

POSTĘPY W DZIEDZINIE BADAŃ i jak mogą być NAD GENETYKĄ KONI pomocne hodowcom koni

Część II

tekst: prof. Matthew Binns
tłum.: Krystyna Chmiel
fot.: z archiwum prof. Matthew Binns'a
Photos from the archives of prof. M. Binns

From 2011 WAHO Conference
Doha, Qatar,
– Professor Matthew Binns

Professor Matthew Binns, is one of the world's leading equine geneticists. Formerly at the Animal Health and Royal Veterinary College in Great Britain, he is currently based in the United States, working at the cutting edge of equine genetic research. One can remember Professor Binns was a guest speaker at the 2004 WAHO Conference in Warsaw.

So again, as part of the Genome study, when we were developing this chip to look at genetic markers, we wanted to test whether that chip worked across a lot of breeds. I told you that the sequence came from a Thoroughbred horse, we then looked for mutations in, I think it was another ten breeds, including the Arabian, and then we wanted to test the chip on more breeds and initially fourteen and now more than twenty breeds have been genotyped. The Arabian horse was in this data set and the Arabian horse samples, which came from Dr. Cecilia Penedo at the University of Davis, was a smallish number. There were probably 25 horses, included some Polish, Spanish, Crabbet/Egyptian and domestic American Arabians. So Dr. Penedo produced a mixture for us to look at. This work is on-going, so I am still trying to collect samples of Arabian horses from different geographic regions, and I would like to thank some of the delegates who are providing me with those samples. If you have access to some of the samples which come from unusual populations, we would very much like to analyse them and look at the extent of genetic variation in your breed and how it relates to other breeds. This project, by the way, is an international collaboration led by Dr. McCue and coordinated by the University of Minnesota.

Now, as a Thoroughbred person who is versed in the history, I like the history of breeds and I have looked at the early studbooks and read the books on the origins of the Thoroughbred, I was very surprised to see the distance between Arabian horses and Thoroughbred horses. History tells us that three Eastern horses, one of which at least was probably an Arab, were the foundation stock for the Thoroughbred breed (slide no.11). And if you go to Newmarket and you look in the Museum, there are big posters showing the paintings of the three founding stallions, and it is accepted that the Arab was an important founder of the Thoroughbred. And yet this genetic material says there is not much relationship between those two. That is very strange.

Wystąpienie prof. Matthew Binns'a na Konferencji WAHO w Katarze, 2011 r.

Prof. Matthew Binns jest światowej sławy specjalistą w dziedzinie genetyki koni. Poprzednio pracował na Wydziale Weterynarii i Ochrony Zdrowia Zwierząt w Wielkiej Brytanii, a obecnie przeniósł się do USA, gdzie zajmuje się najnowszymi badaniami z zakresu genetyki koni. Uczestnicy Konferencji WAHO 2004 w Warszawie mogą pamiętać jego wystąpienie jako zaproszonego gościa.

Wracając do badań nad genomem, gdybyśmy chcieli szukać w naszym chipie markerów genetycznych, chcielibyśmy także sprawdzić, czy ten chip pasuje również do innych ras. Badając tę sekwencję w pełnej krwi angielskiej, o której mówilem, szukaliśmy także jej mutacji. W tym celu przebadaliśmy początkowo dziesięć ras, w tym arabską, potem zwiększyliśmy ich liczbę do 14, a w chwili obecnej mamy już ponad dwadzieścia ras o zbadanych genotypach. W naszej bazie danych znajdują się również konie czystej krwi arabskiej, ale liczba ich próbek jest mala. Dostarczyła ich dr Cecilia Penedo z Uniwersytetu Davis i pochodząły one od 25 koni z linii polskich, hiszpańskich, Crabbet, egipskich i amerykańskich „domestic”. Dr Penedo sporządziła dla nas zestaw tych próbek. Prace nad nimi są w toku, a ja nadal poszukuję nowych próbek DNA koni arabskich pochodzących z różnych regionów geograficznych. Byłyby więc wdzięczny, gdyby ktoś z Państwa Delegatów dostarczył mi takich próbek, a jeszcze lepiej – gdyby ktoś miał dostęp do izolowanych populacji. Chętnie poddaliśmy je analizie, aby przekonać się o skali zmienności genetycznej Państwa ulubionej rasy i jej związków z innymi rasami. Na marginesie, projekt ten jest przygotowywany we współpracy międzynarodowej, pod kierownictwem dr McCue, koordynowany przez Uniwersytet stanu Minnesota.

Jako „folbluciarz”, dobrze obznajomiony z historią tej rasy, przeczytałem pierwsze tomy ksiąg stadnych i różne książki o pochodzeniu koni pełnej krwi. Tym bardziej zaskoczony byłem tak wielkimi różnicami między nimi a arabami. Przecież historia uczy nas o trzech koniach orientalnych – protoplastach rasy pełnej krwi angielskiej (ryc.11), z których przynajmniej jeden był arabiem czystej krwi. W muzeum wyścigów konnych w Newmarket wiszą wielkie portrety tych ogierów i nie da się zaprzeczyć, że arab był jednym z głównych założycieli rasy pełnej krwi angielskiej. Niemniej jednak, z zebranego materiału genetycznego wynika, że te rasy nie mają ze sobą wiele wspólnego. Dziwne, prawda?

Nie wiem dotąd, a chciałbym wiedzieć, czy te konie arabskie, których próbki DNA posiadamy, są reprezentatywne dla całej populacji koni tej rasy. Dlatego staram się zgromadzić jak największe próbki, a szczególnie zależy mi na izolowanych populacjach, bo może się okazać, że są gdzieś pojedyncze osobniki wykazujące większe podobieństwo do koni pełnej krwi. Tego jeszcze nie wiemy, a posiadane przez nas dane mogą być interpretowane w róż-

ny sposób. Na przedstawionym drzewie genealogicznym koni araby umieszczone blisko rasy Saddlebred, więc przypuszczam, że w historii tej rasy araby przyczyniły się do jej wytworzenia. Ciekawe, że na początku tego tygodnia miałem sposobność przyjrzeć się dzikim osłom somaliskim w rezerwacie Al Wabra. Nie figurują one na tym drzewie genealogicznym, ale mamy dobrze opracowaną filogenię dzikich koniowatych, więc umieściliśmy tu konia Przewalskiego, a dla osłów domowych wydzieliliśmy osobną grupę. Naokoło zgrupowane są rasy pierwotne. Widac stąd, że zaczynamy już uzyskiwać rzetelne informacje na temat powiązań między rasami.

Wreszcie przedstawię chyba najciekawszy dla Państwa sposób opisywania ras, jaki nazywamy analizą grupową (slajd ten nie został redakcji udostępniony – przyp.

red.). W obrębie rasy analizujemy głównie pojedyncze osobniki, dlatego każdej rasi jest poświęcona oddzielna przegródka. Konie arabskie są w tej żółtej kratce, na samej górze. Przechodzi przez nią mniej więcej 25 linii, z których każda oznacza konkretnego konia, a czysty odcień koloru żółtego oznacza zamkniętą populację. W tym kontekście araby są rzeczywiście „rasą czystą”, oczywiście w cudzysłowie. Zaledwie kilka małych plamek innego koloru wskazuje na pokrewieństwo z innymi rasami. Ten rodzaj analizy polega na tym, że możemy określić genotyp dowolnego konia i stwierdzić, jak dalece jest on skonsolidowany i czy zawiera fragmenty substancji dziedzicznej pochodzącej od innych ras. Nie wyciągamy tych wniosków na podstawie 17 markerów pochodzących z rodowodu osobnika, ale na podstawie 55 000 markerów, które są przyporządkowane do wszystkich chromosomów.

Na przykładzie rasy Quarter Horse, która powstała w drodze krzyżowania, widzimy, że żółty kolor pochodzi od pełnej krwi angielskiej, która jest rasą dość jednorodną. Musimy też wziąć pod uwagę, że w naszej analizie koni arabskich opieraliśmy się na różnych liniach krwi: polskich, hiszpańskich itd. Nie mamy dowodów potwierdzających zmienność pomiędzy tymi liniami, ale sądząc, że gdyby się bardzo różniły – odpowiednia klatka byłaby oznaczona różnymi kolorami. I to podsumowuje, czego jeszcze dowiedzieliśmy się o rasach od naszego ostatniego spotkania w roku 2004. Myślę, że wkrótce dowiemy się jeszcze bardziej interesujących faktów.

Zamierzam teraz poruszyć dwa zagadnienia związane z moją pracą dotyczącą genetyki cech użytkowych u koni pełnej krwi angielskiej. Szczególnie interesujący dla Państwa może być temat predyspozycji dystansowych. Przebadalem w tym kierunku więcej niż tysiąc koni pełnej krwi, z czego ponad dwustu zwycięzców gonitw klasycznych i imiennych, czyli czołówkę w swoich rocznikach, bo takie wyśigi wygrywa jeden na pięćset koni. Wyodrębniliśmy 18 zwycięzców gonitw najwyższej rangi i większość ogierów czołowych w tej rasy. Analizowałem tę bazę danych pod względem różnych cech, ale teraz chciałbym skupić się na dystansach. Pytanie badawcze, jakie postawiłem, brzmiało: „Czy jesteśmy w stanie znaleźć różnice genetyczne między



A N I N T R O D U C T I O N T O A GENERAL STUD-BOOK;

C O N T A I N I N G (W I T H F E W E X C E P T I O N S)

The Pedigree of every Horse, Mare, &c.

O F N O T E ,

That has appeared on the Turf for the last Fifty Years,

W I T H M A N Y O F A N E A R L I E R D A T E ;

T O G E T H E R W I T H

A S H O R T A C C O U N T O F T H E

M o s t n o t e d A R A B I A N S , B A R B S , &c.

C O N N E C T E D T H E R E W I T H .

L O N D O N :

P R I N T E D (B Y H . R E Y N E L L , N o . 21 , F I C C A D I L L Y ,)

F o r J . W E A T H E R B Y , J u n i o r , N o . 7 , O X E N D O N - S T R E E T ,
near the HAY-MARKET .

M D C C X C I .

11. Pochodzenie koni pełnej krwi angielskiej / Origins of the Thoroughbred

I wonder, I don't know, and that is why we are trying to get more samples, whether the Arabian horses which were sampled do not reflect the full extent of the Arabian horse breed, and that's why we wish to get samples from isolated populations, it may be that there are some Arabian horses who would actually be in this kind of space, much closer to the Thoroughbred. We don't know. There are many ways of looking at this kind of data. Presenting what is called a phylogenetic tree and again the Arabian horse is here, it is very close to the Saddlebred so I would assume that the history is that the Arabian horse has contributed genetics to the Sad-

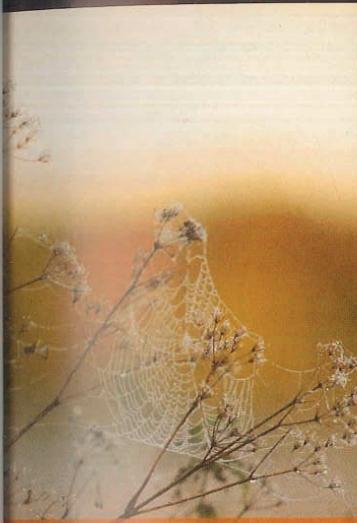
blebred. And the Thoroughbred is over here. Interestingly I saw some Somali Wild Asses at the Al Wabra Wildlife Preservation earlier this week, where they are breeding them. We don't have that one on here but we have looked at the wild equids as well and have got a better phylogeny for those, so the Domestic Ass was used as an out-group here and Przewalski's Horse is here. The 'old breeds' are round here. But you can see that we are starting to get real information on what is the relationship between these breeds.

The last way to look at breeds, I think is perhaps of the most interest to you, is what we call Cluster Analysis (*that slide is not available*). We can say that within

a breed, if we look at individuals, so in each box here is a breed, and the Arabian horse is up here in the yellow box on the top. There are probably 25 lines going down the box, each of which represents an Arabian horse. The purity of colour is an indication of how close the breed is. So the Arabian horses are very, it is a pure breed, "pure" in inverted commas, pure in this kind of context. There are only a few blobs of colour which are closer to other breeds in this analysis. But the idea is that we can take any individual horse and say 'How close is he, what is his make-up and does he contain bits from other breeds'. And this is now based on extensive data, it is not based on 17 markers from the parentage kit, this is based on 55,000 markers that very adequately span all the chromosomes. You can see on here some breeds such as the Quarter Horse, which we know is a mixture and in this case the yellow comes from the Thoroughbred, you can also see here that Thoroughbreds are a pretty uniform breed. And I think another thing to think about here is that I said that there were these different bloodlines which fell into the analysis of the Arabian, the Polish, the Spanish and so on. There is not much evidence for huge variation within those different lines of Arabian horses, I think if they were very distinct we would see some different colours within this

Jesienna Aukcja Koni Arabskich Autumn Arabian Horse Sale

2012



Janów Podlaski

13-14 października / 13th-14th of October



Fot. Barbara Mazur

Konie hodowlane i użytkowe:
klacze, źrebięta, ogiery, wałachy

Breeding and saddle horses,
racing and sport prospects:
mares, foals, stallions, geldings

ORGANIZATOR / ORGANIZER
Polturf: Barbara Mazur
tel. (48 22) 857 76 44, biuro@polturf.pl
Katalogi / Catalogues: www.janow.arabians.pl

koniem, który potrafi wygrać wyścig na dystansie 1400 m i krótszym, a takim, który wygrywa na dystansach od 1600 do 2000 m?", braliśmy pod uwagę także dystanse dłuższe niż 2000 m. Odnaleźliśmy tylko jeden szczególnie mocny marker, który znajdował się na chromosomie z 18 parą. Posługiwanie się markerami ma tę zaletę, że jeśli znajdziemy coś godnego uwagi, możemy przy pomocy sekwencji genomu konia stwierdzić, jaki gen się pod tym kryje. W tym przypadku zidentyfikowaliśmy gen znany pod nazwą miostatyny, co oznacza enzym występujący w mięśniach. U innych gatunków, np. u bydła, wpływa on na wzrost umięśnienia. I tak, bydło rasy błękitnej belgijskiej posiada szczególnie dobrze rozwinięte umięśnienie, dzięki mutacji genu miostatyny. Teoretycznie więc konie o zdolnościach sprinterskich powinny mieć lepiej umięśnioną partię zadu. Znany jest gen odpowiedzialny za to, wiemy też, że mutacje tego genu mogą wpływać na zmianę struktury włókien mięśniowych, w kierunku zwiększenia udziału włókien szybko kurczliwych. Zgodnie z logiką należało więc szukać w tym miejscu genu

odpowiedzialnego za różnice między sprinterami a stayerami. W odnośnym locus znajduje się wiele genów. Przypuszczam, że jest tam miostatyna, ale jeszcze tego nie udowodnilem. Podobne wyniki otrzymano bowiem w dwóch innych grupach. Genetyka cech użytkowych nie zna jeszcze odpowiedzi na wszystkie pytania, a pewne jest tylko to, że nasze wyniki mogą być prawdziwe, ale mogą też nie być.

Co z tego wynika? Przebadaliśmy 29 koni wygrywających gonitywy najwyższej rangi lub plasujące się na płatnych miejscach (ryc.12). Wszystkie były homozygotyczne pod względem genu determinującego zdolności sprinterskie. Potencjalny zwycięzca musi więc mieć określony genotyp, w tej dziedzinie nie ma przypadków. Tymczasem gonitywy klasyczne w USA rozgrywane są na dystansach od 1700 do 2400m, a mimo to około połowy zwycięzców ma genotypy sprinterów (ryc.13). Konie dobre na średnich dystansach są heterozygotyczne pod względem tego genu (tj. AG zamiast GG), podczas gdy osobniki o genotypie AA są stayerami.

A jakie to ma znaczenie dla arabsów? Zgromadzone dane dowodzą, że ma (ryc.14), bowiem np. Quartery, które ścigają się na dystansie 1/4 mili, czyli 400 m, w 85% są homozygotyczne pod względem „sprinterskiego” genu, tylko 3% tej populacji ma genotyp „dystansowy”. Wśród koni pełnej krwi angielskiej, które biegają na dystansach od 1000 do 2400 m lub więcej (w gonitwach pucharowych) rozrzuć jest równomierny – proporcje między końmi posiadającymi geny „krótko-i długodystansowe” wynoszą mniej więcej 1:1. Mało tego, w USA i Australii liczliwość sprinterów jest wyższa niż w Anglii, ponieważ w USA i w Australii gonitywy krótkodystansowe są wyżej dotowane, a więc i ich zwycięzcy wyżej cenieni. Przewaga genotypów „sprinterskich” jest tam więc wynikiem selekcji. Natomiast 90% koni arabskich jest homozygotami pod względem genu warunkującego predyspozycje dystansowe, podczas gdy tylko 5% – pod względem jego sprinterskiego allela.

A zatem, konie arabskie były i są predysponowane do pokonywania długich

S Num	SNP	Gndr	Beyer	Grd	Dis	Family	DNA Family
85	GG	fe	93	G1	<=7	19	
94	GG	fe	103	G1	<=7	1n	2
99	GG	m	NA	G1	<=7	4r	
112	GG	m	110	G1	<=7	10a	
114	GG	fe	108	G1	<=7	22d	
120	GG	m	115	G1	<=7	9	
123	GG	fe	105	G1	<=7	3l	
131	GG	fe	95	G1	<=7	14c	
134	GG	m	116	G1	<=7	4r	
140	GG	m	114	G1	<=7	22d	
147	GG	m	116	G1	<=7	16g	
150	GG	fe	98	G1	<=7	23b	6?
151	GG	fe	102	G1	<=7	1w	
152	GG	fe	88	G1	<=7	9f	
158	GG	m	116	G1	<=7	2h	
159	GG	fe	99	G1	<=7	19b	
163	GG	m	114	G1	<=7	14c	
166	GG	fe	102	G1	<=7	23b	6?
167	GG	m	116	G1	<=7	3m	
223	GG	m	117	G1	<=7	9b	12
518	GG	m	114	G1	<=7	21	
136	GG	fe	112	G1	<7	3n	
108	GG	m	113	2G1	<=7	12b	
187	GG	m	NA	2G1	<=7	1g	
203	GG	fe	88	2G1	<=7	4c	
206	GG	m	108	2G1	<=7	9c	
258	GG	m	111	2G1	<=7	22b	
205	GG	fe	104	3G1	<=7	18	
207	GG	fe	71	3G1	<=7	5g	

12. Rozkład genów odpowiadających za zdolności sprinterskie w genotypach koni wygrywających lub plasujących się na płatnych miejscach w gonitwach najwyższej rangi / Distance SNP Genotype of G1 winning and placed sprinters

13. Rozkład genów „sprinterskich” w genotypach amerykańskich zwycięzców nagród klasycznych / Distance SNP genotypes in U.S. classic winners

S Num	SNP	Gndr	Beyer	Grd
116	GG	M	109	G1
126	AG	M	109	G1
133	AG	m	102	G1
173	GG	m	110	G1
445	AA	m	NA	G1
447	GG	m	NA	G1
451	AG	m	NA	G1
138	GG	m	112	G1
330	GG	m	114	G1
449	AG	m	NA	G1
456	AG	m	NA	G1
458	GG	m	NA	G1
484	GG	m	NA	G1
498	GG	m	NA	G1
501	AG	m	NA	G1

~ half the Kentucky Derby winners are homozygous for the sprint allele

	GG (Sprinter)	AA (Distance)
Quarter Horse	~85%	~3%
Thoroughbred (US)	~30%	~18%
Arabian	~5%	~90%

14. Rozkład markerów genetycznych odpowiadających za zdolności dystansowe w innych rasach / Distribution of distance gene marker in other breeds

block here. So that concludes what we know about breeds, what we have learned about breeds since my last talk to you in 2004, and I think there is more to come there that will be of great interest.

Now I am just going to cover a couple of areas which relate to my work studying Performance Genetics in Thoroughbreds. Particularly the first one, I think, for racing distance, should be of interest to you. So, I have done a study where I have more

than 1,000 Thoroughbred samples, more than 200 have won Grade 1 or Group 1 races, that means they

are the best Thoroughbred racehorses there are. Only about one in 500 Thoroughbreds becomes a Grade 1 winner, it is a very elite group. We have 18 individuals who won the very best races in America, we have many of the most important stallions in the breed, and so on. I have

analysed this data set in many ways and I want to focus on distance. So we looked at the Grade 1 winners, we looked at these elite racehorses and said ‘Can we find any genetic differences between a horse who can win a race at 7 furlongs and under, and at 8 furlongs to 10 furlongs. We also

SEmen AVAILABLE FOR BREEDING SEASON 2013

MARC

QR MARC - EKSTERNA/EKSTERN



POLISH NATIONAL RESERVE CHAMPION STALLION 2012



Proudly owned by

Photos by Daria Goździalska-Kapelińska



Falborek Arabians

dystansów, często w ekstremalnych warunkach. Tymczasem wczoraj np. odbyły się przynajmniej dwa wyścigi dla arabsów na dystansie 1400 m, jeden na 1200, a najdłuższy, o ile pamiętam, miał 2000 m, a może tylko 1700. Zmuszając araby do biegania na takich dystansach wymagamy od nich czegoś sprzeczniego z ich biologią. W takich warunkach przewagę mają osobniki posiadające genotyp sprinterski lub średnidystansowy, ale nie wytypowalem, jak dotąd, elity arabsów najlepiej przystosowanych pod tym względem. Do jeszcze ciekawszych wniosków można byłoby dojść, gdybyśmy poddali takim badaniom zwierzęta biegające na różnych dystansach, ale

bardzo bym się zdziwił, gdyby poprzednie uogólnienie w innych warunkach się nie sprawdziło. Możliwe, że allele sprinterski pochodzi od koni pełnej krwi, ale nie przypuszczam, aby na tym etapie to miało jakieś znaczenie. Byłyby natomiast technicznie możliwe opracowanie „prawideł wyścigowych”, dopuszczających do udziału w gonitwie tylko osobniki homozygotyczne pod względem genu AA, bo tylko wtedy miałyby one naprawdę równe szanse. Tym, co decydowałoby o zwycięstwie, byłaby normalna zmienność setek innych genów odpowiedzialnych za sprawność fizyczną organizmu. Myślę, że wynikają stąd ciekawe wnioski dotyczące wyścigów dla koni arabskich.

Przejedźmy teraz do piątego najważniejszego punktu mojego wystąpienia. Chciałbym krótko przedstawić problem mapowania cech bardziej złożonych, to znaczy determinowanych przez więcej niż jeden gen. Muszę przy tym wspomnieć o białych odmianach na kończynach. Przepraszać, że przytaczam tu głównie przykłady z dziedziny hodowli koni pełnej krwi, ale mają one także związek z arabami. Wyżej portrety trzech ogierów – założycieli rasy pełnej krwi: Byerley Turk, Darley Arabian i Godolphin Barb. Jak Państwo widzicie, Godolphin Barb miał jedną białą nogę, a Darley Arabian trzy, co oznacza, że odmiany od początku były w tej rasie akceptowane. Powstał nawet „koniarski” wierszyk, który słyszałem kiedyś w Anglii i dotyczył koni pełnej krwi, ale nie wiem, czy nie odnosi się także do arabów:

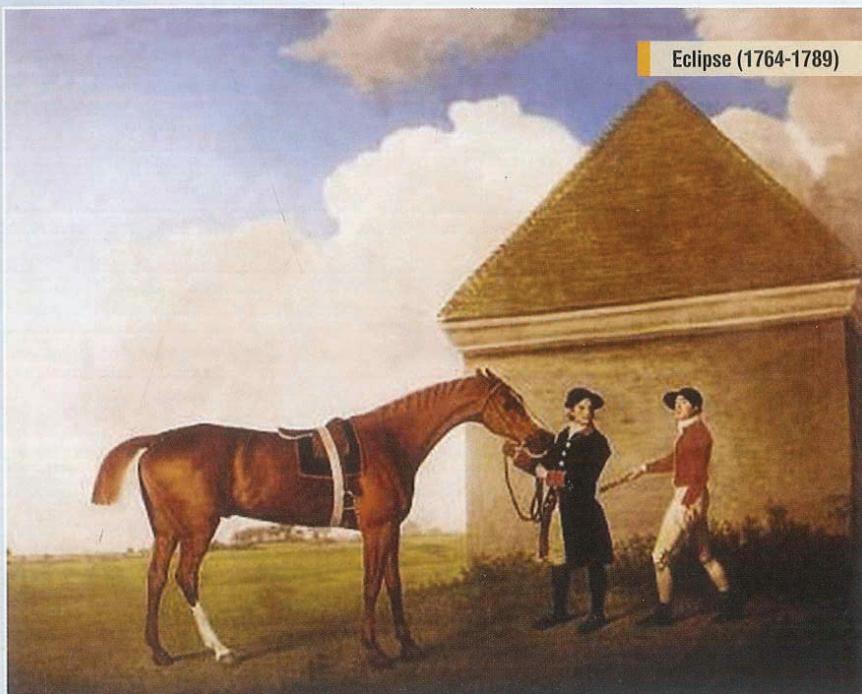
„Jedną nogę ma białą – kupujże go śmialo.

Gdy na dwóch białych chodzi – spróbować nie zaszkodzi.

Gdy i trzecia przypadnie – przyjrzyj mu się dokładnie.

Gdy biale wszystkie cztery – niech idzie do cholery! ”¹

Przypuszczam, że takie przysłowia powstały na bazie słusznego spostrzeżenia, że róg kopytowy na nogach z białymi znaczeniami jest zwykle słabszy niż na nogach bez odmian. Jasne, że posiadając wierzchowca z jedną białą „skarpetką”, miało się większe szanse uniknięcia pro-



15. „One white foot buy him,
Two white feet try him,
Three white feet look about him,
Four white feet do without him.”

looked at 10 furlongs plus. And there was one incredibly strong marker and it was on horse chromosome 18, and the beauty of the sort of system we have now is that we use these markers and if we find a hit, we can use the horse genome sequence to look what gene is immediately underneath it. And in this case, right under the peak, was a gene we call myostatin. This is a muscle enzyme, and in other species such as cattle it is known to have an effect on muscling – there is a cattle breed called the Belgian Blue which has huge muscling, and that it is due to a mutation in the myostatin gene. So it seemed to make sense that sprinters in Thoroughbreds tend to have very large powerful hind-quarters, reflecting more muscle. This gene is also known, it is also known that mutations in this gene can change

the fibre type, so you can get more fast-twitch fibres. So it was a logical gene to find at a place where, in sprinters, to find a gene for the difference between sprinting and staying horses. There are a lot of genes at this locus and I think it is myostatin but I haven't proven it is. The same results have been found by at least two other groups, that this is real. There will be things in performance genetics which are complicated and we think they are true and they may not be true, they may not replicate. This is definitely real.

And what is the effect of this? We looked at 29 Grade 1 winning sprinters, winners and placed horses (slide no. 12). They were all homozygous for, they all had two copies, of the sprint allele. If you wanted to win an elite sprint race, you had to have a particular genotype. In a really simple, clear way, 29 out of 29. You don't get that by chance. If you look at the Classic races, there is a mix. Classic races in the United States are run over a mile and 1/16 up to a mile and a half. And we see about half the horses are still sprinters, and that is in-

teresting (slide no.13). And then the others are the middle distance horses, they are heterozygous, they are an A and G instead of a GG, and then some of them are AA's. The AA's are good for distance racing.

Now you might ask, is this relevant, is this really relevant for Arabian horses? And data has been accumulated (slide no.14) – if we look at the distribution of the mutation in this gene, if we look at Quarter Horses which run a quarter of a mile, 2 furlongs, 85% of those horses are sprinters, they are homozygous sprinters. Only 3% of those have the distance genotype. The Thoroughbred, which runs from 5 furlongs up to a mile and half in top races, and longer in some of the Gold Cups, but the elite horses are running in that 5 furlong to a mile and a half bracket, they are pretty well balanced, the frequency of the sprinting and staying forms of their markers are about 50:50. Another thing which tells you that this is real is that the frequency of the sprinters are more common in the USA and I think in Australia, than they are in England. Sprinting is more valued in the USA and Australia – well, we could get into a discussion about that – but there are countries where sprinters are more valuable, the races for sprinters are more valuable. And this is the ef-

blemów z kopytami, niż kiedy koń miałby ich wszystkie cztery. Na portrecie sławnego wyścigowca ECLIPSE (ryc.15), jednego z najbardziej zasłużonych ogierów pełnej krwi, pędzla Stubbsa, widać wyraźnie jedną wysoką, białą skarpetę – może dlatego ECLIPSE znalazły jednak nabywcę!

W latach 90. ukazał się cykl, skądinąd bardzo dobrych, artykułów niejakiego prof. Woolfa z dziedziny tradycyjnej genetyki, opierającej się na analizie rodowodów. Na podstawie rodowodów koni arabskich badal on mechanizm dziedziczenia białych odmian na kończynach. Nie znam profesora osobiście, chyba nie prowadzi on już badań naukowych, ale te prace były rzeczywiście na wysokim poziomie. Dowiodły w nich, że odmiany na nogach i na głowie nie są determinowane przez jeden gen, lecz przez kilka. I rzeczywiście, odmiany te wywają często asymetryczne. Na przykład wspomniany przed chwilą ECLIPSE miał wprawdzie jedną nogę białą, ale za to trzy maściowe, mimo że komórki we wszystkich

[1] Podobny „koniarski wierszyk” był od wieków znany w Polsce, ale przypisywał poszczególnym odmianom inne znaczenie:

„Jedna biała pęcina – nic niewarta szkapina.
Gdy dwie białe posiada – będzie dobra dla dziada.
Trzy białe pęciny – koń z królewskiej stajni.
A gdy dojdzie i czwarta – poślij konia do czarła!”
Zgodność dotyczy jedynie przypadków wystąpienia wszystkich czterech odmian, co potwierdza inne polskie przysłowie:
„Cztery nogi białe, a piąta lysina – jeśli koń jest dobry,
wielka to nowina!” (przyp. tłum.)

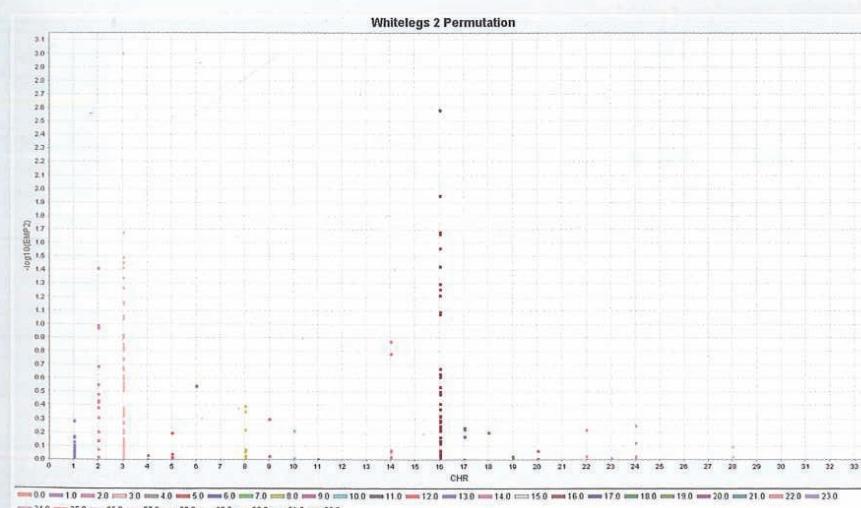


16. Efekt przypadkowości – odmiany u bliźniaczek jednojajowych / Stochastic events - white markings in identical twins / photo courtesy of Prof. Twink Allen

czterech nogach miały taki sam garnitur chromosomalny i ten sam genotyp. Tak właśnie rzeczą się ma z cechami złożonymi – nie tylko genetyka przesądza o tym, czy koń będzie miał kończyny z odmianami czy bez. W pewnej mierze jest to dzieło przypadku, a także wpływ środowiska. Obecność odmian świadczy o braku komórek produkujących pigment, zwanych

melanocytami. Powstają one w trakcie rozwoju zarodkowego i przemieszczają się po całym ciele, poczawszy od rdzenia kręgowego i przenosząc barwnik. A tam, gdzie nie dotrą, powstają odmiany.

Genetyka na tym poziomie może być nieco skomplikowana, więc aby uprościć tę materię – na tym slajdzie (ryc.16) widać dwie klaczki bliźniaczki jednojajowe,



17. Mapy chromosomów 262 koni z odmianami i 147 bez. Na 3 chromosomach zagęszczenie prążków jest statystycznie istotne / All samples (262 with white legs, 147 without). Three chromosomes, ECA2, 3 and 16 have associations with genome wide significance

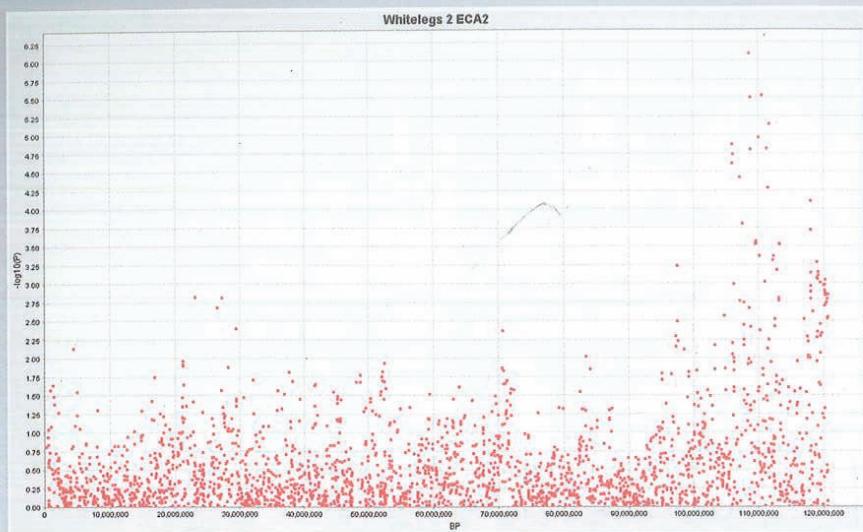
fect of selection, we see more sprinting genotypes.

The interesting thing, I hope, for you is that if we look at the Arabian horse, 90% of them are homozygous for the distance allele. And only 5% of them are homozygous for the sprinting allele. My perspective on the Arabian horse has always been that it is an endurance horse, it is a horse that

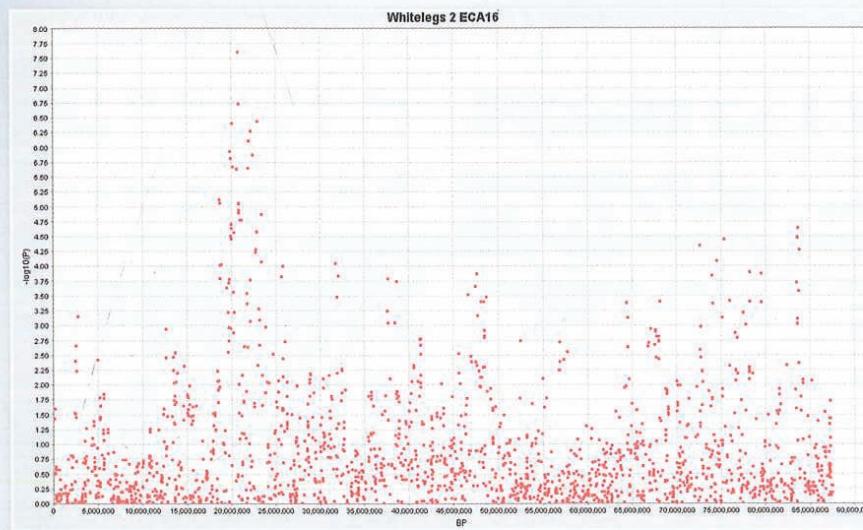
will run long distances and it has very, very special properties of being able to do that under extreme conditions. Yet when we go and look at Arabian racing, last night I think there were at least two 7 furlong races and I think there was a 6 furlong race, and the longest I think was a mile and a quarter, a mile and 1/16 perhaps. My hypothesis would be that the Arabian

horse really is a distance horse and that in racing, racing them over short distances, you are really asking this individual to do something that it is not actually best suited to do. If you are asking it to run 7 furlongs, it is not naturally suited to do that. And the ones who have the sprint genotypes, or the middle distance genotypes, are going to have quite an advantage. Now I have not typed elite winning Arabian horses, it would be very interesting to do racing animals that race over different distances. But I would be very surprised if this finding did not hold up. It may be, we don't know, that the sprinting allele actually was introduced from Thoroughbreds, I don't think it matters at this point. It would be possible to frame a race and say, we will only allow in animals who are, this race is only open to animals who are AA homozygotes, so we have animals competing on a level basis. And the range of other genes, the normal variation of hundreds of genes which contribute to athleticism is what will then determine the winner. So I think there are really interesting implications for Arab horse racing.

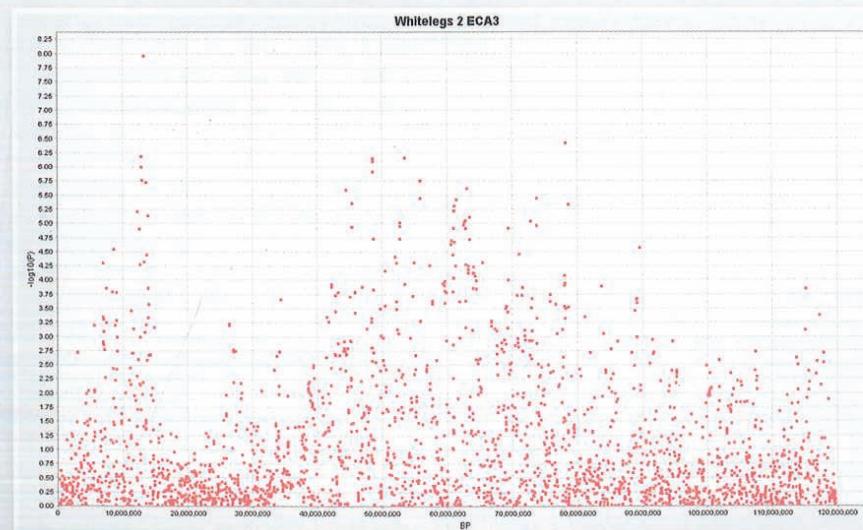
So now I will move on to the fifth topic of my talk. I just want to talk briefly about mapping complex traits. When I say complex traits, these are traits where more than one gene contributes to the trait. And I will



**18. Na tych chromosomach nie widać genów odpowiedzialnych za wystąpienie odmian
No obvious candidate genes in this region of ECA2**



**19. Geny determinujące odmiany występują na pozycjach 20,089,154 – 20,170,128
MITF located at 20,089,154 – 20,170,128**



**20. Geny determinujące odmiany występują na pozycjach 77,730,011 – 77,809,756
KIT located at 77,730,011 - 77,809,756**

wytwarzane w drodze podziału zarodka. Mimo ich identycznych genotypów, jedna siostra ma cztery nogi z odmianami i szeroką lysińę, a druga trzy "skarpetki" i wąską lysińę. A zatem wkradł się tu pewien element przypadkowości! Profesor Woolf określił udział czynników genetycznych w powstawaniu odmian na nogach, na około 68%. Czyli to, czy koń będzie miał białe nogi czy nie, w okolo 2/3 zależy od genów, a w 1/3 od innych czynników, np. środowiskowych. Profesor poczynił na ten temat wiele interesujących obserwacji, np. konie maści kasztanowej mają więcej odmian niż konie inaczej umaszczone. Występowanie znaczeń na niepigmentowanej skórze jest także uwarunkowane płcią, pojawiają się one częściej na kończynach przednich i po lewej stronie niż po prawej. Okazuje się więc, że ten problem stanowi intrigującą zagadkę.

Występowanie białych znaczeń było już obiektem rozległych badań także u innych gatunków ssaków, szczególnie u myszy. Wynikami tych badań posługujemy się w genetyce porównawczej – ten mechanizm został lepiej poznany u człowieka, ten u myszy, a jeszcze inny u psa... Rezultaty, jakie otrzymujemy, są nieraz zaskakujące. Na przykład wiele genów odpowiedzialnych za przekazywanie białych odmian u innych gatunków (najlepszym modelem pod tym względem są myszy), nie występuje u koni. A zatem u koni istnieje zupełnie nowy mechanizm, którego nie udało się wykryć u myszy. Dla genetyka stwarza

just mention a little about white leg markings. Again, I am sorry I deal with the Thoroughbred but the examples are relevant to you. These are the three founding stallions we talked about, the Byerley Turk, the Darley Arabian and the Godolphin Barb. I illustrate them here because, as you can see, the Godolphin Barb has got one white leg, the Darley Arabian has got 3 white legs. So white legs were in this breed right from the beginning. There is also, I don't know if it is a horseman's rhyme that applies to Arabians, but I have heard it in England for Thoroughbreds, and it is this:

"One white foot, buy him.

"Two white feet, try him.

"Three white feet, look well about him.

"Four white feet, do without him."

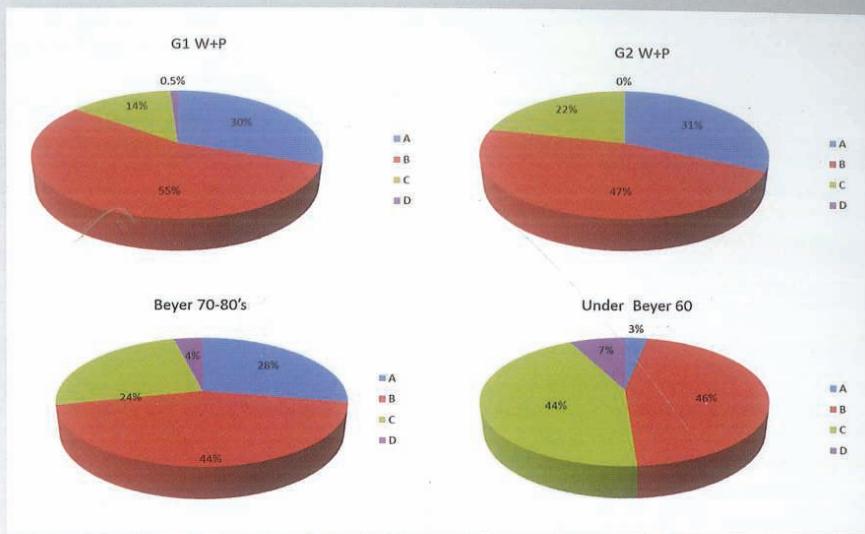
I think the logical basis for that riddle is that the hoof is not going to be as strong in individuals with white feet, and that you might get away with one white foot but by the time you have four white feet, the chances are one of those hooves is going to have a problem. This is a picture by Stubbs of the famous racehorse, Eclipse (slide no:15), and he had one very long white sock – so at least they would have bought Eclipse – he was probably one of the greatest Thoroughbreds.

In the traditional genetics, looking at pedigrees and looking at records of

to nowe wyzwanie – czy potrafię zmapować cechę białych odmian? Stanowią one stosunkowo prosty przykład cechy złożonej (polygenicznej), więc jeśli nie poradzę sobie z tym, jak mógłbym porywać się na mapowanie cechy działalności wyścigowej u koni pełnej krwi? W genetyce nazywamy takie zjawisko „potwierdzeniem reguły” – jeśli nie mogę przeprowadzić jednego dowodu, to nie dam rady i drugiemu.

Wiele genów odpowiadających za umaszczenie zwierząt determinuje także inne cechy (efekt pleiotropowy), w tym czasie także poważne defekty lub choroby. I tak, białe ubarwienie sierści bywa sprzężone z głuchotą, niewydolnością określonych, a czasem może prowadzić do zejścia śmiertelnego. Równocześnie wciąż odkrywamy nowe geny, które mogą wywoływać inne interesujące efekty. W odniesieniu do koni posiadamy bogatą dokumentację fotograficzną. Na zdjęciach dobrze widoczne są nogi, więc możemy stwierdzić, że 262 badane osobniki mają na kończynach biale odmiany, a 147 nie. Przeanalizowalismy te dane i choć nie chciałbym katować Państwa setkami wykresów, spróbuję jednak przemycić ten jeden.

Na slajdzie (ryc.17) mamy porównanie chromosomów koni z białymi odmianami z chromosomami koni nieposiadających odmian. Patrząc od dołu, rozrysowane są chromosomy począwszy od pierwszej pary, aż po 32. Na chromosomie 16 występuje wyraźne zagęszczenie prążków i mamy 3 chromosomy, na których to zja-



21. Rozkład genów determinujących działalność wyścigową koni pełnej krwi angielskiej
Distribution of genetic performance grades

wisko jest statystycznie istotne. Przy obecnym stanie techniki mapowania możemy spojrzeć na każdy chromosom i sprawdzić, jakie geny znajdują się w tych największych zagęszczeniach. Odpowiednie markery oznaczone są czerwonymi kropkami, więc na chromosomie 2 mamy je z obydwóch końców. Nie znajdują się tam jednak geny odpowiedzialne za występowanie białych odmian u jakichkolwiek innych gatunków zwierząt. Natomiast na chromosomie 16, w miejscu, gdzie występuje szczególnie

duże zagęszczenie markerów, znajduje się gen znany pod nazwą MITF, który wykryto u osobników posiadających odmiany. To potwierdza słuszność naszych doświadczeń. Wreszcie, na chromosomie 3 mamy dwa takie zagęszczenia, ale tu sytuacja jest bardziej skomplikowana, bo w jednym znajduje się zidentyfikowany już gen, a w drugim takiego nie ma.

Posiadając tak fantastyczne narzędzia i techniki badawcze oraz tak rozległą bazę danych możemy już z powodze-

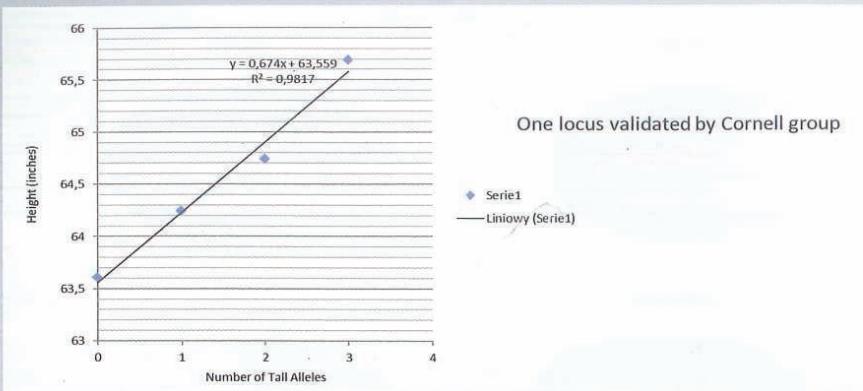
white leg markings, there were a series of really good papers by a gentleman called Professor Woolf in the 1990s. I have never met this man and I presume he is no longer active in this research field, but he did that research using Arabian horse pedigrees and data and they are extremely good papers. He concluded that white coat colour markings, leg markings and also white facial markings, are not caused by a single gene. There are several genes involved. And if you think about it, asymmetry of those markings is common. I just showed you Eclipse, he had one big white leg. He had three coloured legs. All four legs have the same genetic make-up, all the cells in those legs have the same make-up. And this is the kind of thing we see with a complex trait, it is kind of confusing. Genetics does not determine absolutely whether a horse has white legs or not. There is a randomness, there is an effect of environment. And the white legs reflect an absence of the cells that produce colour, cells called melanocytes, they are formed early in embryogenesis and they move through the body, they start in the spinal cord and they spread out and they colour, they produce melanin and the colour. So it is an absence of these cells which gives you the white legs.

Just to really bring home that this level of genetics is slightly confusing, this slide (no.16) shows two identical twin mares, made by embryo splitting. And you can see that this one has four white legs and a fairly broad white facial marking, and her genetically identical sister has three white legs and a much narrower white facial marking. So there is a random element in this. Professor Woolf found that the genetic contribution to white legs was about 0.68. So 7/10 of whether a horse has a white leg is down to genetics, and about 1/3 is down to other environmental factors. There are lots of interesting observations, such as the background colour, whether a horse is chestnut or not – chestnut horses will have more white than non-chestnuts; sex can have an influence on white markings; they are found more frequently on the front rather than the back legs; they are found on the left side more than on the right. It is sort of an intriguing puzzle.

And white markings have been really, really extensively studied in a lot of mammalian species, particularly mice. And we can use and we do use comparative genetics, what is known from man, what is known from mice, what is known from dogs. And it was quite surprising that many of the genes known to give white markings in other species, particularly the mouse, the

best model, did not seem to be involved in the horse. It is quite unusual when we find something new in the horse that has not been found in the mouse. So, I wanted to do a study – again I have this mass of data – can I map white legs? Can I map a complex trait? Because I am trying to map Thoroughbred racing performance, if I can't map white legs as a kind of simple complex trait, I am not going to be able to map racing performance. So it is what we call a Proof of Principle experiment. If I can't do this, I can't do that.

It is also interesting that many of the genes for coat colour have other effects and they can cause some fairly severe diseases. White coat colour can lead to deafness, it can lead to problems with the colon, it can be lethal. So if we do find new genes, they may have other biologically interesting traits associated with them. We had good photos from a lot of horses so we could see their legs, 262 with white legs, 147 without, and we analysed all this data that we got, and this is – I have not shown one of these graphs, I have resisted the temptation to batter you with a hundred genetic graphs, but I thought I would just slip in one (no.17). This is comparing horses with white legs against horses who don't have white legs. Along the



22. Rozkład markerów genetycznych odpowiadających za wysokość w kłębie ogierów Genetic edge: markers for height. Identified two loci associated with male height

niem mapować bardziej złożone cechy (ryc.18, 19, 20). I tak, wiemy już, że na ujawnienie się cechy białych odmian w znacznym stopniu wpływają cztery geny, z których dwa znajdują się na drugim chromosomie, jeden na trzecim i jeden na szesnastym. Działanie dwóch z nich jest wzmacniane przez dwa inne. Oznacza to, że także badanie dziedziczenia działalności wyścigowej, podobnie jak innych złożonych cech koni arabskich, może być uwieńczone sukcesem. Przykładowo ktoś pytał mnie o odpowiednie mechanizmy dotyczące wad kopyt czy wad pokroju. Otóż, rozwój współczesnej technologii umożliwia rozpoczęcie badań w tym zakresie i myślę,

że najbliższe dziesięciolecia przyniosą znaczącą poprawę w dziedzinie zdrowia zwierząt.

Jeśli Państwo pozwola, poświęć chwilę na przedstawienie wyników moich badań nad działalnością wyścigową koni pełnej krwi. Wykryliśmy już wiele markerów odpowiedzialnych za różnice między czolwką każdego rocznika a osobnikami plasującymi się na szarym końcu. Na podstawie tych markerów podzieliliśmy je na grupy A, B, C i D. Niebieskie i czerwone wycinki diagramu kołowego (ryc.21) oznaczają konie, które wygrywały lub zajmowały platne miejsca w wyścigach najwyższej rangi. Jak widzimy, 85% takich koni zalicza się do genetycznych kategorii A i B. Na-

tomiast z grupy koni o słabych wynikach zaledwie ok. 50% kwalifikuje się do tych kategorii. Jest jeszcze grupa D – to konie, które nie mają szans wygrania ważniejszych wyścigów. Jak widzimy, w genetyce cech użytkowych miał miejsce znaczny postęp. Taka sama strategia jest możliwa do zastosowania w wyścigach koni arabskich, trzeba tylko wykonać badania, aby zidentyfikować odpowiednie markery.

Co ciekawe, elita światowych hodowców nie zdaje sobie jeszcze sprawy ze znaczenia badań genetycznych, które tu zaprezentowałem. I tak, na aukcji w Keeneland wiele koni pełnej krwi, które osiągnęły ceny rzędu od 500 000 do miliona dolarów, genetycznie należą do kategorii D, a więc nie mają szans na wygranie wyżej dотowanych gonitw. Ich nabywcy uważają się jednak za znawców przedmiotu i zakwalifikowali te konie na podstawie ich pokroju oraz rodowodów. Chętnie zalożylbym się jednak, że nie ugrają one na torze zbyt wiele! Genetyka daje nam możliwości, jakie innymi sposobami byłby nieosiągalne.

Inną cechą, jaką zajmowaliśmy się, jest wzrost, chociaż nie jestem pewien, czy dla hodowców arabów jest to cecha istotna. Zidentyfikowaliśmy dwa geny determinujące wysokość w kłębie. U ludzi wzrost jest cechą poligeniczną, dotychczas odnaleziono 25 genów odpowiedzialnych za jej poziom, ale jest to zaledwie mały ulamek większej całości. Natomiast u koni pełnej krwi w dużym procencie determinują tę cechę tylko dwa geny, choć są one sko-

bottom is each horse chromosome from 1 all the way up to 32, and these bars are on this chromosome here which is chromosome 16, there is a massive peak. We actually find 3 chromosomes with very strong peaks, which are statistically significant. As I said, we can look at each chromosome and know what gene is underneath it. So what are the markers on chromosome 2? This is one end of chromosome 2, all the way down to the other, each red dot is one of these genetic markers, you can see just the density of information and you can see that the statistical significance of white legs comes up and there is a lot of markers at the end here. There is no obvious gene under there. So whatever in that region is contributing to white legs, has not been found in any other species. On chromosome 16, there is a peak here, and right underneath it, there is a gene called MITF, which has been found to give white markings, that gives you some confidence again that the experiments are working. And lastly, on chromosome 3, there are actually two peaks, it is a complicated one, there is a peak in here where there is a known gene and there is a peak here where there isn't.

So, having these fantastic tools and all this data means we can successfully

map complex traits (slides no.no.18, 19, 20), and in this case white leg markings are largely explained by four genes, one of these on the second chromosome, two on the third and one on the sixteenth. And a couple of those have been validated by other groups. And so it does validate the approach of studying racing performance. It also means that we can study other complex traits in Arabian horses. If you have particular traits, I know somebody was asking me about hoof problems, conformation problems, it does mean that the technology is such that it has opened a door to make many new projects possible. And there should be really significant improvements in health over the next ten years or so.

If you would indulge me for just one minute with this. This is the result of the racing performance study. So we did find a lot of markers which would distinguish between elite Thoroughbred racehorses and very poor racehorses. And so we grade our horses A, B, C and D based on genetic markers. These are the Grade 1 winning and placed horses – if you just look at the blue and the red slices of this pie chart (slide no.21), you can see that in the elite horses, about 85% fall into our top genetic categories. These are

the very poor racehorses under here, and only about 50% of the horses fall into that A, B category. And when we have D horses – D horses can't win the big races. So we have made quite a lot of progress in looking at genetics and performance. If people were interested in finding markers for performance in Arabian horses, for horse racing, the same strategy is available. You would just do the work, and you will get some markers which would help identify some of the better racehorses.

One of the interesting things about these markers for performance is that the best horsemen in the world can't see the genetics that we are picking up. Several of the horses which have sold for \$500,000 to a million dollars at the Keeneland Sale have been genetic 'D' horses which are not going to win elite races, and they have been bought by some very good judges looking at the conformation of the horse, and they had very good pedigrees. But I would be happy to wager those horses won't win good races. So with genetics, we can do things that you can't do any other way, we can find things you can't find.

One of the other traits we looked at – I wasn't sure whether it was commer-

relowane z wieloma innymi. Przy dwóch genach możliwe są cztery kombinacje, ale na tym slajdzie (ryc.22) możecie Państwo zobaczyć, z iloma alleleami „wysokości” są one skorelowane. Jeden z genów, który został zidentyfikowany, był badany także przez zespół dr Samanth Brooks, która ma jutro referat.

Myślę, że w przyszłości będziemy w stanie naprawdę zrozumieć powiązania między różnymi rasami koni, ale uprzedzam, że może przy tym zostać otwarta niejedna puszka Pandory, jeśli np. w koniu, należącym do rasy uważanej za czystą, odnajdziemy nagle odlew pełnej krwi! Dlatego nie radziłbym Państwu zaglądać w rodowody sięgające zbyt daleko wstecz. Na chwilę obecną mogę stwierdzić, że konie arabskie wpisane do ksiąg stadnych są czystej krwi, a poczynając od lat 80. – te, które miały zbadaną grupę krwi, można uważać za mające udowodnione pochodzenie. Osobiście polecambym większą elastyczność, a na przeszłość lepiej spuścić zasłonę milosierdzia.

Sądę także, że niedługo będziemy w stanie zmapować geny determinujące schorzenia i wady o podłożu genetycznym. W chwili obecnej identyfikowane są markery genetyczne odpowiedzialne za dziedziczenie określonych chodów, na przykład u koni poruszających się pięcioma chodami, kuców islandzkich czy Paso Fino. Niektóre z ich oryginalnych cech mają podłożę genetyczne, które jest możliwe do zbadania.

cially interesting to you as Arabian horse breeders – is that we have got a couple of genes for height. And in humans height is a very complicated genetic trait. They have found about 25 genes but that only accounts for a small proportion of the variation in height. In Thoroughbreds, two genes account for a lot of this, there is correlating between the number of genes, if you have two genes you have four possible combinations, four possible ‘tall’ alleles, and you can see here (slide no.22) it is just plotting out the correlation between how many tall alleles you have in the height of the horse and one of these genes we found has also been validated by Dr. Samantha Brooks’ group – she is talking to you tomorrow.

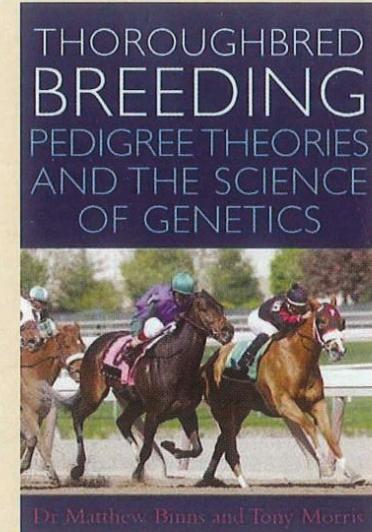
My thoughts on the future are that I think we are going to really, really understand the relationships between different horse breeds. And that might open up some cans of worms, if you really can say that this horse has got a bit of Thoroughbred in it. I would actually encourage you not to look backwards. I would say that horses in the studbook are Arabian horses, horses since the 1980s which were blood-typed have the correct parentage and actually I would say: be inclusive, rather than starting to worry too much about the past.

Na koniec chciałbym podkreślić, że wysoko cenię sobie różnorodność organizmów żywych. Widziałem bardzo dobry filmik nawiązujący do tematyki inżynierii genetycznej u ludzi. Występuje w nim para dyskutantów – mężczyzna i kobieta. Na początku facet wygłasza triumfalnie: „Dzięki projektowaniu genomu człowieka nie będzie już więcej ludzi z wadami genetycznymi!”. „Takich jak Stephen Hawking?“ – replikuje kobieta. „Ale nie byłoby wtedy ludzi chorych psychicznie!“ – poprawia się natychmiast mężczyzna, ale babka nie pozostaje mu dłużna: „Takich jak Vincent Van Gogh?“. „Ani niepełnosprawnych fizycznie!“ – nie ustępuje jej partner. „Takich jak Franklin Delano Roosevelt, który jeździł na wózku?“. W ten sposób kobieta

zbija jego kolejne argumenty, więc gość rozpaczliwie próbuje znaleźć nowe: „I nie-widomych by nie było!“. „Takich jak Stevie Wonder?“. „Ale na pewno nie rodziłyby się ludzie z dysfunkcjami wielonarządowymi!“. „Tacy jak Helen Keller?“. Po tej wymianie zdań partner kapituluje, aby w końcu przyznać: „No cóż, może rzeczywiście płynie z tego jakaś nauka?“ – „Na przykład taka, że każdy medal ma dwie strony!“ – dopowiada kobieta.

Rzecz w tym, że każdy osobnik ma własne, niepowtarzalne geny i należy się dobrze zastanowić, nim któregokolwiek wyeliminujemy. Oczywiście powinniśmy kontrolować sytuację i unikać mnożenia zwierząt z wadami genetycznymi. Nie byłbym natomiast zbyt rygorystyczny w stosunku do nosicieli tych wad.

Nie jestem pewien, czy Państwa zainteresuje mój ostatni slajd (ryc.23), ale przedstawiłem na nim moją książkę, którą napisałem w zeszłym roku razem z Tonym Morrisem. Jest on światowej sławy znawca koni pełnej krwi, a książka nosi tytuł: „Hodowla, rodowody i genetyka rasy pełnej krwi angielskiej“. Zawarliśmy w niej historię rasy, a ja spróbowałem omówić schematy kojarzeń stosowane przez hodowców koni pełnej krwi i zbadać je pod kątem naszej współczesnej wiedzy genetycznej. Myślę, że wiadomości te byłyby interesujące również dla hodowców i miłośników koni arabskich. Bardzo dziękuję Państwu za uwagę.



23. „Hodowla, rodowody i genetyka rasy pełnej krwi angielskiej“

I think we will be able to map some really interesting diseases, complex diseases. People are already finding genetic markers for some of the gaits, you know the 5-gaited horses like the Icelandics and the Paso Finos. There are genetics underlying some of those really interesting horse traits that are now amenable to study.

I have told you how much the price has come down for sequencing the whole genome. I think it will be common, perhaps in five years' time, that many of you in this room will have had the sequence of your horse available, and have a very good idea then of certain characteristics of it. What it is particularly suited to do.

The last thing I will say, just to reiterate, is that I would cherish diversity. And there is a very good cartoon related to human genetic testing, and the guy on the top is saying “Possible outcome of the Human Genome Project? No more genetically imperfect people!“ and the lady replies “Like Stephen Hawking?“ He says “Well, no more depressed people!“ She replies “Like Vincent Van Gogh?“ He says “Well,

no more physically challenged people“ and she replies “Like Franklin D Roosevelt, in his wheelchair?“ So he says, “Well, no more blind people!“ and she says “Like Stevie Wonder?“ And he says “Well, no more people with multiple handicaps!“ and she replies “Like Helen Keller?“ In the last exchange, he says “Well, maybe there's a lesson here“. And she replies “Like – ‘there's two sides to every coin?’“

There are wonderful genes and variants in every individual. We should be careful of excluding any individual. We should manage the situation and I am sure there will be discussions, we should avoid producing animals with genetic defects, the actual disease. But I would not be too hard on the carrier individuals.

My last slide (no.23) is, if any of you have found this interesting, I wrote a book last year with a guy called Tony Morris, who is one of the world experts on Thoroughbred horses. “Thoroughbred Breeding: Pedigree Theories and the Science of Genetics“. We covered the history of the Thoroughbred horse and I dealt with the breeding systems that have been used by breeders and tried to analyse it in genetic terms, what we know about genetics. I think it will have some relevance for those of you interested in the subject of Arabian horses. Thank you very much.