

UNIVERZA V LJUBLJANI
BIOTEHNIŠKA FAKULTETA
ODDELEK ZA ZOOTEHNIKO

Barbara BRAČIČ

**ANALIZA GENETSKE STRUKTURE PO LINIJAH IN RODOVIH
LIPICANSKEGA KONJA**

MAGISTRSKO DELO
Magistrski študij – 2. stopnja

**ANALYSIS OF GENETIC STRUCTURE BY PATERNAL AND MATERNAL
LINES OF THE LIPIZZAN HORSE**

M.Sc. THESIS
Master Study Programmes

Ljubljana, 2014

Magistrsko delo je zaključek Magistrskega študijskega programa 2. stopnje. Analize podatkov so bile opravljene na Katedri za znanosti o rejah živali, Oddelka za zootehniko, Biotehniške fakultete, Univerze v Ljubljani. Rodovniški podatki so bili pridobljeni v Kobilarni Lipica.

Komisija za študij 1. in 2. stopnje Oddelka za zootehniko je za mentorja diplomskega dela imenovala doc. dr. Gregorja Gorjanca in za somentorja doc. dr. Klemen Potočnika.

Recenzent: prof. dr. Jurij POHAR
 Univerza v Ljubljani, Biotehniška fakulteta, Oddelek za zootehniko

Komisija za oceno in zagovor:

Predsednik: doc. dr. Silvester ŽGUR
 Univerza v Ljubljani, Biotehniška fakulteta, Oddelek za zootehniko

Član: doc. dr. Gregor GORJANC
 Univerza v Ljubljani, Biotehniška fakulteta, Oddelek za zootehniko

Član: doc. dr. Klemen POTOČNIK
 Univerza v Ljubljani, Biotehniška fakulteta, Oddelek za zootehniko

Datum zagovora: 19.3. 2014

Naloga je rezultat lastnega raziskovalnega dela. Podpisana se strinjam z objavo svoje naloge v polnem tekstu na spletni strani Digitalne knjižnice Biotehniške fakultete. Izjavljam, da je naloga, ki sem jo izdala v elektronski obliki, identična tiskani verziji.

Barbara BRAČIČ

KLJUČNA DOKUMENTACIJSKA INFORMACIJA

ŠD	Du2
DK	UDK 636.1:575(043.)=163.6
KG	konji/pasme/lipicanski konj/linije/rodovi/genetska struktura/Bayesovske mreže/metode
KK	AGRIS L10/5120
AV	BRAČIČ, Barbara, dipl. inž. kmet. zoot. (UN)
SA	GORJANC, Gregor (mentor)/POTOČNIK, Klemen (somentor)
KZ	SI-1230 Domžale, Groblje 3
ZA	Univerza v Ljubljani, Biotehniška fakulteta, Oddelek za zootehniko
LI	2014
IN	ANALIZA GENETSKE STRUKTURE PO LINIJAH IN RODOVIH LIPICANSKEGA KONJA
TD	Magistrsko delo (Magistrski študij – 2. stopnja, Znanost o živalih)
OP	XIII, 65 str., 11 tab., 38 sl., 3 pril., 44 vir.
IJ	sl
JI	sl/en
AI	Lipicanski konj je ena izmed najstarejših evropskih pasem, katere začetki segajo v 16. stoletje. Zaradi lažjega pregleda nad vzrejo in preprečevanjem parjenja v bližnjem sorodstvu, se je skozi zgodovino ustvaril sistem linij (paternalnih družin) in rodov (maternalnih družin), ki omogočajo sledenje toka genov po paternalnih in maternalnih prednikih. Z namenom analize genetske strukture po linijah in rodovih v populaciji lipicanskih konj, smo v analizo vključili 10.410 konj lipicanske pasme, rojenih od leta 1711 do 2011. Iz celotne populacije smo, na podlagi značilnih zapisov, določili 2.249 živali, ki naj bi bile del slovenske populacije. V celotnem rodovniku je imelo samo 56 % živali zabeleženo pripadnost liniji in 38 % rodu (slovenska populacija: 44 % živali z znano linijo in 65 % živali z znanim rodом). Manjkajoče zapise smo nadomestili z rezultati iz razvitega verjetnostnega sistema Bayesovskih mrež, ki na podlagi vseh znanih rodovniških in genetskih informacij omogočajo izračun verjetnosti pripadnosti določeni liniji oz. rodu. Na osnovi teh rezultatov smo odkrili 44 živali, ki imajo zabeleženo napačno sorodstveno vez in tako ne spadajo v navedeno paternalno družino. Analiza genetske strukture je pokazala, da vsaka žival, kljub pripadnosti določeni liniji ali rodu, nosi tudi delež genov ostalih linij in rodov. Zato delež živali po linijah in rodovih ne prikazuje dejanske genetske strukture v populaciji. V pričujočem delu prikazujemo rezultate genetske strukture po linijah, ki kažejo, da so v populaciji lipicanskih konj, v zadnjem stoletju, največji delež genov prispevale linije Maestoso (17,1 %), Conversano (17,1 %) in Neapolitano (16,9 %). Sledile so linije Favory (14,8 %), Pluto (13,6 %) in Siglavy (13,5 %). Delež genov po liniji Tulipan je bil 3 % in po liniji Incitato 1,4 %. Delež genov po neznanih linijah je bil 2,6 %. Razvita metodologija v tem delu omogoča določitev pripadnosti liniji in rodu na osnovi vseh zbranih informacij ter oceno genetske strukture po linijah in rodovih, za posamezno žival in celotno populacijo.

KEY WORDS DOCUMENTATION

DN Du2
 DC UDC 636.1:575(043.2)=163.6
 CX horses/breeds/Lipizzan horse/paternal lines/maternal lines/genetic structure/
 Bayes network/methods
 CC AGRIS L10/5120
 AU BRAČIČ, Barbara
 AA GORJANC, Gregor (supervisor)/POTOČNIK, Klemen (co-advisor)
 PP SI-1230 Domžale, Groblje 3
 PB University of Ljubljana, Biotechnical faculty, Department of Animal Science
 PY 2014
 TI ANALYSIS OF GENETIC STRUCTURE BY PATERNAL AND MATERNAL
 LINES OF THE LIPIZZAN HORSE
 DT M. Sc. Thesis (Master Study Programmes)
 NO XIII, 65 p., 11 tab., 38 fig., 3 ann., 44 ref.
 LA sl
 AL sl/en
 AB The Lipizzan horse, established in 16th century in Lipica, is one of the oldest European breed. In order to ease surveillance of breeding and to prevent mating of closely related animals, a system of paternal and maternal lines was developed through the history. This lineage system enables tracking of gene flow following paternal and maternal ancestors. The aim of this study was to evaluate the genetic structure of maternal and paternal lines in the population of Lipizzan horses. Analysis was performed on data including 10,410 Lipizzaner horses, born between the year of 1771 and 2011. Based on the typical set of data, we assigned 2,249 horses from the entire pedigree data to the Slovenian population. In the pedigree data, only 56 % and 38 % animals of the whole pedigree and 44 % and 65 % animals of the Slovenian population had paternal and maternal line membership known, respectively. Missing lines membership were computed based on the results from the probabilistic system of Bayesian networks, developed in this study. This system enables the calculation of probability of paternal and maternal line membership, based on the available genealogical and genetic information. Based on the results from the expert system, 44 horses were identified that had an incorrectly registered pedigree and as such they do not belong to the given paternal family. An analysis of the genetic structure showed that even though each animal belongs to a particular line it has also genes of the other lines. Consequently, the proportions of animals by lines do not reflect the real genetic structure of a population. The results of gene structure analyses by paternal lines in the population of Lipizzan horses shows that the largest contribution of genes in last century was by Maestoso (17.1 %), Conversano (17.1 %) and Neapolitano (16.9 %). These are followed by the lines Favory (14.8 %), Pluto (13.6 %) and Siglavy (13.5 %). The proportion of genes contributed by the lines Tulipan and Incitato was 3% and 1.4%, respectively. The proportion of genes contributed by unknown lines was 2.6 %. The methodology developed in this study allows for the determination of paternal and maternal line membership. Based on all available information and analysis of genetic structure paternal and maternal lines for each animal or for the entire population.

KAZALO VSEBINE

	str.
Ključna dokumentacijska informacija (KDI)	III
Key Words Documentation (KWD)	IV
Kazalo vsebine	V
Kazalo tabel	VIII
Kazalo slik	IX
Kazalo prilog	XII
Okrajšave in simboli	XIII
 1 UVOD	 1
2 PREGLED OBJAV	2
2.1 LIPICANSKI KONJ	2
2.1.1 Oblikovanje pasme lipicanskih konj	2
2.1.2 Začetek vzreje v Kobilarni Lipica	3
2.1.3 Selitve črede lipiških konj	4
2.1.4 Obnova matične kobilarne v Lipici	6
2.1.5 Reja lipicanskega konja danes	7
2.1.6 Linije in rodovi	9
2.1.6.1 Klasične linije žrebcev in klasični rodovi kobil	9
2.1.6.2 Neklasične linije žrebcev in neklasični rodovi kobil	10
2.1.7 Poimenovanje potomcev	12
2.2 PRESOJA GENETSKE RAZNOLIKOSTI	14
2.2.1 Dedovanje	14
2.2.1.1 Avtosomalna DNK	14
2.2.1.2 Mitohondrijska DNK	15
2.2.1.3 Kromosom Y	16
2.2.2 Spremembe frekvence genov in velikost populacije	16

2.2.2.1	Sistematični procesi	16
2.2.2.2	Naključni procesi	17
2.2.2.3	Inbridging	19
2.2.3	Genetska pestrost lipicanskih konj	19
2.3	VERJETNOST IN BAYESOVSKA MREŽA	22
2.3.1	Teorija verjetnostnega računa in pogojne verjetnosti	22
2.3.2	Teorija Bayesovskih mrež	24
3	MATERIAL IN METODE	25
3.1	MATERIAL	25
3.1.1	Priprava rodovniških podatkov	25
3.1.2	Haplotipi mtDNK	26
3.1.3	Seznam linij in rodov	26
3.2	METODE	27
3.2.1	Splošna Bayesovska mreža	27
3.2.2	Bayesovska mreža za linije	28
3.2.3	Bayesovska mreža za rodove	30
3.2.4	Izračun genetske strukture	33
3.2.5	Aplikacija	35
4	REZULTATI	35
4.1	STRUKTURA RODOVNIKA	35
4.2	ZASTOPANOST LINIJ	36
4.3	VERJETNOST PRIPADNOSTI LINIJAM ZA VSE ŽIVALI	38
4.4	GENETSKA STRUKTURA POPULACIJE LIPICANSKIH KONJ	41
4.4.1	Paternalne družine	41
4.4.2	Celotna populacija lipicanskih konj	47
4.4.3	Slovenska populacija lipicanskih konj	48
4.4.4	Primerjava deležev živali po linijah in deleža genov po linijah	49
4.4.4.1	Celotna populacija lipicanskih konj v zadnjem desetletju	49

4.4.4.2	Slovenska populacija lipicanskih konj v zadnjem desetletju	50
5	RAZPRAVA	51
5.1	RODOVNIŠKI PODATKI LIPICANSKIH KONJ	52
5.2	DOPOLNITEV RODOVNIŠKIH PODATKOV Z BAYESOVSKIMI MREŽAMI	53
5.3	PRIMERJAVA DELEŽA ŽIVALI PO LINIJAH V IZVORNIH PODATKIH IN NA PODLAGI REZULTATOV BAYESOVSKIH MREŽ	54
5.3.1	Celotna populacija lipicanskih konj	54
5.3.2	Primerjava slovenske populacije s celotno populacijo lipicanskih konj	55
5.4	GENETSKI SESTAV POPULACIJE LIPICANSKIH KONJ PO LINIJAH	57
6	SKLEPI	59
7	POVZETEK	60
8	VIRI	62
	ZAHVALA	
	PRILOGE	

KAZALO TABEL

	str.
Tabela 1: Ocena staleža lipicanskih konj od 1580-1943 (Dolenc, 1980; Izenbart in sod., 1986)	5
Tabela 2: Ocena staleža lipicancev po kobilarnah v Jugoslaviji (Dolenc, 1980; Mihelič, 2004; Druml, 2011b)	7
Tabela 3: Državne kobilarne in vzrejni centri za pasmo lipicanski konj (Hop, 2011b)	8
Tabela 4: Klasični rodovi kobil (Hop, 2011a: 331)	10
Tabela 5: Neklasični rodovi kobil (Hop, 2011a: 331)	11
Tabela 6: Haplotipi značilni za rodove kobil (Kavar, 2001)	21
Tabela 7: Razdelitev haplotipov v skupine na podlagi genetske variabilnosti (Kavar, 2001)	21
Tabela 8: Primer pogojnih porazdelitev rodovniških rodov in genetskih rodov	32
Tabela 9: Največje paternalne družine	38
Tabela 10: Primerjava rezultatov celotne populacije lipicanskih konj v zadnjem desetletju	50
Tabela 11: Primerjava rezultatov pridobljenih na podlagi rodovniških informacij in izračuna genetske strukture za slovensko populacijo lipicanskih konj	51

KAZALO SLIK

	str.
Slika 1: Shema nastanka lipicanskih konj (Nürnberg, 1993: 7)	2
Slika 2: Skica selitev lipiške črede konj v letih 1797-1949 (Izenbart in sod., 1986: 37)	4
Slika 3: Lipicanske kobile z naraščanjem (Primorska Info, 2012)	8
Slika 4: Žrebec Conversano Allegra XLVI (Lipica, 2013)	9
Slika 5: Kopija rodovnika kobile Presciana iz stare Lipice (Izenbart in sod. 1986: 99)	13
Slika 6: Kromosomi pri diploidnih organizmih so v dveh kopijah (en set od očeta, drug set od matere)	14
Slika 7: Dedovanje avtosomalne DNK (Learn Genetics, 2013).	15
Slika 8: Shema dedovanja mitohondrijske DNK po maternalni liniji (Learn Genetics, 2013)	15
Slika 9: Shema dedovanja kromosoma Y po paternalni liniji (Learn Genetics, 2013)	16
Slika 10: Skica idealizirane populacije (Falconer in Mackay, 1996: 50)	17
Slika 11: Učinek naključnega genetskega toka pri različnih velikostih populacije (Falconer in Mackay, 1996: 52)	18
Slika 12: Po poreklu in funkciji identična alela 1A_1 na istem lokusu – inbriding (številka levo nad črko predstavlja izvor alela, številka desno pod črko pa funkcijo alela)	19
Slika 13: Množice dogodkov	23
Slika 14: Pretok informacij v Bayesovskih mrežah	25
Slika 15: Grafični prikaz splošne Bayesovske mreže za določitev pripadnosti linijam in rodovom	28
Slika 16: Grafični prikaz Bayesovske mreže za določitev pripadnosti linijam	29
Slika 17: Grafični prikaz Bayesovske mreže za določitev pripadnosti rodovom	30
Slika 18: Shema dedovanja genetske strukture	33

Slika 19: Sestava populacije lipicanskih konj slovenskega izvora glede na leto rojstva živali	36
Slika 20: Delež živali po linijah (z informacijo v rodovniku) in letu rojstva v celotni populaciji lipicanskih konj (C – Conversano, F – Favory, I – Incitato, M – Maestoso, N – Neapolitano, P – Pluto, S – Siglavy, T – Tulipan)	37
Slika 21: Delež živali po linijah (z informacijo v rodovniku) in letu rojstva v slovenski populaciji lipicanskih konj (C – Conversano, F – Favory, I – Incitato, M – Maestoso, N – Neapolitano, P – Pluto, S – Siglavy, T – Tulipan)	37
Slika 22: Deleži manjših paternalnih družin glede na število članov	39
Slika 23: Delež živali glede na pripadnost liniji in leto rojstva v celotni populaciji lipicanskih konj Populacija lipicanskih konj (C – Conversano, F – Favory, I – Incitato, M – Maestoso, N – Neapolitano, P – Pluto, S – Siglavy, T – Tulipan)	39
Slika 24: Delež živali, ki imajo največjo verjetnost pripadnosti k določeni paternalni liniji (izračunano v DAG) v slovenski populaciji lipicanskih konj (C – Conversano, F – Favory, I – Incitato, M – Maestoso, N – Neapolitano, P – Pluto, S – Siglavy, T – Tulipan)	40
Slika 25: Delež genov po linijah v prvi največji družini lipicanskih konj (C – Conversano, F – Favory, I – Incitato, M – Maestoso, N – Neapolitano, P – Pluto, S – Siglavy, T – Tulipan, NNL – neznana linija)	41
Slika 26: Delež genov po linijah v drugi največji družini lipicanskih konj (C – Conversano, F – Favory, I – Incitato, M – Maestoso, N – Neapolitano, P – Pluto, S – Siglavy, T – Tulipan, NNL – neznana linija)	42
Slika 27: Delež genov po linijah v tretji največji družini lipicanskih konj (C – Conversano, F – Favory, I – Incitato, M – Maestoso, N – Neapolitano, P – Pluto, S – Siglavy, T – Tulipan, NNL – neznana linija)	42
Slika 28: Delež genov po linijah v četrti največji družini lipicanskih konj (C – Conversano, F – Favory, I – Incitato, M – Maestoso, N – Neapolitano, P – Pluto, S – Siglavy, T – Tulipan, NNL – neznana linija)	43
Slika 29: Delež genov po linijah v peti največji družini lipicanskih konj (C – Conversano, F – Favory, I – Incitato, M – Maestoso, N – Neapolitano, P – Pluto, S – Siglavy, T – Tulipan, NNL – neznana linija)	43

- Slika 30: Delež genov po linijah v šesti največji družini lipicanskih konj (C – Conversano, F – Favory, I – Incitato, M – Maestoso, N – Neapolitano, P – Pluto, S – Siglavy, T – Tulipan, NNL – neznana linija) 44
- Slika 31: Delež genov po linijah v sedmi največji družini lipicanskih konj (C – Conversano, F – Favory, I – Incitato, M – Maestoso, N – Neapolitano, P – Pluto, S – Siglavy, T – Tulipan, NNL – neznana linija) 44
- Slika 32: Delež genov po linijah v osmi največji družini lipicanskih konj (C – Conversano, F – Favory, I – Incitato, M – Maestoso, N – Neapolitano, P – Pluto, S – Siglavy, T – Tulipan, NNL – neznana linija) 45
- Slika 33: Delež genov po linijah v deveti največji družini lipicanskih konj (C – Conversano, F – Favory, I – Incitato, M – Maestoso, N – Neapolitano, P – Pluto, S – Siglavy, T – Tulipan, NNL – neznana linija) 45
- Slika 34: Delež genov po linijah v deseti največji družini lipicanskih konj (C – Conversano, F – Favory, I – Incitato, M – Maestoso, N – Neapolitano, P – Pluto, S – Siglavy, T – Tulipan, NNL – neznana linija) 46
- Slika 35: Delež genov po linijah v enajsti največji družini lipicanskih konj (C – Conversano, F – Favory, I – Incitato, M – Maestoso, N – Neapolitano, P – Pluto, S – Siglavy, T – Tulipan, NNL – neznana linija) 46
- Slika 36: Genetska struktura populacije lipicanskih konj po linijah in letu rojstva (C – Conversano, F – Favory, I – Incitato, M – Maestoso, N – Neapolitano, P – Pluto, S – Siglavy, T – Tulipan, NNL – neznana linija) 47
- Slika 37: Delež genov po paternalnih linijah v slovenski populaciji lipicanskih konj (C – Conversano, F – Favory, I – Incitato, M – Maestoso, N – Neapolitano, P – Pluto, S – Siglavy, T – Tulipan, NNL – neznana linija) 48
- Slika 38: Genetska struktura slovenske populacije lipicanskih konj po linijah in letu rojstva (C – Conversano, F – Favory, I – Incitato, M – Maestoso, N – Neapolitano, P – Pluto, S – Siglavy, T – Tulipan, NNL – neznana linija) 49

KAZALO PRILOG

- Priloga A1: Skica rodovnikov klasičnih žrebčevskih linij: Pluto, Conversano, Neapolitano, Maestoso, Favory in Siglavy
- Priloga A2: Seznam rodov in haplotipov mtDNK, ki se pojavljajo v posameznih rodovih
- Priloga A3: Seznam imen, ki se pojavljajo v posameznih rodovih

OKRAJŠAVE IN SIMBOLI

DAG	direktni aciklični grafikon
ILR	International Lipizzan Registry
RIS	Rejski informacijski sistem
KL	Kobilarna Lipica
LIF	Lipizzan International Federation
ZRLS	Združenje rejcev lipicanca Slovenije
RP	rejski program
mtDNK	mitohondrijska DNK
PRO	Priznana rejska organizacija
DPO	Druga priznana organizacija
SIR	Služba za identifikacijo in registracijo
VF	Veterinarska fakulteta
CRK	Centralni register kopitarjev

1 UVOD

Zaradi različnega namena uporabe konj, so rejci skozi zgodovino načrtno odbirali živali z določenimi lastnostmi. Potomci odbranih živali so v večji meri izražali zaželeno lastnosti in tako so začele nastajati pasme. Pasma je populacija živali iste vrste, ki se v določenih lastnostih razlikuje od drugih živali iste vrste (SSKJ, 2012). Lipicanski konj se je izoblikoval v 16. stoletju s križanjem španskih, italijanskih, kraških in arabskih konj (Dolenc, 1980). Pasma je bila oblikovana z namenom uporabe pod sedlom in v vpregi. Zato je za lipicance značilno, da so skladni, elegantni, srednjega okvirja in izdatnih hodov (Rus, 2011).

V vseh, še posebej pri številčno manjših populacijah (pasmah) domačih živali, je pomembno rejsko opravilo preprečevanje parjenja v sorodstvu - inbriding. Inbridirana žival je tista, katere starša sta sorodna oz. imata vsaj enega skupnega prednika. Zato obstaja možnost, da ima inbridirana žival na določenem lokusu oba alela identična po izvoru. Posledica inbridinga je povečevanje homozigotnosti v populaciji in s tem zmanjšanje genetske variabilnosti. Če to vodi v zaželeno smer, t.j. nadzorovano zbiranje lastnosti, ki povečujejo vrednost populacije, potem je inbriding sprejemljiv. Inbriding lahko hkrati vodi do povečevanja frekvence nezaželenih alelov, kar se lahko izraža kot povečanje pojavnosti dednih anomalij in letalnih napak in poslabšanje zaželenih lastnosti, kar opisujemo kot depresija zaradi inbridinga (Falconer in Mackay, 1996).

Osnovni princip pri izogibanju parjenja v sorodstvu je izbira plemenjaka, ki ima čim manj sorodstvenih vezi s plemenico. Slednje ni vedno enostavno, če je populacija majhna in razmerje med spoloma široko. V preteklosti so rejci vzpostavili sistem rodov in linij in skrbeli, da niso parili znotraj linije in rodu.

Pri pasmah, ki jih vzrejamo že več stoletij, nemalokrat prihaja do izgube rodovniških podatkov zaradi vojn, požarov ali drugih nesreč. Prihaja tudi do napak, ki se zgodijo pri samem vpisu živali v rejsko knjigo oz. v elektronski sistem, bodisi zaradi spregledanih dogodkov ali napake vnašalca. Stanje v podatkovnih bazah tako ni vedno optimalno za uporabo pri nadaljnjih analizah, saj zapisi niso popolni (manjkajoči podatki o starših, pripadnosti liniji in rodu).

Napredek na področju genetike in računalniške tehnologije omogoča, da z ustreznimi metodami pridobimo natančnejše informacije o posamezni živali. V pričujočem delu smo, z namenom analize genetske strukture lipicanskega konja, združili vse razpoložljive rodovniške in genetske informacije ter razvili verjetnostni sistem Bayesovih mrež. Le-te so omogočile izračun verjetnosti pripadnosti posamezne živali liniji in rodu. Na podlagi teh rezultatov smo ocenili genetsko strukturo po linijah in rodovih.

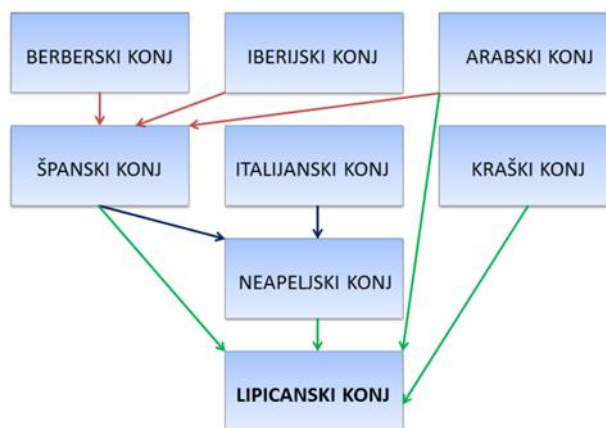
2 PREGLED OBJAV

2.1 LIPICANSKI KONJ

Začetki lipicanskega konja segajo v konec 16. stoletja, v obdobje vojskovanj, osvajanj novih ozemelj, protestantizma in baroka. To obdobje je pomembno vplivalo na oblikovanje t.i. baročnega konja. Španija je bila na višku fevdalne moči, vladali so ji kralji Habsburške dinastije. Tudi takratno slovensko ozemlje je bilo del Habsburške monarhije, razdeljeno med Avstrijske dedne dežele. Lipiška posest, v velikosti 311 hektarjev, je bila del tržaške škofije, od katere jo je odkupil leta 1580 španski nadvojvoda Karel II, ki je gospodaril na tem območju (Dolenc, 1980). Zgradili so prve hleve in uvozili začetnike lipicanskega konja. Pri oblikovanju pasme lipicanskega konja so sodelovali konji različnih pasem (Slika 1).

2.1.1 Oblikovanje pasme lipicanskih konj

Španski konj (andaluzijec) je nastal s križanjem berberskih, arabskih in težjih pirenejskih konj. V času renesanse in baročnega blišča je veljal za najbolj zaželeno pasmo konj v Evropi. Njegove značilnosti so: ognjevitost, skladno telo, španska hoja – visoko dvigovanje prednjih nog, kar je bilo posebej primerno za paradnega konja, učljivost in dober značaj (Izenbart in sod., 1986). Habsburžani so španske konje v svoje kobilarne uvažali v letih 1580-1802, vendar o njih obstajajo zelo pomanjkljivi podatki (Druml, 2011a).



Slika 1: Shema nastanka lipicanskih konj (Nürnberg, 1993: 7)

Poleg španskega konja so uvažali tudi staro-italijansko pasmo konj iz območja Padske nižine t.i. neapeljske konje (neapolitanec), čigar lastnosti so bile čvrst in suh skelet ter trdna kopita (Nürnberg, 1993). Zaradi svoje okretnosti so jih uporabljali tudi na prvih dirkah v 16. stol. Največji vpliv oplemenjevanja z neapolitanskimi konji je bil v kobilarni Kladruby na Češkem (Druml, 2011b).

Na območju Krasa so že od antičnih časov vzrejali avtohtone kraške konje, ki jih je v svojih zapisih iz leta 1689 omenjal Valvasor. Opisoval jih je kot čvrste, vzdržljive, okretne in dolgožive konje, ki so veljali za najboljše vlečne in delovne konje v vojski za časa turških vpadov (Valvasor, 1984). Vse te lastnosti so zastopane tudi pri lipicanskem konju, zato je zelo verjetno, da so kraški konji sodelovali pri nastanku lipicanskega konja (Izenbart in sod., 1986). Natančnih zapisov o rodovniških podatkih kraških konj ni, saj je pasma izumrla. Medtem ko se nekateri avtorji strinjajo s teorijo nastanka lipicanskega konja s križanjem kraških konj (Izenbart in sod., 1986; Dolenc 1980; Mihelič, 2004), drugi kritično opredeljujejo svoje mnenje (Druml, 2011a).

Arabski konj je sodeloval že pri nastanku starejših pasem, kasneje pa so ga aktivno vključili tudi v oplemenjevanje takratnih lipicanskih konj. Robotost težkega pirenejskega konja se je občasno izražala in škodila plemenitemu videzu lipicanca, kar so poskušali omiliti z vključitvijo arabskih konj. Izmed serije arabskih žrebcev je najbolj zaželene potomce dajal žrebec Siglavy, ki je tako postal začetnik arabske linije lipincev. Dediščina, ki jo je arabski konj pustil lipicanskemu konju, je predvsem vzdržljivost, odpornost in elegantne linije telesa (Izenbart in sod., 1986).

V 18. stoletju (od leta 1717) so v Lipico pogosto uvažali plemenjake iz kobilarne grofa Lippa (Nemčija), danske kraljeve kobilarne v Frederiksborgu in iz kobilarn Kladruby ter Kopcany (Dolenc, 1980). Pomemben vpliv imajo danski frederiksboržani, saj jih v zapisih iz leta 1895 omenjajo, poleg španskih, neapolitanskih in arabskih konj, kot izvirno pasmo pri oblikovanju lipicanskih konj (Dular, 1895). Ob pregledu razpoložljivih rodovniških podatkov so Dovč in sod. (2006) potrdili zastopanost različnih populacij pri začetnikih lipicanske pasme. Največji delež genov (52 %) v populaciji so doprinesli baročni konji, 21 % arabski konji, 10 % lipicanski konji, 8 % frederiksborški konji, ostalo pa še kladrubijski konji (4 %), angleški polnokrvni konji (3 %), šagi-arabci (2 %) in nonius konji (1 %).

2.1.2 Začetek vzreje v Kobilarni Lipica

Namen ustanovitve kobilarne v Lipici je bil vzrejati konje za habsburške monarhe, ki bi bili primerni za ježo in vleko lažjih kočij. V Lipico so, v letih 1581-1582, naprej pripeljali devet plemenjakov in 24 kobil iz Andaluzije. Sprva so konje, vzrejene v Lipici, imenovali »kraški konji lipiške reje«. Do leta 1595 je bil redni letni naraščaj okoli 30 žrebet, ki so jih dobavljali knežjim hlevom v Gradcu in na Dunaju. Šele leta 1658 so pripravili prvi pravilnik kobilarne, ki je zapovedoval pravila selekcije, z namenom povečevanja reproduktivnih sposobnosti konj (Izenbart in sod., 1986).

Velik razcvet je kobilarna Lipica doživela, v času vladarja Karla VI. in njegove hčere Marije Terezije, na prelomu iz 17. v 18. stoletje. Kobilarna je štela 150 matičnih kobil (Tabela 1), vzrejni poudarek pa je bil na jahalnem konju. Lipicanci so bili eden pomembnejših členov Španske dvorne jahalne šole. Ker je bil jahalni tip konja že povsem

oblikovan, so se odločili, da z razširitvijo črede za 50 novih matičnih kobil, okrepijo še vzrejo konj za kočije (Dolenc, 1980). Iz kobilarne v Kopčanih so pripeljali 20 kobil, vendar so jih kasneje vrnili. Poskusi spremembe tipa lipicanca niso uspeli, saj uvožene živali niso bile prilagojene na kraško okolje (Izenbart in sod., 1986; Mihelič, 2004). Burja, suh in hladen severovzhodni veter, ki gospodari na Krasu, sta ugodno vplivala na trdno zdravje in čilost tamkajšnjih konj, ki so bili vzrejeni in selekcionirani v takšnih razmerah že vrsto generacij. To so opazili tudi hipologi v preteklih stoletjih, saj sta bila smrtnost in obolelost konj v Lipici vedno zelo nizki. Zato preseljevanje v drugo okolje ni obrodilo sadov, kar nakazuje, da je lipicanski konj vzrejen za skromne razmere krasa (Mihelič, 2004).

2.1.3 Selitve črede lipiških konj

Po dveh stoletjih mirnega razvoja se je morala kobilarna s svojo čredo večkrat preseliti zaradi vojn (Slika 2). Trikrat zaradi napadov Napoleonovih vojaških čet: 1797 v madžarski Szekesfehervar, 1805 slavonsko mesto Đakovo in 1809 ponovno na Madžarsko v Karad. Med prvo svetovno vojno, leta 1915, se je celotna čreda selila že četrtič in sicer v Laxenburg in v Kladrub. Med drugo svetovno vojno se je čreda selila v Hostinec. Čreda se je nato razkropila po drugih kobilarnah in v Ameriko (Dolenc, 1980).



Slika 2: Skica selitev lipiške črede konj v letih 1797-1949 (Izenbart in sod., 1986: 37)

Tabela 1: Ocena staleža lipicanskih konj od 1580-1943 (Dolenc, 1980; Izenbart in sod., 1986)

Leto	Žrepci	Kobile	Letni naraščaj	Izgube	Stalež / Kobilarna
1580	3				Lipica
1581	6	24			Lipica
1595		60-70	30		Lipica
1740-1780	22	150			Lipica
1796					316 iz Lipice v Szekesfehervar
1809				1 žrebe	291 iz Lipice v Pesco
		110		27 abortusov	Pesca
1880	6	87	24		341 Lipica
1894	9	83	54		295 Lipica
1915				31 brejih kobil	Laxenburg
1918	2	42			109 Italija (Lipica)
					98 Avstrija (Piber)
					137 Češkoslovaška
1940/41		52			Lipica
1943	6	56			179 Iz Lipice v Hostinec
					500 Hostinec (večina lipicancev)

Prazne celice v tabeli pomenijo, da podatek ni bil na voljo v obravnavani literaturi.

Ob prvem begu se je na pot proti Szekesfehervarju odpravila čreda 300 konj (Slika 2). Po šestih tednih je čreda prispela na cilj s 16 novimi žrebeti, brez izgub. V Lipico se je celotna čreda postopoma vrnila šele po dveh letih. Kmalu po vrnitvi je Lipico prizadel močan potres, ki je ubil nekaj najboljših plemenjakov. Ko so Napoleonove armade udarile drugič, so čredo preselili v Đakovo, od tam pa naslednje leto v Karad na Madžarsko. V Lipico so se vrnil v letu 1807. V tretje izgnanstvo na Madžarko, v Meszoehegyes, se je odpravilo 289 konj (Tabela 1). Med pohodom so žrebile tri kobile, dve sta zboleli, eno žrebe je poginilo. Čreda je v azilu preživela dolgih šest let. Neprimerne klimatske razmere so načele zdravstveno stanje in poslabšale plodnost, kar je bilo še dodatno opozorilo o pomembnosti kraškega okolja za razvoj lipicanca in nekaterih njegovih lastnosti (Izenbart in sod., 1986; Mihelič, 2004).

Leta vojne proti Napoleonu so močno načele stalež konj, zaradi povečanih potreb po konjih in hkratni zmanjšani pridelavi hrane. Zato je bila v tistem času najpomembnejša naloga ohranitev čistosti reje lipicancev. Ker so bila poslopja v Lipici močno uničena, so del črede namestili v Bukovini in Pibru. Za osvežitev pri oplemenjevanju, pa so uvozili nekaj arabskih konj (Mihelič, 2004). Matične knjige, z rodovniškimi podatki do leta 1700, so bile v času begov pred Napoleonovimi vojaki izgubljene. V tem obdobju so na srečo že bile načrtane vse glavne linije današnjih lipicancev in se je tako, namesto celotnega rodovnika, ohranil vsaj izvor posameznih skupin živali (Izenbart in sod., 1986).

Med prvo svetovno vojno, ko je Italija napovedala Avstriji vojno, se je čreda lipiških konj preselila s plemenskimi živalmi v Laxenburg in z žrebeti v Kladrub (Slika 2). Neustrezno okolje je ponovno škodovalo zdravju živali in poginile so breje kobile (Tabela 1), plodnost pa je upadla na komaj 10 % (Dolenc, 1980). Lipica je v tem času prešla pod italijansko oblast, zato so si le-ti izborili od avstrijske oblasti 109 plemenskih konj, Avstriji pa jih je ostalo 98, s katerimi so v Pibru organizirali svojo rejo lipicancev. Prav tako je s svojo rejo lipicancev pričela Češkoslovaška, s 137 lipicanci, ki jih je dobila iz kobilarne Kladrub, kjer so bili nastanjeni med vojno (Dolenc, 1980). Leta 1919 je bilo v Lipici zastopanih vseh šest žrebčevskih linij in 17 rodov kobil. Italijani so kobilarno obnovili s pasemsko čistim materialom in formirali nov tip lipiškega konja, ki se je razlikoval od klasičnega. Predvsem so oplemenjevali z večjimi in močnejšimi žrebci (Dolenc, 1980) ter vključevali angloarabske in angleške konje, ki so se kasneje izkazali za neprimerne plemenjake (Mihelič, 2004).

Zadnjič so celotno čredo konj iz Lipice preselili Nemci, med drugo svetovno vojno, ko so odpeljali v Hostinec 179 lipicancev. V Hostincu so namestili tudi jugoslovansko kobilarno Demir Kapijo, kobilarno arabcev Dušanovo, kobilarno Piber, lipicanski kobilarni Babolno in Topolčianky in poljsko kobilarno Janow. Od grofice Eltz so odkupili šest lipicanskih kobil. Naselili so še najboljše arabske in angleške polnokrvnjake, kasače iz cele Evrope in konje iz področja Dona in Urala. V Hostincu bi naj bilo združenih okoli 500 lipicanskih konj, kar je pomenilo večino takrat živečih lipicanskih konj (Izenbart in sod., 1986; Dolenc, 1980).

Ameriška vojaška enota je leta 1945 odpeljala lipicanske konje iz Hostinca na Bavarsko vse lipiške konje, razen štirih kobil v Avstrijo. Kasneje so del lipiških konj, skupaj z arhivom, predali Italiji, del pa jih je ostal Avstriji, ki je z njimi obnovila kobilarno Piber. Nekaj žrebcev in kobil so odpeljali v Združene države Amerike (Dolenc, 1980).

2.1.4 Obnova matične kobilarne v Lipici

Po koncu druge svetovne vojne so angloameriški zavezniki Jugoslaviji vrnili le 11 lipicanskih konj, ki so jih Nemci med vojno ugrabili na ozemlju Jugoslavije. Zato so za obnovo matične kobilarne potrebovali več plemenskih živali, ki so jih postopoma pripeljali iz bivših kobilarn Demir Kapija, Dušanovo pri Skopju, kobilarne arabskih konj Vrbnik, kobilarne Vukovar in od zasebnih rej v Slavoniji. Kot navaja Dolenc (1980), je ves zbrani plemenski material izviral iz originalne lipiške reje.

Vendar še preden so v Lipici sploh pridobili ustrezen plemenski material, je že bilo odrejeno, da mora 33 najboljših plemenskih živali na Hrvaško, v Kutjevo, kjer bi naj ustanovili novo elitno kobilarno lipicancev. Da so v Lipici zapolnili ponovno nastalo škodo, so iz Džakova dobili v uporabo plemenjaka Pluto Slava XVIII in dokupili nekaj novih plemenskih kobil. Tako je kobilarna Lipica počasi, a vztrajno začela povečevati

stalež svojih živali (Tabela 1) in začela dobavljati plemenske žrebce tudi drugim žrebčarnam (Dolenc, 1980).

Konjerejski strokovnjaki iz Jugoslavije so leta 1952 pregledali vse konje v Lipici in jih iz reje izločili sedemdeset. To so bili večinoma lipicansko-arabski križanci in konji, kupljeni iz kmečke reje. Do leta 1955 je bilo v Lipici 12 plemenskih žrebcev, ki so zastopali vse klasične linije in neklasično linijo Tulipan. Ti žrebci so v sedmih letih zaskočili 350 kobil in žrebic, povprečna plodnost (št. žrebitev glede na št. pripustov) pa je bila 75 % (Dolenc, 1980). Stalež živali po kobilarnah v Jugoslaviji je prikazan v tabeli 2.

Tabela 2: Ocena staleža lipicancev po kobilarnah v Jugoslaviji (Dolenc, 1980; Mihelič, 2004; Druml, 2011b)

Leto	Žrebci	Kobile	Žrebice	Žrebički	Stalež / Kobilarna	
1939	6	60	enoletniki		Lipica	
	4	40	enoletniki		Piber	
	4	40			Babolna	
	2	30			Topolčianky	
	4	50			Fogaras	
	6	70			Stančič, Krushedol, Demir Kapja	
1947	4	7	11	1	23	Lipica
1948-1955	12	350	103	117		Lipica
1962					119	Lipica
1963	54	141	80	93	368	celotna država
	9	31	obrejenih 24 kobil		59	Lipica
1966	23	37			Vučjak	
	20	27			Đakovo	
	11	38			Lipica	
	13	53			Karadjordjevo	
1979	31	52	49	41	213	Lipica
*po letu 2000	26	74	105 žrebet + 65 konj v treningu		320	Lipica

*Bivša Jugoslavija, samostojna Republika Slovenija. Prazne celice v tabeli pomenijo, da podatek ni bil na voljo v obravnavani literaturi.

2.1.5 Reja lipicanskega konja danes

Lipicanski konji se dandanes v Evropi vzrejajo v devetih državnih kobilarnah in v mnogih privatnih vzrejnih centrih kot tudi pri posameznih rejcih (Tabela 3). Zaradi različnih rejskih ciljev in parjenja znotraj podpopulacij, se podpopulacije lipicancev med seboj deloma razlikujejo. Bodo in Habe (2011a) sta predstavila glavne rejske cilje posameznih kobilarn, medtem ko se bomo v tem delu omejili le na predstavitev rejskih ciljev KL.

Tabela 3: Državne kobilarne in vzrejni centri za pasmo lipicanski konj (Hop, 2011b)

Država	Državna kobilarna (Število plemenskih konj)	Privatne kobilarne (Število konj)	
Slovenija	Lipica (59)	USA (600)	Slovenija (50)
Madžarska	Szilvasvarad (77)	Nizozemska (300)	Južna Afrika (50)
Hrvaška	Đjakovo (56)	Belgija (210)	Danska (40)
Romunija	Beclean (67)	Velika Britanija (200)	Norveška (35)
Romunija	Simbata de Jos (83)	Nemčija (170)	Romunija (35)
Slovaška	Topolčianky (42)	Hrvaška (150)	Češka (25)
Italija	Monterotondo (59)	Avstrija (150)	Švica (40)
Avstrija	Piber (76)	Francija (100)	
	Vienna	Madžarska (80)	
Bosna	Vučjak (35)	Švedska (75)	
Srbija	Karadjordjevo (25)	Australija (60)	

Rejski program (RP) za pasmo lipicanski konj (Rus, 2011) obsega ukrepe, ki so potrebni za ohranjanje in razvoj pasme (rejske in selekcijske cilje) ter določa pogoje in način vodenja rodovniške knjige. Ta program je usklajen z mednarodnimi sporazumi LIF-a in ga izvaja KL v sodelovanju s PRO Združenja rejcev lipicanca Slovenije (ZRLS).



Slika 3: Lipicanske kobile z naraščanjem (Primorska Info, 2012)

Lipanci so ob rojstvu lahko vranje sive, rjavo sive, vrane barve ali v temnejših odtenkih rjave barve (Slika 3), zaželeno pa je čim manj depigmentiranih mest. S staranjem osivijo (Slika 4). Hodi lipincev so značilni z visoko dvignjenimi prednjimi nogami, energični, enakomerni, prožni, lahkotni in zelo izdatni. Posebne značilnosti, ki zaznamujejo pasmo lipicanskih konj so živahen a dobrohoten temperament, učljivost, delavoljnost in kooperativnost. Za pasmo je značilna dobra plodnost, pozna zrelost, čvrsta konstitucija, dolgoživost in dobro izkoriščanje krme. Lastnosti zunanosti so podrobneje opisane v RP (Rus, 2011).



Slika 4: Žrebec Conversano Allegra XLVI (Lipica, 2013)

2.1.6 Linije in rodovi

V zapisih iz leta 1810 (K. U. K. Oberstallmeisteramt, 1880, cit. po Druml, 2011b) so poročali, da so v Lipici začeli s kontrolirano plemensko vzrejo. Glavna značilnost delitve žrebcev in kobil po izvoru je, da so imeli nadzor nad parjenjem v bližnjem sorodstvu. Linije so predstavljale delitev žrebcev in rodovi delitev kobil. V literaturi so redko zabeležene ne-plodnostne težave z lipicanci, kar bi lahko pripisali tudi dejstvu, da so se izogibali parjenju v bližnjem sorodstvu.

Med klasične žrebčevske linije in med klasične rodove kobil uvrščamo tiste, ki so bile oblikovane v stari Lipici. Vse ostale linije in rodove poimenujemo kot neklasične in so bile oblikovane v drugih kobilarnah. Danes je priznanih šest klasičnih linij in dve neklasični liniji. Za staro kobilarno Lipica je bilo značilnih 18 klasičnih rodov kobil, medtem ko je danes priznanih 17 klasičnih in 46 neklasičnih rodov kobil (Hop, 2011a).

2.1.6.1 Klasične linije žrebcev in klasični rodovi kobil

Kot navaja Mihelič (2004), so posamezne značilnosti telesnega ustroja linij dandanes zabrisane, tako da žrebcev po njih ne moremo presoјati oz. jih razvrščati v posamezne linije. Morfološke razlike so opazne med lipicanci posameznih rej (Bodo in sod., 2011b). Skice rodovnikov šestih klasičnih linij žrebcev (Pluto, Conversano, Maestoso, Favory, Neapolitano in Siglavy) so predstavljene v prilogi A1.

Začetnik sive linije Pluto izvira iz danske kraljeve kobilarne Frederigsborg in je špansko-italijanskega porekla, rojen leta 1765. V kobilarno Lipica je bil uvožen leta 1772. Predstavnik linije Pluto so uporabljali za vleko težjih dvornih kočij. Kasneje je linija v Lipici izumrla in so jo obnovili iz žrebca Pluto Fantasca iz kobilarne Terezovac (Izenbart in sod., 1986; Mihelič, 2004). Vrani neapolitanec, začetnik linije Conversano, je bil rojen leta 1767 v Italiji in v Lipico pripeljan leta 1774 iz Neaplja (Mihelič, 2004). Začetnik linije Maestoso je bil rojen leta 1773 in je špansko-italijanskega porekla, sive barve. V Lipico je bil uvožen iz kobilarne Kladruby. Predstavniki te linije veljajo za najelegantnejšo linijo lipicancev in jih zato najpogosteje uporabljajo pod sedlom. Linija je v Lipici leta 1837

izumrla in so jo obnovili iz madžarskega žrebca Maestoso X, rojenega leta 1819 (Izenbart in sod., 1986; Mihelič, 2004). Lisjak špansko-italijanskega porekla in začetnik linije Favory, je bil rojen 1779 in v Lipico uvožen iz kobilarne Kladruby leta 1783. Proti koncu 19. stoletja je linija izumrla, zato so jo obnovili iz madžarskega žrebca Favory XI (Hrasnica in Ogrizek, 1952; Izenbart in sod., 1986; Mihelič, 2004). Začetnik linije Neapolitano, rjavi neapolitanec, je bil rojen leta 1790 in v Lipico pripeljan iz Neaplja leta 1774. Za to linijo je značilna velika vzdržljivost pri delu (Mihelič, 2004). Začetnik linije Siglavy je edini predstavnik originalne arabske krvi, ki se je izkazal za primerne pri oplemenjevanju lipicancev. Rodil se je leta 1810 in je bil sive barve. V Lipico je bil pripeljan leta 1816 (Mihelič, 2004).

Med klasične rodove kobil uvrščamo tiste, ki so se izoblikovali v stari Lipici konec 18. stoletja, poimenovani pa so po pramaterah (Tabela 4). Ohranili se niso trije rodovi: Rozca, Khel il Massaid in Mersucha (Nürnberg, 1998). V kobilarni Lipica so danes zastopani vsi klasični rodovi, razen rodov Capriola in Rava.

Tabela 4: Klasični rodovi kobil (Hop, 2011a: 331)

	Ime rodu	Leto in kraj rojstva začetnice	Nekatera pogosta imena potomk
1.	Sardinia	1776, Lipica	Betalka, Beja, Bravissima, Virtuosa
2.	Spadiglia	1778, Lipica	Monteaura, Montenegro
3.	Argentina	1767, Lipica	Adria, Slava, Sana
4.	Africa	1747, Kladrub	Batosta, Basowizza, Brezja, Lipa
5.	Almerina	1769, Kladrub	Avala, Slavina, Slavonia, Santa, Sistina, Serena, Sitnica
6.	Presciana/Bradamante	1782/1777, Kladrub	Bona, Presciana, Romana
7.	Englanderia	1773, Kladrub	Allegra
8.	Europa	1774, Kladrub	Trompeta, Traga, Tiberia
9.	Stornella/Fistula	1784/1771, Kopčani	Stornella, Steaka, Saffa
10.	Ivanka/Famosa	1754/1773, Kopčani	Strana, Soja, Noblessa, Munja
11.	Deflorata	1767, Danska	Capriola, Canissa, Kremica
12.	Gidrane	1841, Orient	Gaeta, Gaetana, Neretva, Jadranka
13.	Djebrin	1824, Babolna	Dubovina, Darinka, Drava
14.	Mercurio	1883, Radautz	Gratia, Gratirosa
15.	Theodorosta	1870, Bukovina	Wera, Watta, Theodora, Theodorosta
16.	Capriola	1785, Kladrub	Capriola, Alea
17.	Rava	1755, Kladrub	Ravata, Rigoletta, Risanota

2.1.6.2 Neklasične linije žrebcev in neklasični rodovi kobil

Tulipan je hrvaška linija žrebcev, špansko-neapeljskega porekla. Linija je bila osnovana v kobilarni Janković v Terezovacu leta 1860. Incitato je madžarska linija žrebcev, katere

začetnik je bil rojen leta 1802 in je orientalsko-staro-špansko-italijanskega porekla (Izenbart in sod., 1986; Mihelič, 2004). Neklasične rodove kobil delimo po izvoru na hrvaške, romunske in madžarske in so predstavljeni v tabeli 5.

Tabela 5: Neklasični rodovi kobil (Hop, 2011a: 331)

	Ime rodu	Nekatera pogosta imena potomk
HRVAŠKI	1. Rendes	Zenta, Krabbe, Jala, Ilova
	2. Hamad-Flora	Flora, Kitty, Fabiola, Dagmar
	3. Eljen-Odaliska	Odaliska, Arva, Omorika
	4. Miss Wood	Caprice, Blanca, Garbe
	5. Fruska	Vuka
	6. Traviata	Trofetta, Tara, Drina
	7. Margit	Mara, Bistrica
	8. Manczi	Karasica
	9. Mima/Nana	Nana, Mima, Ukrina
	10. Alka	Pliva, Lisa, Cica
	11. Karolina	Janja, Lipica
	12. Munja	Rama, Strana
	13. Ercel	Erdem, Erkelc, Elc
	14. Czirka	Cintra, Cimbala, Cica
	15. 502 Mozsgo Perla	
	16. Rebecca-Thais	Thais, Vuka
MADŽARSKI	1. 542 Magyar Kanca	Pakra, Sava
	2. 759 Moldvai	
	3. 2064 Neapolitano Lepkes	
	4. 2070 Madar VI (236 Moldvai)	Madar
	5. 2038 Neapolitano Juci	Julcsa, Juci
	6. 2052 Neapolitano Szerena	Serena, Erna
	7. 81 Maestoso Sostenuta	Sostenuta, Sizilia, Saragossa
	8. Toplica - Siglavy	Toplica, Sutjeska
	9. 2222 Aljsa/ e. Anna	
	10. 2214 Alpar/ e. Angyal	
	11. Pallavicini Lepke	

"se nadaljuje"

"nadaljevanje tabele 5"

	Ime rodu	Nekatera pogosta imena potomk
MADŽARSKI	12. 2004 Alnok/ e. Anczi	
	13. 501 Karst Parta	
	14. Anemone	Anemone, Bregava
	15. 461 Bukovinai	
	16. 555 Generale XXII	
ROMUNSKI	1. 60 Lipitzer Race	
	2. 461 Original Moldauerin	
	3. 410 Turtsy	
	4. 48 Favory X-4	
	5. 5 Favory XV-8	
	6. 14 Tulipan-14	
	7. 84 Tulipan-4	
	8. 36 Neapolitano-1	
	9. 759 Original Moldauerin	
	10. 49 Hidas	
	11. 22 Maestoso Basovica	
	12. 519 Original Hungarin	
	13. 54 Romanito	
	14. 296 Conversano XII-3	

2.1.7 Poimenovanje potomcev

Živali, rojene v KL ali ZRLS, dobijo imena ob vpisu v register žrebet (Rus, 2011). Potomci moškega spola dobijo dva imena. Prvo ime predstavlja ime očeta, oz. pripadnost liniji, drugo ime pa predstavlja celotno ime matere in s tem posledično tudi pripadnost rodu. Pogosto se pred imenom pojavlja tudi rodovniška številka. Primer:

Moški potomec: 859 **Neapolitano** Allegra XXVI

Oče: 358 **Neapolitano** Primavera

Mati: 527 Allegra XXVI

Ženske potomke dobijo ime po materi, ki predstavlja pripadnost rodu in rimsko številko, ki označuje zaporedni vpis žrebice z enakim imenom v register žrebet posamezne PRO. Primer:

Ženska potomka: 730 Samira XVI

Oče: 575 Siglavy Gaeta I

Mati: 579 Samira XIII

Vendar, ko preverjamo rodovniške podatke, ni vse tako enolično, saj se v rodovnikih pojavlja veliko različnih imen. To lahko pojasnimo s tem, da potomkam niso dajali istih imen, kot so jih imele njihove matere, ampak so izbirali podobna imena, kar lahko vidimo iz slike 5.



Slika 5: Kopija rodovnika kobile Presciana iz stare Lipice (Izenbart in sod. 1986: 99)

Poleg spreminjanja imen se pojavljajo tudi različna pravila poimenovanj med kobilarnami. Ker so bili lipicanci pogosto preseljeni tekom zgodovine, so se tudi imena in pravila rodoslovja deloma spremenila in pomešala. Iz samega imena tako ne moremo vedno z gotovostjo določiti spola ali pripadnosti rodu. Primer zapisa imena po Radautzerjevi nomenklaturi, ki jo uporabljajo za romunske in madžarske linije ter rodove (Druml, 2011c):

Moški potomec: Incitato XIII-2

Incitato = linija

XIII-2 = drugi potomec žrebca Incitato XIII

Če ta moški potomec, Incitato XIII-2, postane plemenski žrebec, dobi novo lastno rimsko številko. Tako rimska številka predstavlja zaporednega žrebca, ki plemeni po tej liniji v isti kobilarni.

Ženski potomki se ime določi glede na linijo oz. ime očeta. Poleg rimske številke, ki je očetu dodeljena po zgoraj opisanem sistemu, se potomki pripiše še zaporedno številko potomca po tem žrebcu in pred imenom še rodovniško številko potomke.

Ženska potomka: 669 Conversano XXVI-71

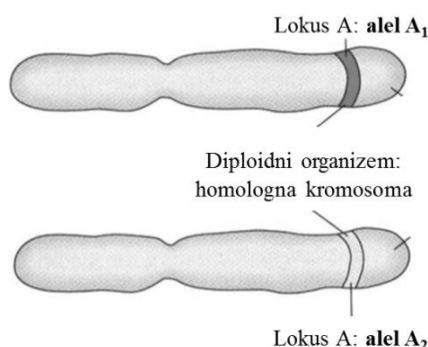
669 = rodovniška številka

Conversano XXVI-71 = 71. potomec po žrebcu Conversano XXVI

2.2 PRESOJA GENETSKE RAZNOLIKOSTI

2.2.1 Dedovanje

Gen je zaporedje nukleotidov na določenem odseku molekule DNK (lokus), ki definirajo beljakovino in s tem posledično določeno lastnost organizma. Potomec od obeh staršev deduje enak delež genov, ki so osnovna enota dedovanja. Vzorec genov se prenaša iz generacije v generacijo z gametami staršev, ki se dedujejo in združujejo naključno. Za posamezno lastnost lahko obstaja več pojavnih oblik gena - alelov (Bourdon, 2000). Na molekularni ravni so geni del molekule DNK, ki jo najdemo v jedru celic in celičnih organelih (mitohondrijska DNK). V procesu razmnoževanja celic, se DNK formira v zvite nitaste strukture – kromosome. Pri diploidnih organizmih so avtosomalni kromosomi (kromosomi telesnih celic) v dveh kopijah (ena od očeta druga od matere) (Slika 6), medtem ko sta spolni kromosom Y in mtDNA prisotna samo z eno kopijo, kar imenujemo haplotip.

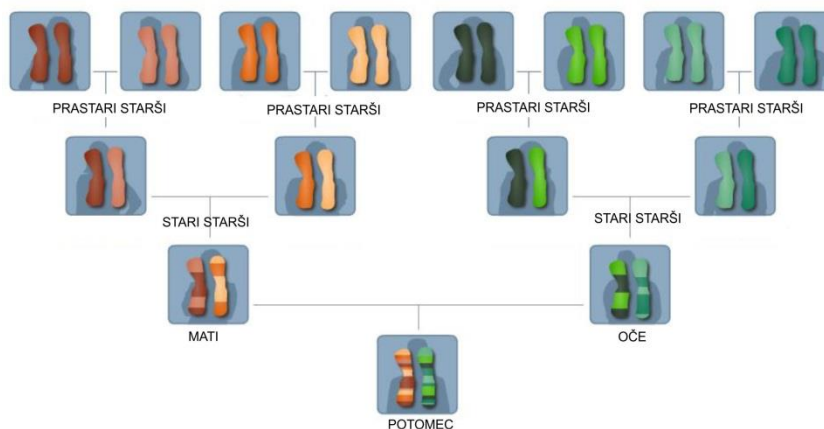


Slika 6: Kromosomi pri diploidnih organizmih so v dveh kopijah (en set od očeta, drug set od matere)

2.2.1.1 Avtosomalna DNK

Avtosomalni del genoma je hranjen v dveh kopijah kromosomov (en set kromosomov je podedovan od očeta, drug set kromosomov od mame). Pri nastanku spolnih celic, se dvojni set kromosomov še enkrat podvoji in pred nastankom štirih neodvisnih in ločenih setov

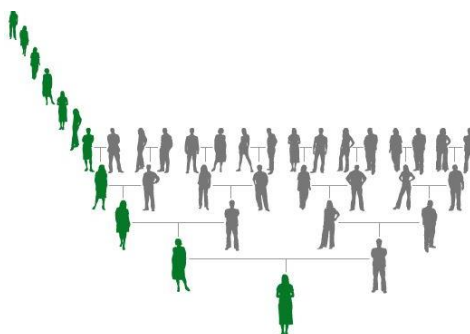
kromosomov (gamet) lahko pride do rekombinacije (izmenjave in preureditve genov) kromosomov. Potomec tako podeduje od staršev kromosom, ki je sestavljen iz segmentov vseh starih staršev (Slika 7). Segmenti kromosoma so pri vsaki rekombinaciji različni, saj je število rekombinacij in mesto rekombinacije naključno. Število in velikost segmentov, ki si jih sorodniki delijo, je odvisna od stopnje sorodnosti - bolj kot so si osebkı sorodni, več istih segmentov imajo in segmenti so večji.



Slika 7: Dedovanje avtosomalne DNK (Learn Genetics, 2013).

2.2.1.2 Mitohondrijska DNK

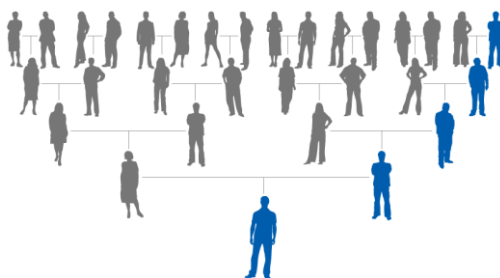
Mitohondriji so celični organeli, ki se nahajajo v citoplazmi celice, njihova naloga pa je proizvodnja energije. Vsebujejo lastno homologno DNK (mtDNK), kar pomeni, daje prisoten samo en set zapisa in pri podvojevanju ne more priti do rekombinacij. Pri nastanku novega osebkı mati prispeva celotno spolno celico, ki vključuje avtosomalno in mitohondrijsko DNK, medtem ko oče prispeva le avtosomalno DNK. Tako se mtDNK prenaša le iz matere na potomca v skoraj nespremenjeni obliki, kar nam omogoča sledenje dedovanja po maternalni liniji (Slika 8).



Slika 8: Shema dedovanja mitohondrijske DNK po maternalni liniji (Learn Genetics, 2013)

2.2.1.3 Kromosom Y

Spolni par kromosomov se razlikuje od avtosomalnih kromosomov, saj prisotnost zgolj enega seta genov Y kromosoma določa spol moškega, medtem ko set genov dveh spolnih kromosomov X določa spol ženske. Ker je v genomu osebkov možen samo en set genov Y kromosoma, ki se prenaša izključno po moški liniji (Slika 9), ne prihaja do rekombinacij. Zato je Y kromosom očeta in potomca se skoraj nespremenjen, kar nam omogoča sledenje sorodstva po paternalni liniji.



Slika 9: Shema dedovanja kromosoma Y po paternalni liniji (Learn Genetics, 2013)

2.2.2 Spremembe frekvence genov in velikost populacije

Frekvenca genov/alelov nam pove pogostost nekega alela v populaciji, oz. kolikšen delež, od vseh alelov za neko lastnost, ima npr. pojavno obliko A1 in koliko npr. pojavno obliko A2, če govorimo samo o dveh alelih (Slika 6). Skupek vseh genov in njihovih medsebojnih interakcij predstavlja genotip osebkov. Genotip je edinstvena pojavna oblika in ni podedovana, podedovani so samo geni. Frekvenca genotipov nam pove pogostost genotipa v neki populaciji. Če poznamo frekvence genotipov, lahko izračunamo frekvence genov. Frekvenco genov in genotipov v populaciji spreminjajo sistematični in naključni procesi, pri čemer je učinek teh procesov odvisen tudi od velikosti populacij (Falconer in Mackay, 1996).

2.2.2.1 Sistematični procesi

Dve populaciji sta, genetsko gledano, različni, kadar imata različni frekvenci opazovanega gena. Med sistematične procese spreminjanja frekvenc genov uvrščamo mutacije, migracije in selekcijo. Tem procesom lahko napovemo smer (kateri geni bodo pogostejši ali redkejši v prihodnji generaciji) in obseg spremembe (za koliko se bo spremenila frekvenca genov v naslednji generaciji) (Falconer in Mackay, 1996).

Mutacije so pomembne kadar so ponavljajoče, njihov obstoj pa je odvisen od okolja. Ker v realnosti ni neskončno velikih populacij, se lahko tudi enkratne mutacije prenesejo v naslednjo generacijo in vodijo v spremembo frekvence genov. Preko izmenjave genov si različne populacije lahko postanejo podobne. S kontinuirano migracijo se frekvenca alelov

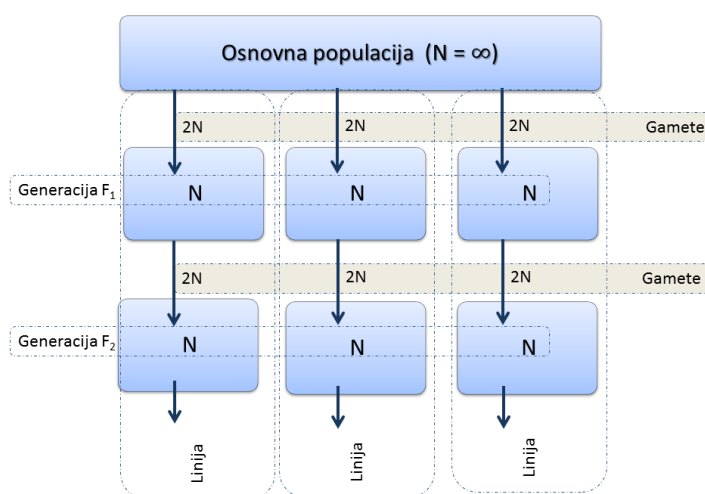
obeh populacij na koncu izenači. Tako lahko z migracijami spreminjamo genetsko variabilnost v populaciji (Falconer in Mackay, 1996).

Zaradi različnega genotipa se lahko osebkı razlikujejo med seboj v preživitveni sposobnosti in plodnosti ter posledično prispevajo različno število potomcev v naslednjo generacijo. To lastnost imenujemo *fitnes*. Ker je *fitnes* povezan s prisotnostjo določenih alelov, potem tisti osebkı, ki imajo boljši *fitnes* v danem okolju, prispevajo več potomcev k naslednji generaciji in s tem spreminjajo frekvenco genov in genotipov v generaciji potomcev. Ta proces predstavlja selekcijo osebkov, ki imajo takšne alele, ki povečujejo *fitnes* in posledično prispevajo večji delež genov v naslednji generaciji (Falconer in Mackay, 1996).

2.2.2.2 Naključni procesi

Populacije so podvržene naključnim procesom, ki jim ne moremo napovedati smeri in obsega sprememb, kar se še posebej intenzivno izraža v majhnih populacijah. To naključno spremembo frekvence genov imenujemo disperzivni procesi, posledice pa so naključni tok genov, razlike med podpopulacijami, podobnost znotraj podpopulacije in povečevanje homozigotnosti (Falconer in Mackay, 1996).

Koncept naključnih procesov je Wright (1952) opisal s pomočjo koncepta idealizirane populacije. O idealizirani populaciji govorimo, kadar obstaja neskončno velika populacija (osnovna populacija), ki se razprši na mnogo podpopulacij, imenovanih linije (Slika 10). Idealizirana populacija izpolnjuje pogoje: parjenje poteka naključno in vedno samo znotraj linije; geni med linijami ne morejo prehajati, ker ni migracij; generacije se ne prekrivajo in se med seboj ne pariyo; število osebkov je v vsaki liniji in vsaki generaciji enako; ni selekcije in vpliv mutacij je zanemarljiv (Falconer in Mackay, 1996).

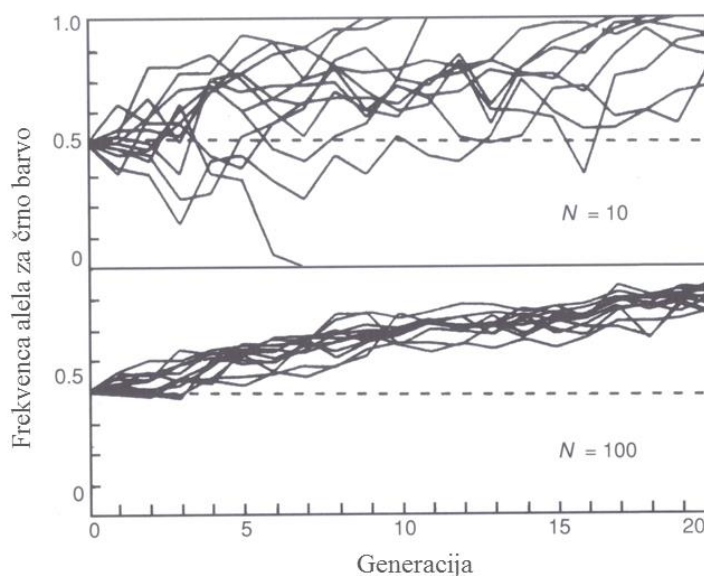


Slika 10: Skica idealizirane populacije (Falconer in Mackay, 1996: 50)

Naključni tok genov je posledica naključnega procesa dedovanja. Iz generacije v generacijo senprenasajo vzorci genov in kadar ti vzorci niso dovolj veliki, se frekvence genov v naslednji generaciji razlikujejo od frekvence v prejšnji. Spremembe frekvenc zaradi tega procesa so povsem naključne in jih zato imenujemo naključni tok. Velikost sprememb iz generacije v generacijo je odvisna od velikosti populacije (Falconer in Mackay, 1996).

S tem, ko se osnovna populacija razprši in parjenja med linijami niso mogoča (zaradi vpliva okolja - živali, ki živijo v skupni podpopulaciji se pogosteje parijo med seboj, kot pa z drugo podpopulacijo, ki je npr. iz pokrajinsko bolj oddaljene regije), postajajo med podpopulacijami, zaradi naključnega toka genov, vedno večje genetske razlike. Podobnost med osebki znotraj podpopulacij pa se povečuje. Genetska variabilnost znotraj linij postaja vedno manjša, saj se zaradi parjenja sorodnih osebkov povečuje delež homozigotnosti. S tem se lahko povsem naključno poveča tudi frekvenca nezaželenih alelov (Falconer in Mackay, 1996).

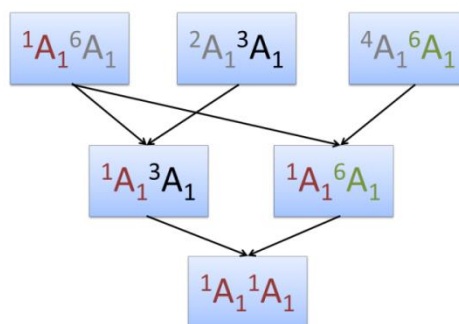
Posledice naključnih procesov lahko opazujemo s stališča vzorčenja ali s stališča inbridinga. Manjše kot je število osebkov v populaciji, večja je variabilnost zaradi vzorčenja (Slika 11). Dlje časa kot takšen proces traja, bolj si bodo podpopulacije med seboj različne. V kolikor se bo, v enem od vzorcev, v naslednjo generacijo prenesla samo ena oblika genov, bo prišlo do fiksacije in vsi osebki znotraj linije bodo na tistem lokusu nosili isti alel. Povprečna frekvenca alelov (gledano preko vseh podpopulacij skupaj) pa kljub temu ostaja enaka in je takšna kot v osnovni populaciji (Falconer in Mackay, 1996). Posledice naključnih procesov s stališča inbridinga so predstavljene v naslednjem poglavju.



Slika 11: Učinek naključnega genetskega toka pri različnih velikostih populacije (Falconer in Mackay, 1996: 52)

2.2.2.3 Inbriding

O inbridingu govorimo takrat, kadar se pariyo osebk, ki imajo skupne prednike. Posledično lahko imajo njihovi potomci na določenih lokusih alele, ki so identični po izvoru in s tem hkrati tudi po funkciji (Slika 12). V majhnih populacijah so lahko vsi osebk v sorodu, zato lahko inbriding definiramo tudi kot parjenje osebkov, ki so si bolj sorodni kot povprečje populacije (Bourdon, 2000). Koeficient sorodstva nam pove kolikšna je verjetnost, da imata dva osebk, na določenem lokusu, po poreklu identična alela in je definiran kot korelacija med plemenskima vrednostnima (Wright, 1922). Koeficient sorodstva osebk s samim seboj ali med enojajčnima dvojčkoma znaša 1,0. Med staršem in potomcem je koeficient sorodstva 0,5. Bratje in sestre imajo koeficient sorodnosti v povprečju enak 0,5, saj prejmejo od staršev različen delež enakih genov. Ta delež je odvisen od naključja in teoretično je lahko koeficient sorodstva med bratom in sestro tudi 0,0 ali 1,0.



Slika 12: Po poreklu in funkciji identična alela $1A_1$ na istem lokusu – inbriding (številka levo nad črko predstavlja izvor alela, številka desno pod črko pa funkcijo alela)

Koeficient inbridinga je definiran kot verjetnost, da ima osebek na določenem lokusu po poreklu identična alela (Meuwissen in Luo, 1992; Falconer in Mackay, 1996), njegova vrednost pa je enaka polovici koeficientu sorodstva med staršema. Bolj kot sta si starša sorodna, bolj bo osebek inbridirani. Če starši niso sorodni, potem potomec ni inbridirani. Koeficient inbridinga izračunan na podlagi rodovniških podatkov je zelo občutljiv na napake in manjkajoče podatke v rodovniku (Boichard, 1996).

Hitrost povečevanja inbridinga je odvisna od velikosti populacije. V manjših populacija je stopnja povečevanja inbridinga večja. Posledično se zmanjšuje variabilnost med potomci, saj inbridirani osebk proizvajajo manj različnih gamet.

2.2.3 Genetska pestrost lipicanskih konj

Največ genetskih raziskav o lipicanskem konju je bilo izvedenih v sklopu projekta Copernikus, v katerem so preučevali genetsko variabilnost celotne populacije lipicanskih konj v Evropi.

Zechner in sod. (2002) so proučevali raznolikost in strukturo populacije lipicanskih konj na podlagi rodovniških podatkov za referenčno populacijo 565 konj. Poreklo je bilo sestavljeno iz več kot 32 generacij, s skupno 3.867 konj, od katerih je bilo 11,8 % začetnikov, za katere niso poznali prednikov. Popolnost porekla je bila ocenjena z ekvivalentom popolnih generacij s povprečno vrednostjo 15,22. Povprečni koeficient inbridinga je znašal 10,8 %, ob upoštevanju samo 5 generacij rodovnika pa samo 2 %. Povečanje inbridinga iz generacije v generacijo je bilo neznatno. Delež genov (10 %) trenutno živečih živali izvira od prednikov iz stare Lipice in privatnih rej lipincev (ugotovljeno na podlagi nomenklature imena), katerih rodovniški podatki so bili izgubljeni. Glede na poimenovanje sta med začetniki bili najpogostejše zastopani liniji Toscanello Hedera in Neapolitano. Več kot polovica (58,6 %) genov v analizirani populaciji lipincev je izviralo od samo 10 prednikov, ki so bili rojeni v 19. stoletju. Genetsko bolj podobne so si bile živali iz kobilarn Lipica, Piber in Monterotondo, kar je najverjetneje posledica izmenjave plemenjakov.

Achmann in sod. (2004) so namesto rodovniških podatkov proučevali genetsko variabilnost s pomočjo mikrosatelitnih označevalcev. Analizirali so 18 mikrosatelitskih označevalcev in pridobili podobne rezultate, kot so jih predstavili Zechner in sod. (2002) na podlagi analize rodovniških podatkov. Ugotovili so, da so si genetsko bolj podobne kobilarna Lipica, Piber in Monterotondo, ki predstavljajo klasični del vzreje lipincev. Genetsko najbolj oddaljena od vseh kobilarn pa je podpopulacija lipincev v Romuniji. Razlike med podpopulacijami so bile manjše kot je bilo pričakovati in v posameznih podpopulacijah ni bilo značilnih razlik v genetski variabilnosti. Našli pa so razlike med lipicanskimi in kladrubskimi konji, kar potrjuje dejstvo, da ti dve pasmi nimata skupnega izvora.

Curik in sod. (2003) so analizirali morfološke spremembe pri reji lipicanskih konj v povezavi s koeficientom inbridinga. Analiza je vključevala meritve 27 različnih telesnih lastnosti za glavo, vrat, telo in noge, pri 360 lipicanskih kobilah. Ugotovili so, da inbriding na izbrane morfološke lastnosti ni imel značilnega vpliva, saj niso v povezani s fitnesom.

Kavarjeva (2001) je preučevala genetsko variabilnost lipicanskih konj na podlagi mtDNK. Analiza je pokazala, da obstaja vsaj 37 različnih mtDNK haplotipov, ki ne sovpadajo popolnoma z rodovi kobil pri tej pasmi. Nekateri mlajši rodovi iz 20. stol. imajo enake haplotype kot starejši klasični rodovi kobil, zato rodovniški podatki kobil glede pripadnosti rodu niso povsem zanesljivi. Haplotype, specifične za klasične rodove, so našli pri 75 % analiziranih konj. Približno 8 % konj je imelo napačno zaveden rod. Napake so se izrazile predvsem kot zamenjava haplotipa značilnega za določen rod kobil, v haplotip, ki je značilen za drug rod. Omenjene zamenjave so bile omejene na haplotype znotraj kobilarne. Najbolj je bil problematičen rod Capriola, ki je značilen za več kot četrtno vseh lipicanskih konj. Kljub skrbi za ohranjanje vseh rodov je neskladje med rodovniškim in genetskim stanjem privedlo do neenakomerne zastopanosti haplotipov in nizkih deležev za določene haplotype (V, Z, C). Kljub temu so v populaciji lipicanskih konj našli 37 različnih

mtDNK haplotipov in na osnovi njihovih rezultatov zaključili, da je genetska variabilnost znatna in tako populacija ni ogrožena.

Glede na izvor začetnic rodov, je Kavarjeva (2010) razdelila haplotipe na značilne za klasične rodove in haplotipe rodov kobil hrvaškega, romunskega in madžarskega izvora (Tabela 6). Haplotip thais je značilen za rod Rebecca-Thais, ki ga Kavarjeva (2001) navaja pod slovenski rod. V razdelitvi rodov po Hopu (2011a: 331), ki smo ga upoštevali v našem delu, se ta rod uvršča med hrvaške rodove, zato smo haplotip specifičen za ta rod uvrstili med značilne haplotipe rodov kobil hrvaškega izvora. Na podlagi števila polimorfnih mest na mikrosatelitnih lokusih, je Kavarjeva (2001) nadalje razvrstila haplotipe v štiri glavne skupine oz. podpopulacije C1, C2, C3 in C4 (Tabela 7). Določitev teh podpopulacij je bila vezana tudi na razdelitev enotne populacije in migracije med podpopulacijami lipicanskega konja in drugih pasem. Izmed teh podpopulacij so si bile živali iz Pibra, Dunaja, Lipice, Monterotonda ter Topolčianky bolj sorodne. Najbolj genetsko oddaljeni pa sta bili podpopulaciji iz Monterotonda in Becleana (Kavar, 2001).

Tabela 6: Haplotipi značilni za rodove kobil (Kavar, 2001)

Haplotipi značilni za rodove kobil	
Klasičnega izvora:	batosta, capriola, slavina, betalka, allegra, dubovina, gaetana, gratiosa, monteaura, wera, J, U in X.
Hrvaškega izvora:	B, D, E, H, O, strana, L, trompeta, thais.
Romunskega izvora:	P, G, A, K, S, T, Z, C, F, N.
Madžarskega izvora:	M, Q, R, I, V.

Tabela 7: Razdelitev haplotipov v skupine na podlagi genetske variabilnosti (Kavar, 2001)

C1	C2	C3	C4
CAPRIOLA	I, J, K	STRANA	ALLEGRA
BATOSTA	L	GRATIOSA	MONTEAURA
TROMPETA	M	R, S	BETALKA
DUBOVINA, X	Z	U	WERA
SLAVINA, T	N	V	O, P
A, B, C, D, E, F, G, H,	GAETANA	THAIS	Q

Slovenska populacija lipicanskih konj je bila analizirana tudi na podlagi rodovniških podatkov. Malovrh in sod. (2012) so v podatke za obdelavo zajeli 3.250 lipicancev, od katerih je bilo 18,2 % živali brez znanih staršev (začetniki). V njihovi analizi je referenčno populacijo predstavljalo 800 živali, pri čemer jih je bilo 1,6 % začetnikov. Razmerje med spoloma staršev je znašalo 4,63 (70 očetov in 325 mater). Generacijski interval pri žrebcih so ocenili na slabih 13 let in pri kobilah na 12 let. Velikost družine vpliva na zastopanost genov v populaciji. V večini primerov sta ista starša imela enega skupnega potomca (94,7 %). V povprečju so imeli lipicanski žrebci 2,58 potomcev, največ potomcev po enem

žrebcu pa je bilo 24. Število žrebcev, ki so v celoten sklad doprinesli 50 % genov, je bilo 10. Kobil z enim samim potomcem je bilo 72 %. Največ potomcev po kobili pa je bilo 7. Živali referenčne populacije so imele v rodovniških zapisih 15 znanih generacij prednikov, ekvivalent popolnih generacij prednikov pa je bil 7,25 pri žrebcih in 7,35 pri kobilah. V analizirani populaciji je bilo 1.695 inbridiranih živali (52,2 % populacije), s povprečnim koeficientom inbridinga 2,97 %. Med pari žrebec-kobila je bilo 16 % nesorodnih parov. Povprečni koeficient sorodstva pa je znašal 7,5 %.

Potočnik in sod. (2008) so izračunali in analizirali koeficiente sorodstva za plemensko čredo lipicanskega konja. Uradno število ocenjenih živali v Sloveniji v letu 2007 je bilo 1030. Glavni problem pri načrtovanju paritev je majhno število plemenjakov in nezadostno preverjanje sorodstvenih vezi s plemenicami. V analizo je bilo vključenih 263 kobil, rojenih od 1997 do 2004, ki so predstavljale plemensko čredo kobil, za plemenilno sezono 2008 ter 5 plemenjakov. Na podlagi izračuna koeficienta sorodstva, so ugotovili, da 69 kobil ni bilo v sorodstvu z nobenim od petih žrebcev. Ostalih 194 kobil pa je bilo v sorodstvu z vsemi petimi žrebci, koeficienti sorodstva pa so znašali od 0,03 do 0,16.

Pri analizi kromosoma Y so Walner in sod. (2013) ugotovili majhno genetsko variabilnost. To pripisujejo procesu domestikacije konj, saj naj bi bilo udomačenih le malo število žrebcev. Ugotovili so, da variabilnost kromosoma Y pri lipicanskih žrebcih prihaja preko arabskih in neapolitanskih konj. Liniji Conversano in Siglavy imata isti haplotip HT1, linije Siglavy, Neapolitano, Pluto, Favory, Maestoso, Tulipan in Incitato pa haplotip HT2.

2.3 VERJETNOST IN BAYESOVSKA MREŽA

Bayesovska mreža je matematično orodje za modeliranje sistemov spremenljivk, kjer v splošnem ni možno z gotovostjo opisati pojava dogodkov, ki so sicer jasno definirani s spremenljivkami, med katerimi lahko določimo vzročno-posledično relacije (Jensen, 2001; Leondes, 2002). To matematično orodje temelji na teoriji grafov in verjetnostnega računa (Mertik in Križmarić, 2010). Bayesova verjetnostna mreža je tako sestavljena iz grafične strukture in pripadajoče množice pogojnih porazdelitev, s čimer je omogočena razčlenjena in s tem poenostavljena predstavitev skupne porazdelitve vseh spremenljivk (Kjaerulff in Madsen, 2008).

2.3.1 Teorija verjetnostnega računa in pogojne verjetnosti

Delovanje Bayesovskih mrež temelji na teoriji verjetnostnega računa in pogojne verjetnosti, kar omogoča, da se kompleksno skupno porazdelitev vseh spremenljivk, predstavljeno s strukturo verjetnostne mreže, lahko opiše kot produkt pogojnih verjetnosti. Možnost, da iz množice U (Slika 13) naključno izberemo element, ki pripada množici X , definiramo kot verjetnost, ki jo označimo $Pr(X)$. Ta verjetnost lahko zavzame vrednost od 0 do 1. Verjetnost, da naključni element pripada ali množici X ali množici Y definiramo kot:

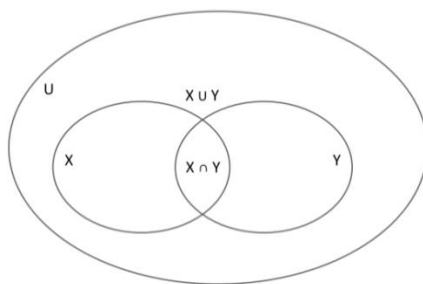
$$Pr(X \cup Y) = Pr(X) + Pr(Y) - Pr(X \cap Y). \quad \dots (1)$$

Preseka množice lahko zapišemo tudi kot $Pr(X, Y)$, ki predstavlja skupno verjetnost dveh dogodkov (Jamnik, 1972).

Če predpostavimo, da vemo kolikšna je verjetnost, da naključni element iz U pripada množici Y , lahko izračunamo kolikšna je verjetnost, da pripada hkrati tudi množici X . To izračunamo kot:

$$Pr(X|Y) = Pr(X, Y) / Pr(Y), \quad \dots (2)$$

kjer zapis $Pr(X|Y)$ preberemo kot "pogojna verjetnost X pri danem pogoju Y " (Jamnik, 1972).



Slika 13: Množice dogodkov

Definicija pogojne verjetnosti temelji na teoremu popolne verjetnosti in verižnega pravila, s katerima lahko skupno verjetnost večjega števila dogodkov razstavimo v produkte pogojnih porazdelitev (verjetnosti). Teorem popolne verjetnosti je definiran z enačbo 3, kjer je $Pr(x_i)$ verjetnost dogodka x_i , ki je enaka seštevku vseh skupnih verjetnosti dogodka x_i in y_j , $Pr(x_i, y_j)$. Iz enačbe 3 lahko izpeljemo enačbo 4, ki določa celotno porazdelitev vseh možnih dogodkov spremenljivke X preko vseh možnih dogodkov spremenljivke Y . Seštevek vektorjev verjetnosti, pri verjetnostni porazdelitvi, je vedno enak 1 (Jamnik, 1972).

$$\forall: Pr(x_i) = Pr(x_i, y_1) + \dots + Pr(x_i, y_n) = \sum_j^n Pr(x_i, y_j) \quad \dots (3)$$

$$Pr(X) = \sum_Y Pr(X, Y) \quad \dots (4)$$

Osnovno pravilo pogojne verjetnosti (enačba 2) lahko razstavimo v produkte pogojnih verjetnostnih porazdelitev (enačba 5). Iz njega izpeljemo verižno pravilo, ki je temeljni gradnik v Bayesovskih mrežah (enačba 6), pri čemer je v množica spremenljivk, na katere

vplivajo spremenljivke $pa(v)$. Spremenljivke v so tako v genetskem smislu potomci starševskih spremenljivk $pa(v)$ (Jamnik, 1972).

$$Pr(X) = Pr(X_1|X_2, \dots, X_n) Pr(X_2, \dots, X_n) = \prod_{i=1}^n Pr(X_i|X_{i+1}, \dots, X_n) \quad \dots (5)$$

$$Pr(X_v) = \prod_{i=1}^n Pr(X_{v_i}|X_{pa(v_i)}) \quad \dots (6)$$

V primeru, da poznamo verjetnost za dogodek spremenljivke X in nas zanima verjetnost, da se bo zgodil dogodek spremenljivke Y , lahko za izračun namesto enačbe 4 uporabimo Bayesov obrazec (enačba 9), ki je izpeljan iz razčlenbe skupne verjetnosti spremenljivke X in Y na dva možna načina (enačba 7,8).

$$Pr(X, Y) = Pr(X|Y)Pr(Y) = Pr(Y|X)Pr(X) \quad \dots (7)$$

$$Pr(Y, X) = Pr(X|Y)Pr(Y)/Pr(X) \quad \dots (8)$$

$$Pr(Y|X) = \frac{Pr(X|Y)Pr(Y)}{Pr(X|Y=y_1)Pr(Y=y_1)+\dots+Pr(X|Y=y_n)Pr(Y=y_n)} \quad \dots (9)$$

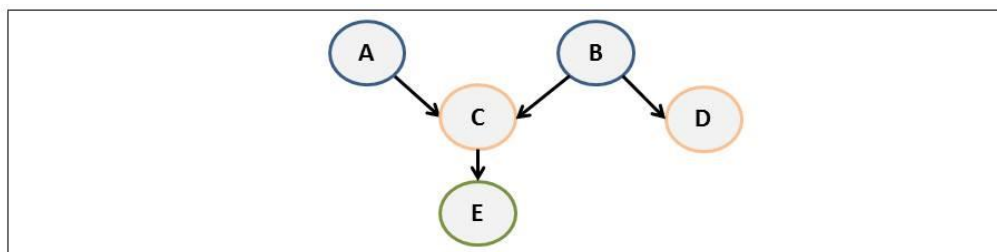
Prednost uporabe Bayesovega pravila je v tem, da ne potrebujemo skupne porazdelitve spremenljivk X in Y ($Pr(X, Y)$), ampak pogojno porazdelitev $Pr(X|Y)$ in robno porazdelitev $Pr(Y)$, ki sta v praksi enostavnejši. Ker je imenovalec v enačbi 10 enak za vse dogodke spremenljivke Y , lahko Bayesov obrazec zapišemo tudi kot $Pr(Y|X) \propto Pr(X|Y)Pr(Y)$. Apriorna porazdelitev $Pr(Y)$ izraža naše vnaprejšnje znanje o porazdelitvi spremenljivke Y in posteriorna porazdelitev $Pr(Y|X)$, izraža naše znanje o pogojni porazdelitvi spremenljivke Y , glede na zbrane informacije o spremenljivki X (Mertik in Križmarić, 2010).

2.3.2 Teorija Bayesovskih mrež

Bayesovske mreže (ang. Bayesian networks) ali usmerjeni aciklični grafi (ang. Directed Acyclic Graphs, DAG) so grafi sestavljeni iz vozlišč in interakcij med njimi. Vozlišča predstavljajo definirane spremenljivke, s katerimi predstavimo množico dogodkov, medtem ko interakcije predstavljajo usmerjene povezave med spremenljivkami, s katerimi določimo medsebojno odvisnost. Graf je definiran kot $G = (V, E)$, kjer V predstavlja končno množico ločenih vozlišč, $E \subseteq V \times V$ pa množico usmerjenih povezav grafa. Bayesovske verjetnostne mreže uporabljamo za verjetnostno sklepanje na osnovi izračunih posteriornih verjetnosti $Pr(x|\varepsilon)$, kjer z ε označujemo pridobljeno informacijo iz zunanjih virov, v obliki pogojnega verjetja (Kjaerulff in Madsen, 2008).

Za pravilno predstavitev relacij med spremenljivkami, je potrebno jasno poznavanje vzroka in posledic, kar definiramo preko pogojnih porazdelitev. Slika 14 prikazuje pretok informacij v Bayesovskih mrežah. Prikazan primer so dogodki, ki se zgodijo ob določenih pogojih. Dogodek E se bo zgodil ob pogoju, da se zgodi dogodek C in dogodek D se bo zgodil ob pogoju, da se zgodi dogodek B. Da se zgodi dogodek C je pogoj, da se zgodita dogodka A in B. Skupno pogojno verjetnost dogodkov zapišemo kot produkt pogojnih porazdelitev (enačba 10).

$$\Pr(A, B, C, D, E) = \Pr(E|C)\Pr(D|B)\Pr(C|A, B)\Pr(A)\Pr(B) \quad \dots (10)$$



Slika 14: Pretok informacij v Bayesovskih mrežah

3 MATERIAL IN METODE

3.1 MATERIAL

Bazo rodovniških podatkov lipicanskih konj smo sestavili iz različnih virov (CRK iz leta 2012, sezname živali iz Poročila o letnem pregledu Kobilarne Lipica 2012 in 2013, ILR), saj smo na ta način želeli pridobiti čim več informacij. Zajeli smo skoraj 12.000 živali, kar predstavlja praktično celotno svetovno populacijo lipicanskih konj in njihovih začetnikov. Bazo podatkov je predstavljal zapis za vsako žival, ki je vseboval: sekvenčno številka, ID (identifikacijska oznaka transponderja tistih živali, ki ga že imajo), ime, spol, rojstni datum, linioa, rod, haplotip mtDNK za živali, ki so imele opravljeno genetsko analizo in sekvenčno številko očeta ter matere.

3.1.1 Priprava rodovniških podatkov

Po združitvi podatkov iz različnih virov smo preverjali in izbrisali podvojene in ne-informativne zapise živali, ki so se pojavljale samo kot očetje ali matere a zanje nismo imeli nobenih podatkov (skupaj 1.539 izbrisov). Uredili smo rodovnike živali, ki so imele več zapisov z različnimi informacijami o očetih ali materah (78 živali). Uredili smo zapise kobil, ki so imele pri eni žrebitvi vpisanih več potomcev (301 kobil). Večino ugotovljenih napak je bilo potrebno pregledati ročno in ugotoviti, kje je prišlo do podvojitve in to napako odpraviti na vseh generacijskih nivojih. Pojavljali so se napačni zapisi o spolu (ista žival je nastopala enkrat kot oče, drugič kot mati; skupno 14 živali). Nekatere živali niso imele znanega spola (87 živali). Napačno so bile zabeležene tudi letnice rojstva, zato se je dogajalo, da je bil potomec starejši od staršev (422 živali). To napako smo poskušali

odpraviti s preveritvijo zapisa v ID oznaki, kjer je bilo to možno. Ugotovili smo, da se tudi podatek o letnici rojstva iz ID in zapis o rojstnem datumu v nekaterih primerih ne ujemata. Veliko je bilo živali, ki niso imele znanega leta rojstva ali pa so imele zabeleženo pogosto ponavljajočo se letnico 1111, 1811, ipd. Pogoste napake pri podvajanju so bile, da sta živali imeli vse podatke enake, le zapis pri imenu je bil različen v enem ali več znakov. Zapisi o pripadnosti rodu so manjkali v velikem deležu. Liniji očeta in potomca se nista ujemali 48 živalim. Rod matere in potomca se ni ujemal pri 245 živalih. Nekatere ugotovljene napake nismo mogli razrešiti (živali, ki imajo enako ime in rojstni datum, vendar izvirajo od različnih prednikov). Ustreznost rodovnikov smo preverjali tudi s primerjanjem imen med generacijami, kjer je bilo možno, saj moški potomci dobijo, po klasičnem sistemu poimenovanj, prvo ime po očetu in drugo po materi, ženske potomke dobijo ime po materi. Živalim brez imena (290) smo ime vstavili iz zapisa njihove ID. Ugotovili smo, da se vsaj 117 imen pojavlja pri več kot enem rodu.

Z gotovostjo ne moremo trditi, da so napake v celoti izločene, vendar smo velik delež ugotovljenih nepravilnosti odpravili in zbrali najbolj celovito rodovniško podatkovno bazo za lipicanskega konja do sedaj. V končni bazi, ki smo jo uporabili za nadaljnje analize, je vpisanih 10.410 živali, rojenimi med leti 1711 in 2011. Podatkov o staležu in seznamu lipicanskih konj v Sloveniji nismo uspeli pridobiti. Zato smo iz pripravljene baze podatkov na podlagi značilnih zapisov (ID z oznako: 705, L, ZRLS, BRDO, DOB) določili, da je v naši zbirki 2.249 živali, ki predstavljajo slovensko populacijo čez celotno obdobje.

3.1.2 Haplotipi mtDNK

Zaradi napak, ki se pojavljajo pri zapisih v rodovno knjigo, se za preprečevanje parjenja v sorodu in ohranjanje genetske variabilnosti uporabljajo tudi molekularno genetske analize. V naši bazi živali smo našli 112 živali, ki so bile vključene v takšno analizo, in jim pripisali haplotip mtDNK. Najnovejša razvrstitev rodov, ki jo upošteva LIF, vsebuje 63 rodov, medtem ko jo v analizo mtDNA bilo vključenih 56 rodov (drugačna klasifikacija po rodovih). Vključili smo tudi štiri nepriznane rodove, saj so bili vključeni v analizo mtDNK. Nekaterih povezav med haplotipi in rodovi (zaradi pomanjkanja informacij in različnega števila rodov v študiji Kavarjeve (2001) in razdelitve rodov po Hop (2011a)), nismo našli. V prilogi A2 navajamo seznam rodov in haplotipov mtDNK, ki se pojavljajo znotraj posameznih rodov.

3.1.3 Seznam linij in rodov

Na osnovi pregleda literature smo sestavili seznam linij in rodov z vsemi pripadajočimi podatki o imenih posamezne linije in rodu ter značilnimi haplotipi, ki se pojavljajo znotraj maternalnih družin. Pri rodovih je bila velika pestrost imen, saj smo jih na seznam uvrstili preko 550, kjer smo upoštevali različne izpeljanke in zapise imen kobil, ki so se pojavljali v rodovniških podatkih (priloga A3).

3.2 METODE

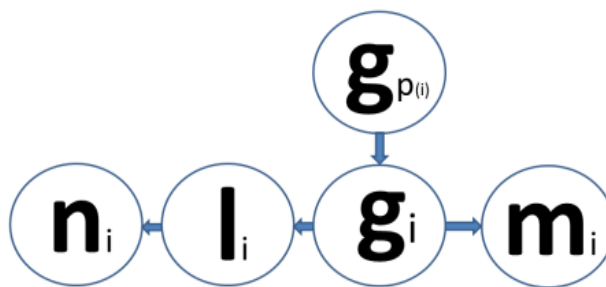
Bayesovske mreže smo uporabili za združitev različnih virov informacij (rodovnik, ime, haplotip mtDNK itd.) in s tem dopolnitev manjkajočih podatkov ter ugotavljanje neskladij v podatkih. Podrobneje je bil cilj določiti pripadnost liniji in rodu za vsako žival na osnovi vseh možnih virov. V nadaljevanju najprej opisujemo splošno Bayesovsko mrežo, ki smo jo razvili za ta namen, na podlagi nam dostopnih podatkov, in nato še različici, ki smo jih uporabili ločeno za določanje pripadnosti linijam in rodovom.

3.2.1 Splošna Bayesovska mreža

Iz pripravljenih podatkov smo za vsako i -to žival lahko zbrali sledeče spremenljivke: ime živali (n_i) in genetski zapis na izbranih označevalci (m_i). Pri tem velja izpostaviti, da ime živali pri lipicancih vsebuje podatek o liniji ali rodu zapisano v rodovniku, medtem ko se lahko genetski zapis na izbranih označevalcih (bodisi na kromosomu Y ali mtDNK) uporabi za določitev genetske linije ali rodu, ki se z rodovniškimi podatki lahko ujema ali pa tudi ne. Poleg smo zbrali še podatke o starših in potomcih i -te živali v obliki rodovnika. Za določene živali so bili vsi naštetih podatki poznani, medtem ko za nekatere le deloma ali pa v neznani celoti. Na osnovi teh podatkov smo želeli določiti nepoznano (»pravo«) rodovniško linijo ali rod i -te živali (l_i) in genetsko linijo ali rod i -te živali (g_i). V ta namen smo najprej za vse spremenljivke definirali nabor možnih dogodkov in nastavili pripadajoče vektorje: (n_i), (l_i), (m_i) in (g_i), ki vsebujejo nepoznane verjetnosti za posamezni dogodek. V primeru, da za i -to žival zberemo podatek o dogodku spremenljivke n_i , se pripadajoči element vektorja n_i zapolni z vrednostjo 1.0 in vsi ostali elementi pa z vrednostjo 0.0. Dogodkov spremenljivke g_i ne moremo določiti iz podatkov in jih namesto tega skušamo oceniti iz ostalih spremenljivk s pomočjo Bayesovskih mrež.

Za oceno verjetnosti pripadnosti linijam ali rodovom smo razvili Bayesovsko mrežo predstavljeno na sliki 15. Ta sistem spremenljivk predpostavlja, da je:

- genetska linija ali rod i -te živali g_i je odvisen od genetske linije ali rodu starša $g_{p(i)}$ (v primeru linij od očeta in v primeru rodov od matere), saj se dedni material prenaša s staršev na potomce;
- odčitani genetski zapis na izbranih označevalcih v genomu i -te živali m_i je odvisen od genetske linije ali rodu te živali g_i , saj je rezultat molekularno genetskih analiz odvisen od dednega materiala živali;
- rodovniška linija ali rod i -te živali l_i je odvisen od genetske linije ali rodu te živali g_i , saj je rodovniška linija ali rod odvisna od dednega materiala živali (kljub neskladjem v podatkih);
- zabeleženo ime i -te živali n_i je odvisno od rodovniške linije ali rodu te živali l_i , saj se pri lipicanskem konju dodeljujejo imena na podlagi pripadnosti liniji ali rodu.



Slika 15: Grafični prikaz splošne Bayesovske mreže za določitev pripadnosti linijam in rodovom

Zapis skupne verjetnosti predlagane Bayesovske mreže je enak:

$$Pr(\mathbf{n}_i, \mathbf{l}_i, \mathbf{m}_i, \mathbf{g}_i, \mathbf{g}_{p(i)}) = Pr(\mathbf{n}_i | \mathbf{l}_i) Pr(\mathbf{l}_i | \mathbf{g}_i) Pr(\mathbf{m}_i | \mathbf{g}_i) Pr(\mathbf{g}_i | \mathbf{g}_{p(i)}) Pr(\mathbf{g}_{p(i)}), \quad \dots (11)$$

kjer je:

$\mathbf{n}_i$ - ime živali i ,

$\mathbf{l}_i$ – rodovniška linija ali rod živali i ,

$\mathbf{m}_i$ – genetski zapis izbranih označevalcev na kromosomu Y ali mtDNK za žival i ,

$\mathbf{g}_i$ - genetska linija ali rod živali i

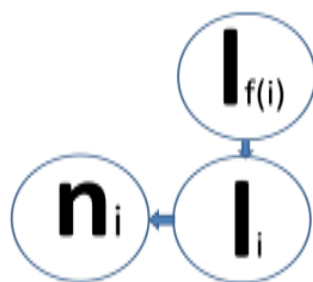
$\mathbf{g}_{p(i)}$ – genetska linija ali rod starša i -te živali.

Pogojne in robne porazdelitve v enačbi 11 so odvisne, predpostavljene strukture med spremenljivkami in velikostmi napake (ε), kar je predstavljeno v nadaljevanju.

Na osnovi zbranih podatkov in predpostavljenega sistema spremenljivk v Bayesovski mreži (Slika 15, enačba 11), smo s pomočjo Bayesovega obrazca (enačba 9) izračunali posteriorno porazdelitev verjetnosti pripadnosti za genetske linije in rodove za vsako žival ($Pr(\mathbf{g}_i | \mathbf{n}_i, \mathbf{m}_i)$), kakor tudi za rodovniške linije in rodove za vsako žival ($Pr(\mathbf{l}_i | \mathbf{n}_i, \mathbf{m}_i)$).

3.2.2 Bayesovska mreža za linije

Slika 16 prikazuje Bayesovsko mrežo za izračun verjetnosti pripadnosti k določeni liniji (paternalni družini), kjer rodovniške informacije omogočijo povezavo med linijo očeta in potomca - ime nakazuje pripadnost rodovniški liniji. Genetske linije in genetskega zapisa za izbrane označevalce nismo vključili, saj nismo imeli na voljo informacij o genetskih označevalcih kromosoma Y, ki se deduje samo po moški liniji.



Slika 16: Grafični prikaz Bayesovske mreže za določitev pripadnosti linijam

Zapis skupne verjetnosti predlagane Bayesovske mreže je tako enak:

$$Pr(\mathbf{n}_i, \mathbf{l}_i, \mathbf{l}_{f(i)}) = Pr(\mathbf{n}_i | \mathbf{l}_i) Pr(\mathbf{l}_i | \mathbf{l}_{f(i)}) Pr(\mathbf{l}_{f(i)}), \quad \dots (12)$$

kjer je:

$\mathbf{n}_i$ - ime živali i ,

$\mathbf{l}_i$ - rodovniška linija živali i ,

$\mathbf{l}_{f(i)}$ - rodovniška linija očeta i -te živali.

Apriorno porazdelitev verjetnosti, da žival pripada k določeni rodovniški liniji $Pr(\mathbf{l}_{f(i)})$, smo vključili v model v obliki enakomerne porazdelitve za vse žrebčevske linije (levo) ali kot informativno različico na osnovi ocen iz literature (desno) (Druml, 2011d).

$$Pr(\mathbf{l}_{f(i)}) = \begin{array}{c|c} \begin{array}{l} \textit{Conversano} \\ \textit{Favory} \\ \vdots \\ \textit{Tulipan} \end{array} & \begin{array}{l} 1/8 \\ 1/8 \\ \vdots \\ 1/8 \end{array} \end{array} \quad \text{ali} \quad Pr(\mathbf{l}_{f(i)}) = \begin{array}{c|c} \begin{array}{l} \textit{Conversano} \\ \textit{Favory} \\ \textit{Incitato} \\ \textit{Maestoso} \\ \textit{Neapolitano} \\ \textit{Pluto} \\ \textit{Siglavy} \\ \textit{Tulipan} \end{array} & \begin{array}{l} 0,171 \\ 0,123 \\ 0,015 \\ 0,137 \\ 0,164 \\ 0,116 \\ 0,240 \\ 0,034 \end{array} \end{array}$$

Pogojna porazdelitev rodovniške linije potomca ali potomke, glede na rodovniško linijo očeta $Pr(\mathbf{l}_i | \mathbf{l}_{f(i)})$, je v osnovi diagonalna matrika, katero smo dopolnili z napako, ki predstavlja delež napačnih rodovniških zapisov ($\varepsilon_{l|i}$). Predpostavili smo, da je ta napaka enaka 1 %.

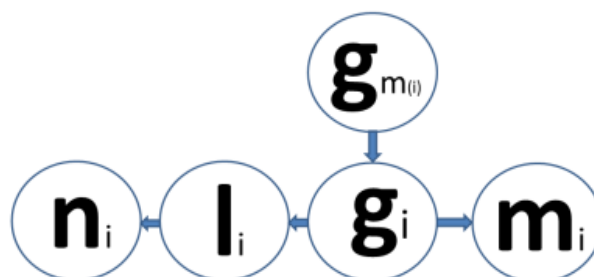
$$Pr(\mathbf{l}_i | \mathbf{l}_{f(i)}) = \begin{array}{c|cccc} & \textit{Conversano} & \textit{Favory} & \dots & \textit{Tulipan} \\ \hline \textit{Conversano} & 1 - \varepsilon_{l|i} & \varepsilon_{l|i}/7 & \dots & \varepsilon_{l|i}/7 \\ \textit{Favory} & \varepsilon_{l|i}/7 & 1 - \varepsilon_{l|i} & \dots & \varepsilon_{l|i}/7 \\ \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots \\ \textit{Tulipan} & \varepsilon_{l|i}/7 & \varepsilon_{l|i}/7 & \dots & 1 - \varepsilon_{l|i} \end{array}$$

Pogojna porazdelitev imena živali (pretvorjeno v rodovniško linijo) glede na rodovniško linijo te živali $Pr(\mathbf{n}_i | \mathbf{l}_i)$, je v osnovi diagonalna matrika, katero smo dopolnili z napako, ki predstavlja delež napačnih zapisov imen glede na rodovniško linijo živali ($\varepsilon_{n|l}$). Predpostavili smo, da je ta napaka enaka 0,1 %.

		<i>Conversano</i>	<i>Favory</i>	...	<i>Tulipan</i>
$Pr(\mathbf{n}_i \mathbf{l}_i) =$	<i>Conversano</i>	$1 - \varepsilon_{n l}$	$\varepsilon_{n l}/7$	...	$\varepsilon_{n l}/7$
	<i>Favory</i>	$\varepsilon_{n l}/7$	$1 - \varepsilon_{n l}$	...	$\varepsilon_{n l}/7$
	$\vdots$	$\vdots$	$\vdots$	$\vdots$	$\vdots$
	<i>Tulipan</i>	$\varepsilon_{n l}/7$	$\varepsilon_{n l}/7$	...	$1 - \varepsilon_{n l}$

3.2.3 Bayesovska mreža za rodove

Bayesovska mreža za rodove je identična splošni Bayesovski mreži, saj imamo poleg imen in rodovnika na voljo tudi informacije o genetskem zapisu na izbranih označevalcih na mtDNK, ki se deduje samo po maternalni liniji. Slika 17 prikazuje model izračuna verjetnosti pripadnosti k določeni maternalni liniji, kjer rodovniške informacije omogočijo povezavo med pravim genetskim stanjem matere ($\mathbf{g}_{m(i)}$) in pravim genetskim stanjem njenega potomca ($\mathbf{g}_i$).



Slika 17: Grafični prikaz Bayesovske mreže za določitev pripadnosti rodovom

Zapis skupne verjetnosti predlagane Bayesovske mreže je tako enak:

$$Pr(\mathbf{n}_i, \mathbf{l}_i, \mathbf{m}_i, \mathbf{g}_i, \mathbf{g}_{m(i)}) = Pr(\mathbf{n}_i | \mathbf{l}_i) Pr(\mathbf{l}_i | \mathbf{g}_i) Pr(\mathbf{m}_i | \mathbf{g}_i) Pr(\mathbf{g}_i | \mathbf{g}_{m(i)}) Pr(\mathbf{g}_{m(i)}), \quad \dots (13)$$

kjer je:

$\mathbf{n}_i$ - ime živali i ,

$\mathbf{l}_i$ - rodovniški rod živali i ,

$\mathbf{m}_i$ - genetski zapis izbranih označevalcev na mtDNK za žival i ,

$\mathbf{g}_i$ - genetski rod živali i ,

$\mathbf{g}_{m(i)}$ – genetski rod matere i -te živali.

Apriorno porazdelitev verjetnosti, da žival pripada določenemu genetskemu rodu $\Pr(\mathbf{g}_{m(i)})$, smo vključili v model v obliki enakomerne porazdelitve za vse rodove

$$\Pr(\mathbf{g}_{m(i)}) = \begin{array}{c|c} \begin{array}{c} A \\ Allegra \\ \vdots \\ Z \end{array} & \begin{array}{c} 1/37 \\ 1/37 \\ \vdots \\ 1/37 \end{array} \end{array}$$

ali kot informativno različico na osnovi ocen iz literature (Kavar, 2001).

$\Pr(\mathbf{g}_{m(i)}) =$	A	0,010	F	0,010	$Monteaura$	0,014	$Thais$	0,005
	$Allegra$	0,055	G	0,048	N	0,012	$Trompeta$	0,005
	B	0,010	$Gaetana$	0,034	O	0,07	U	0,026
	$Batosta$	0,101	$Gratiosa$	0,010	P	0,019	V	0,002
	$Betalka$	0,038	H	0,007	Q	0,014	$Wera$	0,029
	C	0,002	I	0,048	R	0,005	X	0,012
	$Capriola$	0,264	J	0,017	S	0,005	Z	0,002
	D	0,005	K	0,022	$Slavina$	0,043		
	$Dubovina$	0,038	L	0,005	$Strana$	0,005		
	E	0,031	M	0,034	T	0,005		

Pogojna porazdelitev genetskega rodu potomca ali potomke, glede na genetski rod matere $\Pr(\mathbf{g}_i | \mathbf{g}_{m(i)})$, je v osnovi diagonalna matrika, katero smo dopolnili z napako, ki predstavlja delež napačnih rodovniških zapisov ($\varepsilon_{g|g}$). Predpostavili smo, da je ta napaka enaka 1 % (Kavar, 2001).

$\Pr(\mathbf{g}_i \mathbf{g}_{m(i)}) =$		A	$Allegra$	...	Z
	A	$1 - \varepsilon_{g g}$	$\varepsilon_{g g}/36$	...	$\varepsilon_{g g}/36$
	$Allegra$	$\varepsilon_{g g}/36$	$1 - \varepsilon_{g g}$	...	$\varepsilon_{g g}/36$
	$\vdots$	$\vdots$	$\vdots$	$\vdots$	$\vdots$
	Z	$\varepsilon_{g g}/36$	$\varepsilon_{g g}/36$	...	$1 - \varepsilon_{g g}$

Pogojna porazdelitev genetskega zapisa, za izbrane označevalce na haplotipih mtDNK (pretvorjeno v genetske rodove) živali, glede na genetski rod te živali $\Pr(\mathbf{m}_i | \mathbf{g}_i)$, je v osnovi diagonalna matrika. Dopolnili smo jo z napako, ki predstavlja delež napačnih genetskih analiz ($\varepsilon_{m|g}$). Predpostavili smo, da je ta napaka enaka 0,01 %.

$\Pr(\mathbf{m}_i \mathbf{g}_i) =$		A	$Allegra$	...	Z
	A	$1 - \varepsilon_{m g}$	$\varepsilon_{m g}/36$	...	$\varepsilon_{m g}/36$
	$Allegra$	$\varepsilon_{m g}/36$	$1 - \varepsilon_{m g}$	...	$\varepsilon_{m g}/36$
	$\vdots$	$\vdots$	$\vdots$	$\vdots$	$\vdots$
	Z	$\varepsilon_{m g}/36$	$\varepsilon_{m g}/36$	...	$1 - \varepsilon_{m g}$

Pogojna porazdelitev rodovniških rodov živali, glede na genetski rod te živali $\Pr(\mathbf{l}_i | \mathbf{g}_i)$, je zaradi neskladij med rodovniškimi in genetskimi rodovi bolj kompleksna in jo v celoti

prikazujemo v prilogi A2, medtem ko tukaj prikazujemo samo del te porazdelitve za haplotip Allegra in X (Tabela 8). Pri tem smo upoštevali, da se določeni haplotipi mtDNK pojavljajo pri več (rodovniških) rodovih in, da je za določene rodove značilnih več haplotipov mtDNK. V pogojne porazdelitve smo tudi tukaj vključili napako, ki predstavlja delež neujemanj med rodovniškimi in genetskimi rodovi ($\varepsilon_{l|g}$). Predpostavili smo, da je ta napaka enaka 0,01 %.

	<i>A</i>	<i>Allegra</i>	...	<i>Z</i>	
$Pr(\mathbf{l}_i \mid \mathbf{g}_i) =$	<i>Sardinia</i>	$1 - \varepsilon_{l g}$	$\varepsilon_{l g}/36$	...	$\varepsilon_{l g}/36$
	<i>Spadiglia</i>	$\varepsilon_{l g}/36$	$1 - \varepsilon_{l g}$	...	$\varepsilon_{l g}/36$
	$\vdots$	$\vdots$	$\vdots$	$\vdots$	$\vdots$
	404 <i>Favory II - 2</i>	$\varepsilon_{l g}/36$	$\varepsilon_{l g}/36$	...	$1 - \varepsilon_{l g}$

Tabela 8: Primer pogojnih porazdelitev rodovniških rodov in genetskih rodov

Rodovniški rod	Genetski rod (haplotip mtDNA)	
	ALLEGRA	X
AFRICA	1,82E-05	1,52E-05
ALMERINA	<u>0,08325</u>	1,52E-05
ARGENTINA	1,82E-05	<u>0,999</u>
CAPRIOLA	1,82E-05	1,52E-05
DEFLOKATA	<u>0,08325</u>	1,52E-05
MERCURIO	1,82E-05	1,52E-05
PRESCIANA/BRADAMANTE	<u>0,08325</u>	1,52E-05

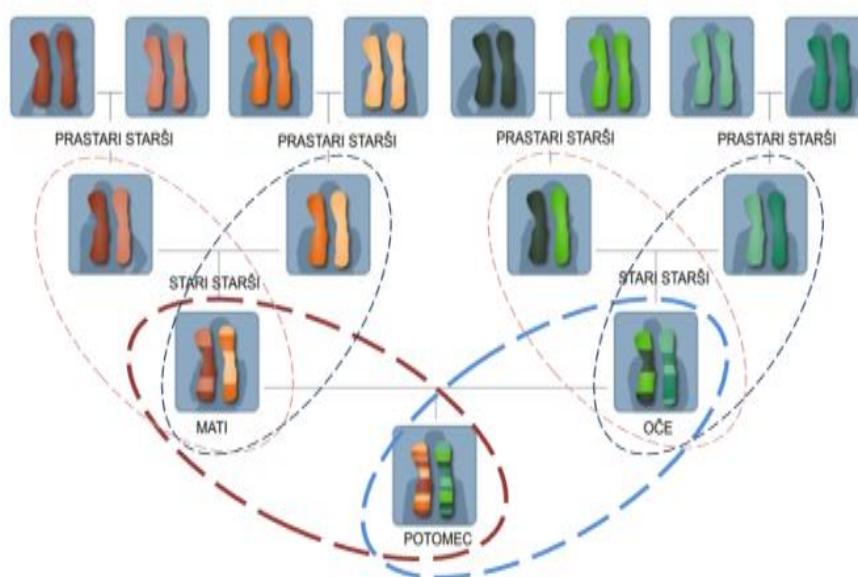
Na podlagi rezultatov v tabeli 8 lahko vidimo, da je 99 % verjetnost, da je haplotip X značilen za rod Argentina ($1 - \varepsilon_{l|g}$). Ostali rodovi imajo vrednost verjetnosti, ki je enaka $(1 - \varepsilon_{l|g})/36$. Število 36 predstavlja število ostalih haplotipov (skupno jih je 37). Haplotip Allegra je značilen za več rodov: Almerina, Deflorata in Presciana/Bradamante. Verjetnosti značilnih haplotipov so za vsak rod enake in skupaj predstavljajo vrednost $1 - \varepsilon_{l|g}$. Ostali rodovi imajo vrednost verjetnosti, ki je enaka $(1 - \varepsilon_{l|g})/n$, kjer je n število ostalih rodov (v tem primeru 34) od skupno 37.

Pogojna porazdelitev imena živali (pretvorjeno v rodovniške rodove), glede na rodovniški rod te živali $Pr(\mathbf{n}_i | \mathbf{l}_i)$, je v osnovi diagonalna matrika, katero smo dopolnili z napako, ki predstavlja delež napačnih zapisov imen glede na rodovniški rod živali ($\varepsilon_{n|l}$). Predpostavili smo, da je ta napaka enaka 0,01 %.

	<i>Almerina</i>	<i>Argentina</i>	...	<i>Rava</i>
$Pr(\mathbf{n}_i \mathbf{l}_i) =$	$1 - \varepsilon_{n l}$	$\varepsilon_{n l}/66$	...	$\varepsilon_{n l}/66$
<i>Sardinia</i>	$\varepsilon_{n l}/66$	$1 - \varepsilon_{n l}$	...	$\varepsilon_{n l}/66$
<i>Spadiglia</i>	$\vdots$	$\vdots$	$\vdots$	$\vdots$
$\vdots$	$\varepsilon_{n l}/66$	$\varepsilon_{n l}/66$	...	$1 - \varepsilon_{n l}$
404 <i>Favory II - 2</i>				

3.2.4 Izračun genetske strukture

Potomec dobi polovico genov od očeta in polovico od matere. Ker so starši nosilci genov svojih prednikov, očetje na potomca prenesejo prav tako del genov svojega očeta, kot svoje mame. In mame prenesejo del genov svojega očeta in svoje matere. Na sliki 18Slika 18 smo ta koncept predstavili z različno barvo kromosomov, ki predstavljajo prispevek genov po linijah in rodovih. Elipse prikazujejo prispevek genov od staršev in starih staršev. Posledično deleži živali po linijah in rodovih ne odražajo dejanske genetske strukture populacije, v smislu deleža genov po linijah in rodovih. V ta namen smo razvili sistem za oceno genetske strukture za vsako žival, na osnovi znanih pripadnosti linijam in rodovom, dopolnjenimi z rezultati Bayesovskih mrež.



Slika 18: Shema dedovanja genetske strukture

Genetsko strukturo začetnikov (živali brez znanih prednikov) smo definirali kot:

$$\mathbf{c}_i = \left(\frac{1}{2} \mathbf{l}_{i,f}^T, \frac{1}{2} \mathbf{l}_{i,m}^T \right), \quad \dots (14)$$

kjer je $\mathbf{l}_{i,f}$ vektor posteriornih verjetnosti pripadnosti liniji (paternalni družini) in $\mathbf{l}_{i,m}$ vektor posteriornih verjetnosti pripadnosti rodu (maternalni družini) i -te živali na osnovi Bayesovskih mrež.

Za živali z znanimi predniki, smo genetsko strukturo izračunali kot linearno kombinacijo očetove ($\mathbf{c}_{f(i)}$) in materine ($\mathbf{c}_{m(i)}$) genetske strukture, kot je prikazano nasliki 18, kjer predpostavljamo, da ni napak v rodovniku.

$$\begin{aligned}\mathbf{c}_i &= \frac{1}{2}\mathbf{c}_{f(i)} + \frac{1}{2}\mathbf{c}_{m(i)}, \\ &= \frac{1}{2}\left(\frac{1}{2}\mathbf{l}_{f(i),f}^T, \frac{1}{2}\mathbf{l}_{f(i),m}^T\right) + \\ &\quad \frac{1}{2}\left(\frac{1}{2}\mathbf{l}_{m(i),f}^T, \frac{1}{2}\mathbf{l}_{m(i),m}^T\right),\end{aligned}\quad \dots (15)$$

Ker naš rodovnik vsebuje nekaj napak na različnih nivojih, smo genetsko strukturo izračunali z upoštevanjem možnosti napake, kot:

$$\begin{aligned}\mathbf{c}_i &= \frac{1}{2}\left(\frac{1}{2}\left((1 - e_{i,f(i)})\mathbf{l}_{f(i),f}^T + e_{i,f(i)}\mathbf{l}_{f(i),f}^T\right), \frac{1}{2}\left((1 - e_{i,f(i)})\mathbf{l}_{f(i),m}^T + e_{i,f(i)}\mathbf{l}_{f(i),m}^T\right)\right) + \\ &\quad \frac{1}{2}\left(\frac{1}{2}\left((1 - e_{i,m(i)})\mathbf{l}_{m(i),f}^T + e_{i,m(i)}\mathbf{l}_{m(i),f}^T\right), \frac{1}{2}\left((1 - e_{i,m(i)})\mathbf{l}_{m(i),m}^T + e_{i,m(i)}\mathbf{l}_{m(i),m}^T\right)\right)\end{aligned}\quad \dots (15)$$

kjer $e_{i,f(i)}$ in $e_{i,m(i)}$ predstavljata verjetnost napake v rodovniku med živaljo in njenim očetom oz. materjo. $\mathbf{l}_{f(i),f}^T$ in $\mathbf{l}_{m(i),m}^T$ sta vektorja transponiranih posteriornih verjetnosti pripadnosti liniji očetov po očetu (paternalni družini), oz. transponiranih posteriornih verjetnosti pripadnosti rodu mam po mami (maternalni družini). $\mathbf{l}_{f(i),m}^T$ in $\mathbf{l}_{m(i),f}^T$ sta vektorja transponiranih posteriornih verjetnosti pripadnosti liniji očetov po materi (paternalni družini), oz. transponiranih posteriornih verjetnosti pripadnosti rodu mam po očetu (maternalni družini). $\mathbf{l}_{f,f}^T$ in $\mathbf{l}_{f,m}^T$ sta vektorja transponiranih posteriornih verjetnosti pripadnosti neznani liniji (NNL) oz. neznanemu rodu (NNR).

Ta pristop, glede na verjetnost napake v rodovniku, tehta prispevek informacije o genetski strukturi staršev in o pripadnosti določeni liniji ali rodu posamezne živali. V kolikor je rodovnik pravilen, se pri oceni genetske strukture živali zanesemo zgolj na genetsko strukturo prednikov - ne glede na pripadnost živali liniji ali rodu, saj je slednje avtomatsko upoštevano v strukturi rodovnika. V kolikor rodovnik ni pravilen (napaka je popolna) izgubimo oceno genetske strukture prednikov in lahko uporabimo zgolj informacijo o pripadnosti liniji in rodu za posamezno žival. Hkrati s tem izgubimo tudi del informacije o polovici prispevka starih staršev. Npr. na podlagi zbranih podatkov ugotovimo, da je sorodstvena vez med živaljo in njenim očetom napačna, kljub temu pa vemo, da je žival linije Siglavy. Posledično lahko za genetsko strukturo omenjene živali, po očetovi strani, predpostavljamo, da del genov izvira iz linije Siglavy (prispevek očetovega očeta). Medtem ko prispevka očetove mame ne poznamo. V takšnih primerih smo prispevek

nepoznane očetove mame pripisali neznanemu rodu NNR in obratno, prispevek nepoznanega maminega očeta pripisali neznani liniji NNL.

Verjetnost napake v rodovniku med živaljo in njenih prednikom ($e_{i,p(i)}$) je izračunana iz elementov skupne posteriorne porazdelitve $Pr(\mathbf{l}_i, \mathbf{l}_{p(i)} \mid \text{podatki})$. Diagonalne vrednosti v omenjeni porazdelitvi odražajo verjetnosti, da imata starš in potomec enako linijo ali rod, medtem ko vrednosti izven diagonale odražajo verjetnosti, da starš in potomec nimata enake linije ali rodu. Verjetnost napake v rodovniku smo tako izračunali kot seštevek vseh ne-diagonalnih verjetnosti porazdelitve $Pr(\mathbf{l}_i, \mathbf{l}_{p(i)} \mid \text{podatki})$.

3.2.5 Aplikacija

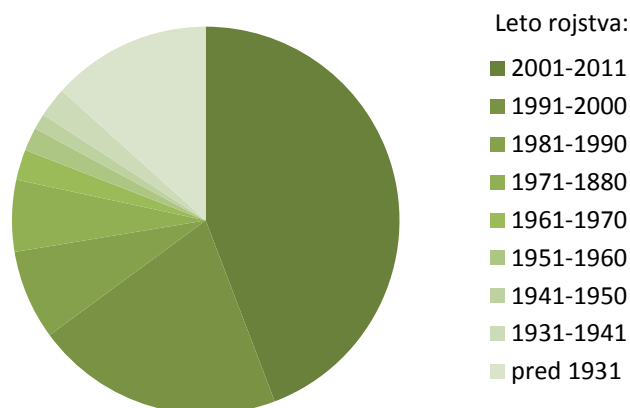
Predstavljeno metodologijo smo izvedli v programskem jeziku R (R Development Core Team, 2008), kjer smo izvedli manipulacijo podatkov, izračune z Bayesovimi mrežami z R paketom gRain (Højsgaard, 2012) in na koncu še analizo genetske strukture. Zaradi obsežnosti rezultatov predstavljamo v tem delu samo rezultate za linije, medtem ko smo za rodove predstavili le metodologijo, ki je prav tako pomemben rezultat raziskovalnega dela.

4 REZULTATI

4.1 STRUKTURA RODOVNIKA

Rodovnik 10.410 konj lipicanske pasme je sestavljalo 4.052 (39 %) moških in 6.358 (61 %) ženskih živali. Informacij o obeh starših ni imelo 956 živali (9,2 % začetnikov). Informacij o očetu ni imelo 1.124 živali in o materi 1.134. Podatek o pripadnosti določenemu rodu je imelo 38 % živali in o pripadnosti liniji 56 % živali. Molekularno genetske analize haplotipov mtDNK je imelo opravljenih 112 živali (od tega 13 moških).

Na podlagi značilnega zapisa, smo iz celotnega rodovnika izluščili 2.249 živali, za katere smo predpostavili, da so slovenskega porekla in predstavljajo 22 % celotne populacije lipicanskih konj. Te živali smo vključili analizo genetske strukture. Živali so bile rojene od 1774 do 2011. Največji delež živali (65 %) predstavljajo živali rojene v zadnjih dveh desetletjih (Slika 19). Podatka o letnici rojstva ni imelo 43 živali. Teh živali nismo vključili med rezultate. Slovensko populacijo je zastopalo 974 moških živali in 1.275 ženskih živali. Brez informacije o očetu je bilo 146 živali in brez informacije o materi 123 živali. Informacijo o pripadnosti liniji je imelo 44 % živali in o pripadnosti k rodu 65 %. Molekularno genetske analize haplotipov mtDNK je imelo opravljenih 18 konj.

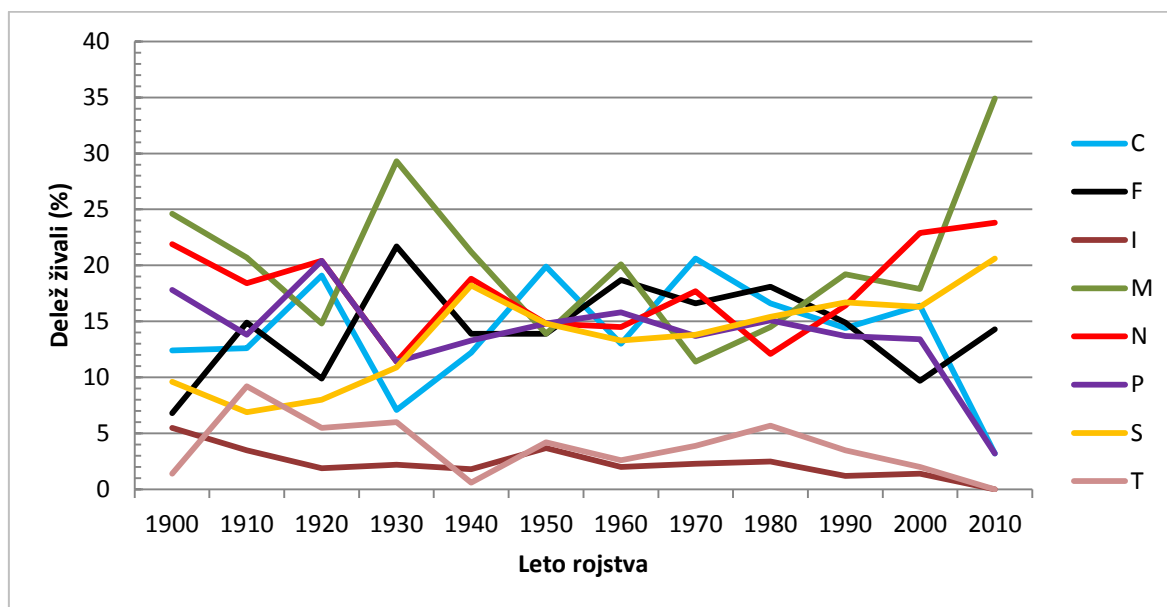


Slika 19: Sestava populacije lipicanskih konj slovenskega izvora glede na leto rojstva živali

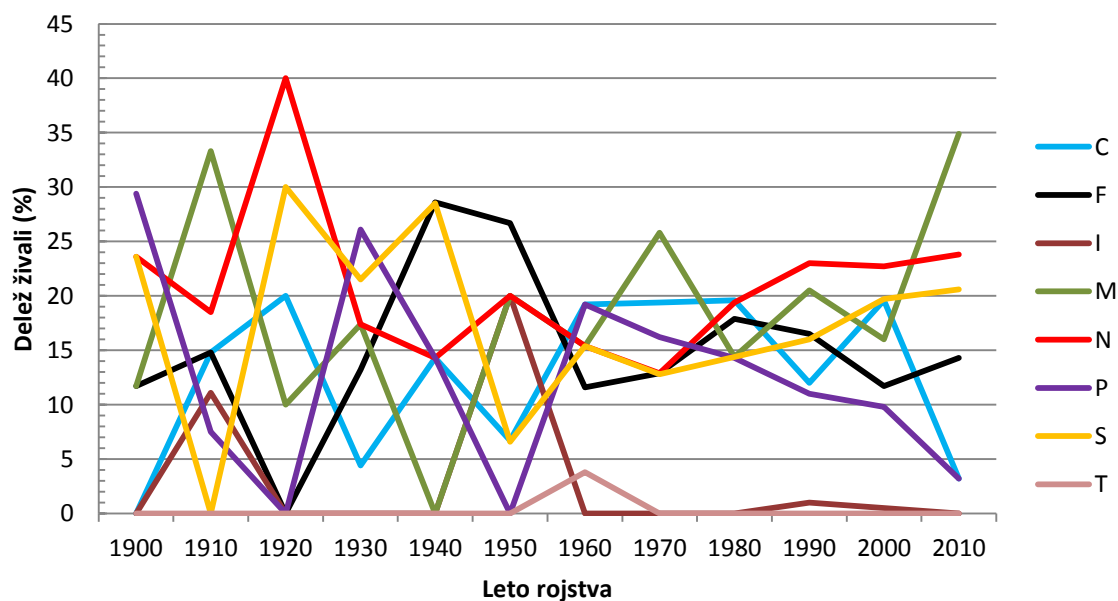
4.2 ZASTOPANOST LINIJ

Slika 20 prikazuje zastopanost posameznih linij v celotni populaciji lipicanskih konj, glede na znano rodovniško informacijo o pripadnosti k liniji. Podatek o pripadnosti liniji je imelo 5.189 živali, rojenih od leta 1900 dalje. Največji delež živali je v začetku 20. stoletja pripadal liniji Maestoso. Po petdesetih letih se je delež žrebcev po tej liniji zmanjšal za 10 %. Od 70. let naprej je opazen trend povečevanja deleža živali linije Maestoso, ki je v zadnjem desetletju najbolj zastopana linija izmed vseh linij (35 %).

Linija Neapolitano je bila druga najbolj zastopana linija (Slika 20). V prvi polovici 20. stoletja se je sicer kazal trend zmanjševanja deleža živali te linije, vendar se je v zadnjih desetletjih analiziranega obdobja, delež živali ponovno povečal. Trenutno je druga najpogostejša linija, glede na poznane rodovniške informacije o pripadnosti k določeni liniji. Ravno nasproten trend gibanja deleža živali je bil pri liniji Favory - po letu 1900 naraščajoč, nato pa se je delež živali zmanjševal. V zadnjem desetletju se je delež živali linije Favory povečal za 5 %. Rahlo, a stalno pozitiven trend, se kaže pri deležu živali linije Siglavy, saj se je v stotih letih delež živali linije povečal z 9 % na 21 %, torej za 12 %. Delež živali linij Pluto in Conversano je bil v analiziranem obdobju relativno konstanten, a se v zadnjem desetletju intenzivno zmanjšuje. Stalen trend upadanja, glede na celotno populacijo lipicanskega konja, kažeta liniji Incitato in Tulipan.



Slika 20: Delež živali po linijah (z informacijo v rodovniku) in letu rojstva v celotni populaciji lipicanskih konj (C – Conversano, F – Favory, I – Incitato, M – Maestoso, N – Neapolitano, P – Pluto, S – Siglavy, T – Tulipan)



Slika 21: Delež živali po linijah (z informacijo v rodovniku) in letu rojstva v slovenski populaciji lipicanskih konj (C – Conversano, F – Favory, I – Incitato, M – Maestoso, N – Neapolitano, P – Pluto, S – Siglavy, T – Tulipan)

V slovenski populaciji lipicanskih konj je imelo 893 živali, ki smo jih vključili v analizo, v rodovniku pripisano informacijo o pripadnosti liniji in letu rojstva. Slika 21 prikazuje zastopanost posameznih linij v slovenski populaciji lipicanskih konj, glede na znane rodovniške informacije. Ker je število živali veliko manjše v primerjavi s celotno

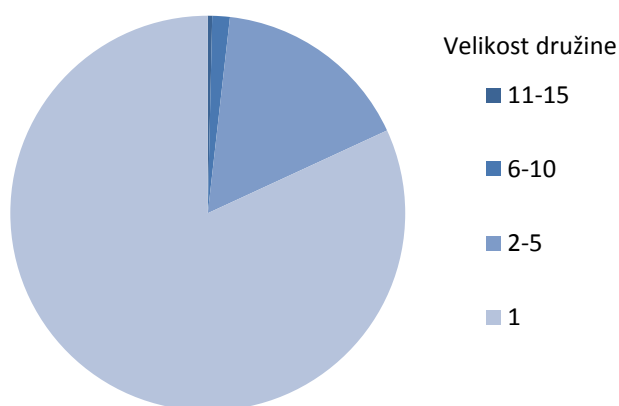
populacijo lipicancev, so nihanja med leti večja. V 1. polovici 20. stoletja so bili med najbolj zastopani lipicanci linije Neapolitano, ki so predstavljali 40 % vseh lipicanskih konj slovenskega izvora. Trend zmanjševanja števila konj v 60. letih, je delež živali linije Neapolitano zmanjšal za 28 %. Veliko povečanje deleža živali sta v 40. letih imeli liniji Siglavy in Favory, ki sta predstavljali vsaka po 28 % slovenske populacije. V zadnjem desetletju se kaže trend povečevanja števila živali linije Maestoso (za 19 %). Za skoraj 10 % je upadel delež živali pri liniji Pluto in Conversano. Žrebcev linij Incitato in Tulipan je bilo v populaciji slovenskih lipicanskih konj v 2. polovici 20. stoletja manj kot 1 %.

4.3 VERJETNOST PRIPADNOSTI LINIJAM ZA VSE ŽIVALI

Na podlagi rodovniških informacij smo celoten rodovnik 10.410 živali razdelili na 1.126 paternalnih družin, ki so vključevale vse žrebce določene linije in njihove moške prednike ter vse njihove sinove in hčere. Te družine med seboj niso bile povezane. Največja družina je obsegala preko 1.500 članov obeh spolov, medtem ko je 1.114 družin štelo do 15 članov (Slika 22). V tabeli 9 je zajetih enajst največjih paternalnih družin, ki predstavljajo 85 % celotne populacije lipicanskega konja. Izmed paternalnih družin, ki so imele do 15 članov, je bilo 82 % takšnih, ki so imele samo enega člana. Pogosto so to živali, katerih letnica rojstva je bila okoli leta 1800, ali pa leto rojstva ni bilo poznano.

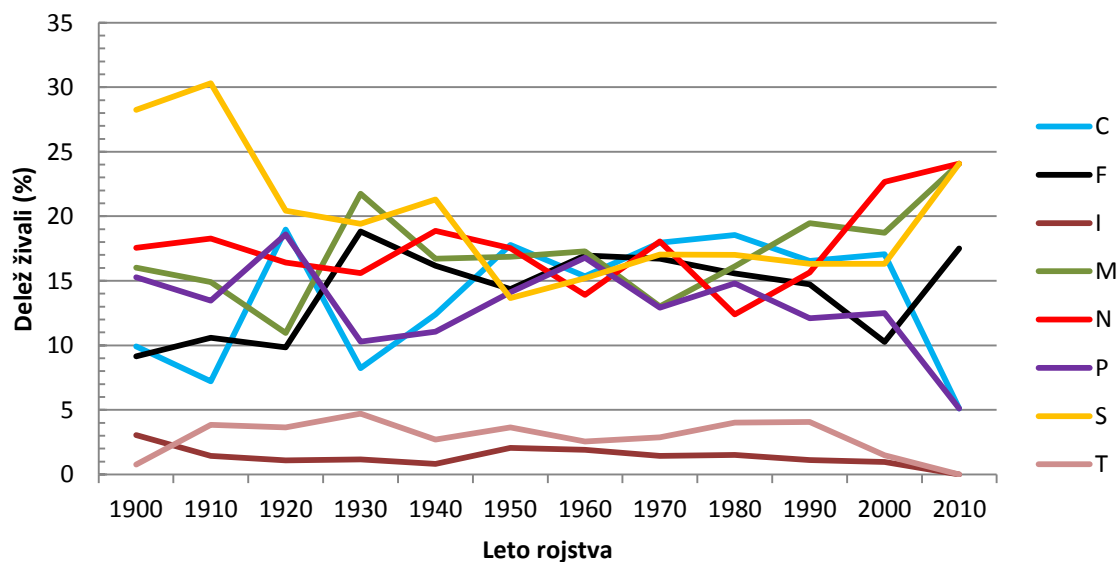
Tabela 9: Največje paternalne družine

Družina	Število članov (delež populacije)	Št. živali brez informacije o liniji	Najverjetnejša pripadnost liniji	Število neskladij
1	1.501 (14,4 %)	677	Conversano	7
2	1.384 (13,3 %)	558	Neapolitano	1
3	1.300 (12,5 %)	547	Favory	1
4	1.295 (12,4 %)	523	Siglavy	3
5	1.178 (11,3 %)	473	Pluto	3
6	1.013 (9,7 %)	468	Maestoso	1
7	518 (5,0 %)	159	Maestoso	24
8	283 (2,7 %)	94	Tulipan	2
9	194 (1,9 %)	98	Neapolitano	0
10	117 (1,1 %)	15	Incitato	0
11	91 (0,9 %)	50	Maestoso	0



Slika 22: Deleži manjših paternalnih družin glede na število članov

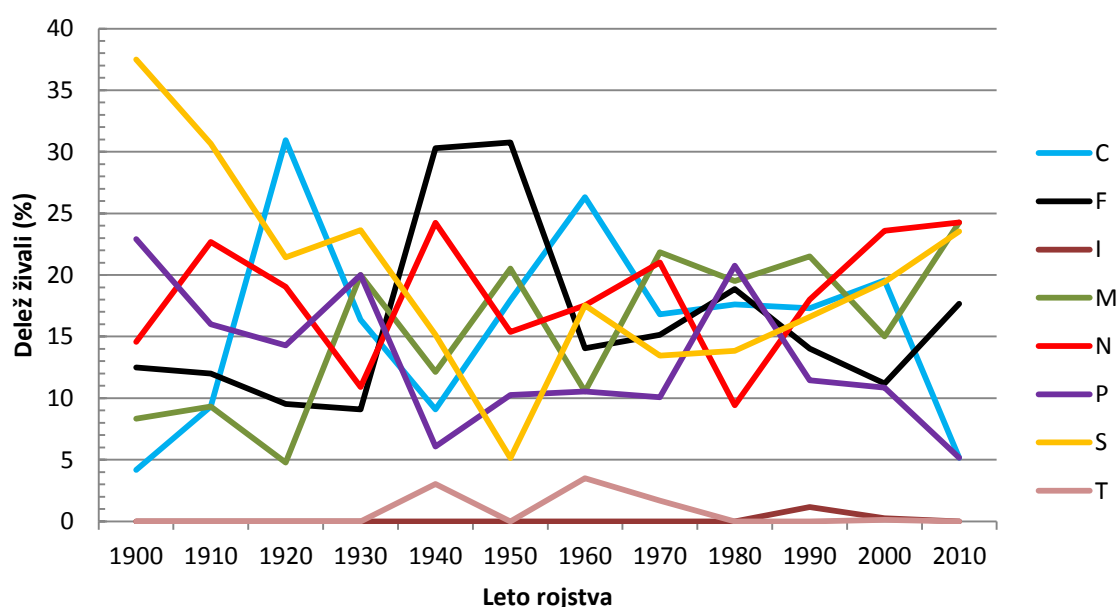
Po formiranju paternalnih družin smo, z uporabo razvitih Bayesovskih mrež za vsako žival te družine, izračunali kolikšna je verjetnost, da pripada kateri izmed osmih linij in verjetnost napake, da žival ne spada v družino, kateri je bila dodeljena na podlagi sorodstvenih vezi. Pri vsaki izmed paternalnih družin je večino članov družine imelo največjo verjetnost pripadnosti ($\geq 90\%$) navedeni liniji žrebcev (Tabela 9). Pri 44 živalih ($\epsilon \geq 0,9$) smo naleteli na neskladje med določeno linijo v podatkih in rezultati verjetnostnega sklepanja na osnovi Bayesovskih mrež.



Slika 23: Delež živali glede na pripadnost liniji in leto rojstva v celotni populaciji lipicanskih konj Populacija lipicanskih konj (C – Conversano, F – Favory, I – Incitato, M – Maestoso, N – Neapolitano, P – Pluto, S – Siglavy, T – Tulipan)

Slika 23 prikazuje delež živali obeh spolov rojenih od leta 1900 dalje, glede na verjetnost pripadnosti linijam na osnovi Bayesovskih mrež. V prvem desetletju 20. stoletja je bilo tretjino živali, ki so pripadale liniji Siglavy. Skoraj petino živali je zastopalo linijo Neapolitano. Liniji Pluto in Maestoso sta bili zastopani s po 15 % deležem živali ter liniji Conversano in Favory s po 10 %. Liniji Incitato ali Tulipan sta imeli skozi celotno opazovano obdobje manj kot 5 % živali, vsake linije posebej. V zadnjem desetletju se je delež živali, ki pripadajo liniji Incitato ali Tulipan, zmanjšal na manj kot 1 %. Od leta 1980 naprej je bil opazen trend povečevanja deleža živali, ki pripadajo linijam Neapolitano, Maestoso, Siglavy in Favory na 24 % deleža populacije, vsake linije posebej. Kaže se tudi trend zmanjševanja deleža živali, ki pripadajo liniji Conversano in Pluto, ki sta imeli v zadnjem letu vsaka po 5 % delež populacije.

Verjetnost pripadnosti posamezni liniji smo določili 1.265 živalim slovenske populacije, ki te informacije niso imele v zbranih podatkih. Slika 24 prikazuje delež lipicancev slovenskega izvora glede na linijo in leto rojstva od leta 1900 dalje. Zaradi majhnega števila živali so, prav tako kot pri žrebcih, opazna velika nihanja med leti. V prvem desetletju 20. stoletja je bilo 37 % živali, ki so pripadale liniji Siglavy. Skoraj četrtino živali je pripadalo liniji Pluto. Liniji Neapolitano in Favory sta bili zastopani vsaka s približno 15 % populacije ter liniji Maestoso in Conversano s približno 10 %. Do 90. let nobena žival ni pripadala liniji Incitato. Skozi celotno opazovano obdobje, je manj kot 5 % živali pripadalo liniji Incitato ali Tulipan. Od leta 1980 naprej, je opazen trend povečevanja deleža živali, ki pripadajo linijam Neapolitano, Maestoso, Siglavy in Favory. Trend zmanjševanja deleža živali kažeta liniji Conversano in Pluto.



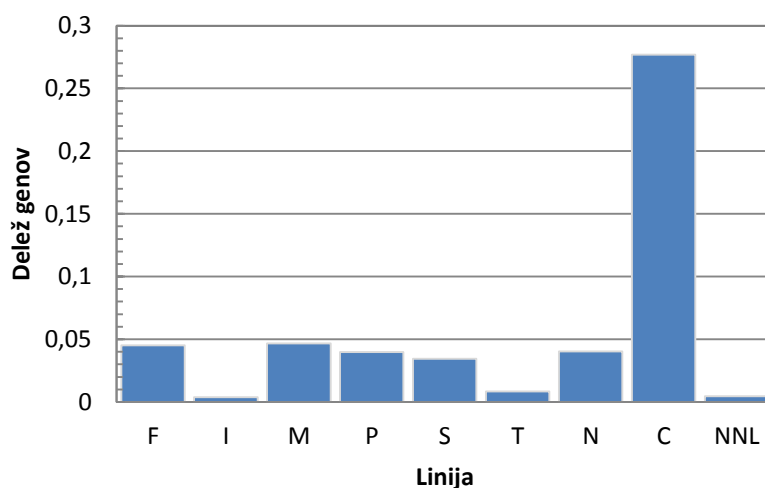
Slika 24: Delež živali, ki imajo največjo verjetnost pripadnosti k določeni paternalni liniji (izračunano v DAG) v slovenski populaciji lipicanskih konj (C – Conversano, F – Favory, I – Incitato, M – Maestoso, N – Neapolitano, P – Pluto, S – Siglavy, T – Tulipan)

4.4 GENETSKA STRUKTURA POPULACIJE LIPICANSKIH KONJ

Rezultate pripadnosti na osnovi Bayesovskih mrež smo uporabili za izračun genetske strukture posameznih živali in s tem tudi celotnih družin in populacije konj lipicanske pasme. V nadaljevanju najprej predstavljamo rezultate analize genetske strukture za enajst največjih paternalnih družin, nato pa za celotno in slovensko populacijo konj lipicanske pasme. Rezultati genetske strukture predstavljajo ocenjene deleže genov po linijah. Seštevek teh deležev je enak 0,5 in ne 1,0, saj vsaka žival dobi polovico genov od očeta, medtem ko dobi drugo polovico od matere in tako naprej za vse štiri stare starše.

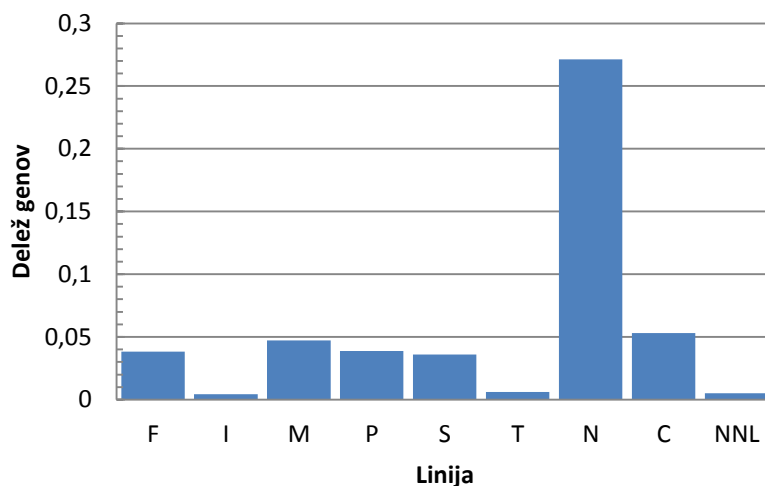
4.4.1 Paternalne družine

V največji paternalni družini lipicanskih konj pripada največji delež genov liniji Conversano (27,7 %) (Slika 25), medtem ko so geni paternalnih linij Favory, Maestoso, Pluto, Siglavy in Neapolitano enakomerno zastopani, z od 3,4 do 4,5 %. Manj kot 1 % je genov linij Incitato in Tulipan ter neznane linije.



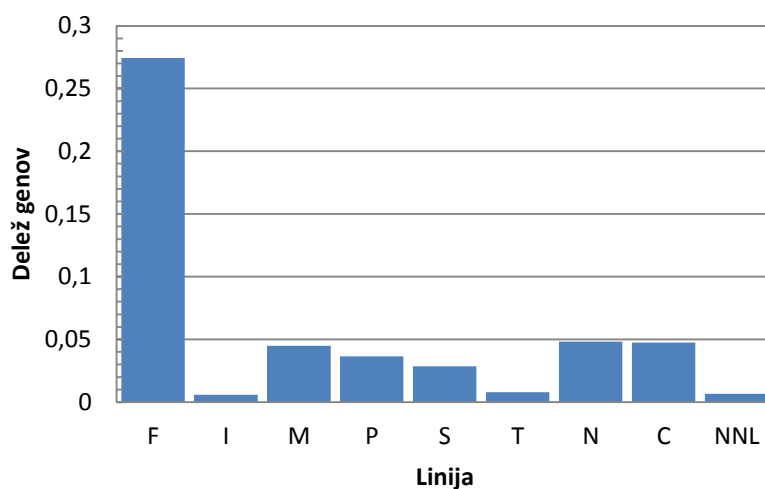
Slika 25: Delež genov po linijah v prvi največji družini lipicanskih konj (C – Conversano, F – Favory, I – Incitato, M – Maestoso, N – Neapolitano, P – Pluto, S – Siglavy, T – Tulipan,>NNL – neznana linija)

V drugi paternalni družini je 27,1 % genov pripadalo liniji Neapolitano in 5,3 % liniji Conversano. Delež genov linij Incitato in Tulipan ter neznane linije je znašal manj kot 1 %, medtem ko je bil delež genov ostalih paternalnih linij enakomerno zastopan (3,6 - 4,7 %) (Slika 26).



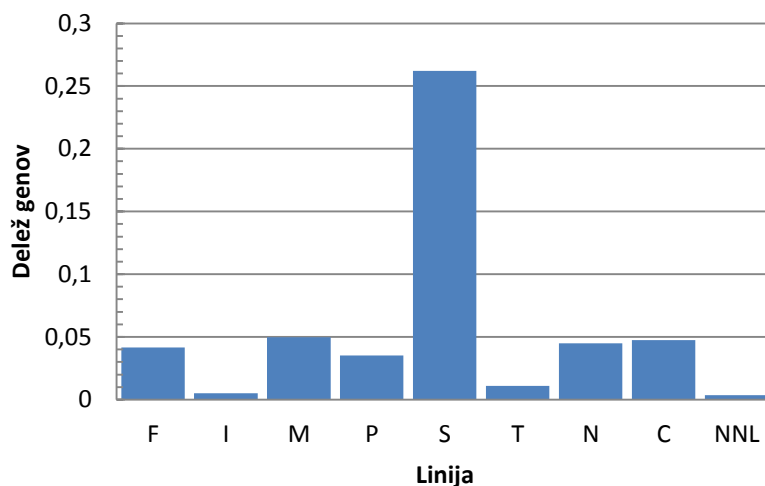
Slika 26: Delež genov po linijah v drugi največji družini lipicanskih konj (C – Conversano, F – Favory, I – Incitato, M – Maestoso, N – Neapolitano, P – Pluto, S – Siglavy, T – Tulipan, NNL – neznana linija)

V tretji paternalni družini je 27,4 % genov pripadalo liniji Favory. Delež genov linij Incitato in Tulipan ter neznane linije je znašal manj kot 1 %, delež genov ostalih paternalnih linij je bil enakomerno zastopan (2,9 – 4,8 %) (Slika 27).



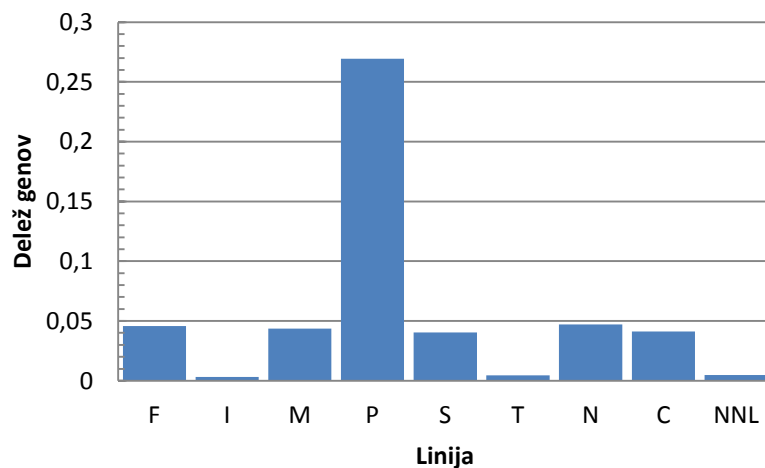
Slika 27: Delež genov po linijah v tretji največji družini lipicanskih konj (C – Conversano, F – Favory, I – Incitato, M – Maestoso, N – Neapolitano, P – Pluto, S – Siglavy, T – Tulipan, NNL – neznana linija)

V četrti paternalni družini lipicanskih konj je največji delež genov pripadal liniji Siglavy (26,2 %). Geni paternalnih linij Favory, Maestoso, Pluto, Neapolitano in Conversano so bili enakomerno zastopani z okoli 4 %. Paternalna linija Tulipan je bila zastopana le z 1,1 % genov. Manj kot 1 % genov je pripadalo liniji Incitato ter neznani liniji (Slika 28).



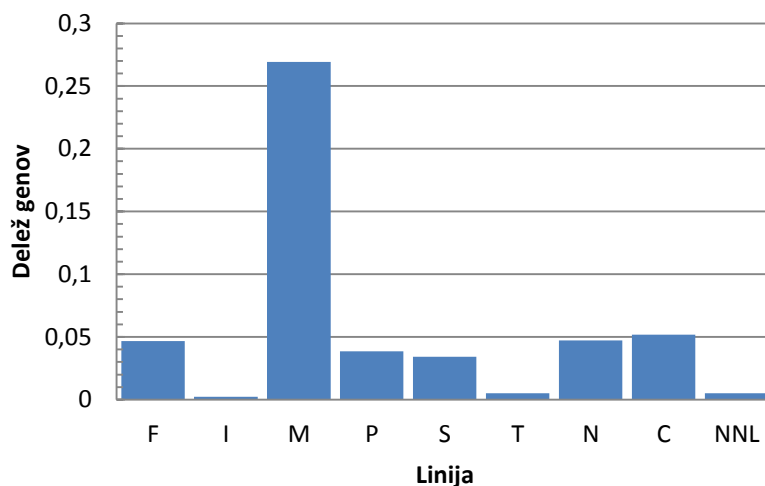
Slika 28: Delež genov po linijah v četrti največji družini lipicanskih konj (C – Conversano, F – Favory, I – Incitato, M – Maestoso, N – Neapolitano, P – Pluto, S – Siglavy, T – Tulipan, NNL – neznana linija)

V peti paternalni družini lipicanskih konj je največji delež genov pripadal liniji Pluto (26,9 %). Geni paternalnih linij Favory, Maestoso, Pluto, Neapolitano in Conversano so bili enakomerno zastopani z okoli 4 %. Manj kot 1 % genov je pripadalo liniji Incitato, Tulipan ter neznani liniji (Slika 29).



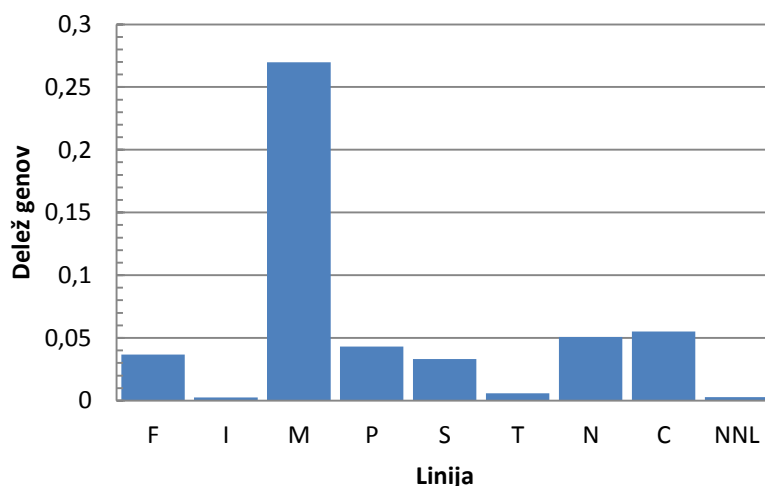
Slika 29: Delež genov po linijah v peti največji družini lipicanskih konj (C – Conversano, F – Favory, I – Incitato, M – Maestoso, N – Neapolitano, P – Pluto, S – Siglavy, T – Tulipan, NNL – neznana linija)

V šesti paternalni družini lipicanskih konj je največji delež genov pripadal liniji Maestoso (26,9 %). Paternalna linija Conversano je bila zastopana le z 5,2 % deležem genov. Geni paternalnih linij Favory, Maestoso, Pluto in Neapolitano so bili enakomerno zastopani z okoli 4 %. Manj kot 1 % genov je pripadalo liniji Incitato, Tulipan ter neznani liniji (Slika 30).



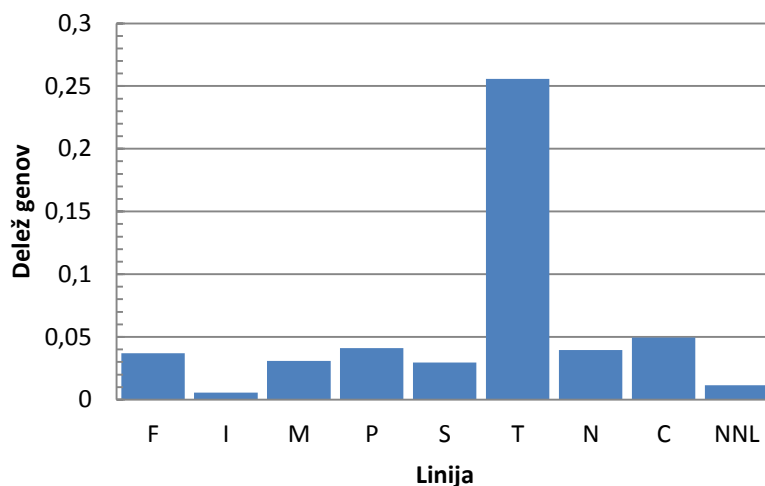
Slika 30: Delež genov po linijah v šesti največji družini lipicanskih konj (C – Conversano, F – Favory, I – Incitato, M – Maestoso, N – Neapolitano, P – Pluto, S – Siglavy, T – Tulipan, NNL – neznana linija)

V sedmi paternalni družini lipicanskih konj je največji delež genov pripadal liniji Maestoso (26,9 %). Paternalna linija Conversano je bila zastopana le z 5,5 % deležem genov. Geni paternalnih linij Favory, Maestoso, Pluto in Neapolitano so bili enakomerno zastopani z okoli 4 %. Manj kot 1 % genov je pripadalo liniji Incitato, Tulipan ter neznani liniji (Slika 31).



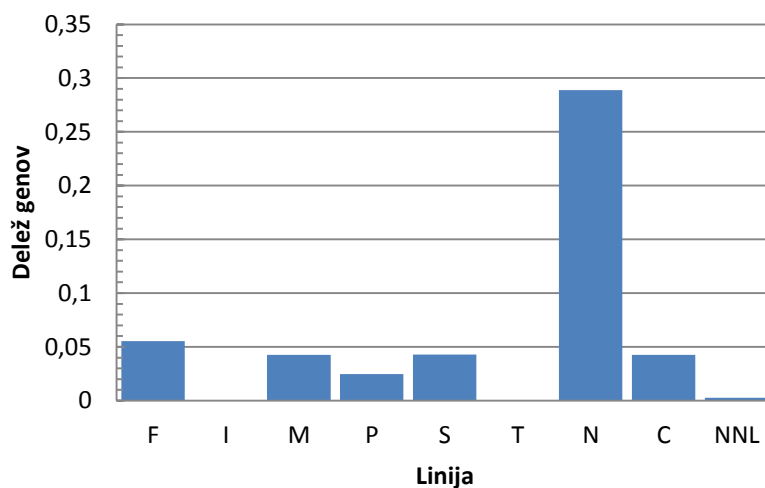
Slika 31: Delež genov po linijah v sedmi največji družini lipicanskih konj (C – Conversano, F – Favory, I – Incitato, M – Maestoso, N – Neapolitano, P – Pluto, S – Siglavy, T – Tulipan, NNL – neznana linija)

V osmi paternalni družini lipicanskih konj je največji delež genov pripadal liniji Tulipan (25,6 %). Paternalna linija Conversano je bila zastopana z 5,0 % deležem genov. Geni paternalnih linij Favory, Maestoso, Pluto, Siglavy in Neapolitano so bili enakomerno zastopani z okoli 3 %. Delež neznane linije je bil 1,2 % in manj kot 1 % genov je pripadalo liniji Incitato, Tulipan (Slika 32).

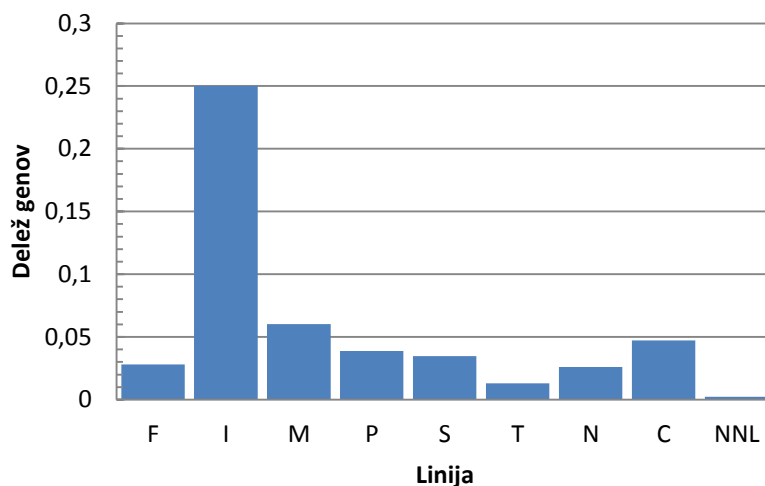


Slika 32: Delež genov po linijah v osmi največji družini lipicanskih konj (C – Conversano, F – Favory, I – Incitato, M – Maestoso, N – Neapolitano, P – Pluto, S – Siglavy, T – Tulipan, NNL – neznana linija)

V deveti paternalni družini lipicanskih konj je največji delež genov pripadal liniji Neapolitano (28,8 %). Paternalna linija Favory je bila zastopana z 5,5 % deležem genov. Geni paternalnih linij Favory, Maestoso, Pluto, Siglavy in Conversano so bili enakomerno zastopani z okoli 4 %. Manj kot 1 % genov je pripadalo liniji Incitato, Tulipan in neznane linije (Slika 33).

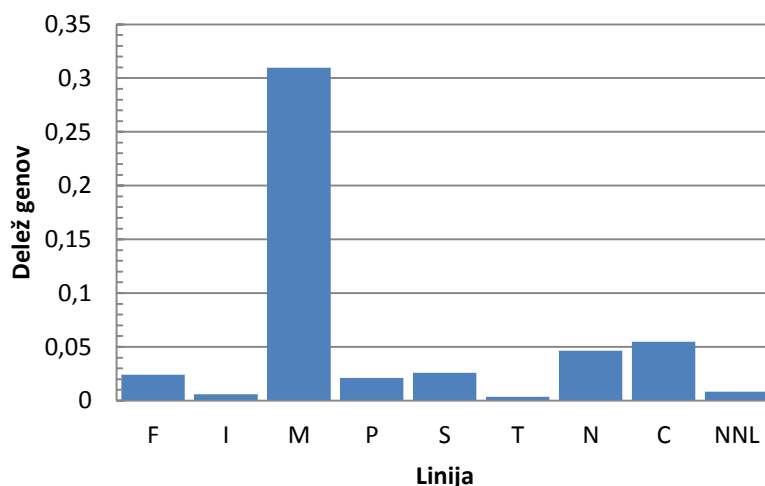


Slika 33: Delež genov po linijah v deveti največji družini lipicanskih konj (C – Conversano, F – Favory, I – Incitato, M – Maestoso, N – Neapolitano, P – Pluto, S – Siglavy, T – Tulipan, NNL – neznana linija)



Slika 34: Delež genov po linijah v deseti največji družini lipicanskih konj (C – Conversano, F – Favory, I – Incitato, M – Maestoso, N – Neapolitano, P – Pluto, S – Siglavy, T – Tulipan, NNL – neznana linija)

V deseti paternalni družini lipicanskih konj je največji delež genov pripadal liniji Incitato (25,0 %). Paternalna linija Maestoso je bila zastopana s 6,0 % deležem genov. Geni paternalnih linij Favory, Pluto, Siglavy, Neapolitano in Conversano so bili enakomerno zastopani z okoli 4 %. Delež genov linije Tulipan je bil 1,3 % in manj kot 1 % genov je pripadalo liniji Incitato, Tulipan in neznane linije (Slika 34).

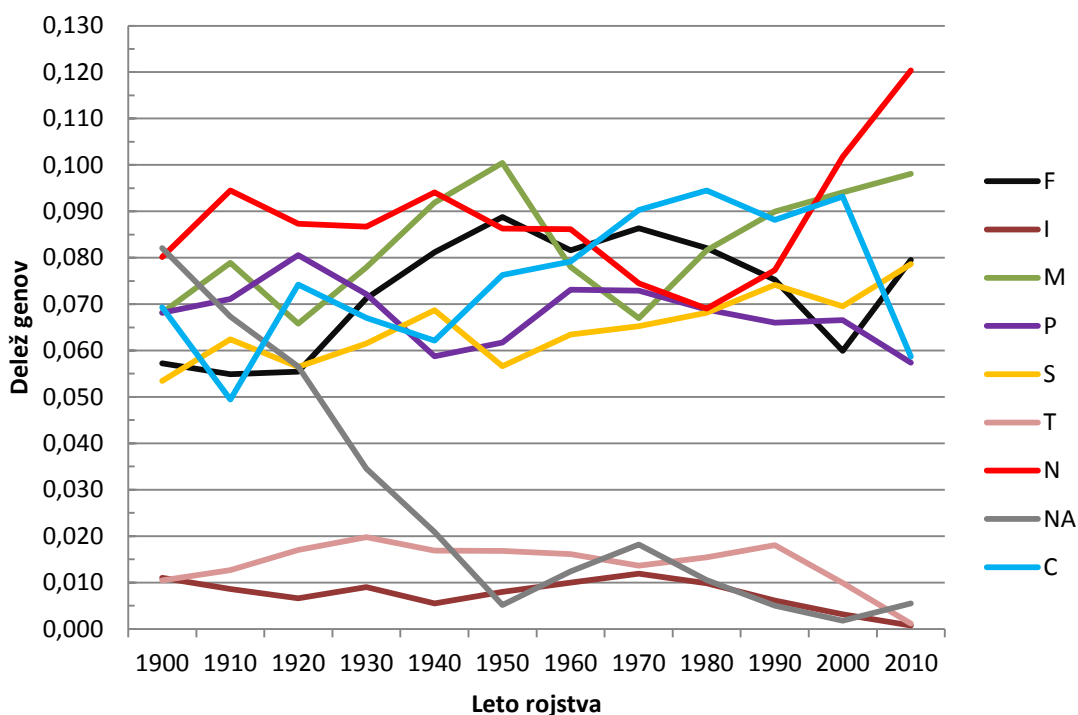


Slika 35: Delež genov po linijah v enajsti največji družini lipicanskih konj (C – Conversano, F – Favory, I – Incitato, M – Maestoso, N – Neapolitano, P – Pluto, S – Siglavy, T – Tulipan, NNL – neznana linija)

V enajsti paternalni družini lipicanskih konj je največji delež genov pripadal liniji Maestoso (30,9 %). Geni paternalnih linij Favory, Pluto, Siglavy, Neapolitano in Conversano so bili enakomerno zastopani z okoli 4 %. Nekoliko večji, v primerjavi z ostalimi linijami, je bil delež genov linije Conversano (5,5 %). Manj kot 1 % genov je pripadalo liniji Incitato, Tulipan in neznani liniji (Slika 35).

4.4.2 Celotna populacija lipicanskih konj

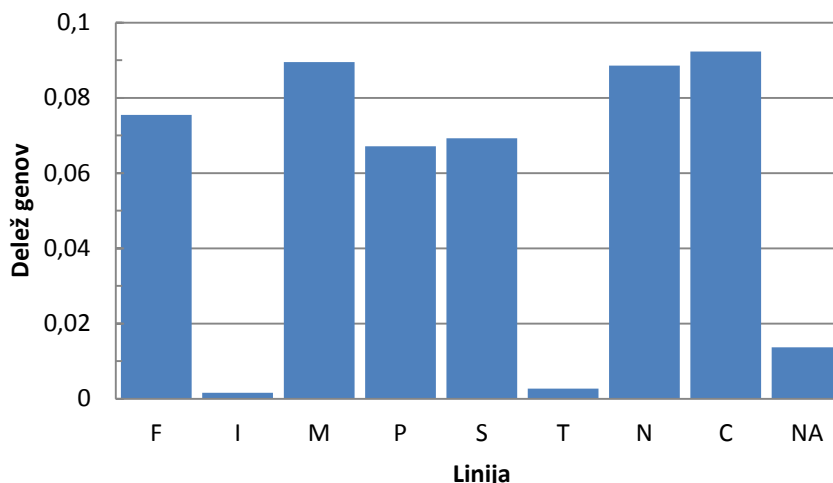
Genetska struktura celotne populacije lipicanskih konj, rojenih od leta 1900 dalje in s poznanim letom rojstva (8.969 živali), je skozi časovna obdobja prikazana na sliki 36. Najbolj opazno je povečanje deleža genov linije Neapolitano po letu 1980, ki je pred tem počasi a vztrajno, v deležu upadal nekaj desetletij. Trenutno v celotni populaciji lipicanskih konj, 12 % vseh genov pripada liniji Neapolitano in 9,8 % genov liniji Maestoso. Opazen je počasen trend povečevanja genov linije Siglavy, ki je v začetku 20. stoletja znašal 5,3 %, v letu 2010 pa je znašal 7,9 %. Linija Favory je bila z največjim deležem genov zastopana v 60. letih 20. stol. (8,6 %), nato se je začel trend upadanja. V zadnjem desetletju je ponovno opazen porast deleža genov linije Favory, kateri trenutno pripada 8,0 % vseh genov pri lipicanskem konju. Delež genov po liniji Conversano se je v zadnjem desetletju zmanjševal in je iz 9,3 % upadel na 5,9 %. Delež genov po linijah Incitato in Tulipan je veliko manjši v primerjavi z ostalimi paternalnimi linijami (manj kot 2 %). V zadnjem desetletju se je delež genov teh dveh linij še dodatno zmanjšal na manj kot 0,5 %. Trend deleža genov neznane linije, zaradi nepopolnih rodovniških podatkov, je po letu 1900 padal - iz začetnih 6,7 % je v letu 2010 znašal le še 0,5 %.



Slika 36: Genetska struktura populacije lipicanskih konj po linijah in letu rojstva (C – Conversano, F – Favory, I – Incitato, M – Maestoso, N – Neapolitano, P – Pluto, S – Siglavy, T – Tulipan, NNL – neznana linija)

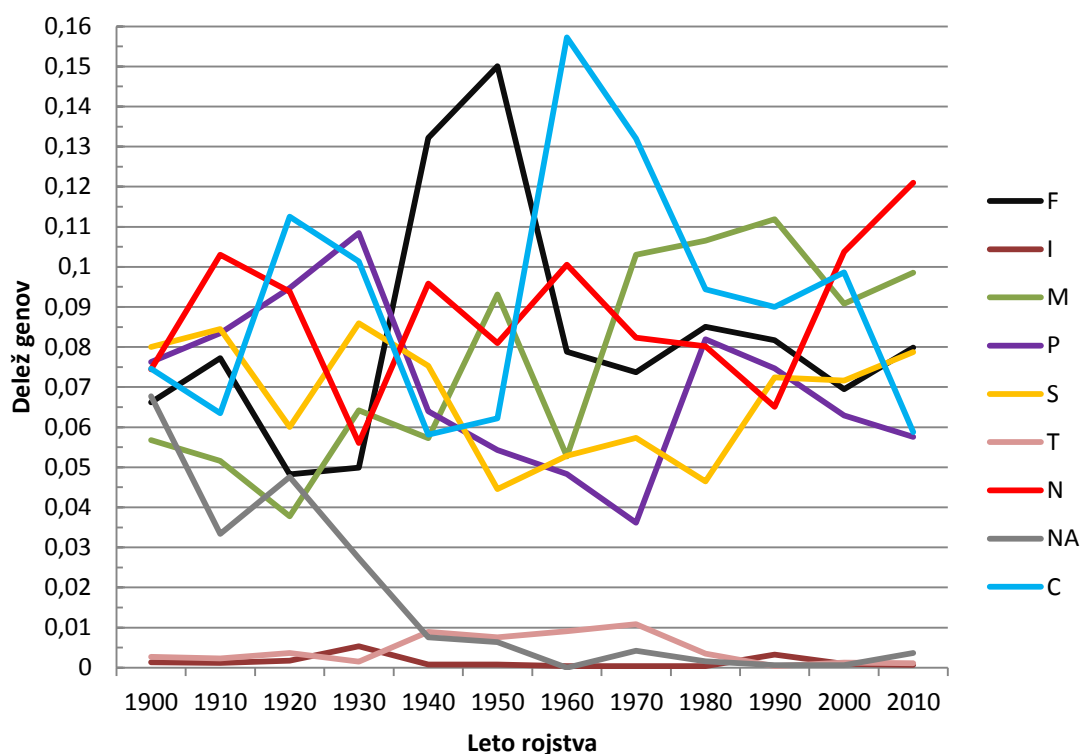
4.4.3 Slovenska populacija lipicanskih konj

V slovenski populaciji lipicanskih konj so deleži genov po linijah dokaj enakomerno zastopani, z izjemo genov po linijah Incitato in Tulipan. Največji delež genov (9,2 %) je pripadal liniji Conversano, ki sta ji sledili liniji Maestoso (8,9 %) in Neapolitano (8,8 %). Najmanjši delež genov v slovenski populaciji lipicanskih konj pripadal liniji Pluto (6,7 %), medtem ko za 1,4 % genov nismo mogli določiti izvora (Slika 37).



Slika 37: Delež genov po paternalnih linijah v slovenski populaciji lipicanskih konj (C – Conversano, F – Favory, I – Incitato, M – Maestoso, N – Neapolitano, P – Pluto, S – Siglavy, T – Tulipan, NNL – neznana linija)

Genetska struktura slovenske populacije lipicanskih konj, rojenih od leta 1900 dalje, je skozi časovna obdobja po linijah prikazana nasliki 38. Zaradi manjšega števila konj je opazno znatno nihanje deležev med leti v primerjavi s celotno populacijo lipicanskih konj. Najbolj opazno je bilo zmanjšanje deleža genov po liniji Favory in Conversano v 60. in 70 letih. Delež genov po liniji Favory se je s 15,0 % zmanjšal na 7,8 % in po liniji Conversano s 15,7 % na 7,8 %. Trenutno v populaciji slovenskih lipicanskih konj 12 % genov pripada liniji Neapolitano in 9,8 % genov pripada liniji Maestoso. Opaziti je nihanje deleža genov po linije Siglavy, ki je bila v začetku 20. stoletja zastopana s 8,4 %, medtem ko je v letu 2010 bila zastopana s 7,8 %. Delež genov po linijah Incitato in Tulipan je bil praktično ničten v primerjavi z ostalimi paternalnimi linijami (manj kot 0,5 %). Deleža genov po neznani liniji stalno pada, iz začetnih 7,7 % na 0,3 % v letu 2010.



Slika 38: Genetska struktura slovenske populacije lipicanskih konj po linijah in letu rojstva (C – Conversano, F – Favory, I – Incitato, M – Maestoso, N – Neapolitano, P – Pluto, S – Siglavy, T – Tulipan, NNL – neznana linija)

4.4.4 Primerjava deležev živali po linijah in deleža genov po linijah

4.4.4.1 Celotna populacija lipicanskih konj v zadnjem desetletju

V tabeli 10/Tabela 10 prikazujemo primerjavo rezultatov o deležu živali po linijah in ocenjenega deleža genov po linijah lipicanskega konja za obdobje 2000 in 2010. Linijo Conversano zastopa manjši delež živali v populaciji, kot pa je ocenjen delež genov po tej liniji. Čeprav se je v desetih letih delež živali linije Conversano zmanjšal za skoraj 12 %, se je delež genov zmanjšal le za 6,7 %. Še večja je razlika, če primerjamo rezultate samo na osnovi deleža žrebcev po linijah v rodovniku. Pri liniji Favory se je v desetletju povečal delež živali za skoraj 7 %, medtem ko je bila sprememba v deležu genov le 4 %. Podoben trend v povečevanju deleža živali je pri liniji Maestoso, vendar je sprememba deleža genov znatno manjša (le 1,1 %).

Tabela 10: Primerjava rezultatov celotne populacije lipicanskih konj v zadnjem desetletju

Paternalna linija	Delež živali (%) (rodovniški podatki)		Delež živali (%) (dopolnjeni podatki*)		Delež genov (%) (genetska struktura)	
	Leto	2000	2010	2000	2010	2010
Conversano		16,4	3,2	17,0	5,1	18,5
Favory		9,4	14,3	10,3	17,5	12,0
Maestoso		17,9	34,9	18,7	24,1	18,7
Neapolitano		22,9	23,8	22,7	24,1	20,4
Pluto		13,5	3,2	12,5	5,1	13,4
Siglavý		16,4	20,6	16,3	24,1	14,0
Incitato		1,4	0,8	1,0	< 0,1	0,4
Tulipan		2,1	< 0,1	1,5	< 0,1	2,0
Neznana linija		/	/	/	/	0,6
Skupaj		100,0	100,0	100,0	100,0	100,0

*na osnovi Bayesovskih mrež

Pri liniji Neapolitano se je delež živali v zadnjem desetletju povečal le za 1,4 %, vendar pa se je delež genov te linije povečal za 3,6 %. Delež živali po liniji Pluto se je desetih letih zmanjšal za 7,4 %, delež genov pa se je dejansko zmanjšal le za 2 %. Pri liniji Siglavý veliko povečanje deleža živali ni imelo večjega vpliva na delež genov te linije v populaciji lipicanskega konja (le za 1,8 %). Liniji Incitato in Tulipan sta v populaciji lipicanskega konja zastopani z najmanjšim deležem živali. Zmanjšanje deleža živali v obdobju od leta 2000 do 2010, je pri liniji Incitato zmanjšalo delež genov z 0,4 na 0,2 %. Delež genov pri liniji Tulipan je ostal enak. Pri beleženju pripadnosti liniji se na podlagi rodovniški podatkov ne spremlja delež genov, katerega izvora ne poznamo. Z analizo genetske strukture smo ugotovili, da se je delež genov, ki pripadajo neznani liniji v zadnjem desetletju povečal za 0,4 % zaradi nekoliko večjega števila živali z neznanimi predniki.

4.4.4.2 Slovenska populacija lipicanskih konj v zadnjem desetletju

V tabeli 11 prikazujemo primerjavo rezultatov o deležu živali po linijah in ocenjenega deleža genov po linijah lipicanskih konj slovenskega porekla, za obdobje 2000 in 2010. V letu 2000 je enak delež živali zastopalo linijo Conversano, kot pa je bil prisoten delež genov te linije v populaciji. Čeprav se je v desetih letih delež živali linije Conversano zmanjšal za 14 %, se je delež genov zmanjšal le za 7 %. Še večja je razlika, če primerjamo s podatki, ki so bili podani in pomanjkljivi o pripadnosti k liniji v rodovniku. Pri liniji Favory se je v desetletju povečal delež živali za 7 %, medtem ko je sprememba v deležu genov bila je 4 %. Podoben trend v povečevanju deleža živali je pri liniji Maestoso, vendar sprememba deleža živali skoraj ni vplivala na delež genov linije Maestoso (sprememba v deležu genov le za 0,2 %).

Tabela 11: Primerjava rezultatov pridobljenih na podlagi rodovniških informacij in izračuna genetske strukture za slovensko populacijo lipicanskih konj

Paternalna linija	Delež živali (%) (rodovniški podatki)		Delež živali (%) (dopolnjeni podatki*)		Delež genov (%) (genetska struktura)	
	Leto	2000	2010	2000	2010	2010
Conversano		19,5	3,2	19,5	5,15	19,6
Favory		11,5	14,3	10,8	17,6	14,2
Maestoso		16,0	35,0	15,2	23,5	19,4
Neapolitano		22,5	23,8	23,8	23,5	20,8
Pluto		9,8	3,2	10,8	5,15	12,4
Siglavý		19,7	20,5	19,6	23,5	14,4
Incitato		0,5	< 0,1	0,1	< 0,1	< 0,1
Tulipan		0,5	< 0,1	0,1	< 0,1	< 0,1
Neznana linija		/	/	/	/	< 0,1
Skupaj		100,0	100,0	100,0	100,0	100,0

*na osnovi Bayesovskih mrež

Pri liniji Neapolitano se je delež živali v desetletju skoraj ni spremenil, vendar pa se je delež genov te linije zmanjšal za skoraj 6 %. Pri liniji Pluto se je v desetih letih zmanjšal delež živali na 5 %, delež genov pa se je zmanjšal le za 0,8 %. Pri liniji Siglavý je povečanje deleža živali za 4 %, vplivalo na povečanje deleža genov te linije v populaciji lipicanskega konja za 1,2 %. Liniji Incitato in Tulipan sta v slovenski populaciji lipicanskega konja zastopani z najmanjšim deležem živali, ki je bil v letu 2000 okoli 0,1 %. Zmanjšanje deleža živali v obdobju od leta 2000 do 2010, je pri liniji Incitato povečalo delež genov na 0,4 %, pri liniji Tulipan pa na 0,6 %. Pri beleženju pripadnosti liniji na podlagi rodovniških podatkov se ne spremlja delež genov, katerih izvora ne poznamo. Z izračunom genetske strukture pa smo ugotovili, da se je delež genov neznane linije v slovenski populaciji lipicanskih konj, v zadnjem desetletju povečal za 0,8 %.

5 RAZPRAVA

Pasma lipicanskih konj je ena najstarejših evropskih pasem konj. Zaradi razpada matične populacije tekom zgodovine, izgube rodovniških podatkov ter nekaterimi neskladji v rodovnikih, se je pregled nad dejanskim genetskim stanjem populacije zabrisal. V rodovnikih so pomanjkljive informacije o pripadnosti živali k posamezni liniji in rodu ali pa je sledljivost onemogočena iz različnih vzrokov. S tem je oteženo strokovno utemeljeno rejsko delo, ki v veliki meri temelji na ohranjanju zastopanosti vseh linij in rodov in preprečevanju parjenja živali, ki imajo gene identične po izvoru. Ker je molekularno genetska tipizacija vseh živali finančno zahtevna, smo v ta namen razvili alternativno metodologijo, ki omogoča analizo genetske strukture populacije lipicanskih konj, na podlagi vseh dostopnih informacij.

5.1 RODOVNIŠKI PODATKI LIPICANSKIH KONJ

V tem delu smo v analizo zajeli 10.410 konj lipicanske pasme, rojenih od leta 1711 do 2011, katerih rodovniški podatki so bili zbrani iz različnih virov (CRK iz leta 2012, sezname živali iz Poročila o letnem pregledu Kobilarne Lipica 2012 in 2013, ILR). Arhiv in zbiranje podatkov o živalih se v Kobilarni Lipica vodita v različnih oblikah že dobrih 430 let. Kljub migracijam konjev in izgubam podatkov, ki so se dogajale skozi zgodovino, viri trdijo (Izenbart in sod. 1986; Mihelič, 2004), da lahko dokažemo poreklo z rodovniškimi zapisi vse do leta 1700. Najstarejši ohranjeni zapisi v rodovniških knjigah se nanašajo na konje rojene leta 1810, vendar vsebujejo tudi zapise njihovih prednikov. Najstarejša zabeležena prednica, kobila Golomba, je bila rojena leta 1738. Kopije teh rodovnikov so hranjene v dvorni palači v Hofburgu na Dunaju (KL, 2012).

Iz Poročila o letnem pregledu Kobilarne Lipica (2009) zasledimo kronološki pregled razvoja informacijskih sistemov in dogajanja z rodovniškimi podatki lipicancev. Leta 1986 se je ustanovilo svetovno združenje rejcev lipicanca (LIF), z namenom, da uredijo dokumentacijo in ohranijo čistopasemsko rejo lipicanca. Definirali so razvoj nastanka pasme, klasične linije žrebcev in klasične rodove kobil ter pripravili sezname neklasičnih linij in rodov (Hop, 2011a). V okviru projekta "Slovenski lipicanec" je bil na Biotehniški fakulteti razvit rejski informacijski sistem (RIS), v katerega so vnesli podatke o živalih slovenskega porekla. Za izhodišče so služile datoteke ZRLS, kasneje pa so bili podatki preverjeni in dopolnjeni še iz drugih virov (KL in VF). Ta sistem je bil v uporabi za vodenje rodovništva in zbiranje podatkov za potrebe rejskih programov. Vzporedno se je razvijal sistem ILR, ki ga je spodbujal LIF. Namen razvoja baze ILR je bil pregled nad vsemi lipicanskimi konji na svetu. Težava je nastala pri predaji ILR v uporabo. Podatki, ki so se zbirali v projektu Slovenski Lipicanec, so bili posredovani tudi na SIR, z namenom vzpostavitve nacionalnega registra kopitarjev. Ti podatki so bili nepopolni in so vsebovali napake, ki so bile predhodno že popravljene za razvoj ILR. Vendar, ker je bilo zaradi nedostopnosti RIS-ILR sistema onemogočeno vodenje rodovniške knjige in s tem neizpolnjevanje nalog rejskega programa, so razvili nov centralni register kopitarjev (CRK), kamor so prenesli te nepopolne podatke. Del CRK-ja vodi KL kot DPO, upravlja pa ga SIR. ILR je bil v letu 2011 uradno predan v uporabo LIF (Poročilo..., 2009).

Opisano dogajanje z rodovniškimi podatki pojasnjuje težavo z neskladji v rodovnikih, znatnim številom podvojenih živali in pomanjkljivimi zapisi v različnih elektronskih bazah. V analiziranih rodovniških podatkih ni imelo podatka o obeh starših 9,2 % živali, ki predstavljajo začetnike pasme. Brez podatka o pripadnosti rodu je bilo 61 % in brez informacije o pripadnosti k liniji 44 % živali. Četudi ne bi bilo težav z elektronskimi bazami podatkov in ustvarjanjem napak, je bilo z analizo mtDNK ugotovljeno, da so nekateri rodovi kobil v preteklosti bili definirani kot samostojni le zato, ker rodovniški podatki niso bili popolni (vse do leta 1700 so bili uničeni), oz. so bili znani samo za nekaj generacij (Kavar, 2001).

5.2 DOPOLNITEV RODOVNIŠKIH PODATKOV Z BAYESOVSKIMI MREŽAMI

Sistem linij in rodov pri lipicanskem konju je bil, kot navaja Izenbart in sod. (1986) v uporabi že v 17. stol. in je pomagal pri preprečevanju paritev v ožjem sorodstvu. Sistem linij in rodov omogoča sledenje genov po očetih in materah na podlagi rodovniških informacij. Gre za enostaven in praktičen način sledenja genov na kromosomu Y in genov na mtDNK, kjer ne prihaja do rekombinacij in tako potomec od svojih staršev dobi praktično nespremenjeno kopijo zapisa. Ker je kromosom Y spolni kromosom in določa moški spol, ga dedujejo od očetov samo moški potomci. Medtem ko mtDNK dedujeta od matere oba spola potomcev, se v naslednjo generacijo prenese samo po ženski liniji, ker se nahaja v citoplazmi ženske spolne celice (jajčeca), ki jo potomec dobi od matere.

Na podlagi sorodstvenih vezi smo celoten rodovnik lipicanskega konja razdelili na 1.126 med seboj nepovezanih paternalnih družin (sledenje potomcev po linijah žrebcev) in 1.135 maternalnih družin (sledenje potomcev po rodovih kobil). Pri paternalnih družinah smo z enajstimi največjimi družinami zajeli več kot 85 % populacije. Ostalih 25 % populacije lipicanskih konj je bilo razdeljeno med 1.115 paternalnih družin. Izmed njih je bilo 85 % družin s samo enim članom. Ti rezultati kažejo na nepopolne rodovniške podatke, ki so rezultat številnih okoliščin. Družine z malo člani so najverjetneje posledica neznanih podatkov o prednikih ali pa se podatki ob pregledu rodovnikov niso skladali in so bile sorodstvene vezi prekinjene.

Velik delež živali ni imel znanega podatka o pripadnosti liniji ali rodu. S pomočjo razvitih Bayesovskih mrež, ki nam omogočajo združitev vseh možnih virov informacij, smo za vsako žival izračunali verjetnost pripadnosti določeni liniji in rodu. V ta namen smo uporabili rodovniške (ID živali, ime živali, linija, rod, leto rojstva, podatki o sorodstvu) in genetske podatke (haplotip mtDNK). Sistem Bayesovskih mrež nam je omogočil, da smo vse te informacije združili v enoten sistem preko pogojnih porazdelitev odvisnih spremenljivk. Razlaga na primeru: po klasičnem sistemu poimenovanj potomcev pri lipicanskem konju, moški potomec dobi prvo ime od očeta, ki predstavlja ime linije in drugo ime od matere, ki predstavlja ime oz. pripadnost rodu. Torej je določitev imena potomca pogojno odvisna od imena staršev oz. pripadnosti določeni rodovniški liniji in rodu. Podobno lahko sklepamo glede genetskega zapisa živali. Genetska linija ali rod živali je odvisna od genetskega zapisa živali, ki ga lahko odčitamo s pomočjo analize genetskih označevalcev. Vse omenjene spremenljivke smo povezali v Bayesovski mreži, pri čemer smo zaradi neskladij v podatkih dopustili možnost napak (ϵ) in prepustili oceno verjetnosti na osnovi informacije iz podatkov. Zaradi medvzročnega sklepanja, ki je omogočeno pri pretoku informacij v Bayesovskih mrežah, smo lahko za vsako žival, ob upoštevanju vseh možnih informacij, izračunali verjetnost pripadnosti k določeni liniji in rodu in posledično tudi verjetnost napake, da žival ne pripada določeni liniji ali rodu.

5.3 PRIMERJAVA DELEŽA ŽIVALI PO LINIJAH V IZVORNIH PODATKIH IN NA PODLAGI REZULTATOV BAYESOVSKIH MREŽ

5.3.1 Celotna populacija lipicanskih konj

Če primerjamo rezultate gibanja deleža živali po linijah skozi časovna obdobja, pridobljene iz osnovnih rodovniških podatkov ali na osnovi rezultatov Bayesovskih mrež, so opazne razlike. Pri celotni populaciji lipicanskih konj, je rodovniško informacijo o pripadnosti k liniji imelo 66 % živali, rojenih po letu 1900. Po uporabi sistema Bayesovskih mrež smo imeli informacijo o pripadnosti liniji za vse vključene živali. Pri slednjem sicer nismo imeli za vse živali povsem enolično določitev pripadnosti, ampak verjetnosti za vsako linijo, pri čemer so bile verjetnosti odvisne od količine informacij iz zbranih podatkov. Razlike v ocenjenih deležih pri obeh analizah izhajajo predvsem iz dejstva, da smo lahko na osnovi Bayesovskih mrež preučili deleže upoštevajoč celotno populacijo in ne samo izbrani set živali, ki je imel znane podatke o liniji.

Pri liniji Conversano se je delež živali razlikoval za 2 % - višji delež živali linije Conversano smo pridobili na osnovi izvornih rodovniških podatkov. Nato so trendi sprememb deleža živali skozi časovna obdobja podobni ne glede na vir informacij. V obdobju 60. in 70. let smo zaznali precejšnja nihanja v deležu živali linije Conversano na osnovi izvornih podatkov, medtem ko je celoten delež živali glede na rezultate Bayesovskih mrež bil precej stalen vse do leta 2000 (okoli 17 %). V zadnjem desetletju smo zaznali trend zmanjševanja števila živali linije Conversano, ne glede na vir informacij. V letu 2010 jih je le še 3 % (izvirne rodovniške informacije) oz. 5 % (Bayesovska mreža).

Pri liniji Favory so trendi gibanja deleža živali precej podobni, ne glede na vir informacij. Začetno stanje deleža genov v letu 1900 in končno v letu 2010 je pri rodovniških podatkih višje za 3 %. Pri prikazu gibanja deleža živali linije Favory, na podlagi informacij izračunanih v Bayesovskih mrežah, je opaziti manjša nihanja, kot pri analizi izvornih rodovniških podatkov.

Linijo Incitato je, v celotni populaciji lipicanskih konj v letu 1900, zastopalo 6 % živali glede na izvirne rodovniške podatke. Glede na informacije iz Bayesovskih mrež pa 3 % živali. V celotnem opazovanem obdobju je opaziti trend zmanjševanja deleža živali linije Incitato. V letu 2010 je bil delež živali v populaciji manjši od 1 %, ne glede na vir informacij.

Število predstavnikov linije Maestoso se je v letu 1900, glede na vir informacij, razlikoval za 8 % (večji delež pri izvornih rodovniških podatkih). Od leta 1950-1990 je bil delež živali precej stalen, upoštevajoč informacije iz Bayesovskih mrež, medtem ko so se pri izvornih rodovniških informacijah kazala večja nihanja. V letu 1990 so živali linije Maestoso predstavljale 19 % populacije lipicanskih konj, ne glede na vir informacij. V zadnjem desetletju pa smo zaznali trend povečevanja deleža živali linije Maestoso. Na

podlagi rodovniških informacij je bilo v letu 2010 35 % predstavnikov, informacije izračunane iz Bayesovskih mrež pa so kazale le 24 % delež živali linije Maestoso.

Pri liniji Neapolitano je bil ocenjen višji delež živali v letu 1900 ponovno na podlagi izvornih informacij iz rodovnika (za 5 %). Trendi gibanja deleža živali pri liniji Neapolitano, upoštevajoč izračunane verjetnosti o pripadnosti linijam iz Bayesovskih mrež, imajo manjša nihanja, kot pri prikazu iz rodovniških podatkov. Ne glede na vir informacij, je v zadnjem desetletju bilo opaziti povečevanje deleža živali linije Neapolitano za 24 %.

Linijo Pluto je v letu 1900 predstavljalo 3% več živali, z upoštevanjem izvornih rodovniških zapisov pripadnosti liniji, kot v primerjavi z informacijami iz Bayesovskih mrež. Od leta 1930 - 2000 je bil delež živali precej stalen, ne glede na vir informacij (okoli 15 %). Trend zmanjševanja deleža živali je, na podlagi rodovniških informacij, opaziti po letu 1980 in do leta 2010 doseže 3 % vrednost deleža genov. Podatki, izračunani v Bayesovskih mrežah, pa trend upadanja pokažejo že od leta 1960, v letu 2010 pa linijo Pluto zastopa 5 % živali.

Največja razlika, glede na vir informacij, smo pri prikazu gibanja deleža živali zaznali pri liniji Siglavy. Delež živali linije Siglavy je bil v letu 1900, na podlagi rodovniških zapisov, 9 %. Na podlagi izračuna Bayesovskih mrež pa 28 %. Do leta 1940 je bil opazen trend povečevanja deleža živali, upoštevajoč rodovniške informacije. Pri upoštevanju informacij iz Bayesovskih mrež, pa se kaže trend zmanjševanja deleža živali. Vzrok v tolikšni razliki deleža genov je, da je 728 živali, ki so bile predhodno brez rodovniške informacije o pripadnosti k liniji, imelo po izračunu verjetnosti v Bayesovskih mrežah, največjo verjetnost, da pripadajo liniji Siglavy. Očitno je da so žrebci linije Siglavy imeli znatno število potomcev in potomk, ki v izvornih podatkih niso imeli podatke a liniji, medtem ko smo s pomočjo Bayesovskih mrež rekonstruirali to stanje. Ne glede na znatne razlike v deležu genov linije Siglavy med različnimi pristopi v začetku analiziranega obdobje, se je ne glede na pristop kazal v zadnjem obdobju trend povečevanja deleža živali linije Siglavy.

Pri liniji Tulipan ni bilo opaziti večjih razlik v gibanju deleža živali, ne glede na uporabljeni pristop. Delež živali je bil skozi opazovano obdobje večinoma manjši od 5 %, pri čemer je večje nihanje opaziti pri prikazu na izvornih rodovniških informacijah. V zadnjem desetletju se je delež živali linije Tulipan zmanjšal na manj kot 1 %, ne glede na uporabljeni pristop.

5.3.2 Primerjava slovenske populacije s celotno populacijo lipicanskih konj

Če primerjamo rezultate prikaza gibanja deleža živali posamezne linije, na podlagi Bayesovskih mrež, za slovensko in celotno populacijo lipicanskih konj, ugotovimo naslednje. Linija Conversano je v celotni populaciji lipicanskih konj bila zastopana s 4 % večjim deležem živali v letu 1900, kot v slovenski populaciji. Nadaljnji trendi gibanja

deleža živali linije Conversano, skozi opazovana časovna obdobja so enaka pri obeh populacijah, le da so bila pri slovenski populaciji opazna večja nihanja. V letu 2010 je linijo zastopalo, tako na nivoju celotne kot slovenske populacije, 5 % lipicancev, ki pripadajo liniji Conversano.

Pri liniji Favory je bilo opaziti veliko večje nihanje deleža živali pri slovenski populaciji konj v primerjavi s celotno populacijo te pasme. V 40. in 50. letih je v celotni populaciji bil 18 % delež konj linije Favory, v slovenski populaciji pa preko 30 %. Vse do leta 1990 je bil delež živali v celotni populaciji precej stalen (okoli 15 %), medtem ko je bilo v slovenski populaciji opaziti večja nihanja. V zadnjem desetletju se, pri obeh populacijah, kaže trend povečevanja deleža živali linije Favory in je v letu 2010 dosegel vrednost 18 %, tako na svetovnem kot slovenskem nivoju.

Linija Incitato ni bila v slovenski populaciji zastopana vse do 90. let prejšnjega stoletja. Kasneje je delež živali linije Incitato predstavljal okoli 2 %, v zadnjem obdobju se je ta vrednost še zmanjšala. Na nivoju celotne populacije pa je linijo zastopalo skozi celotno časovno obdobje okoli 3 % živali, katerih delež se je v zadnjem desetletju zmanjšal.

Prav tako kot linija Incitato, je tudi linija Tulipan v slovenski populaciji lipicanskih konj v manjšini. Pojavlja se šele od leta 1930 dalje in ne presega več kot 4 % deleža živali v slovenski populaciji, v zadnjem obdobju celo manj kot 1 %. Na nivoju celotne populacije pa je bil delež živali linije Tulipan precej stalen, vendar ni presegal 5 %. Enako kot pri slovenski populaciji, se je v zadnjem obdobju delež živali te linije zmanjšal na 1 %.

Linija Maestoso je bila v letu 1900 pogostejše zastopana v celotni populaciji kot v slovenski populaciji lipicanskih konj (za 4 %). Trendi gibanja deleža živali te linije so zelo podobni tako na svetovnem kot na slovenskem nivoju, le da so pri slovenski populaciji opazna večja nihanja. Pri obeh populacijah je v zadnjem desetletju opazen trend povečevanja deleža živali. V letu 2010 je linijo zastopalo 24 % delež živali tako v celotni kot slovenski populaciji lipicanskih konj.

Linija Neapolitano je imela precej enakomeren delež živali skozi opazovano obdobje vse do leta 1990 (okoli 16 %), medtem ko so se v slovenski populaciji dogajala večja nihanja (10-24 %). Na nivoju obeh populacij je v zadnjem desetletju opazen trend povečevanja deleža živali linije Neapolitano, ki je v letu 2010 dosegel vrednost 24 %.

Pri liniji Pluto je bil delež živali v slovenski populaciji, v letu 1900, večji za 8 %. Trendi nihanja deleža živali so si bili podobni skozi opazovana časovna obdobja pri obeh populacijah, le da so v slovenski populaciji bila nihanja izrazitejša (do 15 %). Na nivoju obeh populacij je v zadnjih treh desetletjih opazen trend zmanjševanja deleža živali linije Pluto. V letu 2010 je linijo zastopalo 5 % delež živali tako v celotni, kot v slovenski populaciji lipicanskih konj.

V slovenski populaciji lipicanskih konj, je pri liniji Siglavy v letu 1900 opazen enak pojav, kot pri celotni populaciji. Zaradi velikega števila živali, ki jim je sistem Bayesovskih mrež izračunal največjo verjetnost pripadnosti liniji Siglavy, je bil v začetnih desetletjih opazen znaten trend zmanjševanja deleža živali. V sredini 20. stol se v celotni populaciji delež konj linije Siglavy stabiliziral (okoli 17 %), v slovenski populaciji so bila še vedno opazna nihanja. Nato se je od 70. let naprej delež konj linije Siglavy povečeval in v letu 2010 dosegel 18 %. V celotni populaciji je trend povečevanja bil opazen šele v zadnjem desetletju.

Podobno kot pri celotni populaciji lipicanskih konj, so bile tudi pri slovenski populaciji opazne razlike v gibanju deležev živali, glede na uporabljeni pristop k analizi. Največje razlike so bile pri deležih živali posamezne linije v začetku 20. stol. Ker je slovenska populacija majhna ima delež manjkajočih podatkov vpliv na ocenjene deleže živali posamezne linije. Ker v določenih obdobjih ni bilo zabeleženih podatkov o pripadnosti linijam Conversano, Incitato, Maestoso, Pluto, Favory in Siglavy so bili za ta obdobja na osnovi izvornih podatkov ocenjeni deleži enaki 0 %. Dopolnitev izvornih rodovniških podatkov, z izračunom verjetnosti pripadnosti posameznim linijam v Bayesovskih mrež, je omogočil prikaz realnejšega stanja in s tem tudi sprememb deleža živali po linijah med obdobji.

5.4 GENETSKI SESTAV POPULACIJE LIPICANSKIH KONJ PO LINIJAH

Na podlagi teorije, ki jo je predpostavil James (1972), o deležu podedovanih genov od prednikov, je mogoče izračunati prispevek genov osnovalcev na sedanjih generacijah potomcev, ob predpostavki pravih sorodstvenih vezi. Za vsako žival, smo na podlagi ocene verjetnosti pripadnosti k določeni liniji, izračunali genetsko strukturo. Zanimalo nas je, kolikšen delež genov linije nosi žival, h kateri pripada in kolikšna je prisotnost genov drugih linij. Rezultate smo predstavili kot povprečne deleže genov, ki pripadajo posameznim linijam na nivoju paternalnih družin in skupno za celoten rodovnik.

Pri primerjavi genetske strukture slovenske in celotne populacije lipicanskih konj, se kažejo naslednje razlike pri posameznih linijah. Povprečno največji delež genov v celotni populaciji lipicanskih konj po paternalnih linijah pripada linijam Maestoso (8,6 %), Conversano (8,6 %) in Neapolitano (8,5 %). Sledijo jim linije Favory (7,4 %), Pluto (6,8 %) in Siglavy (6,8 %). Delež genov linije Tulipan je znašal 1,5 % in linije Incitato 0,7 %. Delež genov po neznani liniji je bil 1,3 %. V slovenski populaciji lipicanskih konj so imele enako največje deleže genov linije Conversano (9,2 %), Maestoso (8,9 %) in Neapolitano (8,8 %). Sledile so jim linije Favory (7,5 %), Siglavy (6,9 %) in Pluto (6,7 %). Delež genov po linijah Tulipan (0,3 %) in Incitato (0,2 %) je bil znatno manjši kot v celotni populaciji lipicanskih konj. Delež genov po neznani liniji je v slovenski populaciji bil enak kot v celotni populaciji lipicanskih konj.

Linija Favory je v slovenski populaciji imela veliko večja nihanja po deležu genov, kot v celotni populaciji. V obdobju med 1920 in 1950 se je delež genov po liniji Favory povečeval (v celotni populaciji za 3,4 %, v slovenski populaciji za 10 %). Po letu 50. pa je bil trend zmanjševanja deleža genov in je do leta 2000 v celotni populaciji dosegel vrednost 6 %, v slovenski pa 7 %. Linija Incitato je v slovenski populaciji slabo zastopana, zato je delež genov po tej liniji nihal okoli 0,5 %, medtem ko je v celotni populaciji vrednost nekoliko višja, okoli 1 %. Pri liniji Maestoso so podobni trendi gibanja deleža genov, tako v celotni populaciji kot v slovenski populaciji, le da so v slovenski opazni večji ekstremi med leti. Vse do leta 70. je delež genov v celotni populaciji višji kot v slovenski populaciji, potem pa je v slovenski populaciji naslednjih 20 let delež genov večji kot v primerjavi s celotno populacijo. Do leta 2010 se je delež genov po liniji Maestoso izenačil pri obeh populacijah (9,9 %). Delež genov po liniji Pluto je v celotni populaciji konj bil precej stabilen in se je gibal med 6-8 %, medtem ko so bila v slovenski populaciji opazna večja nihanja. Od leta 1930 - 1970 je močan trend zmanjševanja deleža genov linije Pluto (iz 11 % na 3,5 %). Do leta 2010 je v obeh populacijah delež genov 5,9 %. Trend deleža genov linije Siglavy, je v celotni populaciji lipicanskih konj, v naraščanju. In iz začetnega 5,3 % deleža v letu 1900, v stotih letih se poveča na 8 %. Medtem ko v slovenski populaciji opazimo večja nihanja. Trend zmanjševanja deleža genov je bil predvsem v obdobju 50. let, ko je delež genov linije Siglavy bil 4,5 %, do leta 2010 pa je prišel na enako vrednost, kot pri svetovni populaciji, na 8 %. Delež genov linije Tulipan je v slovenski populaciji bil zastopan z 1 % genov v obdobju med 1940-1970, medtem ko je v celotni populaciji delež genov linije Tulipan bil 2 %. V zadnjem desetletju se je delež genov pri obeh populacijah zelo zmanjšal in je manjši od 0,5 %. Pri liniji Neapolitano je opazen trend manjšanja deleža genov vse do 70. let (7 %). Nato pa je bilo opaziti močan trend povečevanja deleža, saj le-ta naraste za 5 %. Pri slovenski populaciji pa so v obdobju do leta 1970 velika nihanja v deležu genov, nato pa je opaziti enako močan trend povečevanja deleža genov linije Neapolitano, saj iz 6,5 % se poveča na 12 %. Delež genov pri liniji Conversano na nivoju celotne populacije je, skozi opazovano obdobje, v stalnem porastu (z manjšimi nihanji v 20. letih) in v letu 2000 predstavlja 9,3 % delež genov. Nato pa se v zadnjem desetletju delež genov zmanjša za 3 %. Pri slovenski populaciji so opazna ekstremna nihanja v deležu genov. Veliko zmanjšanje genov je v 50. letih (za 5 %), nato pa v naslednjem desetletju poskok 15,5 %. Od 1950 do 2010 je bil opazen trend zmanjševanja deleža genov linije Conversano pri slovenski populaciji konj (iz 15,5 na 6 %).

Pri analizi genetske strukture po linijah oziroma analizi deleža genov po linijah smo opazovali tudi, kolikšen je delež genov katerih izvor nismo mogli določiti zaradi nepopolnih rodovnikov. Delež genov po neznani liniji je bil v začetnem obdobju 20. stoletja precej visok pri obeh populacijah (celotna populacija lipicanskih konj 8,2 %, slovenska populacija 6,8 %). Nato se do 50. let zmanjšal na manj kot 1 %, saj so rodovniki v tem obdobju bili znatno bolj popolni. Pri slovenski populaciji se je delež genov neznane linije gibal pod 0,5 %, medtem ko je na nivoju celotne populacije bil opazen porast v 80. letih. Vrednost deleža genov neznane linije je poskočila na skoraj 2 % in potem do leta

2000 se zopet zmanjšala pod 0,5 %. Zanimivo je dejstvo, da je v zadnjem desetletju ponovno opaziti manjši trend povečevanja deleža genov neznane linije pri obeh populacijah kar lahko pripišemo večjemu številu zapisov živali v rodovnik brez znanih staršev.

6 SKLEPI

Na podlagi našega dela smo prišli do naslednjih sklepov:

Zbirke podatkov o lipicanskem konju so nepopolne in neusklajene kar omejuje uporabnost teh podatkov za strokovno delo pri tej pasmi. V tem delu smo po naših najboljših močeh združili vse razpoložljive podatkovne zbirke v eno zbirko in odstranili večji del neskladij in s tem omogočili nadaljnje delo.

Delež živali s poznano pripadnostjo liniji ali rodu v rodovniških podatkih je omejen in posledično delež živali po linijah in kobil po rodovih ne odraža dejanskega stanja v populaciji. V tem delu smo te manjkajoče podatke dopolnili z verjetnostmi pripadnosti linijam ali rodovom na osnovi Bayesovskih mrež, pri čemer smo upoštevali vse razpoložljive rodovniške podatke, kakor tudi rezultate molekularno genetskih analiz.

Za 44 živali je bilo ugotovljeno, da se linija očeta in potomca ne ujemata, zato je potrebno podrobno preveriti, kje v rodovniku se je zgodila napaka in nato preveriti ustreznost sorodstvenih vezi še z genetskimi metodami.

Pri primerjavi deleža živali po linijah iz izvornih podatkov in iz rezultatov Bayesovskih mrež, smo ugotovili, da se rezultati v veliki meri ujemajo, a prihaja med leti do znatnih odstopanj, če je število živali z dostopnimi podatki manjše. To je bilo še posebej opazno pri slovenski populaciji, ki je številčno majhna.

Analize genetske strukture kažejo, da delež živali po linijah ne izraža dejanskega genetskega stanja v populaciji in posledično ne omogoča spremljanje trendov skozi čas. Rezultati genetske strukture vendarle kažejo enakomerno zastopanost večine linij (Pluto, Conversano, Neapolitano, Maestoso, Favory, Siglavy) v svetovni kakor tudi slovenski populacijami, pri čemer močno odstopata liniji Incitato in Tulipan, katerih delež genov je zelo majhen (manj kot 1 %).

Po primerjavi deležev genov posamezne linije, na podlagi rodovniških podatkov in ocenjenih deležev, po letih lahko zaključimo, da so ocenjeni deleži z razvito metodo bolj zanesljivi, kot tisti na osnovi rodovniških podatkov, saj ne zajamejo celotne populacije.

Razvit sistem linij in rodov je enostaven in praktičen sistem za preprečevanje parjenja v sorodstvu in omogoča enakomerni prispevek različnih linij in rodov v naslednje generacije. Kljub temu deleži živali po linijah in rodovih ne odražajo dejanske genetske strukture v populaciji. Slednje lahko analiziramo s pomočjo metod razvitih v tem delu.

7 POVZETEK

Lipicanski konj je ena izmed najstarejših evropskih pasem, katere začetki segajo v 16. stoletje. Zaradi lažjega pregleda nad vzrejo in preprečevanjem parjenja v bližnjem sorodstvu se je skozi zgodovino ustvaril sistem linij (paternalnih družin) in rodov (maternalnih družin), ki omogočajo sledenje toka genov po paternalnih in maternalnih prednikih. Da bi ocenili genetske strukture po linijah in rodovih v populaciji lipicanskih konj, smo v analizo vključili 10.410 konj lipicanske pasme, rojenih od leta 1711 do 2011. Iz celotne populacije smo, na podlagi značilnih zapisov, določili 2.249 živali, ki naj bi bile del slovenske populacije lipicanskih konj.

Ker je v celotnem rodovniku imelo samo 56 % živali zabeleženo pripadnost liniji in 38 % rodu (slovenska populacija: 44 % živali z znano linijo in 65 % živali z znanim rodom), kažejo analize deleža živali po linijah in rodovih nejasno sliko dejanske stanja. Zato smo manjkajoče zapise nadomestili z rezultati iz verjetnostnega sistema Bayesovskih mrež, razvitega v tej raziskavi, ki na podlagi vseh znanih informacij (rodovniških in genetskih) omogoča izračun verjetnosti pripadnosti določeni liniji oz. rodu za vsako posamezno žival.

Zaradi velikega obsega analiziranih podatkov smo v tej nalogi predstavili samo rezultate na primeru paternalnih linij. Za maternalne linije smo opisali metodologijo, ki omogoča povsem enako analizo kot smo jo izvedli po linijah. Rezultate je možno analizirati ločeno po živalih, družinah ali za celotno populacijo. Razvita metodologija je prvi tovrstni pristop k analiziranju genetske strukture populacije na podlagi rodovniških in genetskih podatkov.

Na osnovi rezultatov Bayesovskih mrež sistem smo odkrili 44 živali, ki imajo zabeleženo napačno sorodstveno vez in tako ne spadajo v navedeno paternalno družino. Primerjava rezultatov je pokazala tudi spremembe deleža živali posamezne linije glede na leto rojstva, pridobljenih na podlagi izvornih rodovniških zapisov kažejo drugačno sliko kot rezultati za celotno populacijo na osnovi Bayesovskih mrež.

Analiza genetske strukture je pokazala, da vsaka žival, kljub pripadnosti določeni liniji ali rodu, nosi tudi delež genov ostalih linij in rodov. Zato delež živali po linijah ali rodovih ne prikazuje dejanske genetske strukture v populaciji. V populaciji lipicanskih konj je bil, povprečno v zadnjem stoletju, največji delež genov (preračunano samo na linije) po linijah Maestoso (17,1 %), Conversano (17,1 %) in Neapolitano (16,9 %). Sledile so jim linije Favory (14,8 %), Pluto (13,6 %) in Siglavy (13,5 %). Delež genov linije Tulipan je bil 3 % in linije Incitato 1,4 %. Delež genov po neznani liniji, katere izvor genov ne moremo določiti je bil 2,6 %. Genetska struktura po linijah v slovenski populaciji lipicanskih konj je bila precej podobna kot v celotni populaciji lipicanskih konj. V letu 2010 je bila v slovenski in celotni populaciji lipicanskih konj ocenjena enaka razporeditev deležev genov.

Primerjava deležev živali po linijah in deležev genov po linijah je pokazala, da sprememba deležev živali po linijah, ne odraža v popolnosti spreminjanje deleža genov te linije v

populaciji lipicanskega konja. Spremembe deležev genov so v splošnem manjše, v primerjavi z znatnimi nihanji v ocenjenih deležih živali. Z upoštevanjem genetske strukture posamezne živali in ne samo pripadnosti določeni liniji ali rodu, bi pri načrtu parjenj v populaciji lahko bolje vzdrževali obstoječo variabilnost.

8 VIRI

- Achmann R., Curik I., Dovc P., Kavar T., Bodo I., Habe F., Marti E., Sölkner J., Brem G. 2004. Microsatellite diversity, population subdivision and gene flow in the Lipizzan horse. *International Society for Animal Genetics, Animal Genetics*, 35: 286-292.
- Bodo I., Habe F. 2011a. Die staatlichen Lipizzaner – Gestüte Europas und ihre Zuchtziele. V: *Der Lipizzaner in Spiegel der Wissenschaft*. Wien, Gottfried Brem (ÖAW): 65-84
- Bodo I., Szabara L., Eszes F. 2011b. Die Bedeutung des Types in der Zucht und Erhaltung der Lipizzaner Rasse. V: *Der Lipizzaner in Spiegel der Wissenschaft*. Wien, Gottfried Brem (ÖAW): 97-108
- Boichard D., Maignel L., Verrier E. 1997. The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. *Genetics Selection Evolution* 29: 5-23
- Bourdon R.M. 2000. *Understanding animal breeding*. 2th ed. New Jersey, Charles E. Steward, Jr.: 538 str.
- Curik I., Zechner P., Sölkner J., Achmann R., Bodo I., Dovc P., Kavar T., Marti E., Brem G. 2003. Inbreeding, Microsatellite Heterozygosity, and Morphological Traits in Lipizzan Horses. *Journal of Heredity*, 94, 2: 125-132
- Dolenc M. 1980. *Lipica*. Ljubljana, Mladinska knjiga: 96 str.
- Dovc P., Kavar T., Sölkner H., Achmann R. 2006. Development of the Lipizzan Horse Breed. *Reproduction in Domestic Animals*, 41: 280-285
- Druml T. 2011a. Historische Herkunft der Rasse. V: *Der Lipizzaner in Spiegel der Wissenschaft*. Wien, Gottfried Brem (ÖAW): 9-32
- Druml T. 2011b. Historische Entwicklung der Lipizzanergestüte. V: *Der Lipizzaner in Spiegel der Wissenschaft*. Wien, Gottfried Brem (ÖAW): 33-50
- Druml T. 2011c. Die Lipizzaner Hengstämme und Studenfamilien. V: *Der Lipizzaner in Spiegel der Wissenschaft*. Wien, Gottfried Brem (ÖAW): 53-64
- Dular F. 1895. *Umna živinoreja. Slovenskim gospodarjem v pouk*, II. knjiga o pasmah in umni reji domače živine. Celovec, Družba sv. Mohorja v Celovcu
- Falconer D.S., Mackay T.F.C. 1996. *Introduction to Quantitative Genetics*. 4th ed. Edinburg, Longman Group: 464 str.

- Hop A. 2011a. Die Reinrassigkeitskriterien des LIF und die neue Einteilung der Stutenfamilien. V: Der Lipizzaner in Spiegel der Wissenschaft. Wien, Gottfried Brem (ÖAW): 127-140
- Hop A. 2011b. Die Nachzuchtländer und der Lipizzaner-Weltverband igr Beitrag für den Fortbestand der Rasse. V: Der Lipizzaner in Spiegel der Wissenschaft. Wien, Gottfried Brem (ÖAW): 93-96
- Hrasnica F., Ogrizek A. 1952. Specijalno stočarstvo, Uzgoj konja, I. dio. Zagreb, Poljoprivredni nakladni zavod Zagreb
- Izenbart H. H., Bühner E. M., Albrecht K., Franetič A., Mazakarini L., Nürnberg H. 1986. Lipicaner carski konj. Kranj, Gorenjski tisk: 204 str.
- James J. 1972. A note on selection differential and generation length when generations overlap. *Animal Production*, 24:109-112
- Jamnik R. 1971. Verjetnostni račun. Ljubljana, Mladinska knjiga: 416 str.
- Jensen F. V. 2001. Bayesian networks and decision graphs. New York, Springer Verlag
- Kavar T. 2001. Ocena genetske raznolikosti v populaciji konj lipicanske pasme. Doktorska disertacija, Univerza v Ljubljani, Biotehniška fakulteta, Oddelek za zootehniko: 118 str.
- Kjaerulff U., Madsen A. L. 2008. Bayesian networks and influence diagrams: a guide to construction and analysis. Springer
- KL: Kobilarna Lipica, Ključni zgodovinski mejniki.
<http://www.lipica.org/si/kobilarna/zgodovina/kljucni-zgodovinski-mejniki>
(7. sept. 2012)
- Learn Genetics: Genetic science learning center. University of Utah.
http://learn.genetics.utah.edu/content/extras/molgen/four_types.html (28. nov. 2013)
- Leondes C. T. 2002. Expert systems: The technology of knowledge management and decision making for the 21st century. California, Academic Press:1945 str.
- Lipica.
http://www.lipica.org/si/files/default/ProdajaKonjev/Prodajni_katalog_Lipicanci_2012-05-11.pdf (30. jan. 2013)

- Malovrh Š., Slavič J., Rus J., Kovač M. 2012. Presoja genetske raznolikosti na osnovi porekla pri dveh slovenskih pasmah konj. V: Genetska pestrost na osnovi porekla pri slovenskih lokalnih pasmah. Ljubljana, Univerza v Ljubljani, Biotehniška fakulteta, Oddelek za zootehniko: 15 str.
- Mertik M., Križmarić M. 2010. Bayesove mreže in verjetnostno sklepanje. Ljubljana, Vega: 73 str.
- Meuwissen T., Luo Z. 1992. Computing inbreeding coefficients in large populations. *Genetics Selection Evolution*, 24: 305-313
- Mihelič I. 2004. Otroci burje: Lipica in lipicanec. Ljubljana, Kmečki glas: 123 str.
- Nürnberg H. 1993. Der Lipizzaner: mit einem Anhang über nach Kladruber. Magdeburg, Westarp Wissenschaften: 123 str.
- Poročila o letnem pregledu Kobilarne Lipica. 2009. Kobilarna Lipica: 73 str.
- Poročilo za lipicanskega konja: Genska banka v živinoreji. Ljubljana, Univerza v Ljubljani, Biotehniška fakulteta, Oddelek za zootehniko.
<http://www.genska-banka.si/> (20. jan. 2014)
- Potočnik K., Krsnik J., Štepec M., Rus J. 2008. Prevention of related mating in the Slovenian Lipizzan population. V: Book of abstracts of the 59h annual meeting of the European Association for Animal Production. Litva.
http://www.wageningenacademic.com/_clientFiles/download/Eaap2008-e.pdf (18. mar. 2014)
- Primorska Info.
http://www.primorska.info/novice/17652/v_lipici_danes_dan_lipicanca
(24. nov. 2013)
- R Development Core Team. 2008. A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria
<http://www.R-project.org>. (17. mar. 2014)
- Rus J. 2011. Rejski program za pasmo lipicanski konj. Ljubljana, Veterinarska fakulteta: 56 str.
- Højsgaard S. 2012. Graphical Independence Networks with the gRain Package for R. *Journal of Statistical Software*, 46, 10: 1-26
<http://www.jstatsoft.org/v46/i10/> (17. mar. 2014)
- SSKJ: Slovar slovenskega knjižnega jezika, Inštitut za slovenski jezik Frana Ramovša ZRC SAZU.

http://bos.zrc-sazu.si/cgi/a03.exe?name=sskj_testa&expression=pasma&hs=1
(15. mar. 2012)

Valvasor J. V. 1984. Slava vojvodine Kranjske (izbrana poglavja). Ljubljana, Svet knjige: 339 str.

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. *Livestock Production Science*, 77: 137-146

Wallner B., Vogl C., Shukla P., Burgstaller J. P., Drumla T., Brem G. 2013. Identification of genetic variation on the horse Y chromosome and tracing of male founder lineages in modern breeds. *PLoS*, 8, 4: e60015. doi:10.1371/journal.pone0060015: 12 str.

Wright S. 1922. Coefficients of inbreeding and relationship. *American Naturalist*, 56: 33-39

Wright S. 1952. The theoretical variance within and among subdivisions of a population that is in a steady state. *Genetics*, 37: 312-321

ZAHVALA

Na prvem mestu bi zahvalo poklonila mentorju, doc. dr. Gregorju Gorjancu, za vzpodbudo, ideje in pomoč pri izdelavi magistrske naloge. Hvaležna sem mu za vse znanje, ki mi ga je predal v času predavanj in vrednote, ki jih je pokazal kot učitelj. Sodelovanje z njim mi je bilo v veliko čast.

Somentorju, doc. dr. Klemnu Potočniku, se zahvaljujem za pregled naloge in omogočeno priložnost, da sem lahko razvijala svoje znanje pri delu na Katedri za znanost o rejah živali.

Velika zahvala gre go. Anki Dolinar, s katero sva se mesece prebijali skozi nejasnosti v rodovniških podatkih. Njena pomoč pri odločitvah, ko nisem vedela kaj storiti, je bila neprecenljiva. Go. Sabini Knehtl pa se zahvaljujem, ker je znala prisluhniti in hitro rešiti težave, na katere smo naleteli tekom študijskih obveznosti.

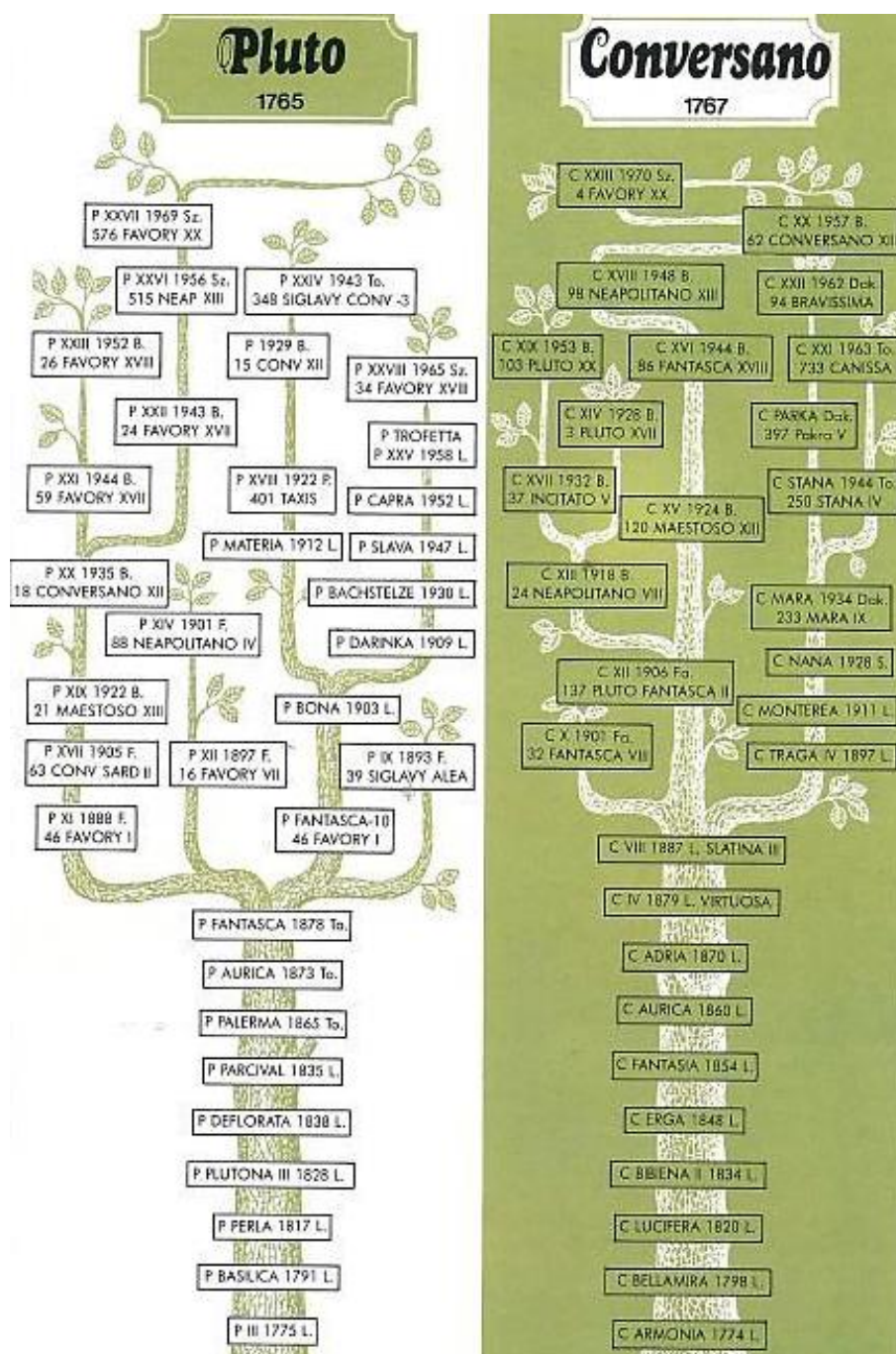
Da sem imela možnost izobraževanja, gre najprej velika zahvala staršem in nato vsem ostalim članom družine, ki so me podpirali in naučili, da je znanje edino bogastvo, ki ti ga nihče ne more odvzeti.

Na koncu bi ser rada zahvalila še mojemu življenjskemu sopotniku. Hvala, ker si verjel vame, da zmorem, tudi takrat, ko še sama nisem vedela. Vsak moj dosežen cilj bi brez tvoje pomoči imel veliko daljše poti.

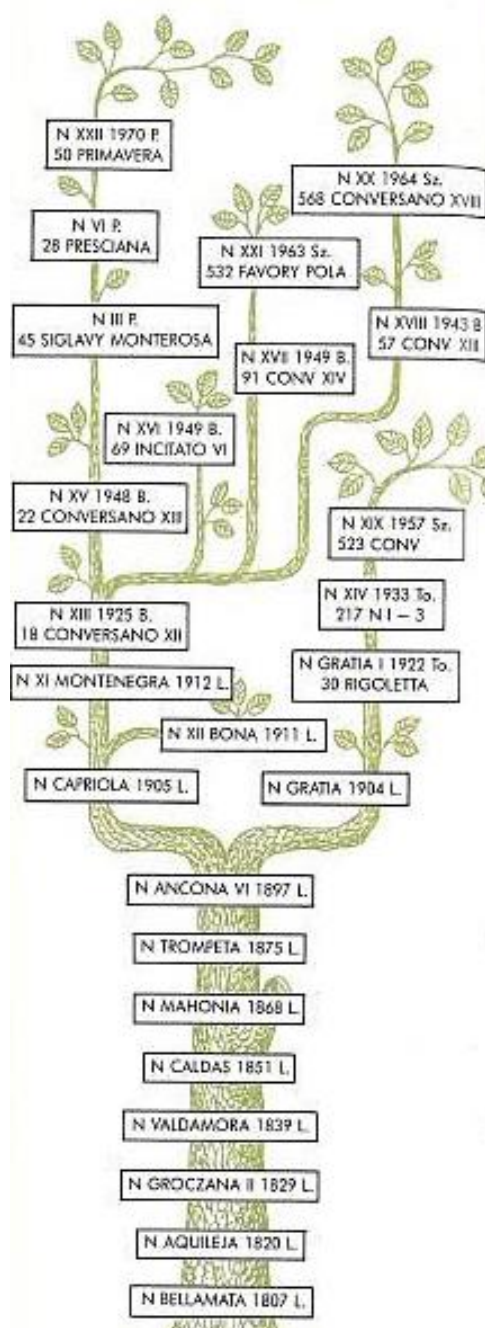
PRILOGE

Priloga A1:

Skica rodovnikov klasičnih žrebčevskih linij: Pluto, Conversano, Neapolitano, Maestoso, Favory in Siglavy (Izenbart in Birer, 1986: 100)



1790



1773



Favory

1779



Siglavy

1810



Priloga A2:

Seznam rodov in haplotipov mtDNK, ki se pojavljajo v posameznih rodovih

Izvor	Rod	Haplotip
klasični	Sardinia	betalka, capriola, batosta
klasični	Spadiglia	monteaura
klasični	Argentina	capriola, X
klasični	Africa	batosta
klasični	Almerina	allegra, slavina
klasični	Presciana/Bradamante	allegra, capriola, slavina
klasični	Englanderia	allegra
klasični	Europa	U
klasični	Stornella/Fistula	allegra, capriola
klasični	Ivanka/Famosa	J
klasični	Deflorata	allegra, capriola
klasični	Gidrane	gaetana
klasični	Djebrin	dubovina
klasični	Mercurio	gratiosa
klasični	Theodorosta	allegra, wera, U
klasični	Capriola	betalka
klasični	Rava	batosta
hrvaški	Rendes	E
hrvaški	Hamad-Flora	capriola
hrvaški	Eljen-Odaliska	B
hrvaški	Miss Wood	O
hrvaški	Fruska	
hrvaški	Traviata	dubovina, L
hrvaški	Margit	D
hrvaški	Manczi	
hrvaški	Mima/Nana	dubovina, slavina, L
hrvaški	Alka	allegra
hrvaški	Karolina	allegra, capriola
hrvaški	Munja	gaetana, slavina, strana
hrvaški	Ercel	
hrvaški	Czirka	
hrvaški	502 Mozsgo Perla	I
hrvaški	Rebecca-Thais	thais

madžarski	542 Magyar Kanca	
madžarski	759 Moldvai	
madžarski	2064 Neapolitano Lepkes	
madžarski	2070 Madar VI (236 Moldvai)	I
madžarski	2038 Neapolitano Juci	allegra, capriola, V
madžarski	2052 Neapolitano Szerena	
madžarski	81 Maestoso Sostenuta	gaetana
madžarski	Toplica - Siglavy	H
madžarski	2222 Aljas/ e. Anna	capriola, I
madžarski	2214 Alpar/ e. Angyal	allegra
madžarski	Pallavicini Lepke	allegra, Q
madžarski	2004 Alnok/ e. Anczi	
madžarski	501 Karst Parta	capriola
madžarski	Anemone	K
madžarski	461 Bukovinai	
madžarski	555 Generale XXII	
romunski	60 Lipitzer Race	N
romunski	461 Original Moldauerin	
romunski	410 Turtsy	
romunski	48 Favory X-4	M
romunski	5 Favory XV-8	capriola
romunski	14 Tulipan-14	G
romunski	84 Tulipan-4	N
romunski	36 Neapolitano-1	allegra, capriola, slavina
romunski	759 Original Moldauerin	N
romunski	49 Hidas	capriola
romunski	22 Maestoso Basovica	A
romunski	519 Original Hungarin	
romunski	54 Romanito	
romunski	296 Conversano XII-3	
nepriznani	Maestoso XII	
nepriznani	3791 Pluto Fantasca	
nepriznani	297 Conversano Lebada	capriola
nepriznani	Favory II-2	A

Priloga A3:

Seznam imen, ki se pojavljajo pri rodovih v rodovniških podatkih

Oznaka rodu	Ime živali	Možne izpeljanke	Oznaka rodu	Ime živali	Možne izpeljanke
1	beja	bea	11	deflorata	
1	bellamira	belamira	11	kremica	
1	betalka		11	lipica	
1	bionda		11	bahana	
1	bravissima	bravisima, bravissi, bravis	11	montenegrina	montene, montenegra
1	canissa	canisa	11	norelle	norele
1	comtessa	comtesa, comtesse, comtese	11	andorella	andorela
1	duchess	duches	11	morella	morela
1	duchessa	duchesa	11	forelle	forele
1	fortuna		11	diorella	diorela
1	massovia	masovia	11	narelle	narele
1	malaga		11	saffa	safa
1	berbena		11	alea	alda
1	cristina		12	alea	alda
1	brenta		12	gaeta	morella (gaeta), greta
1	capriola		12	gaetana	
1	rosalia		12	gravisa	
1	mora		12	balanita	balanka, balanta, galanka
1	mirama		12	galanta	galanita
1	bora	borina	12	garafolina	grafolina
1	melania		12	gidrane	gidrana
1	markiza		12	harmonia	
1	meduza		12	jadranka	
1	madera		12	neretva	
1	morfoza		12	tamara	
1	maestosa		13	dalmatia	
1	mahonia		13	rebecca	
1	malva		13	quazia	
1	malvina		13	oriana	
1	malvine		13	dubovina	
1	mantua		13	dahes	
1	manzina	manczi, manci	13	decora	
1	marina	marinna	13	istria	
1	mascula		13	generale	
1	masovia		13	patrizia	
1	materia		13	radura	
1	melodia	melodina, melora, meloria	13	delia	
1	mima		13	darinka	
1	mirabella	mirabela	13	distinta	
1	miramar		13	djebrin	
1	miramare		13	barbara	
1	morea	morella, morela	13	rubina	
1	moscovita	moscova, mosca	13	delphina	delia
1	musica		13	drava	
1	quintilia		13	mahonia	
1	sardinia		13	dulciana	
1	virtuosa		13	duba	
1	zara		13	kerka	
2	mirabella	mirabela	13	miramar	
2	montana	montanella	13	duklja	
2	monteaura	monteau	13	istria	
2	montebella	montebela, montebe	13	flora	
2	montenegrina	montene, montenegra	13	mora	

Oznaka rodu	Ime živali	Možne izpeljanke	Oznaka rodu	Ime živali	Možne izpeljanke
2	montedora		14	musica	
2	farisea		14	distinta	
2	rita		14	fantasia	
2	miramar		14	granadilla	
2	basilica		14	abugress	
2	mora		14	gradisca	
2	moscovita	mosca, moscova	14	grandiosa	
2	spadiglia		14	grandamara	
3	adria	adriana	14	barbarina	
3	diorella	diorela	14	gradita	
3	sylva	slava, sama, serena	14	graina	
3	sarda		14	gratia	
3	capriola	servola	14	gratiosa	
3	ancona		14	pompea	
3	idria		14	grazia	
3	adria	austrija, adriana, adrijana	14	graziosa	
3	africa		14	mercurio	
3	tatjana		15	gradita	
3	filvia		15	theodora	theodotrosta
3	alba		15	trompeta	tropeta
3	udina		15	tropea	
3	animosa		15	casta	
3	aquileja		15	capriola	
3	argentina		15	tuja	tija
3	ariosa	curiosa	15	furia	oria
3	augusta		15	trakia	
3	austria		15	troja	
3	aversa	averssa	15	tinrava	
3	idria		15	theodorosta	theodora, theodotrosta
3	sana		15	tesalia	
3	slava	salva	15	toscana	toscanella, toscanela
4	africa	afrika	15	torysa	torisa
4	barbana	barbara, barbarina, barbarella, barbarela	15	wanda	
4	ancia		15	walosca	
4	rara		15	varda	
4	barcola		15	watra	
4	basil		15	watta	
4	basilica		15	wera	
4	basovica	bazovica, basovicca	16	alea	alda
4	basowizza	basowiza	16	allegra	
4	bassovica		16	erga	
4	bassovizza	basovizza, bassoviza, basoviza	16	ancina	ancona
4	batavia		16	morella	
4	batosta		16	confitera	
4	belladonna	belladona, beladonna, beladona	16	bellamira	
4	bellamira	belamira	16	cattinara	catinara
4	benvenuta	benvenutta	16	ariosa	briosa
4	blanca	blanketta, blanketa, casablanka	16	daniela	
4	bojana		16	mima	
4	boka		16	bellonata	
4	bora		16	calma	
4	virtuosa		16	calcedonia	calcedona, calcedonna
4	meloria		16	waldamora	
4	soja		16	montedora	
4	medea		16	novella	
4	frida		16	capriola	
4	syracusa		16	slovenia	
4	blanketta	blanketa	17	rava	

Oznaka rodu	Ime živali	Možne izpeljanke	Oznaka rodu	Ime živali	Možne izpeljanke
4	delphina		17	ravata	ravatta
4	berbena		17	rigoletta	rigoleta, rigoteta
4	borina		17	risanota	
4	brava		101	ilova	
4	brezja	brezova, brezia	101	jala	inka
4	brezovica	breznica, brezzica, brezica	101	rosabella	
4	buda	budva	101	rexana	
4	favory VI-2		101	erna	
4	esmeralda		101	responda	reseda
4	lipa		101	hollo	holo
4	oma		101	ellen	elen
4	saffa	safa	101	rolla	rola
5	alba		101	kuni	
5	albania		101	silene	sillene, silenne, sillenne
5	albina	albona	101	bora	
5	alea	alda	101	vila	
5	alma		101	tuezes	
5	almada		101	krabbe	krabe
5	almadira		101	adria	
5	almerina		101	rendes	
5	amena		101	zenta	
5	avala		102	vanesia	
5	samira		102	biserka	
5	servola		102	contessa	
5	santa	santia	102	dagmar	
5	serena		102	fabiola	fabia
5	siglava		102	flora	
5	sistiana		102	hamad	
5	sistina		102	kitty	kity, kiti
5	slovenia		103	arva	
5	sitnica		103	divina	
5	slatina		103	coletta	coleta
5	slavina		103	undine	udine
5	slavonia	slavonija, glavonia	103	manczi	
5	sarlota	sarlotta	103	eljen	elen
6	53 maestoso VI.8		103	odaliska	oda
6	ancona		103	omorika	
6	bellafiglia		104	blanca	blanka, blanketta, blanketa, casablanka
6	bona	bonasera, bonitta, bonita	104	caprice	
6	bonadea	bonaira, bonamia, bonarietta, bonarieta	104	caecilia	camelia
6	bonavia	bonaccia, bonacia	104	firlefan	firle fanz
6	bonavista	bonarieta	104	garbe	garba
6	bradamante	bradamanta	104	miss wood	miss wod, mis wood, mis wod
6	amorosa		105	fruska	
6	rosana	rossana, rosaura	105	vuka	vuk
6	lucrezia		106	drina	
6	quirima		106	tara	
6	plutona		106	traviata	traviatta
6	prdula	pidula	106	trofetta	trofeta
6	danesia	danessia	107	bistrica	
6	platana	palma	107	maja	
6	perla		107	mara	
6	belissima		107	mardj	
6	materia		107	margit	
6	trompetta	trompeta	108	karasica	
6	aquileja		108	manczi	

Oznaka rodu	Ime živali	Možne izpeljanke	Oznaka rodu	Ime živali	Možne izpeljanke
6	romea		109	mana	
6	romania	roma, romida	109	mima	mina
6	bonavoja	bonamora	109	vanda	
6	boneta		109	nana	
6	reseda		109	ukrina	
6	bora	borina	110	alka	
6	amata		110	cica	
6	maestoso V-1		110	lisa	liska
6	neapolitano-2		110	pliva	
6	presciana		111	janja	
6	primavera	primorosa, primrose, primula	111	karolina	
6	romana	romanza	111	krapina	
6	romida		111	lipica	
6	rosa		112	anemone	
6	nautika		112	milica	
6	rosaura		112	mirta	
6	roviga		112	lila	
6	valdamora		112	rea	
7	albania		112	sandra	
7	alda	ronalda, esmeralda	112	beba	
7	aleppa	alepa	112	famosa	
7	qualificata		112	maja	
7	alotria	alotria,alotrija	112	munja	
7	allegra	alegra	112	rama	
7	andalusia	andalusien	112	strana	
7	anglicana		113	elc	
7	englanderia		113	ercel	
7	trofeta	trofetta, troffeta, troffetta	113	erdem	
7	nautika		113	erkelc	erkelces
7	olga		114	cica	
7	sagana		114	cimbala	
7	stella	stela	114	cintra	cintraczica, jacint, cintra czica
7	traga	maestoso II traga	114	czirka	
7	trompeta	trompetta	115	nagyasszony	
8	allegra	alegra	115	mozsgo	
8	cantata		115	perla	
8	tatiana		116	rebecca	rebella, rebecca, reba, rebela
8	aleppa		116	thais	thaissa
8	darinka		116	vuka	vuk
8	bellavista		116	walosca	wall, walla, wal
8	triglava		201	kanca	kancka
8	virtuosa		201	pakra	
8	wilhelmina		201	pluto XV-3	
8	verona		201	sava	
8	mascula		203	lepkes	lepke
8	toscana		203	palaviccini	
8	mantua		203	palavicini	
8	europa		204	madar	
8	malaga		205	juci	julci, julca, julia, junia
8	musica		205	julcsa	justina, juszтина
8	tropina		205	jussuf	
8	malina		206	erna	
8	tiberia		206	serena	
8	traga	maestoso II traga	206	szerena	
8	troja		207	saragossa	saragosa
8	trompeta	trompetta	207	sizilia	sicilia
9	fistula		207	sostenuta	
9	saffa	safa	208	sutjeska	
9	sagana		208	toplica	

Oznaka rodu	Ime živali	Možne izpeljanke	Oznaka rodu	Ime živali	Možne izpeljanke
9	sava		209	aljas	
9	savona	savonna	209	alyas	
9	vistosa		209	anna	ana
9	sessana	sesana, sana, sanna	210	rokoko	
9	steaka		210	dama	
9	stella	stela	210	alpar	
9	stornella	stornela	210	angyal	
9	trompeta	trompetta	211	dinar	
10	beba		211	ladilom	
10	delphina		211	lepke	lepkes
10	famosa		212	alnok	
10	formosa	formos	212	anczi	
10	ivanka		213	parta	
10	milica		214	anemone	
10	mirta	mirtana	214	bistrica	
10	munja		214	bregava	
10	albania		215	bukovinai	bukovina
10	tina	tima	216	generale	generalissimus, generalisimus
10	rubiada	rumiada	301	lipitzer race	
10	curiosa		303	tursty	
10	telesia		310	hidas	hidras
10	desire		403	lebada	
10	favorita				
10	fama				
10	samina				
10	navarra				
10	noblessa	noblesa			
10	perla				
10	rama	rensa			
10	soja	soya, sola			
10	storia				
10	strana				
11	amabila	amabile			
11	calcedona	calcedonia, calcedonna			
11	calma				
11	canissa	canisa			
11	capra				
11	beladonna				
11	capriola				
11	belinda				
11	caprietta				
11	alboa	albona			
11	bellornata	belornata			
11	sara				
11	corvetta				
11	caprima	copriva			
11	magdalena				
11	casanova				
11	castilla	castila			
11	clea				
11	cattinara	catinara, catinarra			

UNIVERZA V LJUBLJANI
BIOTEHNIŠKA FAKULTETA
ODDELEK ZA ZOOTEHNIKO

Barbara BRAČIČ

**ANALIZA GENETSKE STRUKTURE PO LINIJAH IN
RODOVIH LIPICANSKEGA KONJA**

MAGISTRSKO DELO

Magistrski študij – 2. stopnja

Ljubljana, 2014