

Acta fytotechnica et zootecnica 1
Nitra, Slovaca Universitas Agriculturae Nitriae, 2012, s. 8–13

HODNOTENIE GENETICKEJ DIVERZITY SLOVENSKEHO ŠPORTOVÉHO PONY POUŽITÍM GENEALOGICKÝCH INFORMÁCIÍ

ASSESSMENT OF GENETIC DIVERSITY OF SLOVAK SPORT PONY USING GENEALOGIC INFORMATION

Ondrej KADLEČÍK, Ivan PAVLÍK, Eva HAZUCHOVÁ, Radovan KASARDA

Slovenská poľnohospodárska univerzita v Nitre

The goal of the paper was to assess genetic diversity of Slovak Sport Pony nucleus based on pedigree information. The analysed database consisted of 179 horses (63 stallions, 116 mares) in pedigree population (RoP) and 45 ones (4 stallions, 41 mares) in reference (RP) population. The equivalent number of generations in RP was 4.97 ± 0.56 , average value of inbreeding was 3.33 %, relationship coefficient $AR = 9.44$ %, $\Delta F_i = 0.78$ % and realised effective population size 23.27 ± 0.94 . The evaluated population was derived from 57 founders. The effective number of founders was 35, effective numbers of ancestors 7. The 3 ancestors explained 50 % of genetic diversity and 16 ancestors contributed to the reference population. Branco, Shalom and Karneol-70 were the most important ancestors. The obtained results will be used in genetic management of Slovak Sport Pony population.

Key words: Slovak Sport Pony, genetic diversity, inbreeding, pedigree analysis

Vznik slovenského športového pony súvisí so snahou vytvoriť mnohostranný typ koňa prevažne vhodného pre jazdeckú prípravu detí, pre turistické a rekreačné jazdenie. Základom kombinovaného kríženia bolo pripárovanie teplokrvných plemien koní chovaných na Slovensku so žrebcami plemena veľšský pony. Plemeno sa vytvára od roku 1980 a má svoju stratégiu rozvoja (Halo, 2012). Jej súčasťou je aj snaha o riadenie diverzity plemena. Hodnotenie diverzity patrí medzi prvé kroky, ktoré vedú k odhadu predpokladaných zmien v populácii. Je niekoľko prístupov k hodnoteniu diverzity populácií. Genetická diverzita bola posudzovaná na základe rodokmeňových informácií (Lacy, 1989; Boichard et al 1997; Cervantes et al., 2008; Gutiérrez et al. 2008; Toro et al., 2011) popri užitočnej metodológii využívajúcej molekulárno – genetické princípy. Parametre genetickej diverzity odhadnuté z genealogických informácií sa uplatnili pri analýzach viacerých druhov a plemien dobytká (Baumug and Sölkner, 2002; Bozzi et al., 2006), oviec (Oravcová a Krupa, 2011) ako aj koní (Zechner et al., 2002; Valera et al., 2005; Hamman and Distl, 2008; Teegen et al., 2009; Druml et al., 2009; Álvarez et al., 2010; Bartolomé et al., 2011; Pjontek et al., 2012). Boli odhadnuté ukazovatele odvodené od spoločného predka a na základe pravdepodobnosti pôvodu génu. Cieľom práce bolo zhodnotiť genetickú diverzitu plemenného jadra koní slovenského športového pony na základe ukazovateľov odvodených od spoločného predka a odhadnúť genetické príspevky významných základných predkov a predkov prispievajúcich do referenčnej aj celej populácie.

Materiál a metódy

Hodnotenie genetickej diverzity slovenského športového pony sa robilo na základe genealogických informácií, ktoré boli získané a spracované z Plemennej knihy plemena. Bolo snahou skompletizovať rodokmene tak, aby sa pri analýzach využil maximálny počet generácií predkov a aby rodokmeňové informácie boli kompletne. Rodokmeňový súbor (RoP) tvorilo 179

jedincov (63 žrebcov a 116 kobýl) z toho referenčnú populáciu (RP) 45 jedincov (4 žrebce a 41 kobýl) chovaných na 2 farmách, ktorých stáda možno považovať za plemenné jadro. Tieto zvieratá boli zapísané v plemennej knihe a narodili sa v rokoch 1986 – 2006. Databáza jedincov obsahovala nasledovné informácie: číslo jedinca, číslo otca a matky, dátum narodenia jedinca, pohlavie, generácia. Databáza bola upravená podľa požiadaviek pre použitie programu Endog v. 4.8 (Gutiérrez and Goyache, 2005). Kvalita rodokmeňových informácií bola charakterizovaná nasledovnými ukazovateľmi:

- Maximálny počet nájdených generácií predkov. Bol vyjadrený počtom generácií medzi potomkom a jeho najvzdialenejším predkom.
- Počet úplných generácií predkov. Bol charakterizovaný ako počet generácií predkov medzi potomkom a najvzdialenejšou generáciou predkov, kde 2ⁿ predkov jedinca sú známi. Predkovia s neznámymi rodičmi boli považovaní za základných predkov.
- Ekvivalentný počet generácií predkov. Bol počítaný ako podiel všetkých známych predkov cez všetky nájdené generácie. Vypočítal sa ako suma $z (1/2)^n$, kde n bol počet generácií medzi jedincom a každým známym predkom (Maignel et al., 1996).
- Index kompletnosti rodokmeňov (MacCluer et al., 1983). Bol počítaný pre každého jedinca ako harmonický priemer otcovských a materských línií.

Genetická variabilita bola charakterizovaná podľa nasledovných parametrov:

- Koeficient intenzity príbuzenskej plemenitby (F_i) definovaný ako pravdepodobnosť, že jedinec má dve identické alely od jedného spoločného predka (Wright, 1922), počítaný podľa algoritmu Meuwissen and Luo (1992).
- Individuálne prírastky inbrídingu pre každého jedinca (ΔF_i) sa vypočítali podľa Gutiérrez et al. (2008, 2009).
- Realizovaná efektívna veľkosť populácie vypočítaná zo zvýšenia príbuznosti (Cervantez et al., 2011).
- Koeficient priemernej príbuznosti (AR) (Dunner et al., 1998; Goyache et al., 2003; Gutiérrez et al., 2003).

- Efektívny počet základných predkov (f_e) (Lacy, 1989) je definovaný ako počet rovnako prispievajúcich základných predkov, ktorí budú produkovať tú istú genetickú diverzitu ako v hodnotenej populácii.
- Efektívny počet predkov (f_a) (Boichard et al., 1997) je minimálny počet predkov nevyhnutných pre vysvetlenie celej genetickej diverzity v hodnotenej populácii.

K výpočtu parametrov bol použitý program Endog v. 4.8 pre monitorovanie genetickej variability v populáciách s využitím rodokmeňových informácií (Gutiérrez and Goyache, 2005).

Výsledky a diskusia

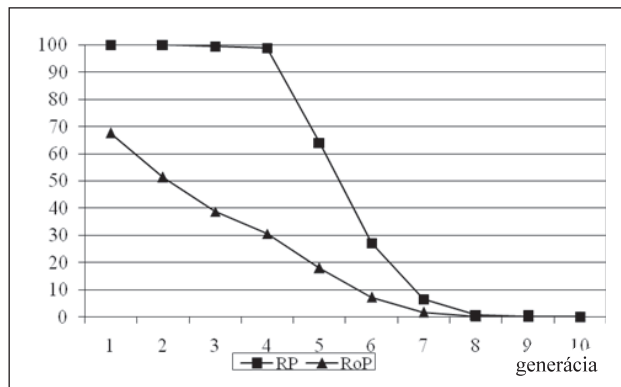
Demografická analýza

Genetická diverzita je významný ukazovateľ riadenia plemena a je nevyhnutná pre minimalizovanie inbrídnej depresie z dlhodobého hľadiska. Jej hodnotenie má niekoľko metodických prístupov často vychádzajúcich z analýzy genealogických informácií. Takéto hodnotenie predpokladá, že rodokmeňové informácie sú korektné a kompletne (Oliehoek and Bijma, 2009). Kvalita rodokmeňových informácií jedincov referenčnej ako aj rodokmeňovej populácie je uvedená v tabuľke 1 a v obrázku 1. Rodokmene jedincov referenčnej populácie v rodičovskej a starorodičovskej generácii boli kompletne a v piatej generácii predkov bola kompletnosť 64,03 %. V rodokmeňovej populácii bola úroveň kompletnosti nižšia (67,70 %) ako v rodičovskej a postupne sa znižovala až v 4. generácii bola 31 %. Maximálny počet nájdených generácií bol 6,93, počet úplných generácií predkov 4 a ekvivalentný počet generácií predkov 4,97. Priemerná dĺžka generačného intervalu bola 9,91 rokov, dlhšie generačné intervaly boli vypočítané cez otcov ako cez matky. Dlhší generačný interval a nižšiu kompletnosť rodokmeňov v RP zistili Bartolomé et al. (2011) pri španielskom športovom ponym, porovnateľné výsledky publikovali Teegen et al. (2009) pri trakénskom koni. Kompletnosť rodokmeňov v niektorých prácach bola vyššia, ale išlo o plemená, ktoré majú dlhoročnú chovateľskú tradíciu (Cervantes et al., 2008, 2009).

Tabuľka 1 Ukazovatele kompletnosti rodokmeňových informácií

Ukazovateľ(1)		Referenčná populácia (2)	Rodokmeňový súbor(3)
Maximálny počet nájdených generácií predkov (4)	\bar{x}	6,93	2,87
	s	1,39	2,96
	x_{\min}	5,0	0
	x_{\max}	11,0	11,0
Počet úplných generácií predkov (5)	\bar{x}	4,00	1,78
	s	0,52	1,64
	x_{\min}	2,0	0
	x_{\max}	5,0	5,0
Ekvivalentný počet generácií predkov (6)	\bar{x}	4,97	2,16
	s	0,56	2,03
	x_{\min}	3,91	0
	x_{\max}	5,85	5,85

Table 1 Parameters of pedigree information completeness (1) parameter, (2) reference population, (3) pedigree population, (4) maximal number of generations traced, (5) number of complete generations, (6) equivalent number of generations traced



Obrázok 1 Kompletnosť rodokmeňov podľa generácií predkov v % (1-rodičovská generácia)

Figure 1 Pedigree completeness by the generations of ancestors in % (1-parental generation)

Inbríding, príbuznosť a efektívna veľkosť populácie

Slovenský športový pony má 40 ročnú históriu a jeho základy sa utvárali v hodnotených stádach, ktoré tvoria aj v súčasnosti jadro plemena. Aj vzhľadom na veľkosť nuklea sú hodnoty koeficientov inbrídingu, ale hlavne AR vysoké, pričom prírastok inbrídingu za generáciu sa približuje hraničnej hodnote 1 %. Priemerná hodnota koeficientu intenzity inbrídingu bola v referenčnej populácii $F_i = 3,33$ % a priemerný prírastok inbrídingu za generáciu 0,78 %. Koeficient príbuznosti bol 2,83 krát vyšší ako koeficient inbrídingu ($AR = 9,44$ %), realizovaná efektívna veľkosť populácie počítaná na základe miery príbuznosti jedincov bola $N_{ec} = 23,27 \pm 0,94$. V RP bolo 49 % zvierat inbrídných pričom koeficient intenzity príbuzenskej plemenitby inbrídných jedincov bol 6,82 %, prírastok inbrídingu bol vyšší (tabuľka 2) ako v celej RP a hodnota koeficienta príbuznosti bola iba o 0,48 % vyššia. V rodokmeňovej populácii boli ukazovatele odvodené od spoločného predka nižšie ako v referenčnej a tendencia vyššej priemernej príbuznosti jedincov ako intenzity inbrídingu bola zachovaná. V celej populácii bolo 17,32 % inbrídných jedincov. Tieto výsledky boli menej priaznivé ako uvádzajú pri početnejšej populácii španielskeho športového koňa Bartolomé et al. (2011), pri hanoverskom teplokrvnom koni Hamann and Distl (2008). Vyššie hodnoty inbrídingu a príbuznosti zistili Valera et al. (2005) pri andalúzskom plemene, keď 93,4 % registrovaných jedincov bolo inbrídných. Realizovaná efektívna veľkosť populácie v referenčnej populácii bola $23,27 \pm 0,94$.

Pravdepodobnosť pôvodu génu

Ukazovatele odvodené na základe pravdepodobnosti pôvodu génu španielskeho športového koňa poukazujú na vysokú genetickú diverzitu (Bartolomé et al., 2011). Súvisí to hlavne s importom genetického materiálu a jeho využívaním v reprodukcií plemena. V reprodukcií plemena sa využívajú žrebce importované, ale aj z vlastnej produkcie pričom intenzívnejšie využívanie žrebčov hodnoteného plemena vedie k zhoršeniu parametrov odvodených na základe pravdepodobnosti pôvodu génu. V párovaní slovenského športového pony sa využívajú žrebci, ktorí sú produktom šľachtiteľského programu plemena. V roku 2011 to boli žrebci Natan/Samo, Orion, Tibet a Tornádo. V tabuľke 3 sú uvedené výsledky ukazovateľov odvodených na základe pravdepodobnosti pôvodu génu. V referenčnej populácii bolo zistených 57 základných predkov, efektívny počet základných predkov bol 61,4 % (35) z celkového počtu základných predkov. Efektívnych predkov bolo 7, do referenčnej populácie prispievalo 16 predkov a 3 predkovia vysvetlili 50 % genetickej diverzity. Po-

Tabulka 2 Inbríding, príbuznosť a realizovaná efektívna veľkosť populácií

Ukazovateľ (1)		Referenčná populácia(2)		Rodokmeňový populácia(5)	
		celá (3) $n = 45$	inbrídne zvieratá (4) $n = 22$	celá (3) $n = 45$	inbrídne zvieratá (4) $n = 22$
Koefficient inbrídingu (F_i v %) (6)	\bar{x}	3,33	6,82	1,72	9,93
	s	4,28	3,66	4,86	7,76
	x_{\min}	0	0,98	0	0,98
	x_{\max}	14,06	14,06	25,00	25,00
Koefficient príbuznosti (AR v %) (7)	\bar{x}	9,44	9,92	5,06	9,08
	s	1,14	0,96	3,45	1,98
	x_{\min}	6,98	7,80	0,56	3,52
	x_{\max}	11,54	11,54	11,80	11,54
Individuálny prírastok inbrídingu (ΔF_i v %) (8)	\bar{x}	0,78	1,60	0,83	4,79
	s	1,01	0,89	3,36	6,88
	x_{\min}	0	0,22	0	0,22
	x_{\max}	3,50	3,50	20,56	20,56
Realizovaná N_{ec} (9)	\bar{x}	23,27	–	–	–
	s	0,94	–	–	–

Table 2 Inbreeding, kinship and realised effective size of populations

(1) parameter, (2) reference population, (3) total, (4) inbred animals, (5) pedigree population, (6) inbreeding coefficient, (7) coancestry coefficient, (8) individual inbreeding gain, (9) realised effective population size

Tabulka 3 Ukazovatele charakterizujúce pravdepodobnosť pôvodu génu

Ukazovateľ (1)	Referenčná populácia (2)	Rodokmeňová populácia (3)
Počet jedincov (n) (4)	45	179
Počet základných predkov (f) (5)	57	57
Efektívny počet základných predkov (fe) (6)	35	46
Efektívny počet predkov (fa) (7)	7	18
Počet predkov prispievajúcich do populácie (8)	16	39
Počet predkov vysvetľujúcich 50 % genetickej diverzity(9)	3	7

Table 3 Parameters based on probability of gene origin

(1) parameter, (2) reference population, (3) pedigree population, (4) number of animals, (5) number of founders, (6) effective number of founders, (7) effective number of ancestors, (8) number of ancestors contributing to population, (9) number of ancestors explaining 50 % of genetic diversity

Tabulka 4 Predkovia najvýznamnejšie prispievajúci do referenčnej populácie

Predok (1)	Pohlavie (2)	Dátum narodenia (3)	Genetické príspevky v % (4)		
			individuálne (5)	kumulatívne (6)	
1	Branco (B98) s.v.	1	5. 10. 1976	23,87	23,87
2	Shalom 775 (B73) s.v.	1	1. 1. 1972	22,64	46,51
3	Karneol-70(1762)/Fatra/	2	12. 9. 1978	14,03	60,54
4	Tobrok	1	31. 8. 1966	7,56	68,10
5	Navaro	1	23. 3. 1989	6,04	74,14
6	Radiopye	2	–	6,02	80,16
7	Watani 16	2	26. 9. 1976	3,19	83,35
8	Kuhailan Urkub-23	2	16. 6. 1972	2,78	86,13
9	Siglavý Bagdady 1	2	2. 10. 1969	2,78	88,91
10	Siglavý Bagdady 34	2	31. 8. 1972	2,56	91,47

Table 4 The main ancestors contributing the most to the reference population

(1) ancestor, (2) sex (1 stallion, 2 mare), (3) date of birth, (4) genetic contribution, (5) individual, (6) cumulative

dobné výsledky dosiahli Valera et al. (2005) pri analýze andalúzskeho plemena. V celej populácii boli výsledky analýzy predkov podobné ako v RP. Zistili sme 57 základných predkov, efektívnych základných predkov bolo 46 a efektívnych predkov 18.

Branco, Shalom, Tobrok a Navaro boli najvýznamnejšie žrebce prispievajúce do referenčnej (zo 16 jedincov) aj celej rodokmeňovej (z 39) populácie, z kobyľ to boli Karneol-70, Radiopye, Watani 16 (tabuľky 4 a 5). Na obrázkoch 2 a 3 sú uvedené

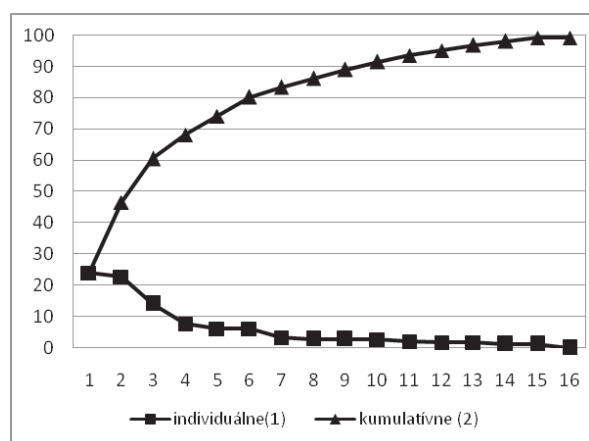
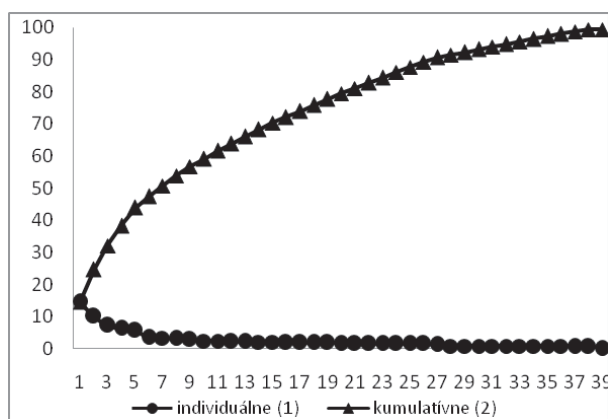
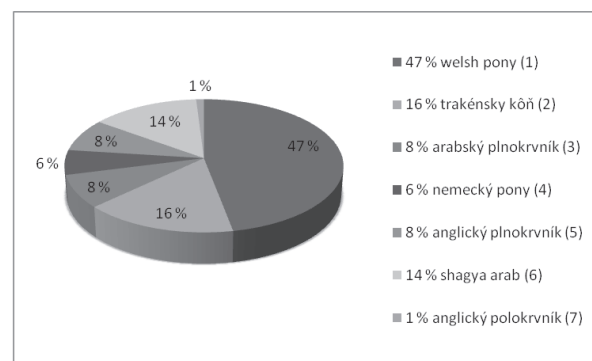
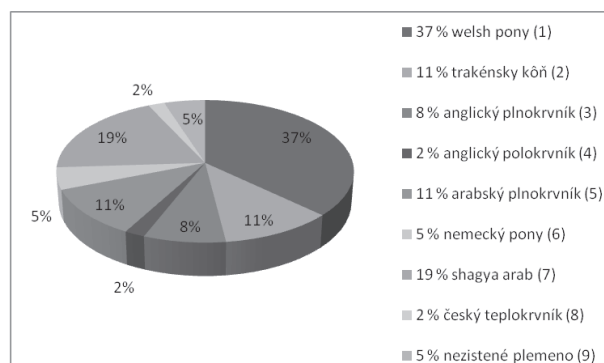
Tabuľka 5 Predkovia najvýznamnejšie prispievajúci do rodokmeňovej populácie

Predok (1)	Pohlavie (2)	Dátum narodenia (3)	Genetické príspevky v % (4)		
			individuálne (5)	kumulatívne (6)	
1	Branco (B98) s.v.	1	5. 10. 1976	14,55	14,55
2	Shalom 775 (B73) s.v.	1	1. 1. 1972	10,16	24,71
3	Karneol-70(1762)/Fatra/	2	12. 9. 1978	7,34	32,05
4	Radiopye	1	–	6,28	38,33
5	Tobrok	1	31. 8. 1966	5,63	43,96
6	Navaro	2	23. 3. 1989	3,42	47,38
7	Siglavy Bagdady	2	22. 9. 1956	3,39	50,77
8	Kuhailan Urkub /Brokát/	2	12. 1. 1959	3,10	53,87
9	Watani 16	2	26. 9. 1976	2,86	56,73
10	Koheilan I-1	2	21. 8. 1960	2,42	59,15

Table 5 The main ancestors contributing the most to the pedigree population (1) ancestor, (2) sex (1 stallion, 2 mare), (3) date of birth, (4) genetic contribution, (5) individual, (6) cumulative

marginálne individuálne aj kumulatívne príspevky najvýznamnejších predkov referenčnej aj rodokmeňovej populácie koní. Išlo o starších žrebčov a kobyly, ktoré sa narodili v rokoch 1956 – 1989. Na obrázkoch 4 a 5 sú uvedené podiely predkov vysvetľujúce 100 % genetickej diverzity v rodokmeňovej populácii slovenského športového pony podľa plemien. Z nich vidieť vplyv 7

plemien koní na utváraní slovenského športového pony, pričom dominantný 47% podiel má welshký pony. Na tvorbe rodokmeňovej populácie plemenného jadra slovenského športového pony sa výrazne podieľali predovšetkým welshký pony, shagya arab, arabský kôň a anglický plnokrvník.

Obrázok 2 Príspevky predkov v referenčnej populácii
Figure 2 Contributions of ancestors in the reference population (1) individual, (2) cumulativeObrázok 3 Príspevky predkov v rodokmeňovej populácii
Figure 3 Contributions of ancestors in the pedigree population (1) individual, (2) cumulativeObrázok 4 Príspevky predkov vysvetľujúce 100 % genetickej diverzity v referenčnej populácii slovenského športového pony podľa plemien
Figure 4 Contributions of ancestors explaining 100 % of genetic diversity in the reference Slovak Sport Pony population by breeds (1) Welsh Pony, (2) Traken Horse, (3) Original Arabian, (4) German Pony, (5) Thoroughbred, (6) Shagya Arabian, (7) Half Blood HorseObrázok 5 Príspevky predkov vysvetľujúce 100 % genetickej diverzity v rodokmeňovej populácii slovenského športového pony podľa plemien
Figure 5 Contributions of ancestors explaining 100 % of genetic diversity in the pedigree Slovak Sport Pony population by breeds (1) Welsh pony, (2) Traken Horse, (3) Thoroughbred, (4) Half Blood Horse, (5) Original Arabian, (6) German Pony, (7) Shagya Arabian, (8) Czech Warmblood, (9) unknown breed

Záver

Analýzou genealogických informácií plemenného jadra slovenského športového pony sa zistili špecifické ukazovatele hodnoteného plemena. Vysoké priemerné hodnoty intenzity inbrídingu, jeho prírastku za generáciu blížiaci sa hodnote 1 %, ako aj vysoká príbuznosť jedincov a malá relatívna efektívna veľkosť populácie, rovnako aj parametre odvodené na základe pravdepodobnosti pôvodu génu poukazujú na potrebu monitorovania populácie a riadenia pripárovania jedincov v plemennom jadre s cieľom znížiť ich príbuznosť a zvýšiť efektívnu veľkosť populácie. Ďalšie súvislosti vidieť v tom, že nukleus plemena sa využíva pre odchov plemenných zvierat, ktoré sa využívajú v reprodukcii celého plemena.

Súhrn

Cieľom práce bolo zhodnotiť genetickú diverzitu plemenného jadra slovenského športového pony na základe rodokmeňových informácií. Analyzovanú databázu tvorilo 179 koní (63 žrebčov, 116 kobýl) rodokmeňového (RoP) a 45 koní (4 žrebce, 41 kobýl) referenčnej (RP) populácie. Ekvivalentný počet generácií predkov v RP bol $4,97 \pm 0,56$, priemerná hodnota inbrídingu 3,33 %, koeficient príbuznosti $AR = 9,44$ %, $\Delta F_i = 0,78$ % a realizovaná efektívna veľkosť populácie $23,27 \pm 0,94$. Hodnotená populácia bola odvodená od 57 základných predkov. Efektívny počet základných predkov bol 35, efektívny počet predkov 7. Traja predkovia vysvetlili 50 % genetickej diverzity a 16 predkov prispievalo do referenčnej populácie. Branco, Shalom a Karneol-70 boli najvýznamnejší predkovia. Získané výsledky sa využijú pri genetickej riadení populácie slovenského športového pony.

Kľúčové slová: Slovenský športový pony, genetická diverzita, inbríding, rodokmeňová analýza

Literatúra

- ÁLVAREZ, I. – ROYO, L. J. – PÉREZ-PARDAL, L. – FERNÁNDEZ, I. – PAYERAS, L. – GOYACHE, F. 2010. Assessing losses of genetic variability in the endangered Mallorquí horse. In: Czech J. Anim. Sci., vol. 55, 2010, p. 456 – 462.
- BARTOLOMÉ, E. – CERVANTES, I. – VALERA, M. – GUTIÉRREZ, J.P. 2011. Influence of the foreign breeds on the genetic structure of the Spanish Sport Horse population. In: Livestock Science, vol. 142, 2011, p. 70 – 79.
- BAUMUNG, R. – SÖLKNER, J. 2002. Analysis of pedigrees of Tux-Zillertal, Carinthian Blond and Original Pinzgau cattle population in Austria. In: J. Anim. Breed. Genet., vol. 119, 2002, p. 5 – 181.
- BOICHARD, D. – MAIGNEL, L. – VERRIER, É. 1997. The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. In: Genetics Selection Evolution, vol. 29, 1997, no. 1, p. 5 – 23.
- BOZZI, R. – FRANCI, O. – FORABOSCO, F. – PUGLIESE, C. – CROVETTI, A. – FILIPPINI, F. 2006. Genetic variability in three Italian beef cattle breeds derived from pedigree information. In: Ital. J. Animal. Sci., 2006, no. 5, p. 129 – 137.
- CERVANTES, I. – MOLINA, A. – GOYACHE, F. – GUTIÉRREZ, J. P. – VALERA, M. 2008. Population history and genetic variability in the Spanish Arab Horse assessed via pedigree analysis. In: Livestock Science, vol. 113, 2008, no. 1, p. 24 – 33.
- CERVANTES, I. – GUTIÉRREZ, J. P. – MOLINA, A. – GOYACHE, F. – VALERA, M. 2009. Genealogical analyses in open populations: the case of three Arab-derived Spanish horse breeds. In: Journal of Animal Breeding and Genetics, vol. 126, 2009, no. 5, p. 335 – 347.
- CERVANTES, I. – GOYACHE, F. – MOLINA, A. – VALERA, M. – GUTIÉRREZ, J.P. 2011. Estimation of the effective population size from the rate of coancestry in pedigreed populations. In: J. Anim. Breed. Genet., vol. 128, 2011, p. 56 – 63.

- DRUML, T. – BAUMUNG, R. – SÖLKNER, J. 2009. Pedigree analysis in the Austrian Noriker draught horse: genetic diversity and the impact of breeding for coat colour on population structure. In: Journal of Animal Breeding and Genetics, vol. 126, 2009, no. 5, p. 348 – 356.
- DUNNER, S. – CHECA, M. L. – GUTIÉRREZ, J. P. – MARTÍN, J.P. – CAÑÓN, J. 1998. Genetic analysis and management in small populations; the Asturcon pony as an example. In: Genetics Selection Evolution, vol. 30, 1998, no. 4, p. 397 – 405.
- GOYACHE, F. – GUTIÉRREZ, J. P. – FERNÁNDEZ, I. – GOMEZ, E. – ALVAREZ, I. – DÍEZ, J. – ROYO, L. J. 2003. Using pedigree information to monitor genetic variability of endangered populations: the Xalda sheep breed of Asturias as an example. In: Journal of Animal Breeding and Genetics, vol. 120, 2003, no. 2, p. 95 – 105.
- GUTIÉRREZ, J. P. – DÍAZ, A. C. – QUINTANILLA, R. – CAÑÓN, J. – PIEDRAFITA, J. 2003. Pedigree analysis of eight Spanish beef cattle breeds. In: Genetics Selection Evolution, vol. 35, 2003, no. 1, p. 43 – 63.
- GUTIÉRREZ, J. P. – GOYACHE, F. 2005. A note on ENDOG: a computer program for analysing pedigree information. In: Journal of Animal Breeding and Genetics, vol. 122, 2005, no. 3, p. 172 – 176.
- GUTIÉRREZ, J. P. – CERVANTES, I. – MOLINA, A. – VALERA, M. – GOYACHE, F. 2008. Individual increase in inbreeding allows estimating effective sizes from pedigrees. In: Genetics Selection Evolution, vol. 40, 2008, no. 4, p. 359 – 378.
- GUTIÉRREZ, J. P. – CERVANTES, I. – GOYACHE, F. 2009. Improving the estimation of realized effective population sizes in farm animals. In: Journal of Animal Breeding and Genetics, vol. 126, 2009, no. 4, p. 327 – 332.
- HALO, M. 2012. Osobná komunikácia
- HAMANN, H. – DISTL, O. 2008. Genetic variability in Hanoverian warmblood horses using pedigree analysis. In: Journal of Animal Science, vol. 86, 2008, no. 7, p. 1503 – 1513.
- LACY, R. C. 1989. Analysis of Founder Representation in Pedigrees: Founder Equivalents and Founder Genome Equivalents. In: Zoo Biology, vol. 8, 1989, no. 2, p. 111 – 123.
- MAIGNEL, L. – BOICHARD, D. – VERRIER, E. 1996. Genetic variability of French dairy breeds estimated from pedigree information. In: Interbull. Bull., no. 14, 1996, p. 49 – 54.
- MacCLUER, J. W. – BOYCE, A. J. – DYKE, B. – WIETKAMP, L. R. – PFENING, D. W. – PARSONS, C. J. 1983. Inbreeding and pedigree structure in Standardbred horses. In: The Journal of Heredity, vol. 74, 1983, no. 6, p. 394 – 399.
- MEUWISSEN, T. I. – LUO, Z. 1992. Computing inbreeding coefficients in large populations. In: Genetics Selection Evolution, vol. 24, 1992, no. 4, p. 305 – 313.
- OLIEHOEK, P. A. – BIJMA, P. 2009. Effect of pedigree errors on the efficiency of conservation decisions. In: Genetics, Selection, evolution, vol. 41, 2009, no. 9, p. 1 – 11.
- ORAVCOVÁ, M. – KRUPA, E. 2011. Pedigree analysis of the former Valachian sheep. In: Slovak J. Anim. Sci., vol. 44, 2011, no. 1, p. 6 – 12.
- PJONTEK, J. – KADLEČÍK, O. – KASARDA, R. – HORNÝ, M. 2012. Pedigree analysis in four Slovak endangered horse breeds. In: Czech J. Anim. Sci., vol. 57, 2012, p. 54 – 64.
- TEEGER, R. – EDEL, C. – THALLER, G. 2009. Population structure of the Trakehner Horse breed. In: Animal, vol. 3, 2009, no. 1, p. 6 – 15.
- TORO, M. A. – MEUWISSEN, T. H. E. – FERNÁNDEZ, J. – SHAAT, I. – MÁKI-TANILA, A. 2011. Assessing the genetic diversity in small farm animal populations. In: Animal, 2011, p. 1 – 15. Doi:10.1017/S1751731111000498
- VALERA, M. – MOLINA, A. – GUTIÉRREZ, J.P. – GOMÉZ, J. – GOYACHE, F. 2005. Pedigree analysis in the Andalusian horse: population structure, genetic variability and influence of the Carthusian strain. In: Livestock Production Science, vol. 95, 2005, no. 1 – 2, p. 57 – 66.
- WRIGHT, S. 1922. Coefficients of inbreeding and relationship. In: American naturalist, vol. 56, 1922, p. 330 – 338.
- 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. In: Livestock production science, vol. 77, 2002, no. 2 – 3, p. 137 – 146.

Kontaktná adresa:

prof. Ing. Ondrej Kadlečík, CSc., Slovenská poľnohospodárska univerzita v Nitre, Tr. Andreja Hlinku 2, 949 76 Nitra

Acta fytotechnica et zootechnica 1
Nitra, Slovaca Universitas Agriculturae Nitriae, 2012, s. 13–18

VPLYV ZRNITOSTNÉHO ZLOŽENIA PÔDY NA KVANTITU A KVALITU PÔDNEJ ORGANICKEJ HMOTY INFLUENCE OF PARTICLE SIZE DISTRIBUTION OF SOIL ON QUANTITY AND QUALITY OF SOIL ORGANIC MATTER

Erika TOBIAŠOVÁ,¹ Božena DĚBSKA,² Magda BANACH-SZOTT²

Slovak University of Agriculture Nitra, Slovakia¹
University of Technology and Life Sciences, Bydgoszcz, Poland²

Influence of particle size distribution of soil on the carbon and nitrogen contents and fractional composition of humus substances was studied in different soil types (Eutric Fluvisol, Haplic Chernozem, Haplic Luvisol, Eutric Regosol). The variants include soils of forest ecosystem (control) and agro-ecosystem with 4 crop rotations. The particle size distribution of soil influenced the content and quality of soil organic matter. It was noted that, the higher proportion of smaller fraction (<0.001 mm) supported, the higher content of soil organic matter ($r = 0.794$; $P < 0.01$) subjected to smaller changes ($r = 0.551$; $P < 0.05$). Higher content of size fraction <0.001 mm supported higher stability of humus substances ($r = -0.755$; $P < 0.01$) and humic acids ($r = -0.533$; $P < 0.05$). The humic acids bound with mineral components and stabile R_2O_3 were dominated. In contrary, higher content of size fraction (0.05 – 0.25 mm) contributed higher content of fulvic acid bound with mobile R_2O_3 and higher content of free fulvic acids. Higher content of organic matter was in forest ecosystem, but its quality was better in arable land.

Key words: particle size distribution, soil organic matter, agro-ecosystem, forest ecosystem

Soil organic matter (SOM) is a key element of soil, which determines its production capacity (Robinson et al., 1994), and the quality of soil (Doran and Parkin, 1994). The SOM content depends on the balance between the carbon inputs and the rate of their decomposition (Saggar et al., 2001; Huang et al., 2002). The carbon content influences the number of factors, including soil types, natural content of organic matter in soil (MacRae and Mehuys, 1985), the annual input of root residues and root exudates (Ushakov et al., 1985) or particle size distribution (Amelung et al., 1998; Šimanský and Horvátová, 2010; Šimanský et al., 2009). The content of the SOM is in positive correlation with clay fraction (Bosatta and Ågren, 1997; Jurčová and Tobiašová, 2002). Jastrow (1996) observed that just clay minerals are in conjunction with a large proportion of organic substances; thereby they contribute to its stabilisation.

Carbon stocks in many agricultural soils in recent decades decreased due to agricultural intensification and inappropriate land use (Hermle et al., 2008). Conversion of natural ecosystems to cropland increases carbon losses due to increased intensity of mineralization and reduced carbon inputs (Gregorich et al., 2005). Conversion of forest to arable land leads primarily to a reduction of carbon content and changes in its distribution (Ross, 1993; Singh and Singh, 1996). In agro-ecosystem, maintenance of organic carbon content is the main role in reducing of soil degradation (Bhattacharyya et al., 2009). In agro-ecosystem, the amount of carbon is also influenced through the management system, including the selection of crops, use of crop residues and tillage intensity (Voroney and Angers, 1995). The carbon content in forest soil is the result of the balance between the organic inputs (plant residues) and losses (microbial degradation, forest fires, erosion and leaching), which vary according to climate, parent rock and time (Jenny, 1994).

The quantity of SOM is given by the contents of total organic carbon and nitrogen (Kubát et al., 2006). The quality of

SOM depends on its distribution between labile and stabile components. The stabile organic compounds in soil include humus substances and other macromolecules, which are naturally resistant to the action of microorganisms, or they are physically protected by their adsorption on mineral surfaces or bound within aggregates (Theng et al., 1989). The labile fractions are represented by carbohydrates, amino acids, amino saccharides, or lipids (Woomer et al., 1994). It is assumed that the quality of SOM is reduced by the process of decomposition (Rovira and Vallejo, 2002).

The objectives of this study were as follows: (i) to determine the influence of the particle size distribution on quantity and quality of soil organic matter, (ii) to compare the quantity of soil organic matter in soils under different land use, and (iii) to assess the quality of the organic matter through the parameters of fraction composition of humus, optical parameters of humus substances and carbon and nitrogen parameters.

Material and methods

The studied areas are located in the Danubian lowland. Localities of Eutric Fluvisol (EF) are present on the Danubian flat, and localities of Haplic Chernozem (HC), Haplic Luvisol (HL) and Eutric Regosol (ER) are on the Danubian hill. Geological substrates of the Danubian lowland are neogene clays, sands and gravels, which are covered with loess and loess loam in most such areas. Fluvial sediments are found along the rivers Váh and Nitra. The relief of the Danubian plain is monotonous. The sampling places on the EF are situated near the flat areas on the Váh river. Localities of HC, HL and ER are situated on slight slopes. The average annual temperatures of the studied areas are 9.7 °C (Nitra), 9.8 °C (Šaľa), and 9.3 °C (Topoľčany), and the average rainfall per year is 580 mm