w każdym układzie brakujących danych o przodkach.

Celem pracy było zbadanie wpływu głębokości rodowodu oraz stopnia jego wypełnienia na dokładność oszacowań spokrewnienia i inbrodu w populacji, również przy uwzględnieniu wyżej opisanych metod wprowadzania poprawek ze względu na brakującą informację rodowodową.

## **Materiał i metody**

Materiał stanowiły rodowody 25 036 krajowych buhajów czarno-białych, holsztyńsko-fryzyjskich oraz ich mieszańców urodzonych w latach 1960-2000. Buhaje pochodziły po 1728 ojcach i 19 211 matkach. Ogółem w rodowodach badanych buhajów występowały 63 264 zwierzęta, co stanowiło 2 001 135 216 par. Oszacowano współczynniki pokrewieństwa ( $R_{XY}$ ) i inbrodu ( $F_x$ ) przy różnej głębokości rodowodów buhajów. Oznaczono również maksymalną dostępną głębokość rodowodów badanych buhajów. Do oszacowań wykorzystano metodę zaproponowaną przez Tiera [18], którą zmodyfikowano używając algorytmu rekursywnego [5] w celu przyspieszenia obliczeń. Następnie rodowody uzupełniono w pierwszym i w drugim pokoleniu, wstawiając dla nieznanymi przodków wartość średniego współczynnika inbrodu znanych przodków z pokolenia, do którego należały [3, 19]. Po czym obliczenia powtórzono uzyskując drugi komplet wyników.

## Wyniki i dyskusja

Wyniki dotyczące szacowania współczynnika inbrodu dla zbioru niepoprawionego liczącego 63 264 osobniki przedstawiono w tabeli 1. Przeanalizowano rodowody do 20 pokolenia wstecz. W zbiorze niepoprawionym wszystkie osobniki zimbredowane wykryto dopiero po przeanalizowaniu 12. pokoleń. Od tego momentu dodanie każdego następnego pokolenia nie zmieniało liczby osobników zimbredowanych. Średnią wartość współczynnika inbrodu dla osobników zimbredowanych wynoszącą 0,0216 osiągnięto w 11. pokoleniu. Zaś dla wszystkich analizowanych osobników wartość  $F_x$  wynoszącą 0,0013 otrzymano już w 9. pokoleniu (tab. 1), co może sugerować, że współczynniki inbrodu osobników należących do pokoleń dalszych (od 9. wstecz) były bliskie zera. Generalnie średni współczynnik inbrodu dla wszystkich osobników, wynoszący 0,0013, jak również dla osobników zimbredowanych (0,0216) wykazywały niskie wartości w porównaniu z tymi, które podawali inni autorzy dla podobnego pod względem składu rasowego materiału [2, 7, 12, 13, 16, 23].

**Tabela 1 – Table 1**

Oszacowania średniego inbrodu ( $F_x$ ) dla wszystkich osobników oraz dla osobników zimbredowanych otrzymane dla zbioru niepoprawionego (63 264 osobniki)  
 Estimations of average inbreeding coefficients ( $F_x$ ) for all and inbred individuals from pedigree file without corrections (63 264 animals)

Liczba analizowanych pokoleń Number of generations analysed	Liczba osobników zimbredowanych Number of inbred animals	Procent osobników zimbredowanych Percent of inbred animals	Średni $F_x$ – Average $F_x$	
			wszystkich osobników all animals	zimbredowanych osobników inbred animals
2	20	0,0316	0,0001	0,2500
3	107	0,1691	0,0003	0,1495
4	333	0,5264	0,0005	0,0907
5	947	1,4969	0,0008	0,0527
6	1843	2,9132	0,0010	0,0356
7	2656	4,1983	0,0012	0,0280
8	3202	5,0613	0,0012	0,0244
9	3504	5,5387	0,0013	0,0226
10	3630	5,7379	0,0013	0,0219
11	3685	5,8248	0,0013	0,0216
12	3690	5,8327	0,0013	0,0216
13-20	3690	5,8327	0,0013	0,0216

Liczba par spokrewnionych w zbiorze niepoprawionym osiągnęła maksimum w 17. pokoleniu i po dodaniu następnych pokoleń nie ulegała już praktycznie zmianie (tab. 2). Średnie spokrewnienie dla wszystkich par wzrastało do 8. pokolenia, w którym osiągnęło wartość 0,0017. Dla par spokrewnionych stałą wartość 0,0282 osiągnęło ono w 13. pokoleniu i dodanie każdego następnego pokolenia nie zmieniało już jego war-

**Tabela 2 – Table 2**

Oszacowania średniego spokrewnienia ( $R_{XY}$ ) dla wszystkich osobników oraz dla osobników spokrewnionych otrzymane dla zbioru niepoprawionego (63 264 osobniki = 2 001 135 216 par)

Estimations of average relationship coefficients ( $R_{XY}$ ) for all and related individuals from pedigree file without corrections (63 264 animals i.e. 2 001 135 216 pairs)

Liczba analizowanych pokoleń Number of generations analysed	Liczba par spokrewnionych Number of related pairs	Procent par spokrewnionych Percent of related pairs	Średni $R_{XY}$ – Average $R_{XY}$	
			wszystkich par all pairs	spokrewnionych par related pairs
2	88 298	0,0044	0,0003	0,5002
3	2 077 762	0,1038	0,0006	0,2621
4	6 619 901	0,3308	0,0009	0,1687
5	16 432 898	0,8212	0,0012	0,1063
6	34 204 205	1,7092	0,0014	0,0688
7	61 439 750	3,0702	0,0016	0,0470
8	89 079 887	4,4515	0,0017	0,0364
9	107 044 126	5,3492	0,0017	0,0318
10	116 808 377	5,8371	0,0017	0,0296
11	121 525 828	6,0728	0,0017	0,0286
12	123 127 318	6,1529	0,0017	0,0283
13	123 473 737	6,1702	0,0017	0,0282
14	123 520 165	6,1725	0,0017	0,0282
15	123 524 171	6,1727	0,0017	0,0282
16	123 524 367	6,1727	0,0017	0,0282
17-20	123 524 377	6,1727	0,0017	0,0282

tości (tab. 2). Czas trwania obliczeń spokrewnienia i inbrodu dla danych nie poprawionych wzrastał z każdym następnym pokoleniem aż do 14., potem już się nie zmieniał.

Liczba przodków w rodowodach buhajów malała sukcesywnie z pokolenia na pokolenie. W szóstym pokoleniu przodków, jak zbadano wcześniej [8], wypełnionych było już tylko niecałe 3% rodowodów. Zastosowano więc poprawki [19] polegające na uzupełnieniu brakujących danych, szczególnie dotyczących inbrodu.

W zbiorze poprawionym wzrosła około dziesięciokrotnie liczba zwierząt zimbredowanych (tab. 3). Wzrost ten był spowodowany głównie zastosowanymi poprawkami na inbred. Średni inbred wzrósł do 0,0016, zaś średni inbred zwierząt zimbredowanych wzrósł tylko do 0,027, ponieważ wartości wprowadzonych poprawek były ogólnie niskie. Po wprowadzeniu poprawek nie uległo zmianie średnie spokrewnienie.

Podsumowując, można stwierdzić, że w badanym zbiorze średnie współczynniki inbrodu i pokrewieństwa przyjmowały generalnie niskie wartości w porównaniu z danymi cytowanymi przez innych autorów, co wynikało ze znacznej niekompletności rodowodów buhajów. Zatem wprowadzenie poprawek na inbred dla nieznanymi przodków wydaje się nie mieć większego znaczenia dla dokładności oszacowań współczynników pokrewieństwa i inbrodu w przypadku dużych braków informacji rodowodowej,

**Tabela 3 – Table 3**

Średni współczynnik inbrodu ( $F_x$ ) przed i po dokonaniu poprawek inbrodu dla nieznanych przodków  
 Average inbreeding coefficients ( $F_x$ ) before and after corrections made for unknown ancestors

Wyszczególnienie Specification	Liczba osobników z inbredowanych Number of inbred animals	Procent osobników z inbredowanych Percent of inbred animals	Średni $F_x$ – Average $F_x$	
			wszystkich osobników all animals	osobników z inbredowanych inbred animals
Bez poprawek Without corrections	3690	5,8327	0,0013	0,0216
Poprawka dla: – Correction for:				
rodziców – parents	34 063	53,8426	0,0015	0,0285
rodziców i dziadków parents and grand parents	37 931	59,9567	0,0016	0,0266

ponieważ wartości tak uzyskanych poprawek są niskie. Jednak nawet przy gorszej jakości posiadanych rodowodów, tzn. dużej liczbie brakujących danych, analizę ich należy przeprowadzić biorąc pod uwagę jak największą liczbę pokoleń, jeżeli istnieją takie możliwości, ponieważ każde jej ograniczenie może skutkować utratą ważnych informacji.

## PIŚMIENNICTWO

1. ARMBRUSTER P., REED D.H., 2005 – Inbreeding depression in benign and stressful environments. *Heredity* 95, 235-242.
2. BOWMAN J.C., BUTLER E.A., TUNCEL E., 1978 – Coefficients of inbreeding and degree of relationship for the British Friesian herd. *Animal Production* 27, 269-276.
3. 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. *Journal of Dairy Science* 86, 2967-2976.
4. 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. *Journal of Dairy Science* 90, 465-471.
5. GIERDZIEWICZ M., KANIA-GIERDZIEWICZ J., 2007 – A study on efficiency of recursive algorithm for estimating relationship coefficients. *Acta Scientiarum Polonorum, Zootechnica* 6(4), 29-36.
6. GULISIJA D., GIANOLA D., WEIGEL K.A., 2007 – Nonparametric analysis of the impact of inbreeding on production in Jersey cows. *Journal of Dairy Science* 90, 493-500.
7. HAMMAMI H., CROQUET C., STOLL J., REKIK B., GENGLER N., 2007 – Genetic diversity and joint-pedigree analysis of two importing Holstein populations. *Journal of Dairy Science* 90, 3530-3541.
8. KANIA-GIERDZIEWICZ J., 2005 – Inbreeding and relationship in Polish Black-and-White sires. *Journal of Applied Genetics* 46(2), 187-193.
9. LUTAYYA E., MISZTAL I., BERTRAND J.K., MABRY J.W., 1999 – Inbreeding in populations with incomplete pedigrees. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 116, 475-480.

10. MARTINEZ R.A., GARCIA D., GALLEGO J.L., ONOFRE G., PEREZ J., CAUÓN J., 2008 – Genetic variability in Colombian Creole cattle populations estimated by pedigree information. *Journal of Animal Science* 86, 545-552.
11. MCDANIEL B., 2001 – Uncontrolled Inbreeding. *Journal of Dairy Science* 84 (E Suppl.), E185-E186.
12. MC PARLAND S., KEARNEY J.F., RATH M., BERRY D.P., 2007 – Inbreeding trends and pedigree analysis of Irish dairy and beef cattle populations. *Journal of Animal Science* 85, 322-331.
13. MIGLIOR F., BURNSIDE E.B., 1995 – Inbreeding of Canadian Holstein cattle. *Journal of Dairy Science* 78, 1163-1167.
14. NORBERG E., SØRENSEN A.C., 2007 – Inbreeding trends and inbreeding depression in the Danish populations of Texel, Shropshire and Oxford Down. *Journal of Animal Science* 85, 299-304.
15. 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. *Journal of Animal Science* 82, 982-986.
16. SØRENSEN A.C., SØRENSEN M.K., BERG P., 2005 – Inbreeding in Danish dairy cattle breeds. *Journal of Dairy Science* 88, 1865-1872.
17. STRABEL T., 2001 – Ograniczanie inbredu we współczesnej hodowli bydła mlecznego. Artykuł przeglądowy. *Prace i Materiały Zootechniczne* 59, 25-35.
18. TIER B., 1990 – Computing inbreeding coefficients quickly. *Genetic Selection Evolution* 22, 419-430.
19. VANRADEN P.M., 1992 – Accounting for inbreeding and crossbreeding in genetic evaluation of large populations. *Journal of Dairy Science* 75, 3136-3144.
20. VANRADEN P.M., SMITH L.A., 1999 – Selection and mating considering expected inbreeding of future progeny. *Journal of Dairy Science* 82, 2771-2778.
21. WEIGEL K.A., 2001 – Controlling Inbreeding in Modern Breeding Programs. *Journal of Dairy Science* 84 (E Suppl.), E177-E184.
22. WIGGANS G.R., VANRADEN P.M., ZUURBIER J., 1995 – Calculation and use of inbreeding coefficients for genetic evaluation of United States dairy cattle. *Journal of Dairy Science* 78, 1584-1590.
23. YOUNG C.W., BONCZEK R.R., JOHNSON D.G., 1988 – Inbreeding of and Relationship among registered Holsteins. *Journal of Dairy Science* 71, 1659-1666.

Joanna Kania-Gierdziewicz, Maciej Gierdziewicz

## Influence of pedigree depth and completeness on accuracy of relationship and inbreeding estimations in bulls

### Summary

Inbreeding and relationship coefficients are commonly estimated in analyzing population genetic structure. Incomplete pedigree information used in calculations can bias in values of inbreeding and relationship coefficients. So the aim of the study was to examine the influence of pedigree depth and completeness on accuracy of relationship and inbreeding estimation in bulls. Data were pedigrees of 25 036 Black-and-White sires born from 1960 thru 2000. Inbreeding and

relationship coefficients were calculated for different pedigree depth. In the next stage missing information in pedigrees was recovered according to the algorithm proposed by VanRaden [19], where the inbreeding of ancestors whose parent or parents are unknown is equal to the mean inbreeding of their contemporaries with known parents. All 3690 inbred animals were found in the basic file after 12 generations. Average inbreeding coefficient of 0.0216 for inbred animals was found after 11 generations traced, and 0.0013 for all animals after 9 generations. The number of related pairs in basic file reached its maximum for 17-generation pedigrees. Mean relationship coefficient for all pairs increased to 0.0017 in 8th generation, and for related pairs the constant value of 0.0282 was reached in 13th generation. In the adjusted file the number of inbred animals increased 10 times. Average inbreeding coefficient increased to 0.0016 for all animals, and to 0.027 for inbred animals. Mean relationship values remained constant. Correction for inbreeding of unknown ancestors seems not sufficient if the pedigree information is very incomplete. But even then, it is necessary to examine as much generations back as possible, to obtain more accurate inbreeding and relationship values.

