



Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego

w Warszawie

Instytut Nauk o Zwierzętach

mgr inż. Weronika Klecel

**Struktura populacji
oraz ocena pokroju i ruchu
koni arabskich czystej krwi**

Population structure and the assessment
of the conformation and movement
of Purebred Arabian horses

Rozprawa doktorska

Doctoral thesis

Rozprawa doktorska wykonana pod kierunkiem
dr hab. Elżbiety Martyniuk, prof. SGGW
Katedra Genetyki i Ochrony Zwierząt

Promotor pomocniczy:
dr Wioleta Drobik

Warszawa, 2024 r.

Oświadczenie promotora rozprawy doktorskiej

Oświadczam, że niniejsza rozprawa została przygotowana pod moim kierunkiem i stwierdzam, że spełnia warunki do przedstawienia jej w postępowaniu o nadanie stopnia naukowego doktora.



30 września 2024 r

Czytelny podpis promotora

Oświadczenie autora rozprawy doktorskiej

Świadoma odpowiedzialności prawnej, w tym odpowiedzialności karnej za złożenie fałszywego oświadczenia, oświadczam, że niniejsza rozprawa doktorska została napisana przez mnie samodzielnie i nie zawiera treści uzyskanych w sposób niezgodny z obowiązującymi przepisami prawa, w szczególności z ustawą z dnia 4 lutego 1994 r. o prawie autorskim i prawach pokrewnych (tj. z dnia 28 października 2022 r., Dz.U. z 2022 r. poz. 2509 ze zm.).

Oświadczam, że przedstawiona rozprawa nie była wcześniej podstawą żadnej procedury związanej z uzyskaniem stopnia naukowego doktora.

Oświadczam ponadto, że niniejsza wersja rozprawy jest identyczna z załączoną wersją elektroniczną.

Przyjmuję do wiadomości, że rozprawa doktorska poddana zostanie procedurze antyplagiatowej.



30 września 2024 r.

Czytelny podpis autora rozprawy

Podziękowania

Pani Profesor Elżbiecie Martyniuk dziękuję za wszystko – nieocenione wsparcie, wyrozumiałość, kibicowanie każdemu pomysłowi i nie do opisania ponadprzeciętne zaangażowanie. Nie mogłabym wymarzyć sobie lepszego promotora.

Praca ta nie powstałaby także bez prof. Samantha Brooks z University of Florida, która wskazywała rozwiązania nierozwiązywalnych problemów i niejednokrotnie pomagała wyjść ze ślepych zaułków.

Dziękuję również wszystkim z Katedry Genetyki i Ochrony Zwierząt za życzliwość, przyjaźń i dobrą radę. Szczególne podziękowania kieruję do dr Marty Gajewskiej, prof. Joanny Gruszczyńskiej, dr Marty Kloch i dr Marleny Wojciechowskiej. Dziękuję także prof. Marcinowi Gołębiowskiemu, który jako dyrektor INZ wykazywał ogromne wsparcie i zrozumienie dla moich planów i pomysłów.

Ponadto do mojego akademickiego rozwoju w ogromnym stopniu przyczynili się (i przyczyniają nadal): dr Maria Górna, prof. Ludovic Orlando, dr Xuexue Liu, dr Annik Gmel, dr Jaime Lira, dr Wioleta Drobik, dr hab. Monika Stefaniuk-Szmukier i prof. dr hab. Katarzyna Ropka-Molik. Dziękuję również wszystkim pozostałym członkom grup badawczych prof. Brooks i prof. Orlando oraz całej społeczności Havemeyer Equine Genome Workshop. Profesor Barbarze Wallner z Wiedeńskiego Uniwersytetu Weterynaryjnego oraz dr. Hassanowi Alhaddadowi z Uniwersytetu w Kuwejcie dziękuję ponadto za zgodę na wykorzystanie ich ilustracji w niniejszej pracy.

Podziękowania kieruję także do moich mentorów ze środowiska hodowlanego – pani Anny Stojanowskiej, pani Magdaleny Helak-Kulczyńskiej i pana Jerzego Białoboka.

Wreszcie dziękuję mojej Rodzinie i Przyjaciołom, a szczególnie mojej Mamie Oldze Klecel, za cenne uwagi na etapie redagowania niniejszej dysertacji.

Spis treści

Summary	9
Wstęp	15
Przegląd piśmiennictwa	17
Historia rasy	17
Początki użytkowania koni na Półwyspie Arabskim. Czasy przed islamem	17
Koń w starożytnym Egipcie	19
Koń w pierwszych wiekach islamu	21
Koń orientalny w nowożytnej Europie	24
Koń arabski w XX i XXI wieku	34
Kierunki użytkowania współczesnej populacji i organizacja pracy hodowlanej	40
Geograficzne rozmieszczenie populacji	40
Organizacje hodowlane i redakcje ksiąg stadnych	41
Zmiany w pokroju, typy i kierunki użytkowania	43
Obecne cele hodowlane i wzorce rasy	46
Struktura populacji	60
Informacje rodowodowe	60
Badania z użyciem narzędzi genomowych	62
Jednorodzielskie markery pochodzenia	65
Metody oceny wartości fenotypowej	70
Pokazy i czempionaty	70
Eksperymentalne metody fenotypowania ruchu i pokroju	82
Cele, zakres pracy i hipotezy badawcze	91
Hipotezy badawcze:	91
Części badawcze pracy	92
Struktura populacji	92
Materiał i metody	92
Wyniki	98
Dyskusja	110
Zależności między ocenami na pokazach i wpływ czynników środowiskowych na ocenę .	117
Materiał i metody	117

Wyniki	121
Dyskusja	139
System fenotypowania ruchu i pokroju z użyciem głębokiego uczenia.....	145
Materiał i metody.....	145
Wyniki	153
Dyskusja	171
Podsumowanie i wnioski	178
Weryfikacja hipotez.....	178
Wnioski i rekomendacje	179
Bibliografia.....	181
Aneks.....	195
Wykaz skrótów	195
Wykaz rycin.....	198
Informacje uzupełniające do części „Struktura populacji”.....	202
Informacje uzupełniające do części „Zależności między ocenami na pokazach i wpływ czynników środowiskowych na ocenę”	218
Informacje uzupełniające do części „System fenotypowania ruchu i pokroju z użyciem głębokiego uczenia”	224
Struktura danych wejściowych.....	224
Czyszczenie danych.....	225
Filtrowanie danych	227

Summary

The Purebred Arabian horse, one of the oldest and most influential breeds in history, has changed significantly from its ancient origins on the Arabian Peninsula. Initially revered as an exceptional warhorse, it has transitioned over centuries to become a cherished pet, show horse, and racehorse. Poland has maintained a special relationship with the Arabian horse since at least the 16th century, with Polish-bred Arabians playing a substantial role in shaping the modern global breeding stock. Despite experiencing several potential bottleneck events, notably during the World Wars, it has been speculated that today's population, although numerous, may suffer from a substantial loss of genetic diversity. There is a particular emphasis on preserving and continuing specific sirelines and damlines originating from renowned founders.

Modern Arabian horse breeding focuses significantly on enhancing certain conformational and kinematic features assessed in “in hand” halter shows and championships. Horses are evaluated by numerical scores in five main categories: type, head and neck, body and topline, legs, and movement. While this method is attractive to audiences and straightforward to understand, it may lack essential precision and be potentially affected by various environmental factors.

This dissertation aimed to assess the population structure and genetic diversity of modern Arabian horse populations, identify factors affecting scores at halter shows, and develop a new precision phenotyping method for evaluating conformation and movement.

To achieve the first goal, pedigree analysis was conducted on 1,498 modern Polish Arabian horses and their 11,065 ancestors dating back to the 17th century, calculating measures of pedigree quality, genetic diversity, and ancestor and founder influence. A phylogenetic meta-analysis of 896 mitochondrial DNA sequences from GenBank was performed to assess maternal interconnections among different subpopulations.

Factors hypothesized to affect halter show scoring were examined, including the relationship between scores in one category and another, and various environmental and fixed factors such as the country of origin, the country represented at the show, judges' experience and origin, coat color, and sex. A precision phenotyping method was developed using computer vision and markerless tracking systems, specifically employing the DeepLabCut software package. The model created can calculate any length and angle in the horse's body, as well as basic kinematic measurements like the duration of a single stride.

The pedigree analysis revealed that Polish Arabian horses have pedigrees of high quality and depth, with full generations equivalent reaching 11.9 – one of the highest reported in any breed. Surprisingly, no notable loss of genetic diversity was found after World War II, despite it being proposed as a bottleneck event. The total calculated loss of genetic diversity due to the bottleneck effect reached 11.8%. The inbreeding level fluctuated throughout generations, but the value for the reference population – 0.058 – is consistent with those reported for other modern populations and breeds. Moreover, the modern population was traced back to 15 sireline founders and 48 damline founders, compared to the 8 sirelines and 15 damlines listed in the Polish Breeding Program.

The phylogenetic analysis of mitochondrial DNA sequences revealed a high level of inaccuracy and potential errors in previously deposited and published mtDNA fragments. After removing inconsistent sequences, minimal genetic variation was observed among 762 sequences from various horse breeds. Distinct clusters were identified for horses of Iranian origin, including Caspian and Arabian horses, Indian Manipuri horses, Kazakh Kushum horses, Akhal-Teke horses, and North Iberian breeds. Notably, several Arabian horse sequences from Egypt, Poland, and Argentina did not cluster with the main groups, indicating potentially unique maternal lineages.

Statistical analysis of judges' scores in horse evaluations revealed very low variability among judges, with scores ranging from 14.5 to 20 despite the available 20-point scale. The “legs” category received notably lower scores (mean = 15.797) and never achieved a perfect score of 20. Stallions exhibited significantly higher variability in scores than mares in four out of six categories, and older horses showed the highest score variability overall.

Correlation analysis indicated that the total score was most strongly correlated with the scores for type ($r = 0.907$) and head and neck ($r = 0.816$). Scores for body and topline and movement had moderate correlations with the total score, while the “legs” category showed a weak correlation. The influence of conformation components on the score for type revealed that head and neck had a strong, highly significant impact, while body and topline and movement had significant but minimal effects; legs had no significant impact. No differences were observed between sexes and age classes in this regard.

In examining factors affecting the scores, it was found that in the junior classes, three-year-olds scored slightly higher than two-year-olds in categories of type, head and neck, and total score, with statistically significant differences. In senior horses, the greatest variability in

scores for type, head and neck, and movement was observed in those aged 4–5 years, while horses aged 11 years and older exhibited the least variability. Significant differences were found among coat colors, particularly in scores for type, head and neck, and body and topline. Judges tended to prefer grey and bay horses over chestnut and black, with bay horses receiving higher scores for body compared to other coat colors.

The analysis also revealed that the breeder's and owner's country significantly affected the scores. Horses representing the United Arab Emirates, Australia, South Africa, and Switzerland received higher average scores, especially in type, head and neck, and total score. In contrast, horses from Austria, Belgium, France, Germany, and Italy received the lowest scores. Polish horses were positioned in the middle among countries represented in the dataset, exhibiting one of the highest variabilities in all scored categories.

Judges' nationality and level of experience had a significant impact on scoring. Judges from Argentina and Australia tended to award higher average scores, while those from Austria gave lower scores. Judges from the B list awarded generally higher scores with less variability, whereas judges from non-ECAHO (European Conference of Arab Horse Organizations) countries exhibited the greatest variability in scoring. These findings suggest that both the origin and experience level of judges influence the evaluation of phenotypic traits in horses.

An analysis of variance revealed a significant paternal influence on all judged traits and a significant maternal influence on all traits except legs. Estimated heritability coefficients were high for type, head and neck, and legs; moderate for the total score; and low for body and topline and movement. In predicting future show scores based on catalog information, the Random Forest model achieved the lowest mean squared error and highest R^2 values, slightly outperforming the XGBoost model. All models predicted scores for type, head and neck, and movement with good accuracy but showed poor predictive performance for body and topline and legs. The most informative predictors – more informative than the identity of the assessed horse itself – were the name of the judge, judge's country of origin, and show year; surprisingly, the lowest weights were assigned to handler, sex, and show category.

The evaluation of the trained neural network for precision phenotyping of Arabian horses demonstrated high accuracy, with a mean Euclidean error of 7.8 pixels (0.601%) in landmark detection. Analysis of scaled Euclidean lengths revealed minimal variability in the lengths of the pasterns, the shortest measured segments. The largest lengths—four to five times greater than the reference humerus length—were observed in total body lengths measured from the

shoulder or atlanto-occipital joint to the sacrum. Most body measurements were moderately positively correlated, with the strongest correlations among lengths comprising the horse's topline.

Significant differences between sexes were found in most scaled body lengths; mares exhibited significantly higher proportions relative to humerus length in the body region. Age-related differences were notable in limb proportions: yearlings had significantly longer pasterns and limb segments relative to the humerus compared to older horses. Conversely, older horses showed increased proportional lengths of the scapula and the segment from the 12th thoracic vertebra to the humerus. Principal component analysis identified five components explaining 74.35% of the total variability, revealing key patterns among body measurements.

Joint angle analysis showed that the femorotibial and hip joints exhibited the smallest measures of central tendency and the lowest maximum angulation values, indicating limited variability and specific functional constraints in these joints. Conversely, the fetlock joints showed the highest mean and maximum angle values, reflecting their essential role in providing a greater range of motion necessary for efficient locomotion. The angle representing the horse's topline – formed by the withers, the twelfth thoracic vertebra, and the sacral tuberosity – averaged around 180 degrees, aligning with ideal conformation standards, although individual variations were notable.

Correlation analysis uncovered significant relationships among joint angles. The lumbosacral joint angle had negative correlations with adjacent joints, specifically the sacroiliac joint and the hip joint, as well as with the scapulohumeral joint in the forelimb. Positive correlations were observed between the hip and femorotibial joints and between the femorotibial and hock joints, suggesting coordinated movement patterns within the hind limb. The scapulohumeral joint also showed positive correlations with hind limb joints, indicating interconnected biomechanical relationships between the forelimb and hind limb.

Significant differences were identified between sexes and age groups. Mares exhibited different mean angle values in the atlanto-occipital joint, withers, back line, croup line, scapulohumeral joint, and sacroiliac joint compared to stallions. Age-related changes included a decrease in the mean angle of neck set and back line with advancing age, as well as slight decreases in angulation of the scapulohumeral, elbow, carpal, and hock joints. The range of motion in certain joints, such as the elbow and hock, varied with age and sex, with older stallions exhibiting a reduced range in the hock joint.

In conclusion, the modern Polish Arabian horse population maintains high genetic diversity and pedigree depth, suggesting that effective historical breeding practices have mitigated the impact of occurred bottleneck events. The mitochondrial control region points more to the existence of multi-breed cluster rather than to the uniqueness of specific Arabian maternal lines, but separate branches identified in the consensus tree need further investigation. Halter show scores are significantly influenced by non-genetic factors such as judges' nationality and experience, coat color, and country of origin, indicating potential biases in the evaluation system. High heritability in key traits like type, head and neck, and legs suggests that these characteristics can be effectively selected for in breeding programs to improve desired qualities. The developed computer vision-based method provides accurate, objective measurements of conformation and movement, offering a valuable tool to complement traditional scoring.

For the future, it is recommended to implement regular genetic monitoring using both pedigree and molecular data to ensure the preservation of genetic diversity and health within the population. Incorporating precision phenotyping into standard evaluation practices can reduce subjective biases and enhance the accuracy of conformation and movement assessments. Developing and enforcing standardized guidelines and training for judges can minimize variability and biases linked to nationality and experience. Acknowledging and addressing environmental factors influencing show scores, such as preferences for certain coat colors or origins, can foster fairness in evaluations. Providing resources and training to breeders and owners on the importance of genetic diversity, objective assessment methods, and the impact of non-genetic factors on performance is essential. Encouraging further research into the genetic basis of conformation and movement traits, utilizing technologies like genomics and advanced computer vision, will inform and improve breeding decisions. By adopting these recommendations, the Arabian horse breeding community can enhance genetic diversity, improve evaluation accuracy, and ensure the breed's continued excellence and legacy.

Wstęp

Koń czystej krwi arabskiej, jedna z najstarszych i najbardziej wpływowych ras na świecie, wywodzi się z Półwyspu Arabskiego, gdzie był hodowany przez Beduinów w surowych warunkach pustynnych. Ceniony za niezwykłą wytrzymałość i oddanie wobec człowieka, przez stulecia służył jako koń wojenny, niejednokrotnie wpływając na losy cywilizacji, a także przyczyniając się do powstania wielu innych ras.

W Polsce historia konia arabskiego sięga XVI wieku, a już w wieku XIX polscy hodowcy byli uznawani za jednych z najlepszych na świecie. Polskie konie arabskie odegrały kluczową rolę w kształtowaniu światowej populacji tej rasy. Współcześnie stadniny takie jak Janów Podlaski i Michałów są znane na całym świecie ze swoich ponadprzeciętnych osiągnięć hodowlanych.

Historia polskiego konia arabskiego jest jednak naznaczona trudnościami. Obie wojny światowe spowodowały ogromne straty w pogłowie koni, zniszczenie stadnin i przerwanie cennych linii hodowlanych. Efekty wąskiego gardła mogły zmniejszyć zmienność genetyczną polskiej populacji, wpływając na różnorodność genetyczną i zdrowie współczesnych koni arabskich w Polsce.

Obecnie hodowla koni arabskich czystej krwi jest prowadzona bardzo zachowawczo. W przeciwieństwie do innych ras nie wykorzystuje się nowoczesnych metod genetycznych, takich jak selekcja wspomagana markerami. Markery molekularne (sekwencje mikrosatelitarne) służą jedynie do kontroli pochodzenia. Polski program hodowlany skupia się na zachowaniu specyficznych linii ojcowskich i matecznych, wywodzących się od słynnych założycieli. W dobie badań genomowych zasadność takiej strategii można zweryfikować przy użyciu markerów jednorodzielskich, jak haplotypy chromosomu Y czy sekwencje mitochondrialnego DNA.

W doskonaleniu cech fenotypowych hodowla koncentruje się przede wszystkim na dwóch kierunkach: wyścigowym i pokazowym. Kierunek wyścigowy skupia się na szybkości i wytrzymałości, a wyniki wyścigów wpływają na ocenę fenotypową. Kierunek pokazowy doskonali cechy pokroju i ruchu, oceniane podczas pokazów w ręku. Chociaż metoda ta jest atrakcyjna i łatwa do zrozumienia dla publiczności, pod znakiem zapytania stoi jej precyzja, a także wielkość wpływu czynników środowiskowych na ostateczny wynik. Oprócz „klasycznych” czynników środowiskowych, takich jak warunki pogodowe, podłoże, doświadczenie prezentera czy nawet kolejność prezentacji, potencjalnie istotne są również

czynniki związane z krajem reprezentowanym przez właściciela czy krajem wpisu do księgi stadnej. Ponadto, subiektywność ocen może prowadzić do niejednorodności wyników między różnymi pokazami i sędziami.

Istnieje pilna potrzeba głębszego zrozumienia struktury populacji i zróżnicowania genetycznego współczesnych polskich koni arabskich. Analiza rodowodowa pozwoli nie tylko na ocenę obecnego stanu, ale także na zidentyfikowanie potencjalnych zagrożeń związanych m. in. z kojarzeniem w pokrewieństwie. Zdefiniowanie zależności między różnymi liniami żeńskimi na podstawie genomu mitochondrialnego może dostarczyć cennych wskazówek do planowania strategii hodowlanych.

W dalszej kolejności, identyfikacja czynników wpływających na oceny podczas pokazów może przyczynić się do udoskonalenia tego systemu ewaluacji. Zrozumienie, w jakim stopniu zależności między ocenami cząstkowymi, a także czynniki środowiskowe wpływają na wyniki pozwoli na wprowadzenie korekt i zwiększenie obiektywności ocen.

Rozwój nowych metod fenotypowania z wykorzystaniem nowoczesnych technologii, takich jak analiza obrazu czy uczenie maszynowe, może zrewolucjonizować ocenę pokroju i ruchu koni. Takie narzędzia umożliwią obiektywną i precyzyjną ocenę cech fenotypowych, eliminując ograniczenia tradycyjnych metod. Wdrożenie tych technologii pomoże precyzyjniej zdefiniować kryteria selekcyjne, a co za tym idzie znacząco przyspieszyć postęp hodowlany.

Celem niniejszej pracy są: zbadanie struktury i zmienności genetycznej populacji koni arabskich (ze szczególnym uwzględnieniem populacji polskiej) z wykorzystaniem analiz rodowodowych i analizy sekwencji genomu mitochondrialnego, identyfikacja czynników wpływających na wyniki pokazów oraz opracowanie nowych metod fenotypowania przy użyciu zaawansowanych technik widzenia komputerowego.

Realizacja tych celów może przyczynić się do poszerzenia wiedzy o hodowli koni arabskich w Polsce i na świecie, dostarczyć cennych narzędzi dla hodowców i stać się podstawą do dalszych badań naukowych. Badania te mają szansę umożliwić lepsze zrozumienie struktury genetycznej populacji, identyfikację kluczowych czynników wpływających na ocenę koni oraz wprowadzenie innowacyjnych metod oceny, co przyczyni się do dalszego rozwoju i doskonalenia tej rasy.

Przegląd piśmiennictwa

Historia rasy

Udomowienie konia miało miejsce około 3500 lat p.n.e. w regionie dolnej Wołgi i Donu (Librado i in., 2021), a około 2200 lat p.n.e. gatunek ten zaczął pojawiać się w całej Eurazji (Librado i in., 2024). Z dużym prawdopodobieństwem można przyjąć hipotezę, że pierwsze udomowione konie miały raczej krępą budowę ciała, duży udział procentowy tkanki limfatycznej i krótkie kończyny. Przemawiają za tym: źródła ikonograficzne, takie jak np. rysunki naskalne (Robb, 2020), badania morfometryczne kości odnajdowanych na stanowiskach archeologicznych (Olsen, 2006), fakt, że konie były używane do ciągnięcia rydwanów, zanim zaczęto ich dosiadać (Drews, 2004), wreszcie badania genomowe (Liu i in., 2022). Taki fenotyp nie sprzyjał funkcjonowaniu w gorących, pustynnych warunkach Afryki Północnej i Półwyspu Arabskiego. Niewykluczone więc, że gdy udomowione konie dotarły do tych regionów, adaptacja środowiskowa i selekcja zbliżyły je do fenotypu dzisiejszej rasy arabskiej. W epoce średniowiecza konie z Półwyspu Arabskiego odegrały znaczącą rolę w konkwiście, a następnie w podbojach Imperium Osmańskiego. Sukcesy wojsk używających koni orientalnych doprowadziły do szybkiego wzrostu popularności typu orientального w krajach europejskich. Na przełomie XIX i XX wieku, jako jedna z pierwszych, rasa arabska uległa pełnej globalizacji, do dziś pozostając jedną z najpopularniejszych ras koni na świecie.

Początki użytkowania koni na Półwyspie Arabskim. Czasy przed islamem

Na Bliskim Wschodzie początki kultury pasterskiej, związanej z wykorzystywaniem udomowionych zwierząt, datowane są już na okres neolitu ceramicznego (6000–5500 p.n.e.) (Arbuckle i Hammer, 2019). Bydło, owce i kozy dotarły na Półwysep Arabski najpóźniej z kulturą Ubaid (5300–4000 p.n.e.) (Crassard i Drechsler, 2013; Makarewicz, 2020). Konie pojawiły się jednak najprawdopodobniej znacznie później, dopiero we wczesnej epoce brązu (3000–2500 p.n.e.) (Arbuckle i Hammer, 2019), już jako gatunek udomowiony. Ścisłe zaś związki konia i wielbłąda z kulturą pasterską południowo-zachodniej Azji można wykazać dopiero w drugim tysiącleciu p.n.e., kiedy to nastąpił wzrost znaczenia wędrownych plemion pasterskich. Plemiona te przemierzały pustynie od Egiptu po Syrię, trudniąc się głównie hodowlą kóz, a od pierwszego tysiąclecia przed naszą erą – także wielbłądów.

To właśnie wielbłądy (początkowo baktriany, a następnie dromadery) były głównym środkiem transportu wędrownych pasterzy. W owym czasie byli oni prawdopodobnie jednym z nielicznych ludów południowo-zachodniej Azji, które opanowały sztukę jeździectwa.

Sprawiło to, że po wynalezieniu wygodnego siodła na wielbłądy około 850 r. p.n.e. (Franz, 2011), co za tym idzie zwiększeniu sprawności poruszania się wierzchem, pasterze ci zaczęli zajmować się także ochroną lokalnych władców, dzięki czemu zdobyli znaczącą pozycję w społeczeństwie. W tamtym czasie w językach akadyjskim, aramejskim, perskim i łacińskim notuje się pierwsze użycie różnych wariantów prasemickiego tematu ‘-r-b, używanego wyłącznie na określenie ludów z północno-wschodniej części Półwyspu Arabskiego trudniących się chowem wielbłądów oraz ochroną możnowładców (Macdonald, 2009). Wkrótce znaczenie zbudowanego na tym temacie słowa „Arab” rozszerzyło swoje znaczenie na wszystkich mieszkańców regionu, a wędrowni pasterze chroniący możnowładców zaczęli być nazywani Beduinami¹. Precyzyjne określenie okresu, w którym Beduini nauczyli się jazdy konnej i zaczęli korzystać z koni na szeroką skalę, pozostaje nierozwiązanym problemem. Jeden z tradycyjnych beduińskich przekazów, zapisanych w XIV-wiecznym manuskrypcie *حليّة الفرسان و شعاع الشجعان* („Poezja miecza”) autorstwa Alego ibn ‘Abda al-Rahmana mówi, że zarówno umiejętność jazdy konnej, jak i same konie przyszły z południa, z terenów Jemenu, a pierwszym człowiekiem, który udomowił konia był Izmael, syn Abrahama, który żył ok. 1900–1700 lat p.n.e. Przekaz ten można traktować jedynie anegdotycznie, chociaż chronologicznie odpowiada pierwszym przekazom o budowie tamy Ma’arib, która spowodowała masową migrację plemion z południa na północ (Ulrich, 2008).

Mimo że dromadery pozostawały głównym środkiem transportu Beduinów, konie sprawdzały się lepiej podczas tzw. *ghazw* (غزو), czyli napadów na sąsiednie plemiona. Napady te były zazwyczaj bezkrwawe, a ich głównym strategicznym elementem był efekt zaskoczenia, który dużo łatwiej było wywołać poruszając się konno niż na wielbłądzie (Lankila, 2013). Stąd też szybkie i zwinne konie szybko zysały popularność wśród Beduinów i stały się nieodłącznym elementem każdego obozowiska.

Jeżeli chodzi o aspekt hodowlany, dla Beduinów niezwykle ważne było stosowanie zasady nazywanej *asil*, polegającej na zachowywaniu „czystości krwi” (Alshammari, 2017). Z przekazów plemion z regionu Nejd (środkowy Półwysep Arabski) wiemy, że woleli oni

¹ Słowo „Beduin” wywodzi się od arabskiego terminu *badawī* (بدوي), który jest rzeczownikiem utworzonym od rdzenia *badā* (بدا), oznaczającego „żyć na pustyni” lub „wędrować po pustyni”. Termin *badawī* zasadniczo odnosi się do kogoś, kto „należy do pustyni”. Liczba mnoga *badawī* to *badw* (بدو), która jest często używana w odniesieniu do koczowniczych plemion pustyni.

skojarzyć klacz z ogierem o „dobrym” rodowodzie, ale gorszej prezencji niż z pięknym osobnikiem bez wyróżniającego się pochodzenia (Olsen i Culbertson, 2010). Beduini wierzyli również w zjawisko telegonii. Hodowlę prowadzono głównie na podstawie linii żeńskich, nazywanych najczęściej od charakterystycznych cech fenotypowych (np. nazwę linii *‘Abayyan* można przetłumaczyć dosłownie jako „wysoko podniesiony ogon”). Koń tracił status *asil*, jeżeli w jego rodowodzie znalazł się osobnik nienależący do tradycyjnie wyróżnianych linii (*rasan*) i sublinii (*marbatt*) żeńskich (Machmoum i in., 2023). Wydaje się więc, że paradoksalnie pierwsze świadome próby hodowlane na Bliskim Wschodzie oparte były raczej, używając dzisiejszej terminologii, na analizie rodowodowej niż na dążeniu do doskonalenia wybranych cech fenotypowych.

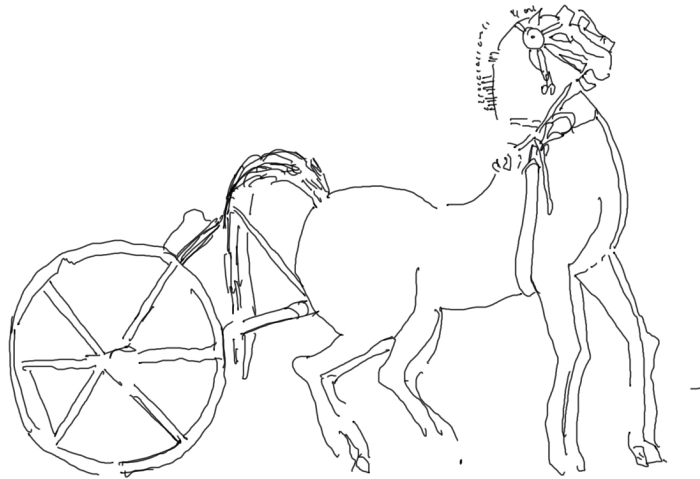
Koń w starożytnym Egipcie

Konie dotarły do Egiptu najprawdopodobniej z przedstawicielami azjatyckiej dynastii Hyksos, która rządziła Egiptem podczas Drugiego Okresu Przejściowego jako XV dynastia (1650–1550 p.n.e.) (Anthony, 2012; Rommelaere, 1991). Należy jednak zaznaczyć, że dynastia Hyksos nie przejęła rządów w Egipcie w wyniku inwazji militarnej – w której konie odgrywałyby zapewne kluczową rolę – lecz raczej w wyniku wewnętrznych pokojowych rozgrywek politycznych (Stantis i in., 2020). Trudne jest więc dzisiaj precyzyjne określenie, jak liczna była populacja pierwszych koni, które pojawiły się w Egipcie. Badania zoometryczne pozostałości szkieletów koni ze stanowisk datowanych na drugie i pierwsze tysiąclecie p.n.e. wykazały, że były to osobniki niewielkiego wzrostu (133–138 cm w kłębie), o krótkich kończynach i stosunkowo dużej czaszce (Ryc. 1), a więc fenotypowo odpowiadające raczej koniom ras prymitywnych (Hoffmeier i Kitchen, 2007; Raulwing i Clutton-Brock, 2009; Schrader i in., 2018).



Ryc. 1: Szkielet konia ze stanowiska Heboua (północny Synaj), datowany na Drugi Okres Przejściowy. Widoczna masywna czaszka i mocne, proporcjonalnie krótkie kości ramienne i promieniowe. Fot. Louis Chaix.

Mała liczba zachowanych pozostałości osteologicznych z okresu starożytnego Egiptu (dotychczas odnaleziono około 20 unikalnych osobników), techniczne ograniczenia związane z jakością kopalnego DNA (aDNA) z próbek z terenów pustynnych oraz ciągle ograniczony zasób precyzyjnych metod morfometrycznych sprawiają, że o ewentualnym różnicowaniu się fenotypu koni w starożytnym Egipcie można wciąż wnioskować przede wszystkim ze źródeł ikonograficznych. Catherine Rommelaere wyróżniła dwa ikonograficzne typy koni w okresie Nowego Państwa: *Longiligne* i *Bréviligne* (o długim i krótkim tułowiu – nawiązuje to do francuskiego nazewnictwa typów morfosomatycznych wyróżnianych u człowieka) (Rommelaere, 1991). Typ *Longiligne* jest starszy, bo rozpowszechnił się już za czasów panowania Totmesa III (1458–1425 p.n.e.). Cechuje się długą głową o garbatym profilu, długą szyją i kłodą oraz spadzistym zadem. Przypomina nieco konia niseańskiego, którym posługiwali się Persowie (Amjadi i in., 2021; Nachmias i in., 2021). *Bréviligne* po raz pierwszy został zidentyfikowany w Tebach, w grobowcu TT89 (Davies i Davies, 1941) z okresu panowania Amenhotepa II (1427–1400 p.n.e.). Konie ciągnące rydwan znacząco przypominają pokrojem współczesnego konia arabskiego: mają krótkie głowy o nieco wklęsłym profilu i dużych oczodołach, krótkie uszy, krótką kłodę, okrągły zad i wysoko osadzony ogon (Ryc. 2).



Ryc. 2: Przedstawienie koni z grobowca TT89. Szkic własny (z częściową rekonstrukcją) na podstawie Daviesa i Davies (1941).

Interpretacje ikonograficzne Catherine Rommelaere spotkały się jednak z szeroką krytyką (Delpout, 2021). Ich niezaprzeczalnym błędem było utożsamienie typu *Longiligne* z koniem Przewalskiego, a *Bréviligne* z tarpanem. Obecny stan wiedzy filogenetycznej absolutnie wyklucza obecność konia Przewalskiego na terenie starożytnego Egiptu (Gaunitz i in., 2018). Lonneke Delpout w swojej polemice z tezami Rommelaere argumentuje, że różnice w przedstawianiu koni w różnych okresach XVIII dynastii wynikały raczej ze stopniowego rozpowszechniania się wizerunku konia w Egipcie – a co za tym idzie, z systematycznego doskonalenia sposobu utrwalania tego wizerunku – niż z istnienia różnych typów użytkowych.

Porównawcze badania zooarcheologiczne nielicznych pozostałości szkieletów z okresu Nowego Państwa mogą jednak sugerować pojawienie się typu protoarabskiego w tamtym okresie. Za jeden z przykładów uznany został tzw. koń Senemuta, zaufanego urzędnika królowej Hatszepsut (1473–1458 p.n.e.), o wyraźnie smuklejszych kończynach niż szkielety koni z Drugiego Okresu Przejściowego (Schrader i in., 2018). Mała liczebność próby i niekompletność szkieletów nie pozwalają jednak na jednoznaczne potwierdzenie tej hipotezy.

Koń w pierwszych wiekach islamu

Znaczenie koni na Półwyspie Arabskim wzrosło gwałtownie wraz z rozpowszechnieniem się islamu. Prorok Mahomet, po osieroceniu przez rodziców w wieku sześciu lat, został wysłany przez wuja do jednego z plemion beduińskich, gdzie odebrał edukację, której ważną częścią była nauka jazdy konnej i opieki nad końmi (Alatas i in., 2020). Jak wiadomo z licznych przekazów, prorok Mahomet pozostał przez całe życie wielkim miłośnikiem koni, a szacunek, jakim je darzył, był naśladowany przez pierwszych wyznawców islamu. Po śmierci Mahometa

w 632 r. n.e. muzułmanie kontynuowali ekspansję nowej religii na Półwyspie Arabskim. Przemieszczali się i walczyli głównie konno, co okazało się bardzo skuteczną strategią. Pierwszą kampanią wojenną, w której prym wiodła kawaleria, było podbicie Egiptu w 639 r. Od tego czasu zwrotne, szybkie konie stały się podstawą sukcesów militarnych państwa islamskiego.

W latach 661–750, podczas rządów dynastii Umajjadów, powstało wiele zachowanych do dziś traktatów na temat zasad hodowli koni, z których najważniejsze to *نَسَبُ الْخَيْلِ* („Rody koni”) autorstwa Hiszama ibn al-Kalbiego oraz dwa dzieła o takim samym ogólnym tytule *كِتَابُ الْخَيْلِ* („Księga koni”) autorstwa dwóch rywali, Abu Ubadźdy Ma'mara ibn al-Muthanny i Abd al-Malika ibn Kuraiba al-Asmaiego. Ze wszystkich tych dzieł wynika, że wspomniane wcześniej konie *asil* różniły się fenotypem nie tylko od koni spoza kręgu cywilizacji islamskiej, ale także osobników „półkwi”, pochodzących z krzyżowania tych dwóch grup. Jeszcze dokładniej konie *asil* wyróżnia ibn Akhi Hizam (?–864) w swoim traktacie poświęconym treningowi i utrzymaniu koni pt. *كِتَابُ الْفُرُوسِيَّةِ وَالْبَيْطَرَةِ* („Księga sztuki jeździeckiej i weterynarii”). Autor wspomina m.in. o konieczności używania odmiennych kiełzn oraz metod treningu w odniesieniu do koni arabskich ze względu na ich znacznie większą wrażliwość. Nierozstrzygnięte pozostaje pytanie, w jakim stopniu opisy te obiektywnie opisywały istniejące różnice fenotypowe, a w jakim wynikały z przeświadczenia autorów o supremacji koni arabskich nad innymi grupami koni.

Koń w kulturze pierwszych wieków islamu pozostawał symbolem bogactwa i często traktowany był jako wyjątkowo szczodry prezent dla sojuszników lub władców podbijanych plemion. Jeszcze większe znaczenie zyskał w epoce kalifatu Ajjubidów (1171–1341). Rzeczywisty założyciel dynastii, sułtan Salah ad-Din Jusuf ibn Ajjub (współcześnie znany jako Saladyn, czasami z przydomkiem Wspaniały), był szczególnym miłośnikiem koni i jeździectwa. Na jego polecenie na terenie całego kalifatu budowano infrastrukturę służącą wyścigom konnym oraz innym sportom, m.in. polo. Zwycięzcy zawodów obdarowywani byli cennymi końmi *asil* (Lyons i Jackson, 1984).

Utrzymywanie dobrej jakości konnicy przyczyniło się walcie do sukcesów Saladyna w walkach z krzyżowcami. Podczas bitwy pod Hittin (1187) w skład 20-tysięcznej armii Saracenów wchodziło aż 12 tysięcy zawodowej jazdy (głównie mameluków – niewolników pochodzenia arabskiego). Po stronie krzyżowców znajdowało się 1500 ciężkozbrojnych rycerzy i 3000 tzw. turkopoli, lekkiej jazdy posługującej się podobnymi metodami, co wojska

muzułmańskie. Bitwa zakończyła się największą klęską wojsk chrześcijańskich w historii wszystkich krucjat i w konsekwencji, po kilku miesiącach od bitwy, zdobyciem Jerozolimy przez Saladyna. Na rozstrzygnięcie bitwy wpłynął głównie brak wody i ogromne zmęczenie zarówno piechoty i rycerzy ciężkozbrojnych, jak i koni z Europy, używanych przez wojska chrześcijańskie. Jazda mameluków, dosiadająca dobrze przystosowanych do pustynnego klimatu koni orientalnych bez trudu okrążyła armię Gwidona z Lusignan i uniemożliwiła mu przegrupowanie wojsk, doprowadzając ostatecznie do jego całkowitej klęski (France, 2017).

Mamelucy, zróżnicowani kulturowo niewolnicy-żołnierze, początkowo walczący jedynie dla wojsk szyickich, sunnickich i kurdyjskich, w 1250 r., wykorzystując klęskę króla Ludwika IX w siódmej krucjacie, sami przejęli władzę w Egipcie (Levanoni, 1990). Dziesięć lat później, w roku 1260, ich armia pokonała wojska mongolskie w bitwie pod Ajn Dżalut, co w konsekwencji zatrzymało ekspansję imperium mongolskiego na Bliskim Wschodzie (Halperin, 2000).

Koń orientalny w nowożytnej Europie

W 1517 r. sułtanat Mameluków został podbity przez Imperium Osmańskie. Mimo to Mamelucy zachowali względną niezależność przez następne cztery stulecia (Muslu, 2014). Podobnie jak poprzednie imperia muzułmańskie, również Imperium Osmańskie znaczną część swojej potęgi opierało na kawalerii. Była ona podzielona na cztery sekcje, różniące się prestiżem. Najwyższą pozycję zajmowali *sipahis*, którzy za swoje usługi wynagradzani byli przez sułtana ziemią (Fisher, 1952). Naturalnie dosiadali oni także najcenniejszych koni – najczęściej były to właśnie te pochodzące z Arabii. To właśnie za sprawą Imperium Osmańskiego koń orientalny znalazł się w Europie.

Konie orientalne w Europie XVI–XVII wieku

Rzeczpospolita Obojga Narodów

Jedną z konsekwencji zbrojnych starć między Imperium Osmańskim a jego północnym sąsiadem – Rzeczpospolitą Obojga Narodów – był rosnący przepływ materiału genetycznego za sprawą koni, które padały łupem obu stron. W Rzeczpospolitej bardzo szybko zdano sobie sprawę z wartości zdobywanych koni orientalnych, a także ich potomków pochodzących z krzyżowania lokalnych klaczy z orientalnymi ogierami. Według przekazów, na dworze króla Zygmunta Augusta podjęto pierwszą próbę usystematyzowania programu hodowlanego z wykorzystaniem koni orientalnych. W 1570 r. koniuszy królewski Adam Miciński opublikował traktat pt. *O świerzopach i ograch, tj. o przyswajaniu dzikich koni*, w którym to dużo uwagi poświęcał konieczności utrzymywania czystych rodów arabskich w królewskiej stadninie w Knyszynie. Traktat ten, do dziś nieodnaleziony, znamy jedynie z obszernych cytatów komentowanych w tomie drugim obszernego studium *O litewskich i polskich prawach, o ich duchu źródłach, związku i o rzeczach zawartych w pierwszym Statucie dla Litwy 1529 roku* wydanym (Czacki, 1801):

...stada nazywające się książęce, składały się z arabskich, tureckich i perskich ogierów a klacz[y] polskich. [Miciński] powiada, że odmiana ogierów z różnych krajów jak jest potrzebna, tak odmienia ród koni i twierdzi, że prócz stada króla, w którym tylko pilnowali rodu [rodów] arabskich, niemasz pewnego rodu koni w Polsce, ani i w innych krajach.

Za upodobaniem szesnastowiecznych monarchów do koni wschodnich przemawiają też normatywne źródła historyczne, m. in. księgi skarbowe i podskarbińskie, według których na sprowadzanie koni z Orientu wydawano spore sumy (Bołdyrew, 2016, s. 18).

Konie orientalne pozyskiwano głównie w walce lub kupowano od wojsk tureckich (Bołdyrew, 2009); równocześnie już w początkach Rzeczypospolitej Obojga Narodów organizowano pierwsze wyprawy na Wschód specjalnie w celu importu koni. Wiadomo m.in., że wyprawę taką zorganizował król Stefan Batory. Niestety, jego wysłannik został zamordowany w Konstantynopolu, a wszystkie konie skradzione (Olsen i Culbertson, 2010)². Informacje o skali wykorzystania w hodowli koni orientalnych w następnych dwóch stuleciach są bardzo lakoniczne i nie pozwalają na jednoznaczne stwierdzenie, w jak dużym stopniu używane one były do uszlachetniania pogłowia (Pruski, 1983, s. 15). Znaczenie koni arabskich wzrosło dopiero na przełomie XVIII i XIX wieku, wraz z rozwojem polskich stadnin magnackich, o czym będzie jeszcze mowa później.

Kraje Europy Zachodniej

W XVII wieku na Wyspach Brytyjskich zapanowała moda na wszystko, co orientalne. Już w 1633 r. król Karol II posiadał co najmniej jednego konia arabskiego, a w 1657 r. kompania lewancka wysłała do angielskiego ambasadora w Konstantynopolu list z prośbą o import dwóch koni arabskich na życzenie Olivera Cromwella (Landry, 2008, s. 73–76). Powszechnie uznane konie arabskie zyskały szczególnie po bitwie pod Wiedniem, podczas której wiele koni należących do Imperium Osmańskiego padło łupem wojsk państw zachodnich. John Evelyn tak opisywał swoje doświadczenia bezpośrednio po zakończeniu bitwy (Landry, 2008, s. 75):

Nigdy na oczy nie widziałem tak delikatnych stworzeń... z każdej strony piękne i z godnymi podziwu proporcjami, pełne ducha i dumy, zwinne, a przy tym tak łagodne i posłuszne... obserwatorzy (wśród nich król, książę Danii, książę Yorku i wielu innych szlachciców znajdujących się na koniach...) stwierdzili, że nigdy nie widzieli koni, które można by było porównać z tymi.

Pod koniec XVII wieku do Anglii sprowadzono trzy ogiery pochodzenia orientального, które stały się założycielami całej współczesnej populacji pełnej krwi angielskiej. Dawna hipoteza mówiąca o tym, że konie czystej krwi arabskiej były bezpośrednimi przodkami koni pełnej krwi angielskiej, została wprawdzie negatywnie zweryfikowana (Cosgrove i in., 2020), jednak orientalne pochodzenie tych ogierów jest trudne do podważenia. Byerley Turk został prawdopodobnie zdobyty od wojsk tureckich w bitwie pod Budą (inna hipoteza mówi o bitwie

² Mimo wysiłków autorki, nie udało się zweryfikować tej informacji w żadnym innym źródle poza tutaj cytowanym.

o Wiedeń), Darleya Arabiana zakupił w Syrii Thomas Darley (Whyte, 1840, s. 76), a Godolphin Arabian najprawdopodobniej urodził się w Jemenie i został подарowany przez tunezyjskiego beja królowi Francji. Ludwik XV nie poznał się na prezencie i tanio sprzedał go Edwardowi Coke'owi, księciu Devonshire. W pierwszym roku pobytu w Wielkiej Brytanii Godolphin Arabian pokrył tylko jedną klacz, która nie chciała dopuścić do siebie żadnego ogiera poza nim (Whyte, 1840, s. 84–86). Ku zaskoczeniu wszystkich, ogierek z tego skojarzenia, Lath, okazał się niezwykłym koniem wyścigowym. Po śmierci Edwarda Coke'a, Godolphin Arabian został zakupiony przez Francisca Godolphina, właściciela klaczy, matki Latha, który następnie bardzo szeroko używał go w hodowli i od którego rodu pochodzi nazwa konia, pod którą został ostatecznie wpisany do księgi stadnej.

W XIX wieku hodowla koni arabskich była już rozpowszechniona w całej Europie. Programy hodowlane tej rasy realizowane były m.in. na dworze Imperium Rosyjskiego. Znanym entuzjastą koni arabskich był także Napoleon Bonaparte, który miał okazję obserwować kunszt jeździecki Mameluków po podbiciu Egiptu w 1798 r. Po wcieleniu koni arabskich do wojsk cesarskich okazało się, że w kampaniach wojennych sprawdzają się one lepiej od koni europejskich. Eugène Daumas w dziele *Le Cheval de Guerre* („Konia wojenny”) przytacza relację hrabiego Lantivy, uczestnika kampanii rosyjskiej (Daumas, 1855, s. 41):

Pytasz mnie o moją opinię na temat koni arabskich, które, jeżeli się nie mylę, brały udział w kampanii rosyjskiej. Konie arabskie lepiej znosiły zmęczenie i niedostatek niż konie europejskie. Cesarz, podczas tej ciężkiej kampanii, korzystał wyłącznie z koni arabskich. Dowódca szwadronu Hubert, który został później generałem dywizji, ocalił tylko jednego ze swoich pięciu koni: był to arab. Kapitan Simonneau, obecnie oficer generalny, ocalił tylko swojego konia arabskiego, a ja sam zdołałem ocalić tylko jednego: był to bretończyk skrzyżowany z arabem.

Na większości malowanych w nurtach neoklasycystycznym lub realistycznym portretów Napoleona dosiadane przez niego konie pokrojem odpowiadają dzisiejszym koniom arabskim (Ryc. 3).



Ryc. 3: Ludwig Elsholtz (1805–1850): Napoleon I i jego generałowie (Wikipedia Commons/domena publiczna). Przedstawione konie mają charakterystyczne dla konia arabskiego cechy pokroju: krótkie głowy, wygięte szyje i smukłą sylwetkę.

Importy koni z krajów Bliskiego Wschodu

Liczba koni utraconych podczas wojen napoleońskich szacowana jest dzisiaj na od kilkuset tysięcy do nawet kilku milionów. W konsekwencji w 1815 r. wszystkie kraje Europy zmagaly się z brakami w pogłowie koni. Jednym z postanowień kongresu wiedeńskiego było więc wdrożenie strategii zakładania dużych stadnin państwowych, które dostarczać miały koni remontowych dla wojska. Tak powstała stadnina Królestwa Wirtembergii w Weil (1816) czy Cesarstwa Rosyjskiego w Janowie Podlaskim (1817). Jednym z obecnych na kongresie wiedeńskim był polski hrabia, Wacław Rzewuski, od dawna zafascynowany kulturą Orientu. Wskazywał on na konieczność uzupełnienia materiału zarodowego właśnie o konie orientalne, które, jak już wiemy, dobrze sprawdziły się w kampaniach napoleońskich. W rezultacie jego starań cesarz Aleksander I i jego siostra, królowa wirtemberska Katarzyna, powierzyli Rzewuskiemu misję zakupu koni zarodowych w Arabii. Po ukończeniu studiów orientalnych w Wiedniu, podczas których nauczył się języka arabskiego, na przełomie 1817 i 1818 r. Rzewuski wyjechał do Damaszku. W trakcie pięciomiesięcznej wyprawy na pustynię udało mu się zakupić 13 ogierów i 14 klaczy, z czego 8 ogierów i 12 klaczy przeznaczył dla wirtemberskiej stadniny w Weil. Po uregulowaniu spraw finansowych wyjechał do Aleppo, skąd wyruszył w trzy kilkumiesięczne wyprawy na pustynię. Podczas tych wypraw udało mu się zakupić łącznie 137 koni, nie tylko dla cesarza Aleksandra I i królowej Katarzyny, ale również dla siebie. Swoje doświadczenia i obserwacje z życia na pustyni zebrał w trzypięciowym pamiętniku *Sur les chevaux orientaux et provenants des races orientales* („O koniach wschodnich i wywodzących się z ras orientalnych”).

W tym samym okresie co Rzewuski (1818–1819) wyprawę na Półwysep Arabski odbył wicehrabia Portes, a po włączeniu Algerii do Francji – pułkownik Brudermann (1856–1857). Z Polski kilka wypraw odbył Juliusz Dzieduszycki (o czym będzie jeszcze mowa w następnym rozdziale), a na zlecenie Romana Sanguszki, Kajetan Burski. Na uwagę zasługuje także wyprawa Williama Giforda Palgrave’a (1862), który dzięki swoim umiejętnościom dyplomatycznym nawiązał bliskie kontakty z Amirem Faisalem ibn Turkim al Saudem i miał okazję oglądać (prawdopodobnie jako jedyny Europejczyk) jego stajnie w pałacu w Ad-Dirijja (Culbertson, 2001). Cennych informacji dostarczyły wyprawy Wilfrida i Anne Bluntów odbywane w latach 70. XIX wieku po Palestynie, Syrii i Mezopotamii. Anne Blunt swoje wspomnienia i spostrzeżenia dotyczące hodowli i obyczajów w krajach arabskich zamieściła w dwóch książkach: *A Pilgrimage to Nejd, the Cradle of the Arab Race* („Pielgrzymka do Nedżu, kolebki rasy arabskiej”) oraz *Bedouin Tribes of the Euphrates* (Plemiona beduińskie znad Eufratu”). Lektura tej ostatniej wywarła ogromne wrażenie m.in. na Aleksandrze Szczerbatowie, prezesie Moskiewskiego Towarzystwa Rolniczego i miłośniku koni arabskich. Postanowił on pójść w ślady angielskiego małżeństwa i w 1888 r. zorganizował wyprawę z Bejrutu do brzegów Eufratu i z powrotem. Podczas tej wyprawy nabył od Beduinów łącznie cztery ogiery i 10 klaczy. Po powrocie do Rosji założył stadninę, w której rozpoczął hodowlę koni arabskich oraz kabardyńskich, uszlachetnianych arabami. Szczerbatow starał się spopularyzować hodowlę koni arabskich w Cesarstwie Rosyjskim, gdzie największą popularnością cieszyła się pełna krew angielska. W 1903 r. wydał w Petersburgu pierwszy (i jedyny) tom księgi stadnej koni arabskich Cesarstwa Rosyjskiego. Wśród wpisanych tam 44 ogierów i 228 klaczy matek znalazły się też konie polskich właścicieli, w tym Józefa Potockiego z Antonin (Pruski, 1983, s. 146–148).

Wraz z rosnącą popularnością wypraw na Bliski Wschód, przy jednoczesnej ograniczonej podaży koni z pustyni, zdobywanie dobrego materiału zarodowego stawało się coraz trudniejsze. Jako że wyprawy do Orientu były przedsięwzięciami niezwykle kosztownymi, europejscy właściciele zaczęli zadowalać się kupowaniem „oryginalnych arabów” od handlarzy kursujących między Orientem a Europą. Tak postępowali także polscy hodowcy, którzy już w tamtym czasie cieszyli się opinią jednych z najlepszych na świecie.

Polskie stadniny magnackie

Jak wspomniano wcześniej, a przełomie XVIII i XIX wieku w różnych regionach dzisiejszej Polski, a przede wszystkim Ukrainy zaczęto zakładać stadniny zajmujące się hodowlą najpierw koni orientalnych, a następnie czystej krwi arabskiej. Wśród licznych takich ośrodków na szczególną uwagę zasługują hodowle prowadzone przez rodziny Branickich, Sanguszków i Dzieduszyckich, jako że pochodzący z nich materiał genetyczny stał się podstawą do odbudowy polskiej hodowli koni arabskich po I wojnie światowej.

Najstarsza ze stadnin, Szamrajówka w majątku Biała Cerkiew³, została założona przez Franciszka Ksawerego Branickiego w 1778 r. Już w 1802 r. liczebność stada podstawowego przekroczyła 100 klaczy. Od 1828 r. Branicy zaczęli importować z Anglii ogiery pełnej krwi i wkrótce w Białej Cerkwi utworzono trzy działy hodowlane: angielski, arabski i angloarabski. Od 1845 r. cyklicznie sprowadzano do Białej Cerkwi przede wszystkim ogiery z krajów arabskich, jednocześnie bazując na selekcyonowanych klaczach własnej hodowli. Ta konsekwentna polityka hodowlana doprowadziła do dość szybkiego wyrównania się typu w stadzie koni arabskich i zdobycia przez Białą Cerkiew szerokiego uznania wśród hodowców. Już w 1864 r. sułtan turecki Abdülaziz zakupił w Białej Cerkwi aż 106 koni, które miały stać się materiałem zarodowym do zakładanej przez niego stadniny pod Stambułem. Dwa ogiery z Białej Cerkwi – Ursus (ur. 1908) i Van Dyck (ur. 1898), zostały sprzedane do królewskiej stadniny Jerez de la Frontera w Hiszpanii, gdzie stały się założycielami jednych z najcenniejszych rodów męskich XX wieku.

Stadnina Sławuta należąca do rodziny Sanguszków wyróżniała się wysoką jakością materiału hodowlanego, jako że właściciele od początku założenia stadniny przeznaczali duże środki finansowe na importy koni z krajów Bliskiego Wschodu. Dzięki niemieckiemu malarzowi Carlowi Adolphowi Heinrichowi Hessowi możemy z pewnym prawdopodobieństwem określić pokrój koni ze Sławuty z pierwszych dekad XIX wieku. Szkice koni sporządzone przez Hessa w Sławucie w 1815 r. były podstawą do późniejszych obrazów olejnych przedstawiających sceny bitewne (Ryc. 4). Na obrazach Hessa trudno jeszcze doszukiwać się najbardziej

³ W kolejnych pokoleniach dobra ukraińskie rodziny Branickich ulegały podziałowi. Przykładowo, w 1865 r. dobra białocerkiewne zostały podzielone między trzech braci: Aleksandra, który otrzymał Stawiszczce i Janiszówkę, Konstantego, który otrzymał Medwin i Uzin, oraz Władysława, któremu przypadła Biała Cerkiew i Szamrajówka. Ponieważ jednak stadniny ściśle ze sobą współpracowały, łącznie ze swobodną wymianą materiału genetycznego, dla uproszczenia hodowla Branickich jest tu nazywana zamiennie „Białą Cerkwią” i „Szamrajówką”.

charakterystycznych cech fenotypowych kojarzonych z końmi arabskimi, takich jak wklęsły profil głowy czy odstawiony od kłody ogon, zwłaszcza w porównaniu z powstałymi około 50 lat później portretami i scenami rodzajowymi pędzla Juliusza Kossaka.



Ryc. 4: Carl Adolph Heinrich Hess: *Jeźdźcy orientalni przygotowujący się do bitwy* (1831).

Po śmierci Eustachego Sanguszki w 1844 r. majątek został podzielony między jego dwóch synów: Romana i Władysława. Roman objął Sławutę i większą część stada, natomiast Władysławowi przypadł w udziale majątek Gumniska pod Tarnowem wraz z resztą stadniny. W 1845 r. Roman Sanguszko nabył w Aleppo ogiera Dzedran (w księgach stadnych zapisany pod nazwą Batran Aga). Ogier ten znacząco poprawił fenotypową wartość stada, a jak się później okazało, również hodowlaną. Pozostawił m.in. ogiera Iskander Pasza (ur. 1851), który nie tylko został nagrodzony złotym medalem podczas wystawy światowej w Paryżu w 1867 r., ale zasłużył się także jako reproduktor. Roman Sanguszko był zresztą wielkim entuzjastą i jednym z prekursorów prezentowania swoich koni podczas wystaw i konkursów. W drugiej połowie XIX wieku typ konia orientального w Sławucie uległ nieco zbliżeniu do pokroju koni pełnej krwi, co odpowiadało modzie panującej wówczas w całej Europie. Kazimierz Wedel Turczyński w relacji z wystawy światowej w Wiedniu w 1873 r., na której klacze Romana Sanguszki zdobyły najwyższe wyróżnienia, pisał:

nie miały może tak wiernie przechowanego typu koni puszczy [tj. pustyni – przyp. WK], za to wzrostem, silną budową, pięknymi proporcjonalnymi formami, potężnie wykształconymi mięskulami zbliżały się więcej do tego typu koni, jakiego wymagają stosunki dzisiejsze. (...) Są to arabskie konie, ale (...) chowane nie po stepowemu, lecz racjonalnie podług potrzeb i wymagań cywilizacji dzisiejszej.

Sukcesy Sławuty sprawiły, że już od 1869 r. konie z tej hodowli były kupowane przez państwowe stadniny z wielu krajów, m.in. Cesarstwa Austro-Węgierskiego czy Królestwa Prus.

Po śmierci Romana Sanguszki w 1881 r. stado ze Sławuty zostało podzielone między jego bratanka, Romana Damiana (syna Władysława, właściciela Gumnisk), córkę, Marię Potocką, która później przekazała swój majątek ziemski i konie młodszemu synowi, Józefowi Potockiemu, rezydującemu w majątku Antoniny. Roman Sanguszko junior skupiał się przede wszystkim na ciągłym sprowadzaniu nowych reproduktorów ze Wschodu bez oceny ich pokroju, zarzucił też poddawanie koni próbom dzielności wyścigowej, co spowodowało, że w krótkim czasie w stadzie utrwały się liczne wady budowy i ogólna wartość fenotypowa uległa obniżeniu. Wśród licznych dokonanych przez niego importów oryginalnych ogierów orientalnych największy wpływ na kolejne pokolenia polskiej populacji miał Ilderim or. ar. (ur. 1894), założyciel istniejącego do dzisiaj rodu męskiego (Ryc. 5).



Ryc. 5: Ogier Ilderim or. ar. 1894, zakupiony w Stambule w 1900 r. do stadniny w Sławucie.

Mimo obniżenia się jakości fenotypowej stada w Sławucie Roman Sanguszko nadal odnosił liczne sukcesy na wystawach koni organizowanych m.in. w Moskwie i Petersburgu. Dla koni ze Sławuty znalazł się także nowy kierunek eksportowy: w latach 1906–1912 państwowa komisja z Hiszpanii nabyła w Sławucie łącznie osiem ogierów i 12 klaczy do stad ogierów oraz wspomnianej już królewskiej stadniny w Jerez de la Frontera pod Sewillą. Historia stadniny w Sławucie zakończyła się gwałtownie u progu rewolucji październikowej – 1 listopada

1917 r. Roman Sanguszko został brutalnie zamordowany przez żołnierzy 264. Pułku Zapasowego stacjonującego na terenie majątku. Część koni zginęła w podpalonych przez bolszewików stajniach, a pozostałe uciekły w nieznanym kierunku.

Jak wspomniano wyżej, Maria z Sanguszków Potocka (córka Romana Władysława Sanguszki) zapisała odziedziczoną po ojcu część majątku swojemu młodszemu synowi Józefowi. Był on zapalonym myśliwym i jeźdźcem i jeszcze przed odziedziczeniem 104 koni arabskich (w tym 46 klaczy stadnych) utrzymywał duże stado różnych ras przeznaczone do wyścigów, polowań, zaprzęgów, konkursów hippicznych etc. Chów koni w jego majątku w Antoninach prowadzony był w sposób nowoczesny, konie miały dużo naturalnego i wymuszonego ruchu. Do hodowli włączano tylko osobniki, które wykazały się odpowiednią wartością użytkową. Konie arabskie były nawet wykorzystywane w polowaniach *par force* (tzw. „z nagonką”), co wymagało nie tylko dużej wytrzymałości, ale także szybkości. Józef Potocki utrzymywał bliskie kontakty ze wspomnianym już Wilfridem Bluntem ze stadniny w Crabbet Park w Wielkiej Brytanii, od którego nabywał reproduktory. Sprowadzał też ogiery ze Wschodu, takie jak np. Obejan Szarak (ur. 1882), a przede wszystkim Ibrahim (ur. 1899) kupiony w Odessie, a hodowli szejka Obdurahma z Hedjar koło Damaszku. Ibrahim, poza dużą grupą córek, doskonałych klaczy stadnych, pozostawił w hodowli jednego z pierwszych światowej sławy polskich koni arabskich – Skowronka (ur. 1909). W 1913 r. Skowronek został sprzedany do Anglii za 150 funtów, gdzie po przejściu przez ręce kilku właścicieli w 1920 r. trafił w końcu do stadniny Crabbet Park (założonej przez wspomnianych już wcześniej Wilfrida i Anne Bluntów, a prowadzonej przez ich córkę, Judith Blunt-Lytton). Tam w kojarzeniach z wartościowymi klaczami dał wiele uznanego potomstwa, eksportowanego następnie nie tylko do Europy, ale także USA, Australii i ZSRR, co przyczyniło się znacznie do rozślawienia polskiej hodowli koni arabskich na całym świecie.

Hodowla w Gumniskach, oparta na części pogłowia przeniesionej przez Władysława Sanguszkę ze Sławuty do Gumnisk nie rozwinęła się zbytnio przed I wojną światową – w tej części rodziny Sanguszków brakowało miłośników koni i specjalistów od hodowli. Sytuacja odwróciła się dopiero po odzyskaniu niepodległości, kiedy to właśnie Gumniska stały się miejscem kontynuacji tradycji hodowlanej rodziny Sanguszków.

Hodowla koni arabskich rozwijała się także na ziemiach polskich pod zaborem austriackim. W Małopolsce w 1791 r. Kajetan Dzieduszycki założył stadninę koni orientalnych w majątku Jarczowce. Przez około 50 lat stadnina ta bazowała na reprodukcji otwartej, z ciągłym

importem klaczy stadnych z innych hodowli. Stado podstawowe liczyło około 50 matek. Stadnina ta nie była równie słynna co Biała Cerkiew czy Sławuta. Wartość fenotypowa koni poprawiła się dopiero w latach 40. XIX wieku. W 1840 r. Juliusz Dzieduszycki zakupił ogiera Bagdad, który pozostawił dużą liczbę znakomitego potomstwa, m.in. ogiera Pielgrzym, sprzedanego następnie do Bąbolny na Węgrzech. W 1844 r. Dzieduszycki udał się w przeszło roczną wyprawę do Syrii, gdzie bezpośrednio od wędrownych plemion beduińskich zakupił siedem ogierów i cztery klacze. Jedna z nich padła w transporcie, a pozostałe trzy – Gazella, Mlecha i Sahara – dały początek kontynuowanym do dziś liniom żeńskim. Po tym bardzo udanym imporcie stadnina w Jarczowcach zaczęła zyskiwać sławę w całej Małopolsce, a Juliusz Dzieduszycki stał się niekwestionowanym autorytetem hodowlanym. Inne stadniny naśladowały kierunki pracy hodowlanej Dzieduszyckiego i korzystały z jego porad. Po około 20 latach ukształtował się typ szlachetnego, lekkiego konia, nazwanego przez Witolda Pruskiego „małopolskim koniem arabskim” (Pruski, 1983, s. 79). Wzorec tego typu został przedstawiony na szkicach i akwarelach Juliusza Kossaka, który spędził w Jarczowcach pięć lat. Stadnina w Jarczowcach rozwijała się pomyślnie do lat 70. XIX wieku, kiedy to Juliusz Dzieduszycki wpadł w poważne kłopoty finansowe. W pewnym momencie musiał nawet opuścić Jarczowce i zamieszkać w majątku żony w Szelwowie, dokąd przeniósł część stada. Lekkie konie jarczowieckie zaczęły na skutek niepełnowartościowego żywienia i braku odpowiedniej opieki zootechnicznej drobniej jeszcze bardziej, a także wykazywać liczne wady pokroju. W 1873 r. Dzieduszycki wysłał 24 klacze na wystawę do Wiednia, gdzie w zestawieniu z potężnymi końmi francuskimi, węgierskimi czy rosyjskimi wypadły bardzo słabo i spotkały się z powszechną krytyką. Wiedeński magazyn „Sport-Blatt” wskazywał na „cienkie nogi, długie miękkie pęciny, cienkie pod kolanem ścięgna, brak mięśni, złe spadziste uda, źle uformowane wadliwe przeguby”, a artykuł podsumowywał konstatacją, że „rolę koni czystego orientального chowu uważać trzeba prawie za skończoną”. Po śmierci Juliusza w 1885 r. zadłużone Jarczowce odziedziczył jego bratanek, Wojciech. Nie był on jednak zainteresowany końmi. Za poradą specjalistów dwa ogiery i 12 klaczy wysłał do swojego rodzowego majątku Jezupola, a resztę stada sprzedał. W Jezupolu hodowla kontynuowana była przez jego syna Władysława, aż do wybuchu I wojny światowej w 1914 r., kiedy to konie zostały skonfiskowane przez wojska rosyjskie. Zachowała się tylko jedna dorosła klacz Pomponia (ur. 1902) (Zagłoba–Kadisza) oraz trzy kilkumiesięczne klaczki: Gazella II (Koheilan–Abra), Mlecha (Koheilan–Pisanka) i Zulejma (Koheilan–Pomponia). Wszystkie cztery klacze stały się po I wojnie światowej podstawą odtwarzanej polskiej hodowli.

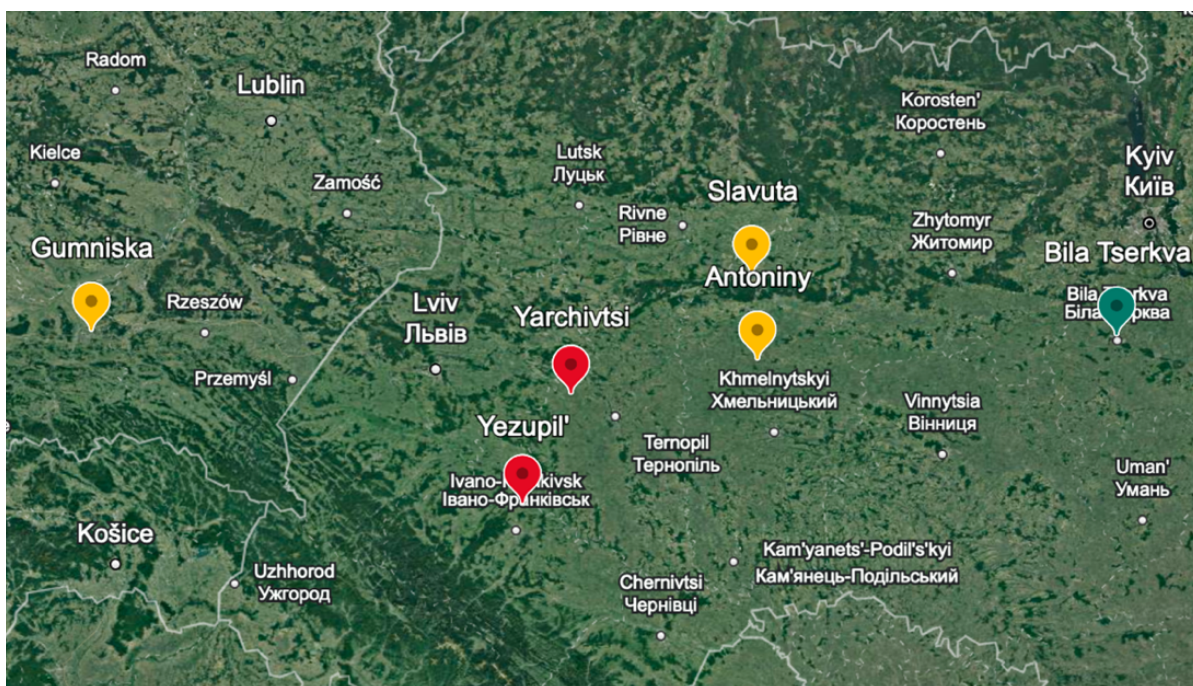
Koń arabski w XX i XXI wieku

Jak wspomniano wcześniej, w pierwszej połowie XX wieku koń arabskich rozpowszechnił się także na innych kontynentach. W 1908 r., zaledwie 60 lat po pierwszych importach koni arabskich z Bliskiego Wschodu, w Stanach Zjednoczonych została założona księga stadna dla koni czystej krwi. Konie arabskie znalazły szybko wielu entuzjastów wśród prominentnych Amerykanów, takich jak np. magnat zbożowy W.K. Kellog, opierający swoją hodowlę na importach ze stadnin europejskich, głównie z Crabbet Stud, a także W.R. Hearst, wielokrotnie podróżujący na Bliski Wschód w poszukiwaniu najcenniejszych koni. W Ameryce Południowej konie arabskie stały się szczególnie popularne w Brazylii, na początku za sprawą Guilherme da Silvy, który w latach 20. i 30. XX wieku dokonywał znaczących importów z Europy, a następnie dzięki światowym sukcesom stadniny Haras Meia Lua, prowadzonej przez Lenitę Perroy. W Australii w 1925 r. na bazie koni z Crabbet Park założono istniejącą do dzisiaj stadninę Fenwick Stud, a w latach 70., po sprowadzeniu z USA syna Baska – Ambition, hodowlę rozpoczęto w Mulawa Stud, która do dziś odnosi liczne sukcesy pokazowe.

W Europie, wraz z rozpowszechnianiem się konia orientalnego, podejmowano pierwsze próby usystematyzowania hodowli, zarówno przez zakładanie towarzystw hodowlanych, jak i procedury legislacyjne. Na ziemiach polskich miały one miejsce jeszcze przed I wojną światową. W 1899 r. Galicyjskie Towarzystwo Chowu Koni i Wyścigów w Krakowie, kierowane przez Kazimierza Ostoję-Ostaszewskiego, wydało pierwszą księgę stadną zatytułowaną *Oficjalna księga stad koni orientalnych dla Galicji i Bukowiny*. Znalazło się w niej 8 ogierów i 62 klacze. Do księgi dołączono tablice rodowodowe linii Gazelli, Mlechy i Sahary. W 1909 r. we Lwowie Galicyjskie Towarzystwo Gospodarcze wydało *Księgę stadną koni orientalnych i półkrwi* (Pruski, 1980, s. 97), uzupełnioną w kolejnych latach o dwa dodatki. Z kolei w 1910 r. Witold Czartoryski założył we Lwowie Związek Hodowców Koni Czystej Krwi Arabskiej. W Królestwie Polskim również wskazywano na konieczność założenia związku hodowców koni arabskich, a także księgi stadnej, ale hodowla była tam zbyt mało rozwinięta, by postulaty takie doczekały się realizacji.

Jak wspomniano wcześniej I wojna światowa, a następnie wojna polsko-bolszewicka całkowicie unicestwiły stadniny magnackie. Co więcej, po traktacie wersalskim z 1918 r., a ostatecznie po traktacie ryskim z 1921 r. większość stadnin magnackich znalazło się poza terytorium Rzeczypospolitej Polskiej (Ryc.6). Po odzyskaniu niepodległości hodowla koni i zwiększanie ich pogłowia stało się jednym z najwyższych priorytetów nowo utworzonego Ministerstwa Rolnictwa i Dóbr Koronnych. W latach 1918–1925 miała miejsce

reorganizacja hodowli i odbudowa pogłowia. W 1919 r. rozpoczęła się odbudowa założonej w 1817 r. państwowej stadniny w Janowie Podlaskim, w której po wojnach nie pozostał ani jeden koń, a większość budynków była zdewastowana i groziła zawaleniem. W stadninie powołano cztery działy: pełnej krwi angielskiej (w 1924 r. przeniesiony do Kozienic), czystej krwi arabskiej, półkrwi arabskiej oraz półkrwi angloarabskiej. Rozpoczęto tam gromadzenie materiału hodowlanego z różnych źródeł, m.in. ze stadnin austro-węgierskich (Radowce i Bábolna) oraz od prywatnych właścicieli, u których znalezione nieliczne klacze ocalałe ze unicestwionych przez bolszewików stadnin magnackich. Pod koniec 1920 r. Janów Podlaski dysponował 13 klaczami (w większości ze sobą spokrewnionymi) i trzema ogierami czystej krwi (w międzyczasie stado trzeba było jeszcze na trzy miesiące ewakuować z powodu wybuchu wojny polsko-rosyjskiej). Mimo małej liczebności stada podstawowego podzielono je w zależności od miejsca pochodzenia i co za tym idzie, fenotypu, na grupy: jarczowiecką (jezupolską), sławucką i odrębną od sławuckiej antonińską.



Ryc. 6: Położenie historycznych stadnin magnackich w odniesieniu do obecnych granic państwowych.

W tym samym okresie rozwijała się także hodowla prywatna, która jednak w pierwszych latach dwudziestolecia międzywojennego miała znaczenie marginalne. Dopiero od 1927 r., po zatrudnieniu przez Romana Władysława Sanguszkę Bogdana Ziętarskiego do zarządzania stadniną w Gumniskach, zyskała ona na znaczeniu. Stało się tak przede wszystkim dzięki importom dokonywanym przez Ziętarskiego najpierw z Jugosławii i Francji, a następnie z krajów Bliskiego Wschodu. Jego ekspedycja do Egiptu (1930–1931), Palestyny i Syrii

nawiązywała do dziewiętnastowiecznych tradycji wypraw na Bliski Wschód i zakończyła się wielkim powodzeniem. Z podróży tej przywiózł do Gumnisk m.in. cztery ogiery: Kuhailana Haifi (ur. 1923), Kuhailana Kruszana (ur. 1927), Kuhailana Afasa (ur. 1930) i Kuhailana Ajouz (ur. 1930). Ponadto dla stadniny w Bábolnie zakupił ogiera Kuhailana Zaid (ur. 1928). Dwa ogiery z tej wyprawy, Kuhailan Haifi i Kuhailan Afas stały się założycielami znaczących, kontynuowanych do dziś rodów męskich.

W 1922 r. Bogdan Ziętarski na łamach magazynu *Jeździec i Hodowca* zaapelował o jak najszybsze opracowanie księgi stadnej dla koni arabskich, a także o zorganizowanie wyścigów dla tej rasy (Ziętarski, 1922). Podobne apele wystosowali na łamach tego samego czasopisma Franciszek Raciborski oraz Edward Skorkowski. Spotkały się one z przychylnością władz państwowych i już w 1923 r. Edward Skorkowski rozpoczął gromadzenie danych rodowodowych koni. Pierwsza *Polska księga stadna koni arabskich* została wydana w roku 1926 i obejmowała dwa działy. Do I działu wpisano konie czystej krwi arabskiej (56 klaczy i 84 ogiery), a do II działu – konie „orientalne”, posiadające w rodowodzie co najmniej 50% przodków czystej krwi (222 klaczy i 205 ogierów). Przez następnych pięć lat rokrocznie wydawano dodatki do księgi stadnej. W 1932 r. dokonano rewizji rodowodów i po usunięciu z I działu kilku osobników, w których rodowodach była domieszka innych ras (np. babolniańskich Jussufa ur. 1885 i Zarifa ur. 1876), wydano I tom *Polskiej księgi stadnej koni arabskiej czystej krwi* (*Polish Arabian Stud Book – PASB*), która pod tą samą nazwą wydawana jest do dziś. Do PASB wpisanych zostało wtedy 105 matek z przychowkiem i 95 reproduktorów. Konie z II działu księgi z 1926 r. znalazły się w oddzielnej *Polskiej księdze stadnej koni arabskich chowanych w czystości krwi*. Od 1932 r. co roku do tych ksiąg wydawane były dodatki, a w 1938 r. ukazały się drugie tomy obu ksiąg (tym razem do PASB wpisano 76 matek z przychowkiem i 90 ogierów).

Czwartego października 1926 r. we Lwowie powołano do życia Towarzystwo Hodowli Konia Arabskiego, zrzeszające hodowców z całej Polski. Prezesem Towarzystwa został Aleksander Dzieduszycki. W zarządzie znaleźli się także m.in. Jan Grabowski, Franciszek Raciborski i Franciszek Żmigrodzki. Na sekretarza Towarzystwa wybrano jego pomysłodawcę, Edwarda Skorkowskiego. Towarzystwo przejęło prowadzenie księgi stadnej od Departamentu Chowu Koni w Ministerstwie Rolnictwa, a w 1927 r. zorganizowało pierwsze gonitwy dla koni czystej krwi (Skorkowski, 1966). Dzięki staraniom Towarzystwa pod przewodnictwem prezesa Dzieduszyckiego, mającym na celu promocję polskiej hodowli, już od 1929 r. rozpoczęto eksport koni arabskich za granicę. Aleksander Dzieduszycki, który był także zawodowym

dypłomata, korespondował z wieloma hodowcami na całym świecie, w tym ze znanym hodowcą amerykańskim J.M. Dickinsonem. W 1933 r. Towarzystwo zakupiło z USA kasztanowatego Anteza (ur. 1921). Ogier nie pozostawił w Polsce cennego potomstwa i już trzy lata później został odsprzedany innemu hodowcy amerykańskiemu. Główny jednak cel, jakim było nawiązanie bliskich kontaktów handlowych na rynku amerykańskim, został osiągnięty. W 1937 r. J.M. Dickinson osobiście przyjechał do Polski w celu zakupu klaczy hodowlanych. Zakupił ich aż sześć, a niedługo po przybyciu do USA jedna z nich, Lassa (Koheilan I–Zulejma), została czempionką wystawy w Springfield. Spowodowało to jeszcze większe zainteresowanie hodowców amerykańskich polskimi arabami. Do USA trafił przed wojną jeszcze m.in. ogier Czubuthan ur. 1933 (Dżingishan III–Ryfka), który został tam cenionym reproduktorem. Poza USA polskie araby sprzedawane były do Jugosławii, Niemiec, Czechosłowacji, Estonii, Łotwy, Rumunii i Węgier. Każdorazowo były to transakcje obejmujące co najmniej kilka koni.

Po zajęciu Polski przez wojska hitlerowskie większość ośrodków hodowlanych, w tym stadnin, otrzymała pozwolenie na funkcjonowanie w zamian za przymusowe dostawy płodów rolnych i produktów zwierzęcych. Nie były to oczywiście warunki sprzyjające rozwojowi hodowli, ale większość działań była prowadzona w podobny sposób, jak przed wojną. Stadniny nadal zarządzane były przez Polaków, prowadzona była praca hodowlana, a we Lwowie i w Lublinie organizowano wyścigi. Dopiero ofensywa wojsk radzieckich w 1944 r. zmusiła większość stadnin, w tym Janów Podlaski, do ewakuacji. Janowskie konie wraz z pracownikami najpierw przewieziono do Libawy w Saksonii, gdzie w dość dobrych warunkach przetrwały do 13 lutego 1945 r. Wtedy to wydano rozkaz, aby wraz z wycofującymi się wojskami hitlerowców pieszo przemieściły się do Drezna. Marsz przypadł na szczyt sezonu wyźrebień. Niezdolne do długiego wysiłku noworodki trzeba było transportować na wozach, których praktycznie nie było. Po dotarciu do Drezna okazało się, że miasto jest właśnie celem zmasowanych nalotów alianckich. Dwadzieścia jeden ogierów zginęło od bomb lub uciekło i przepadło bezpowrotnie. Do historii polskiej hodowli przeszedł wtedy masztalerz Jan Ziniewicz, który, narażając własne życie, utrzymał w rękach dwa ogiery – Wielkiego Szlema i Witraża. Oba te osobniki stały się jednymi z najbardziej wpływowych reproduktorów w epoce powojennej.

Podczas II wojny światowej Polska straciła, według różnych szacunków, od miliona do nawet dwóch i pół miliona koni. Po zakończeniu wojny jednym z priorytetów stała się więc odbudowa pogłowia koni na potrzeby pracy w rolnictwie. W Ministerstwie Rolnictwa i Reform Rolnych zorganizowano Wydział Chowu Koni, a w przejętych przez państwo dużych gospodarstwach

rolnych organizowano państwowe stadniny i stada ogierów. Jednocześnie najwięksi miłośnicy koni, jak major Władysław Rozwadowski, podpułkownik Stefan Zamoyski czy porucznik Kazimierz Bobiński, rozpoczęli wyszukiwanie skradzionego przez Niemców materiału zarodowego. Już kilka miesięcy po zakończeniu wojny powstał Zarząd Stadnin Polskich w Niemczech. Otrzymał on od aliantów dziewięć obiektów gospodarskich, w których gromadzono konie i personel (ostatecznie ok. 600 masztalerzy i kierowników stadnin oraz ok. 1750 koni), a także samochody do przeszukiwania terenu. Spośród arabów z Janowa Podlaskiego udało się odzyskać 39 klaczy z 12 źrebiętami i trzy ogiery czołowe (Amurath Sahib, Wielki Szlem i Wachlarz). Późniejsze wyliczenia Edwarda Skorkowskiego wykazały, że w II wojnie światowej zginęły 143 klacze matki wpisane do PASB, a ocalało ich 59.

Po II wojnie światowej hodowla koni arabskich początkowo prowadzona była w stadninach: Nowy Dwór, Albigowa, Klemensów – Michałów oraz Janów Podlaski. Po utworzeniu stadniny w Michałowie na żyznym Ponidziu oraz odbudowie Janowa Podlaskiego w latach 50. pierwsze trzy stadniny zostały zlikwidowane a konie tam utrzymywane przeniesiono do stadnin w Michałowie i Janowie Podlaskim. W 1973 r., ze względu na rozwijającą się szybko hodowlę, zdecydowano o założeniu trzeciej stadniny czystej krwi w Kurozwękach w województwie kieleckim (obecnie świętokrzyskie), gdzie przydzielono 18 matek z Janowa i 14 z Michałowa. W 1981 r. hodowlę koni arabskich rozpoczęto w czwartej stadninie, zlokalizowanej w Białej w województwie zamojskim (obecnie lubelskie).

Polskie konie arabskie bardzo szybko stały się jednym z głównych towarów eksportowych. Od 1955 r. sprzedawane były do Anglii, Brazylii, Egiptu, Francji, Holandii, Kanady, Meksyku, NRD, RFN, Szwajcarii, Szwecji i ZSRR. Od 1960 r. do Polski zaczęli przyjeżdżać hodowcy z USA, gdzie polskie konie cieszyły się popularnością od czasów potomstwa Skowronka. Popularność ta zwiększyła się jeszcze za sprawą koni wywiezionych podczas wojny do USA, a także sprzedawanych do USA przez angielską hodowczynię Patricię Lindsay. Już od połowy lat 60. polskie konie arabskie zaczęły odnosić liczne sukcesy na kontynencie północnoamerykańskim, wielokrotnie zdobywając tytuły czempionów narodowych w USA i Kanadzie. Ogromny popyt na polskie konie czystej krwi arabskiej, a z drugiej strony ryzyko nadmiernej wyprzedaży materiału genetycznego spowodowały, że od 1970 r. w Janowie Podlaskim rozpoczęto organizowanie corocznej aukcji, na której za dolary amerykańskie można było kupić wyselekcjonowane osobniki z polskich stadnin państwowych. Łączny przychód z aukcji niejednokrotnie przekraczał milion dolarów. Aukcje w Janowie Podlaskim, pod zmienianą kilkakrotnie nazwą, są nadal organizowane.

Po zmianach politycznych w 1989 r. zakończył się monopol państwowy na hodowlę zwierząt, w tym koni, co spowodowało szybki rozwój hodowli prywatnych. W 1989 r. tylko ok. 6% klaczy zarejestrowanych w PASB należało do prywatnych hodowców, w 1999 r. odsetek ten wzrósł do 50%, a w 2012 r. było to już 75% (Głazewska i in., 2018). Wraz z uwolnieniem rynku w Polsce nastąpił również wzrost importu materiału genetycznego, przede wszystkim nasienia ogierów pochodzących z całego świata.

Na początku XX wieku zaczęła się też kształtować państwowość współczesnych krajów Półwyspu Arabskiego, wcześniej zamieszkiwanego głównie przez liczne plemiona i rody i w dużej mierze kontrolowanego przez Imperium Brytyjskie. W 1902 r. Abdul al-Aziz ibn Su'ud odzyskał miasto Rijad z rąk dynastii Raszydytów, co dziś uznaje się za początek istnienia Królestwa Arabii Saudyjskiej. W 1971 r. niepodległość od Wielkiej Brytanii uzyskały Katar oraz Zjednoczone Emiraty Arabskie. Wraz ze stabilizacją sytuacji politycznej i rosnącymi przychodami z eksportu ropy naftowej, rodziny panujące zwróciły uwagę na konie, będące nieodłączną częścią arabskiej historii i kultury.

W 1961 r. w Dirabie koło Rijadu zostało założone Centrum Konia Arabskiego Króla Abdula al-Aziza (Culbertson, 2001). Istnieje ono do dziś i odpowiada m.in. za prowadzone od 1991 r. saudyjskie księgi stadne. Szybko hodowlą koni arabskich zainteresowali się także synowie emira Kataru, Chalify ibn Ahmada al Saniego⁴, Dżasim, Mohammed i Ahmad, z których każdy założył własną stadnię, odpowiednio: Aljassimya Farm (1979), Al Shahania (ok. 1980) i Al. Shaqab (1992). Na początku XXI wieku moda na hodowlę koni arabskich dotarła do Zjednoczonych Emiratów Arabskich, gdzie w 2002 r. książę emiratu Adżman, Ammar ibn Humaid al Nuaimi, a w 2007 r. książę emiratu Dubaj, Muhammad ibn Raszyd al Maktum, założyli stadniny nazwane od ich emiratów.

Dzięki nieograniczonym środkom finansowym, długiej tradycji i korzystnym dla chowu konia arabskiego warunkom środowiskowym, stadniny z krajów Bliskiego Wschodu zaczęły w bardzo krótkim czasie odnosić duże sukcesy zarówno na pokazach, jak i wyścigach, w ostatnich latach zajmując wręcz dominującą pozycję na światowym rynku. Dziś są one niekwestionowanymi liderami zarówno pod względem mierzonej sukcesami jakości, jak i liczebności przychowku.

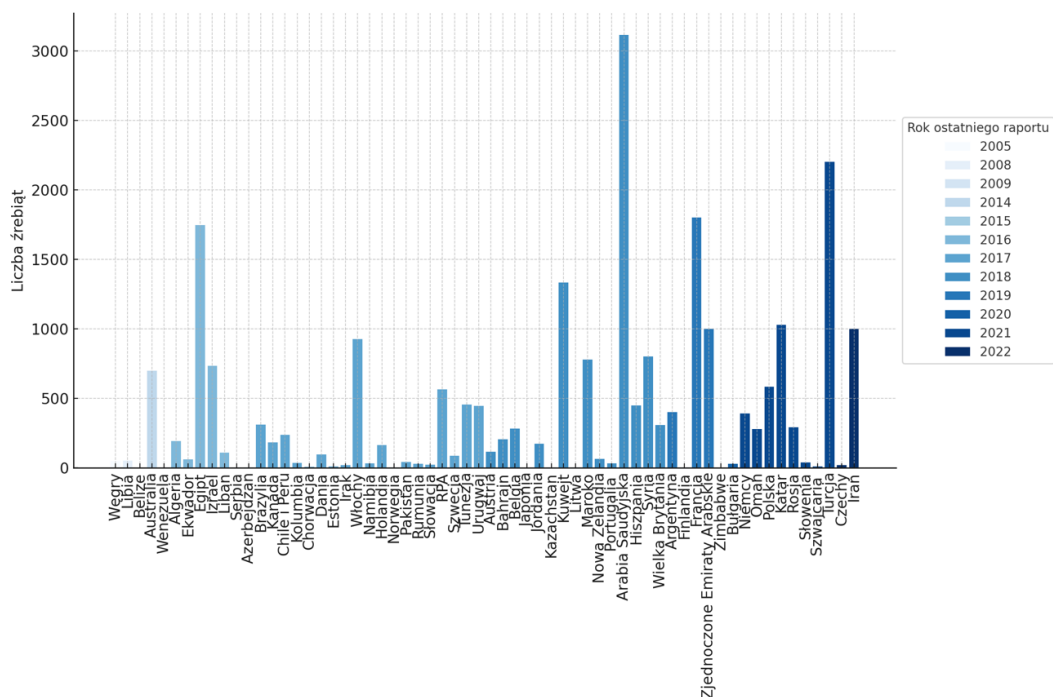
⁴ Spotykana częściej angielska transkrypcja imienia to Khalif Bin Ahmad Al Thani.

Kierunki użytkowania współczesnej populacji i organizacja pracy hodowlanej

Geograficzne rozmieszczenie populacji

Obecnie rasa czystej krwi arabskiej jest drugą (po rasie Quarter Horse) najliczniejszą rasą świata, a pierwszą pod względem liczby krajów, w których prowadzi się księgi stadne (Cosgrove i in., 2020). Nie do przecenienia jest też rola koni czystej krwi w tworzeniu wielu innych ras.

Według światowej bazy danych FAO, w 2023 było to 66 państw położonych na sześciu kontynentach, w których użytkowano te konie (<https://dadis-transboundary-ext-ws.web.app/?species = Horse&transboundary = Arab>; dostęp 09-09-2024), z czego 30 raportowało liczebność i zmiany trendów w liczebności populacji do DAD-IS-u. Łączna liczebność 158 588 osobników raportowanych w DAD-IS wydaje się mocno zaniżona, zwłaszcza biorąc pod uwagę, że w bazie nie uwzględniona została m.in. bardzo liczna populacja tej rasy z USA i Kanady. Estymacji liczebności można też dokonać dzięki lekturze raportów krajów członkowskich z organizowanych co kilka lat zjazdów Światowej Organizacji Konia Arabskiego (*World Arabian Horse Organization – WAHO*). Większość delegatów podaje tam liczbę źrebiąt rejestrowanych w księgach stadnych (Ryc. 7). Należy jednak zaznaczyć, że wiele danych jest nieaktualnych, a raporty te są trudno weryfikowalne.



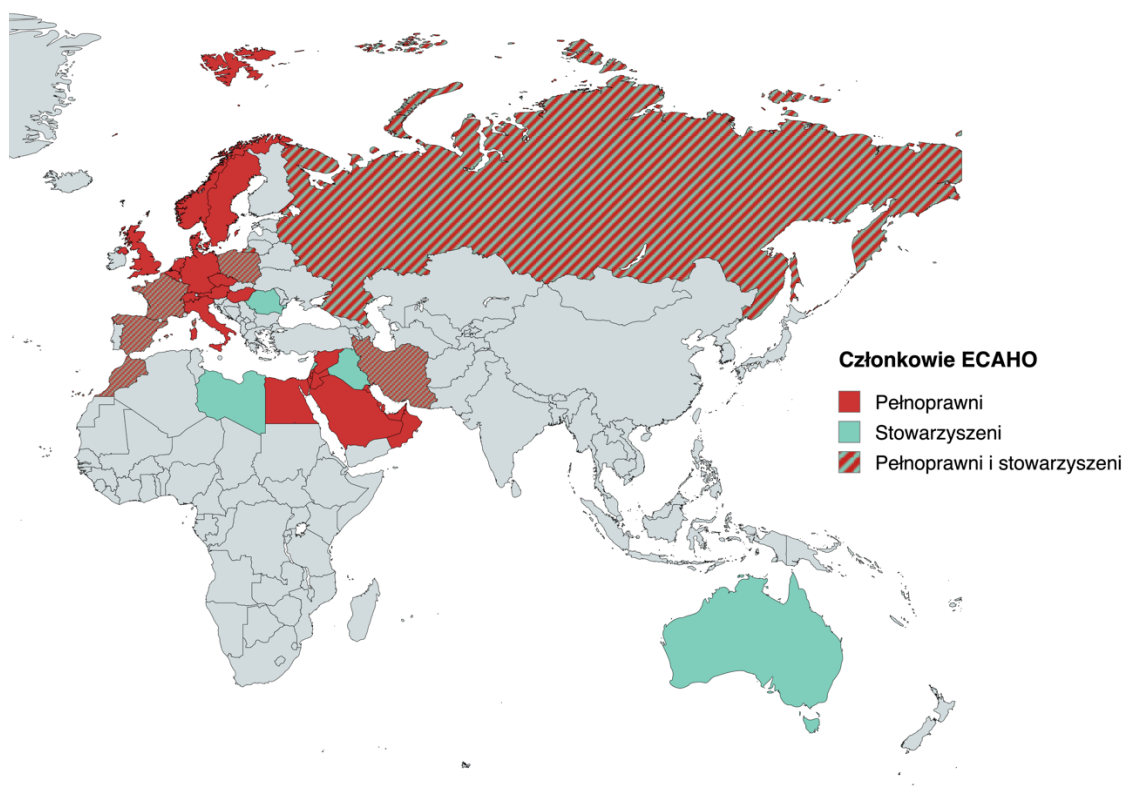
Ryc. 7: Liczba źrebiąt zarejestrowanych według raportów krajów członkowskich WAHO. Źródło: waho.org

Organizacje hodowlane i redakcje ksiąg stadnych

Światowa Organizacja Konia Arabskiego (WAHO) została założona w 1970 r. Jej członkami są krajowe organizacje odpowiedzialne za prowadzenie ksiąg stadnych. W 2024 r. WAHO zrzeszało 83 członków, a cztery kraje miały status kandydata. Głównym zadaniem WAHO jest czuwanie nad standardami prowadzenia ksiąg hodowlanych. Podstawowe cele WAHO to:

- zachowanie, poprawa i utrzymanie czystości krwi koni rasy arabskiej oraz promocja zainteresowania hodowlą rasy;
- promocja i dystrybucja specjalistycznej wiedzy na temat historii, warunków chowu i leczenia koni rasy arabskiej w krajach członkowskich;
- doradztwo i koordynacja polityk [hodowlanych] prowadzonych przez członków WAHO;
- dążenie do promowania jednolitości terminologii, definicji i procedur związaną z hodowlą koni arabskich;
- pośredniczenie w dyskusjach i negocjacjach na temat hodowli koni rasy arabskiej z krajowymi lub międzynarodowymi organizacjami.

W 1983 r. powstała z kolei Europejska Konferencja Organizacji Konia Arabskiego (*European Conference of Arab Horse Organizations – ECAHO*). Była to reakcja na budzące wątpliwości praktyki podczas pokazów koni arabskich organizowanych w Europie. Dziesięć europejskich organizacji hodowlanych zdecydowało o konieczności wprowadzenia jasnych zasad dotyczących organizacji i rozgrywania pokazów. Od tamtego czasu działalność organizacji skupia się na różnych tematach związanych z organizacją pokazów i czempionatów: corocznym opracowywaniu reguł ich rozgrywania, ustalaniu afiliacji i hierarchii pokazów, (tzw. „piramidzie ECAHO”) oraz przepisach dyscyplinarnych. Obecnie pokazy i czempionaty afiliowane przez ECAHO odbywają się w niemal 40 krajach w Europie, na Bliskim Wschodzie oraz w Afryce Północnej. ECAHO odpowiada także za kształcenie i licencjonowanie sędziów i innych osób oficjalnie afiliowanych na pokazach. Obecnie ECAHO zrzesza 30 pełnoprawnych członków oraz 15 członków stowarzyszonych (Ryc.8). Polska reprezentowana jest przez Krajowy Ośrodek Wsparcia Rolnictwa (członek pełnoprawny) oraz Polski Związek Hodowców Koni Arabskich (członek stowarzyszony).



Ryc. 8: Kraje pochodzenia (rejestracji) członków ECAHO.

W Polsce nadzór nad prowadzeniem ksiąg stadnych dla koni arabskich czystej krwi od 2001 r. sprawuje Polski Klub Wyścigów Konnych (PKWK), organ podległy ministrowi właściwemu do spraw rolnictwa. PKWK ustala warunki wpisu do ksiąg stadnych oraz prowadzi dokumentację hodowlaną. W Polsce działa także Polski Związek Hodowców Koni Arabskich (PZHKA) zrzeszający zarówno państwowe (trzech członków wspierających), jak i prywatne podmioty prowadzące hodowlę (76 członków zwyczajnych). Na podstawie §6 Statutu Polskiego Związku Hodowców Koni Arabskich, głównymi celami Związku są wspieranie i rozwój hodowli koni arabskich w Polsce oraz dbałość o zachowanie i promocję tej rasy w kraju i za granicą. Związek działa na rzecz doskonalenia cech użytkowych, genetycznych i fenotypowych koni arabskich, współpracuje z hodowcami, instytucjami oraz organizacjami krajowymi i międzynarodowymi. Ważnym elementem działalności Związku jest również edukacja hodowców oraz popularyzacja wiedzy o koniach arabskich w społeczeństwie (<https://pzhka.org.pl/wp-content/uploads/2024/04/Statut-podpisany.pdf>, dostęp 21-09-2024).

Zmiany w pokroju, typy i kierunki użytkowania

Jak wspomniano wcześniej, w stadninach położonych na terenie Cesarstwa Rosyjskiego (Biała Cerekiew, Sławuta) preferowano typ konia arabskiego o mocniejszej sylwetce, nadający się w dużej mierze do wyścigów (Ryc. 9). Z kolei w Galicji, w dużej mierze ze względu na modę wprowadzoną przez Juliusza Dzieduszyckiego, konie arabskie były lżejsze i drobniejsze. Na przełomie wieków Galicyjskie Towarzystwo Gospodarskie rozpoczęło zwiększanie kalibru konia arabskiego przez zakup „cięższych” reproduktorów. Rozpoczęło to dyskusję na temat celowości pogrubiania pokroju, zwłaszcza w kontekście nie zawsze precyzyjnych informacji rodowodowych. Kajetan Sołtan-Abgarowicz na łamach czasopisma *Rolnik* w 1907 r. podniósł kwestię pogorszenia się stanu hodowli austro-węgierskiej właśnie przez „zwiększanie masy” i apelował o zachowanie unikalnego galicyjskiego lekkiego konia orientalnego, którego odtworzenie może być niemożliwe w przyszłości (Sołtan-Abgarowicz, 1907).



Ryc. 9: Ogier Mustafa Pasza ze stadniny w Sławucie prezentowany na wystawie zwierząt gospodarskich w Jarosławiu, wrzesień 1908 r. Autor nieznanym/domena publiczna.

W latach 30. XX wieku popularność, szczególnie w Polsce, zdobyły tezy głoszone przez Carla Raswana. Ten niemiecko-amerykański hodowca i miłośnik rasy twierdził, że Beduini od lat konsekwentnie hodowali konie w odrębnych rodach, np. Kuhailan, Saklawi, O'Bajan, Hadban itd. Każdy z tych rodów miał odznaczać się całkowicie unikalnym zestawem cech fenotypowych, których Beduini świadomie nie mieszały, kojarząc pary w obrębie rodów. Zwolennikami takiego poglądu byli m.in. Bogdan Ziętarski i Edward Skorkowski, sceptyczny pozostawał m.in. Witold Pruski (1983, s. 254) który następująco opiniował hipotezę „typu rodowodowego”: „zwykle wzięcie sprawy na chłodny rozsądek i rozważenie szans prawdopodobieństwa utrzymania rodów w czystości u plemion dzikich, nie prowadzących żadnych zapisów hodowlanych, nie mówiąc już o księgach stadnych (...), nakazuje nieco ostrożniejsze ustosunkowanie się do kwestii rodów i rzekomej jej czystości”. Za poglądem Witolda Pruskiego przemawiają wyniki współczesnych badań, wykazujące, że nawet dokładnie prowadzenie ksiąg stadnych i korzystanie z genetycznych markerów pochodzenia nie stanowi rękojmi uniknięcia błędów w rodowodach (Cosgrove i in., 2020; Remer i in., 2022). Obecnie wyróżnia się czasem trzy tzw. typy koni arabskich: Saklawi, Kuhailan i Munighi. Jest to podział tradycyjny i niemający obecnie pełnego pokrycia w rzeczywistości, jako że od dawna z powodzeniem stosowane jest kojarzenie typu Saklawi z Kuhailanem, za to typ Munighi jest prawie w całkowitym zaniku. Faktem natomiast stało się wyodrębnienie i selekcja koni arabskich w dwóch podstawowych, niejako przeciwnych do siebie kierunkach: urody i dzielności wyścigowej.

Historycznie, w wielu krajach, w tym w Polsce, selekcja koni arabskich prowadzona była wielokierunkowo. Na przykład, polski koń arabski miał być „piękny i dzielny” – poza prawidłowym pokrojem i charakterystycznym typem rasowym miał też cechować się dzielnością wyścigową, której obowiązkowy sprawdzian przeprowadzano w wieku 3 lat. Inaczej sytuacja przedstawiała się we Francji, gdzie od lat 80. XIX wieku hodowla miała na celu przede wszystkim na doskonalenie dzielności wyścigowej, bez większej dbałości o typ rasowy. Jak wspomniano wcześniej, już w latach 30. XX wieku w Polsce rozgorzała dyskusja na temat używania koni pochodzenia francuskiego w hodowli, jako że konie te pozbawione były charakterystycznych dla rasy cech fenotypowych.

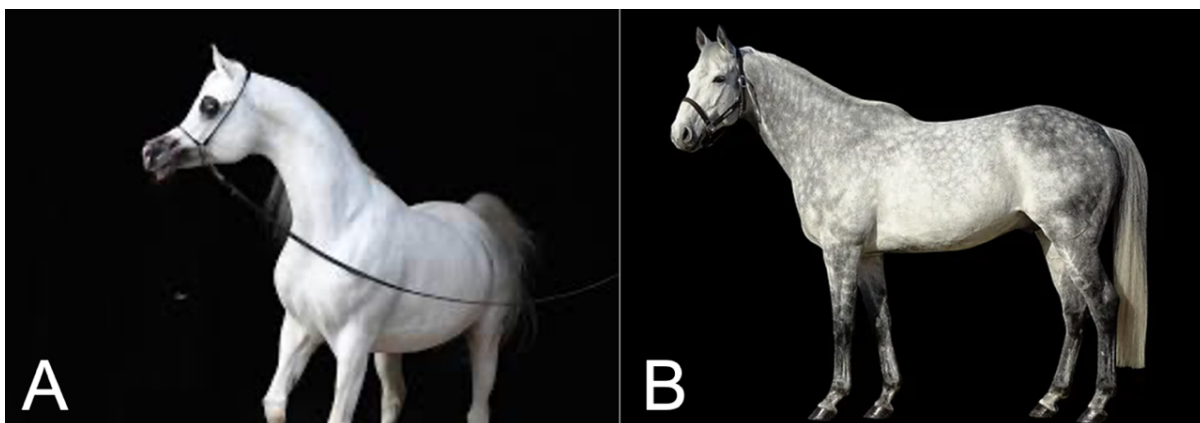
Pierwsza dyskusja nad „typem wystawowym”, odrębnym od typu koni dzielnych wyścigowo, miała miejsce podczas użycia w hodowli ogiera Comet ur. 1953 (Abu Afas–Carmen). Obecnie jest on zaliczany do grona najlepszych i najbardziej wpływowych reproduktorów w historii polskiej hodowli, ale w 1958 r. decyzja o jego wcieleniu do hodowli budziła znaczne

kontrowersje. Nikt nie kwestionował jego wyjątkowej urody, natomiast wątpliwości budził fakt, że nie wykazał się on ponadprzeciętną dzielnością wyścigową (nie startował w wieku trzech lat, w wieku czterech lat pod względem wygranej sumy nagród uplasował się na 33. miejscu wśród 49 koni w roczniku). Potomstwo Cometa było jednak chętnie kupowane przez hodowców zagranicznych, szczególnie z USA, gdzie zdobyło liczne tytuły wystawowe. Okazało się też, że jako reproduktor w każdym sezonie plasował się w czołowych miejscach rankingu kwot wygranych przez jego potomstwo na torze wyścigowym.

Jednocześnie w okresie PRL praktycznie nie włączano do hodowli typowo wyścigowych koni arabskich hodowli francuskiej. Wynikało to zarówno z logistycznych trudności z importem zwierząt z kraju spoza Układu Warszawskiego, jak i z ukonstytuowania się „typu polskiego araba”, który zyskiwał coraz większe uznanie międzynarodowe. Z hodowli nie eliminowano wprawdzie osobników tylko ze względu na ich francuskie pochodzenie (takich jak np. uznane reproduktory Bad Afas 1940 czy Equifor 1951), ale w miarę upływu pokoleń udział osobników hodowli francuskiej w strukturze genetycznej polskiej populacji uległ znacznemu zmniejszeniu.

Zmiany w prowadzeniu hodowli, w tym łatwość przepływu materiału genetycznego oraz możliwość udziału w międzynarodowych pokazach, gonitwach oraz zawodach sportowych spowodowały globalną specjalizację typów użytkowych koni arabskich. Od czasu wprowadzenia do światowej populacji kilku nowych rodów męskich o wybitnej dzielności wyścigowej (lata osiemdziesiąte–dziewięćdziesiąte XX wieku), w hodowli koni arabskich w kierunku wyścigowym odchodzi się od dbałości o zachowanie charakterystycznych cech typu rasowego i pokroju. Z kolei konie z subpopulacji przeznaczanych wyłącznie do występów w pokazach „w rękę” niejednokrotnie nie są nawet zajeżdżane pod siodłem (Lange, 2016). Praktyki takie są szczególnie częste na Bliskim Wschodzie, w mniejszym stopniu w Europie, a w najmniejszym stopniu na kontynencie północnoamerykańskim.

Blisko 40 lat wyspecjalizowanej pracy hodowlanej w dwóch przeciwstawnych kierunkach spowodowały, że obecnie różnice w pokroju między koniem arabskim w typie „pokazowym” i „wyścigowym” widoczne są nawet dla laika (Ryc. 10). W profesjonalnej hodowli kojarzenie tych dwóch fenotypów praktycznie nie występuje, a metody oceny ich wartości fenotypowej różnią się równie znacząco, co same cechy pokroju. Polski Program Hodowlany nie uwzględnia jednak podziału na typy i podkreśla konieczność zachowania dobrego poziomu zarówno cech związanych z urodą, jak i użytkowością.



Ryc. 10: Zdjęcia promocyjne uznanych reproduktorów czystej krwi arabskiej: ojca Czempiona Świata Ogierów Starszych 2023 (A) i ojca zwycięzcy prestiżowej gonitwy Qatar Arabian World Cup 2023 (B). Fot. A – Ajman Stud; B – Al Shahania Stud

Obecne cele hodowlane i wzorce rasy

Z racji wspomnianych różnorodnych kierunków użytkowania cel hodowlany dla koni arabskich czystej krwi w programach hodowlanych zwykle nie jest określony tak ściśle, jak np. w przypadku koni sportowych. Polski Program Hodowlany (z roku 2001, zaktualizowany 20 marca 2023 r.) formułuje następująco cel pracy hodowlanej⁵:

doskonalenie rasy w kierunku **potęgowania cech urody i suchości tkanki**, przy utrzymaniu pozostałych, cennych cech polskich koni arabskich czystej krwi, jak **prawidłowa budowa, doskonały ruch oraz wybitne walory użytkowe** będące wynikiem od ponad 90 lat przeprowadzanych prób dzielności na torze wyścigowym.

W kolejnej części programu („Nazwa rasy, szczegółowa charakterystyka i wzorzec rasy”) następuje rozwinięcie celu hodowlanego – wymienione są konkretne cechy fenotypowe:

Polskie konie arabskie czystej krwi odznaczają się wieloma zaletami m.in. **plennością, długowiecznością, dobrym wykorzystaniem paszy, odpornością** na choroby i trudne warunki bytowe, a także dużymi **uzdolnieniami pracotwórczymi** zwłaszcza w kierunku wyścigowym, długodystansowych rajdach konnych i innych formach użytkowania wierzchowego i zaprzęgowego. Polski koń arabski winien się charakteryzować wyraźnie zaznaczonym **typem rasowym** (bukietem), **prawidłową budową, odpowiednim kalibrem, suchą, urodziwą głową** osadzoną na **długiej i szlachetnej szyi, kłąb dobrze zarysowany, krótki, mocny grzbiet, dobrze związany, prosty, horyzontalny lub normalny zad z wysoką nasadą ogona, dobrze**

⁵ Wszystkie wyróżnienia własne.

ożebrowany, łopatka długa i skośna, co sprzyja dużemu wykrokowi, **kończyny suche i poprawne. Maść siwa, gniada, kara lub kasztanowata** z dopuszczalnymi, **ładnymi odmianami, oczy duże, wyraźne i ciemne**. Polski arab winien **mieć charakter bardzo łagodny i żywy temperament**. Preferowane wymiary biometryczne (cm): **wysokość w kłębie: ogiery 152–156, klacze 148–154; obwód kl. piersiowej: ogiery 175–185, klacze 170–180; obwód nadpęcia: ogiery 17,5–8,5; klacze 17–18**. Dymorfizm płciowy u koni arabskich objawia się **nieco niższymi wskaźnikami biometrycznymi u klaczy w stosunku do ogierów**.

Mimo że za główny cel hodowlany uznano potęgowanie cech urody i suchości tkanki, cechy związane z użytkowością znalazły się już w pierwszym zdaniu opisu wzorca rasy. Jak można założyć, konie arabskie czystej krwi mają cechować się wyższą plennością (a raczej lepszymi wskaźnikami użytkowości rozplodowej – por. niżej), dłuższym średnim trwaniem życia, lepszym wykorzystaniem paszy i mniejszą częstotliwością zapadania na choroby w porównaniu do innych ras. Wspomniane z kolei „uzdolnienia pracotwórcze”⁶ można charakteryzować za pomocą różnych wskaźników kinematycznych, m.in. długości i częstotliwości kroku czy prędkości ruchu (Kamieniak, 2006).

Wskaźniki rozrodu

Plenność definiowana jest przez Słownik Języka Polskiego PWN jako „liczba małych zwierząt w miocie”, a więc jest to termin odnoszący się ściśle do gatunków wielopłodowych. W kontekście hodowli koni jest on więc używany niepoprawnie. W polskiej literaturze przedmiotu termin „wskaźnik plenności” używany jest zamiennie z użytkowością rozplodową stada i zdefiniowany został jako stosunek liczby źrebiąt odsadzonych do liczby klaczy użytkowanych rozplodowo (Balińska i in., 2007). Wskaźnik produktywności, określany u innych gatunków jako użytkowość rozplodowa, jest najbardziej złożonym ze wskaźników reprodukcji, stanowiąc wypadkową wskaźnika płodności obu płci, żywych urodzeń i śmiertelności źrebiąt. Wszystkie wskaźniki reprodukcyjne cechują się skomplikowaną architekturą genetyczną i niską odziedziczalnością (Laseca i in., 2021), co utrudnia postęp hodowlany w zakresie tych cech, choć badania genomowe wykazały, że są one poddane presji selekcyjnej (Metzger i in., 2015). Porównanie ras i kierunków użytkowania wskazuje na bardziej korzystne wartości wskaźników reprodukcyjnych u koni ras prymitywnych

⁶ Słowo „pracotwórczy” jest rozpowszechnionym w polskiej literaturze hipologicznej neologizmem, nienotowanym przez Słownik Języka Polskiego PWN. Termin „uzdolnienie pracotwórcze” został prawdopodobnie zaczerpnięty z języka angielskiego jako wolne tłumaczenie terminu *work ability*.

i zimnokrwistych, chociaż w badaniach subpopulacji hiszpańskich wykazano krótszy okres międzywyźrebieniowy i dłuższy okres użytkowania rozplodowego u klaczy arabskich czystej krwi oraz klaczy półkrewi angloarabskiej niż u ras Jaca Navarra i Burguete użytkowanych w kierunku mięsnym. W badaniach Gómez i in. (2020) ogiery arabskie czystej krwi miały istotnie dłuższy okres użytkowania rozplodowego niż pozostałe rasy objęte badaniami. Inne badania porównawcze potwierdzają stosunkowo dobre wartości wskaźników reprodukcyjnych koni arabskich w zestawieniu z innymi rasami gorącokrwistymi (Warriach i in., 2014).

Długowieczność i odporność na choroby

Długowieczność może być rozumiana zarówno jako wiek w momencie śmierci, jak i całkowita długość użytkowania (ang. *longevity*). Analizy statystyczne obu tych cech na poziomie populacyjnym nastrożają trudności z racji konieczności zebrania wiarygodnych danych od właścicieli koni, którzy niejednokrotnie nie zgłaszają padnięcia nawet do redakcji ksiąg stadnych⁷. Dlatego też liczba opracowań naukowych dotyczących długowieczności koni jest stosunkowo mała. W 2000 r. Wallin i in. przeprowadzili badanie na szwedzkich populacjach koni gorącokrwistych (sportowych) oraz zimnokrwistych. Mediana długości życia dla koni użytkowanych wierzchowo wyniosła 13,9 dla ogierów i wałachów oraz 18,3 dla klaczy. Z kolei w przypadku koni zimnokrwistych wyższą medianę (17,6) odnotowano u koni płci męskiej w porównaniu do klaczy (16,4). Zdecydowana najczęstszą przyczyną śmierci i brakowań były choroby i urazy układu mięśniowo-szkieletowego (55,4% wszystkich odnotowanych przypadków), które poprzedzały wypadki (9,1%), choroby układu oddechowego (8,9%) oraz choroby układu pokarmowego (8,9%). Mimo że konie czystej krwi arabskiej uważane są powszechnie za rasę długowieczną i zdrową, należy zaznaczyć, że zidentyfikowano u nich szereg specyficznych dla rasy chorób o podłożu genetycznym: syndrom lawendowego źrebięcia (*lavender foal syndrome, LFS*) (Brooks i in., 2010), abiotrofię mózdkową (*cerebellar abiotrophy, CA*) (Brault i in., 2011), ciężki złożony niedobór odporności (*severe combined immunodeficiency, SCID*) (Bernoco i Bailey, 1998), malformację szczytowo-potyliczną typu pierwszego (*occipitoatlantoaxial malformation, OAAM1*) (Bordbari i in., 2017) oraz młodzieńczą padaczkę idiopatyczną (*juvenile idiopathic epilepsy, JIE*) (Aleman

⁷ Historycznie najpełniejszych danych dostarczały firmy ubezpieczeniowe, według których średnia długość życia koni wynosiła między siedem a osiem lat. Były to oczywiście wartości skrajnie zaniżone, a wynikające z faktu, że ubezpieczenia wykupywano głównie dla koni sportowych i wyścigowych, które znacznie częściej ulegają kontuzjom w młodym wieku (Wallin i in., 2000).

i in., 2006). Pierwsze trzy z wymienionych chorób powodują śmiertelność zbliżoną do 100% w okresie perinatalnym, z kolei OAAMI i JIE często uniemożliwiają jakiegokolwiek użytkowanie obciążonego tą chorobą osobnika. Mimo to zasady wpisu do ksiąg hodowlanych nie tylko nie obligują do przeprowadzenia badań genetycznych, ale w ogóle nie wspominają o wyżej wymienionych jednostkach chorobowych.

Wykorzystanie paszy

Kolejnym pojęciem, którego użycie w kontekście hodowli koni arabskich czystej krwi może rodzić pewne wątpliwości, jest „wykorzystanie paszy”. Literatura zootechniczna definiuje pojęcie współczynnika wykorzystania paszy (*Feed Conversion Ratio*, FCR) najczęściej jako ilość paszy potrzebną do osiągnięcia jednego kilograma przyrostu masy ciała. Wartość tej cechy zależy od osobniczych uwarunkowań metabolicznych i zapotrzebowania na energię potrzebną do utrzymania funkcji życiowych. O wykorzystaniu paszy mówimy więc najczęściej w kontekście grup użytkowanych w intensywnej produkcji mięsnej, to jest kurcząt brojlerów, trzody chlewnej oraz bydła mięsnego. FCR, rozumiany jako ilość paszy potrzebna do wyprodukowania jednego kilograma mleka, jest również stosowany w hodowli bydła mlecznego, będąc częścią indeksów selekcyjnych dla rasy holsztyńsko-fryzyjskiej m.in. w Australii (od 2015 r.), Holandii (od 2020 r.) oraz Stanach Zjednoczonych i Kanadzie (od 2021 r.). Ponieważ celem hodowli koni arabskich czystej krwi nie jest maksymalizacja efektywności otrzymywania produktów odzwierzęcych, użycie pojęcia „wykorzystanie paszy” można uznać za błędne, a co najmniej za niedostosowane do specyfiki użytkowania tej rasy.

Uzdolnienia pracotwórcze

Uzdolnienia koni do pracy „w kierunku wyścigowym, długodystansowych rajdach konnych⁸ i innych formach użytkowania wierzchowego i zaprzęgowego” można pośrednio ocenić na podstawie kariery wyścigowej lub w oparciu o wyniki osiągnięte w zawodach w danej dyscyplinie. Szczegółowe warunki oceny wartości użytkowej omówione są w rozdziale XII programu hodowlanego:

⁸ Aktualna nazwa tej dyscypliny to sportowe rajdy konne.

- **Kariera wyścigowa jest oceniana na podstawie sumy wygranych, jakości wygrywanych gonitw indywidualnego współczynnika powodzenia oraz handikapu.**

Wymienione są tu cztery z licznych wskaźników dzielności wyścigowej spotykanych w literaturze. Do dziś ani w praktyce badawczej, ani hodowlanej nie została opracowana kompleksowa metoda fenotypowania dzielności wyścigowej. Generalnie wskaźniki dzielności wyścigowej można podzielić na te oparte na czasie ukończenia gonitwy, na handikapie oraz na wygranej kwocie. Wskaźniki oparte na czasie mają zwykle wyższą odziedziczalność od dwóch pozostałych kategorii, ale generalnie udział wariancji środowiskowej w zmienności fenotypowej wskaźników charakteryzujących wyniki gonitw jest bardzo wysoki (Thirukenkadan i in., 2009).

Suma wygranych to łączna kwota zarobiona w gonitwach przez danego osobnika. Stanowi ona wypadkową regularności, wytrzymałości i jakości wygrywanych gonitw (Ricard i in., 2000). Współczynnik odziedziczalności szacowany na podstawie informacji rodowodowych dla sumy wygranych dla koni pełnej krwi angielskiej waha się od 0,04 do 0,14 (Thirukenkadan i in., 2009).

Jakość wygrywanych gonitw ma bezpośrednie powiązanie z sumą wygranych. W polskim systemie gonitwy generalnie dzielą się na grupowe (grupy IV–I) i pozagrupowe, w tym kategorii B i A. W gonitwach pozagrupowych startują konie o lepszej dotychczasowej karierze, a pula nagród jest wyższa niż w gonitwach grupowych, szczególnie w kategorii A.

Indywidualny współczynnik powodzenia (IWP) to wskaźnik opracowany przez polskich autorów, wyrażający się stosunkiem kwoty wygranej przez danego osobnika do średniej kwoty wygranej przez konie z jego rocznika (Budzyński i Chmiel, 1988). Jednakże badania poświęcone predykcji dzielności wyścigowej potomstwa na podstawie dzielności wyścigowej klaczy wykazały, że IWP nie jest istotnym predyktorem w żadnym z analizowanych modeli (Klecel i in., 2022).

Handikap to przypisane obciążenie danego konia, którego celem jest wyrównanie szans koni o różnych możliwościach na wygraną wyścigu. Jest on ustalany przez specjalistę po każdym starcie konia. Odziedziczalność wag handikapowych jest wyższa od odziedziczalności wskaźników opartych na wygranej kwocie (Thirukenkadan i in., 2009).

- **Selekcja koni na szybkość nie jest głównym celem hodowli tej rasy, a wyścigi są traktowane przede wszystkim jako test zdrowia, mający za zadanie sprawdzenie odporności psychicznej i fizycznej poszczególnych osobników.**

Podłoże genetyczne dzielności wyścigowej (opisywanej przez różne wskaźniki) jest oczywiście najlepiej opisane u koni pełnej krwi angielskiej. Wśród szeregu genów identyfikowanych przez różnych autorów zarówno na podstawie markerów mikrosatelitarnych (Gu i in., 2009), jak i badań asocjacyjnych całego genomu (GWAS) (Petersen i in., 2013), na szczególną uwagę zasługuje gen *MSTN* kodujący miostatynę, inhibitor rozwoju sarkomerów typu IIB. Polimorfizm w pozycji ECA18: g.66493737T>C powoduje zwiększenie szybkości, podczas gdy wariant T wiązany jest z większą wytrzymałością na długich dystansach (Hill i in., 2010, 2012)⁹. Analiza frekwencji obu alleli w populacji egipskich koni arabskich wykazała $f(C) = 0,08$ i $f(T) = 0,92$ (Bower i in., 2012), co generalnie potwierdza tezę, że poprawa szybkości nie jest głównym celem hodowlanym w rasie. Fontanel i in. (2020) wykazali ponadto związek genów *SLC16A1* oraz *ACOX1* z szeregiem wskaźników dzielności wyścigowej u koni arabskich czystej krwi, a także genu *ACTN3* z preferowanym dystansem wyścigu.

Typ rasowy

Polski Program Hodowlany stwierdza, że „polski koń arabski winien się charakteryzować wyraźnie zaznaczonym typem rasowym (bukietem)”, nie wyjaśniając jednak w żadnym stopniu, w czym ów typ rasowy czy bukiet ma się przejawiać. Nieco dokładniej kwestia ta opisana jest w podręczniku dla sędziów pokazowych ECAHO (Upton, 2018a), choć już na wstępie zaznaczono, że „choć typ jest kluczowym elementem, a jego definicja powinna być ustandaryzowana, to może on być jednak czymś innym dla każdego, dlatego różnice w tym zakresie są nieuniknione” (Upton, 2018a, s. 7). Wśród wad i cech niepożądanych u polskich arabów wymieniono jedynie nisko osadzony lub „przyklejony do zadu” ogon, uważany za jedną z najpoważniejszych wad ze wszystkich możliwych. Do typu rasowego można zaliczyć też grupę cech związanych z pigmentacją skóry. Według Polskiego Programu Hodowlanego w rasie dopuszcza się maść siwą, gniadą, karą i kasztanową „z dopuszczalnymi, ładnymi odmianami”. Podręcznik ECAHO dodaje, że niedopuszczalne są konie srokate oraz bułane, a maść izabelowata „nie jest arabska”. Dodatkowo niepożądana jest kręcona sierść, bielactwo

⁹ Petersen i in. (2014) zasugerowali, że wariacja fenotypowa nie jest powodowana przez SNP T>C, ale raczej przez element powtarzalny ERE-1 w promotorze genu *MSTN*, którego wariant powodował obniżenie ekspresji u koni z lepszymi wynikami w wyścigach sprinterskich.

oraz „wytarte” (rozjaśnione?) kolory. Ponieważ genetyka umaszczenia nie wchodzi w zakres niniejszej dysertacji, należy jedynie zaznaczyć dla porządku, że wymienione podstawowe maści: gniada, kara i kasztanowata, są determinowane przez interakcję dwóch genów: *MC1R* (kodującego receptor melanokortyny 1) i *ASIP* (białko sygnalizacyjne agouti). Dominujący allel w genie *MC1R* (E) umożliwia produkcję czarnego pigmentu (eumelaniny), a dominujący allel w genie *ASIP* (A) kontroluje rozjaśnianie pigmentu w określonych częściach ciała. Homozygotyczny układ recesywny w *ASIP* (aa) przy obecności dominującego allelu *MC1R* (E) skutkuje maścią karą. Z kolei homozygotyczny układ recesywny w *MC1R* (ee) prowadzi do maści kasztanowatej, niezależnie od genu *ASIP*, gdyż *MC1R* w tej formie uniemożliwia produkcję czarnego pigmentu. Maść gniada występuje, gdy koń posiada co najmniej jeden dominujący allel w obu genach (E_A_). Dodatkowo gen *STX17* (syntaksyna 17), odpowiadający za siwienie, powoduje stopniowe rozjaśnianie każdej z tych maści aż do osiągnięcia barwy białej lub szarej. Nowe badania wskazują na obecność dwóch alleli siwienia: G2 (wolne siwienie) i G3 (szybkie siwienie). Koń z allelem G3 szybciej siwieje i ma wyższe ryzyko wystąpienia czerniaka, podczas gdy allel G2 wiąże się z wolniejszym siwieniem i niższym ryzykiem czerniaka (Rubin i in., 2024). U koni siwych, w przeciwieństwie do koni białych (z układem dominującym w locus W) zazwyczaj obserwuje się ciemną skórę i oczy, jednak u 26–67% siwych koni z wiekiem pojawia się częściowe bielactwo (Hofmanová i in., 2015) – strefowa utrata ekspresji eumelaniny, zazwyczaj w okolicach nozdrzy, oczu oraz odbytu (Ryc.11). Co ciekawe, geny potencjalnie związane z występowaniem bielactwa (*RCBTB1*, *LITAFD*, *NUBPL* oraz *PTP4A1*) ulegają ekspresji w melanocytach i powodują metastazę komórek nowotworowych, co wskazuje na antagonistyczną patogenezę bielactwa w stosunku do patogenezy czerniaka (Druml i in., 2021)



Ryc. 11: Osobnik z wyraźnie zaznaczonym bielactwem w okolicach nozdrzy i powiek. Wikipedia Commons/domena publiczna.

Pokrój

Polski Program Hodowlany wymienia następujące cechy związane z pokrojem:

- Prawidłowa budowa;
- Odpowiedni kaliber (wymiary biometryczne):
 - wysokość w kłębie: ogiery 152–156 cm, klacze 148–154 cm,
 - obwód klatki piersiowej: ogiery 175–185 cm, klacze 170–180 cm,
 - obwód nadpęcia: ogiery 17,5 cm–18,15 cm, klacze 17–18 cm;
- Głowa:
 - sucha,
 - urodziwa,
 - z dużym, wyraźnym i ciemnym okiem;
- Szyja:
 - długa,
 - szlachetna;
- Kłoda:
 - dobrze zarysowany kłęb,
 - krótki, mocny grzbiet,
 - dobrze związane, prosty, horyzontalny lub normalny zad,
 - wysoka nasada ogona,
 - dobre ożebrowanie,
 - łopatka długa i skośna;
- Kończyny:
 - suche,
 - poprawne.

Prawidłowa budowa jest oczywiście terminem bardzo szerokim, oznaczającym generalnie brak widocznych wad pokroju w jakimkolwiek obszarze ciała, które szczegółowo zostaną omówione w następnych akapitach.

Prawidłowy kaliber określony ilościowo w postaci trzech preferowanych wymiarów biometrycznych wskazuje na cel selekcyonowania koni o dość niskim, jak na wierzchowy kierunek użytkowania, wzroście – 148 cm w kłębie, co jest umowną granicą rozróżnienia między koniem a kucem (Van de Pol i van Oldruitenborgh-Oosterbaan, 2007). Wymiary biometryczne jako typowe cechy ilościowe, mają skomplikowaną architekturę genetyczną,

jednak, głównie ze względu na swoją ogromną zmienność, stanowią jedną z najlepiej poznanych cech fenotypowych u koni. Makvandi-Nejad i in. (2012) wykazali, że 83% zmienności w rozmiarze ciała między 16 rasami determinowane jest zaledwie przez cztery *loci*. Największą rolę odgrywał zlokalizowany w trzecim chromosomie gen *LCORL*, kodujący zależny od ligandu receptor jądrowy podobny do korepresora. Wcześniej wielokrotnie wykazywano jego związek ze wzrostem człowieka (Gudbjartsson i in., 2008; Kim i in., 2010; Lango Allen i in., 2010), udowodniono również, że pozostaje on pod presją selekcyjną u bydła (Flori i in., 2009). Wiodącą rolę *LCORL* w determinowaniu wzrostu potwierdzono w innych badaniach (Metzger i in., 2013; Signer-Hasler i in., 2012).

Oczywiście wzrost w kłębie, jak i dwa pozostałe wspomniane wymiary biometryczne nie są jedynym wyznacznikiem „kalibru” konia. Fenotypowanie rozmiarów i kształtów ciała konia daje nieograniczone możliwości (Brooks i in., 2010), jednak ręczne dokonywanie kilkudziesięciu pomiarów jest bardzo czasochłonne, a czasami niemożliwe, dlatego w praktyce hodowlanej pomiary zoometryczne ogranicza się do trzech wyżej wymienionych.

Morfologia **głowy** koni arabskich czystej krwi jest jedną z najbardziej rozpoznawalnych cech rasy (Cosgrove i in., 2020). Dokładny opis pożądaných i niepożądaných cech możemy znaleźć w podręczniku ECAHO dla sędziów (Upton, 2018a, s. 16–17):

Jedną z najbardziej charakterystycznych cech konia arabskiego jest jego głowa, która jest niezwykle wyrafinowana, z wyraźnie zaznaczoną strukturą kości. Widziana z boku ma kształt klinowaty, jest szeroka w okolicy kości policzkowych, zwężając się ku delikatnej części nosowej. Oczy osadzone nisko na głowie są duże i mają intensywny ciemny kolor. Biała obwódka wokół oka przypominająca ludzkie oko nie jest wadą. Nozdrza w spoczynku leżą równolegle do profilu twarzy i są zdolne do prawdziwej ekspresji. Kości policzkowe są duże, o ostrych krawędziach i szeroko rozstawione, z samą skórą między nimi (zaciśnięta pięść powinna zmieścić się między kośćmi żuchwy), zapewniając w ten sposób miejsce na krtań. Trzony żuchwy są proste i niewypukłe w kształcie. Wąska dolna warga, szczególnie u niektórych klaczy, może być luźna i obwisła w spoczynku, ale gdy zwierzę jest zainteresowane lub podekscytowane, staje się napięta. Wargi są długie i mają łagodny wyraz. „Wgłębienie” w profilu pod oczami jest pożądané, ale nie niezbędne. Czoło może być płaskie lub nieco wybrzuszone (*jibhá*). Głowa widziana z przodu wydaje się szeroka w poprzek czoła, oczy dobrze osadzone, krawędzie kości policzkowych muszą być czysto zarysowane, a część nosowa krótka. Jednocześnie nozdrza są duże i delikatnie obrzeżone z lekkim zawinięciem, a przy tym niezwykle elastyczne, z dużymi możliwościami rozszerzania się. Uszy są osadzone dość blisko siebie, drobno wyrzeźbione i wyraziste, a ich końce często zakrzywione. Klacze często mają nieco większe uszy niż ogiery.

Jak można zauważyć, największa waga przykładana jest w opisie do szerokiej kości czołowej, wydutych kości policzkowych i stosunkowo krótkiej części nosowej, jak i do dużego, wyrazistego oka. W środowisku hodowlanym dominuje pogląd, że najbardziej istotne ekonomicznie jest uzyskanie jak największego wgłębienia między częścią czołową i częścią nosową twarzoczaszki, czyli tzw. szczupaczego profilu, a z drugiej strony potęgowanie tej cechy spotyka się z krytyką, a nawet stawianiem hipotez o obniżeniu możliwości prawidłowego funkcjonowania układu oddechowego u osobników z taką morfologią głowy (co nie znalazło na razie potwierdzenia w badaniach klinicznych). Jednocześnie zauważono, że u osobników o szczupaczym profilu i krótszej kości nosowej częściej obserwuje się występowanie wad zgryzu. Próbując zaadresować ten problem, w 2024 r. ECAHO wprowadziło regulacje wykluczające z pokazów konie, u których stwierdzono przodozgrzyz lub tyłozgrzyz o głębokości większej niż grubość jednego zęba¹⁰.

Uzyskanie precyzyjnego, kwantyfikowalnego fenotypu morfologii głowy, niezbędne np. do prowadzenia badań genetycznych, nastęrcza duże trudności z racji różnego charakteru cech składających się na wygląd głowy. Długości prostych odcinków (np. długości i szerokości kości twarzoczaszki, odległość między oczami itd.) można zmierzyć za pomocą prostych narzędzi w jednostkach bezwzględnych, jednak zasadne wydaje się skalowanie tych wymiarów do innych obszarów ciała. Pomiar nieliniowych kształtów, takich jak np. zakrzywienia profilu głowy, wymaga zastosowania bardziej złożonych metod. Wśród współczesnych badań nad morfologią głowy największe zainteresowanie budzi morfometria geometryczna. Metoda ta oparta jest na analizie współrzędnych wybranych *a priori* orientacyjnych punktów anatomicznych, według których wykonuje się „obrys” danego kształtu. Następnie za pomocą uogólnionej analizy Procrustes dokonuje się standaryzacji pozycji, skali i orientacji wszystkich kształtów w zbiorze. Ostatnim krokiem jest wykonanie analizy głównych składowych (PCA), mających na celu redukcję wymiarów. Z użyciem tej metody udowodniono, że profil głowy u koni arabskich czystej krwi oraz ich mieszańców F1 to cecha pedomorficzna (dziecięcokształtna) (Salamanca-Carreño i in., 2022). Wstępne badania genomowe udowodniły potencjalny związek genu *ZFAT* z odległością pomiędzy oczami

¹⁰ ECAHO zakwalifikowało tę wadę jako cechę dziedziczną, choć odziedziczalność tej cechy nie została jeszcze oszacowana ani na podstawie rodowodów, ani badań genomowych.

(Cosgrove i in., 2020), a także pojedynczego *locus* na chromosomie 5 z siedmioma kluczowymi pomiarami głowy (Ciosek, 2023; Ciosek i in., 2023).

Dokładny opis wzorca **szyi, łopatki i kłębu** znajdujemy również w podręczniku dla sędziów (Upton, 2018a, s. 21):

Głowa przylega do szyi pod kątem większym niż 90°, dzięki czemu wydaje się wychodzić w naturalnej krzywiznie, co pozwala na otwarcie linii podgardla (Mitbah), nadając szyi łukowaty wygląd przez cały czas. Szyja jest czysta i nie limfatyczna, bez widocznych ostrych kątów. Ogiery mają zazwyczaj wyraźny grzebień szyi i dlatego ich szyja może być nieco grubsza. Długość szyi jest ważna, ale araby generalnie nie mają tak długiej szyi, jak konie pełnej krwi angielskiej, chociaż jej elastyczność, wysokie osadzenie, naturalne wygięcie i delikatne podgardle sprawiają wrażenie większej długości. Łopatka jest zdecydowanie skośna, długa i wyraźnie zaznaczona w okolicy kłębu, który jest zwykle mniej wydatny niż u koni pełnej krwi angielskiej. Szyja wyrasta z górnej części klatki piersiowej – nie jest nisko osadzona – a jej linię można przeprowadzić aż do kłębu. Klatka piersiowa jest głęboka i dość szeroka.

Szyja jest przedmiotem zainteresowania badaczy głównie w kontekście jej wpływu na parametry kinematyczne, zwłaszcza pod kątem użytkowania wierzchowego. Liczne badania potwierdziły istotny wpływ pozycji głowy i szyi (często wymuszonej) na takie parametry jak długość kroku, elastyczność grzbietu czy koordynację kończyn, jak również na układ nerwowy w przypadku koni sportowych (Alvarez i in., 2006; Rhodin i in., 2009; Zebisch i in., 2014). W kontekście budowy i morfologii największe zainteresowanie budzi często spotykana u ras „barokowych” wada polegająca na przeroście grzebienia szyi. U koni Pura Raza Español (PRE) występowanie przerostu grzebienia szyi zidentyfikowano u 8,91% populacji, a odziedziczalność tej cechy oszacowano na 0,37 (Sánchez i in., 2017). Występowanie tej cechy zostało również powiązane z ryzykiem otyłości i insulinooporności (Carter i in., 2009).

Opis wyglądu **kłody**, jakkolwiek dość dokładny, nie zawiera jednak żadnych wskazówek natury ilościowej. Według ECAHO odległości między: stawem ramiennym a kłębem, kłębem i guzem biodrowym, oraz guzem biodrowym i guzem krzyżowym powinny być równe. Z kolei odcinki przeprowadzone przez punkty wyznaczone przez kłąb, staw ramienny, punkt na doogonowej części kończyny miednicznej na wysokości stawu ramiennego oraz guz biodrowy powinny tworzyć trapez równoramienny (Upton, 2018a). Zad, mierzony od guza biodrowego do guza krzyżowego, powinien być szeroki, zaś guz kulszowy nie powinien znajdować się wyżej niż kłąb (Upton, 2018, s. 29).

Stecher (1962) badał zmienność w zakresie liczby kręgów między różnymi grupami koniowatych, analizując szkielety pochodzące ze zbiorów muzealnych¹¹. Wśród siedmiu odcinków piersiowych szkieletów koni arabskich cztery miały 17 kręgów, a trzy – 18. W odcinku lędźwiowym trzy szkielety koni arabskich miały pięć kręgów, a siedem – sześć. Obserwacje te autor podsumował następująco: „można śmiało powiedzieć, że konie arabskie jak nazywają to jeźdźcy, są krótkogrzbiete, lub inaczej – mają zmniejszoną liczbę kręgów ciała. Jest to dowód na to, że są to konie czystej krwi, a nie mieszańce”. Wnioski z tego badania, mimo że opartego na małej próbie i niepoprawnej z dzisiejszego punktu widzenia wiedzy genetycznej, odbiły się szerokim echem w środowisku hodowlanym, a mniejsza liczba kręgów u koni arabskich bywa uznawana za cechę wyróżniającą rasę. Późniejsze badania z wykorzystaniem współczesnych metod diagnostycznych, takich jak tomografia komputerowa, wykazały, że zmienność w zakresie liczby kręgów występuje u różnych ras i typów użytkowych koni (Spoormakers i in., 2021).

Jak wspomniano wcześniej, ogromną wagę u koni arabskich przykłada się do wysokiego osadzenia i tzw. „noszenia” ogona, szczególnie w momentach ekscytacji. Ruchy ogonem (poziome i pionowe) pełnią ważną funkcję w komunikacji u wszystkich gatunków zwierząt kręgowych, u których ogon jest widoczny. Pionowe ruchy ogona – w skrajnych przypadkach powodujące zarzucanie ogona na plecy – mogą wskazywać na dominację, pobudzenie seksualne, agresję lub chęć nawiązania kontaktów socjalnych (Kiley-Worthington, 1976). Są one obserwowane u różnych ras i typów użytkowych – częściej u koni gorąckrwistych niż zimnokrwistych i prymitywnych. Można je więc powiązać w pewnym stopniu z reaktywnością, która u koni w największym stopniu łączy się z odruchem ucieczki. Hipoteza ta ma poparcie zarówno w ewolucyjnej historii ogona, który na wczesnych etapach rozwoju strunowców był podstawowym organem służącym do poruszania się, jak i w anatomicznej architekturze ogona. Dwadzieścia kręgów ogonowych (z czego ostatnich kilka ma postać wąskich trzonów pozbawionych wyrostków) jest otoczonych kilkoma mięśniami, z których dwa największe – krzyżowo-ogonowe – biorą swój początek na kręgach krzyżowych. Mięsień krzyżowo-ogonowy dogrzebietowy przyśrodkowy, który odpowiada za podnoszenie i opuszczanie ogona (ruchy pionowe) jest uważany za przedłużenie mięśnia wielodzielnego,

¹¹ Za oddzielne grupy w badaniu uznano: konia domowego, kuca szetlandzkiego, zebkę, zebkę Grevy’ego, muła, osła, kułana, konia arabskiego i konia Przewalskiego. Rozróżnienia dokonano na podstawie subiektywnych odczuć autora dotyczących unikalności fenotypowej. W publikacji nie wspomniano, na jakiej podstawie szkielety uznano za pochodzące od koni arabskich.

odpowiedzialnego za ruchy całej kolumny kręgosłupa, a zatem kluczowego przy odruchu ucieczki. Paradoksalnie, wysokie podnoszenie ogona, a nawet charakterystyczne dla koni arabskich zarzucanie go na plecy, obserwowane jest znacznie częściej podczas stania lub wolnego ruchu (najczęściej kłusa) niż galopu.

Kończyny powinny być wolne zarówno od wad postawy jak i pokroju. Wymieniona w Polskim Programie Hodowlanym „suchość” kończyn wiąże się z małym udziałem tkanki limfatycznej w porównaniu do innych ras i typów użytkowych. W literaturze przedmiotu pokrój kończyn koni arabskich jest poruszany głównie w ujęciu porównawczym do innych ras (Crook i in., 2008; Yıldırım i Erden, 2023). Wady postawy i wady pokroju są bardzo często związane z występowaniem kulawizny.

Według podręcznika ECAHO, **kończyny ramienne** powinny być rozstawione dość szeroko (co powiązane jest z szeroką klatką piersiową). Łopatką długa i skośna, łokieć wystający, za to kość ramienna krótka. Odcinek przejściowy powinien być silnie umięśniony i długi. zakończony dużymi, ale płaskimi stawami nadgarstkowymi łączącymi się z krótkimi kośćmi nadpęcia. Ścięgna wyraźnie zaznaczone i równoległe do kości. Pęciny elastyczne, umiarkowanej długości i nachylenia (ok. 45 stopni), a stawy pęcino-owe niezbyt okrągłe. Widziane z przodu, kończyny powinny być równoległe do siebie, a kasztany słabo widoczne (Upton, 2018a, s. 32).

Kończyny miedniczne powinny cechować się dużymi, prostymi stawami skokowymi – niezależnie od pozycji kończyny linia poprowadzona przez środkowe punkty stawu pęcino-owego i stawu skokowego powinna przechodzić przez guz krzyżowy. Wzorzec struktur *autopodium* jest zasadniczo taki sam jak dla kończyny ramiennej, z tym, że stawy pęcino-owe są nieco bardziej strome (Upton, 2018, s. 34).

Ruch

Koń arabski naturalnie porusza się trzema chodami podstawowymi: czterotaktowym stępem, dwutaktowym klusem i trzytaktowym galopem. Pierwsze dwa należą do chodów symetrycznych, podczas gdy galop jest chodem asymetrycznym (trajektoria ruchu jednej kończyny z pary jest różna od drugiej).

Najbardziej charakterystyczny dla koni arabskich jest efektowny, wyciągnięty klus z wyraźną fazą zawieszenia – momentu, kiedy wszystkie kończyny znajdują się w powietrzu (Cano i in., 2001). To właśnie ten chód stanowi podstawę do oceny konia podczas pokazu. Zwraca się uwagę na jego efektywność, mierzoną maksymalnym dystansem, jaki koń może pokonać podczas jednego cyklu ruchu, a także ogólne wrażenie – koń powinien wyglądać, jakby na chwilę „zastygał” w powietrzu. Upton (2018) zwraca uwagę, że podstawą dobrej jakości klusa są odpowiednie skątowania w poszczególnych stawach, szczególnie skośna łopatka.

Schemat ruchu kończyn w klusie to jednoczesny kontakt z podłożem prawego przedniego i lewego tylnego kopyta, po którym następuje faza zawieszenia, następnie następuje kontakt z podłożem drugiej pary kończyn (lewe przednie – prawe tylnie), po której znów obserwuje się fazę zawieszenia. Symetria tego chodu ma więc charakter diagonalny. Według literatury prędkość klusa ma szeroki przedział 2,8–14,2 m/s, jeden cykl powoduje zmianę położenia o 2,8–5,9 m, częstotliwość wynosi 0,9–2,52 cykli/s, a faza kontaktu z podłożem (tzw. *duty factor* – współczynnik obciążenia) stanowi 26–53% czasu trwania całego cyklu (Back i Clayton, 2013, s. 86). Współczynniki odziedziczalności parametrów klusa zostały dotychczas wstępnie oszacowane dla francuskich ras wierzchowych i wyniosły od $h^2 = 0,12$ dla symetrii i regularności do 0,44 dla odległości pokonywanej w jednym cyklu (Barrey, 2013, s. 46). Należy jednak zaznaczyć, że wyniki te nigdy nie zostały opublikowane w recenzowanym czasopiśmie ani powielone przez innych autorów. Prawdopodobną przyczyną takiego stanu rzeczy jest wiele problemów związanych z przyjęciem odpowiedniej metody fenotypowania wyżej wymienionych cech. Zagadnienie to zostanie szerzej omówione w ostatnim rozdziale przeglądu piśmiennictwa oraz w części eksperymentalnej niniejszej dysertacji.

Struktura populacji

Struktura genetyczna populacji jest określana przez rozmieszczenie, częstość występowania i przepływ różnych wariantów genów (alleli) w danej populacji. Jest ona kształtowana przez szereg czynników, takich jak m.in. selekcja (naturalna i sztuczna), procesy migracji, dryf genetyczny czy występowanie mutacji.

Do analizy struktury genetycznej populacji możemy wykorzystać zarówno dane rodowodowe, jak i sekwencje DNA jądrowego i mitochondrialnego. Metody analizy obejmują m.in. klasyczne i Bayesowskie analizy demograficzne, szacowanie zróżnicowania genetycznego na podstawie statystyk F, czy wreszcie metody filogenetyczne, służące do analizy pokrewieństwa i rekonstrukcji historii ewolucyjnej.

Informacje rodowodowe

Analiza rodowodowa jest prawdopodobnie najstarszą metodą analizy struktury populacji. Do jej największych zalet należy niski koszt i związana z nim możliwość wykorzystania bardzo dużej próby. Duża liczebność osobników w analizach rodowodowych może w pewnym stopniu kompensować znaczną niedokładność tej metody, która wynika z kilku czynników. Po pierwsze, nigdy nie można mieć stuprocentowej pewności co do poprawności danych rodowodowych, szczególnie u osobników wpisanych do księgi przed wprowadzeniem genetycznej kontroli pochodzenia. Badania filogenetyczne koni arabskich czystej krwi wykazały np. błąd w rodowodzie u jednego z czołowych polskich reproduktorów lat 50. XX wieku (Remer i in., 2022). Po drugie, analiza zmienności genetycznej, w tym obliczanie współczynnika zimbredowania na podstawie rodowodu oparta jest na oszacowaniu prawdopodobieństwa przekazania konkretnego allelu przez przodka, a więc jest jedynie estymacją, a nie rzeczywistą wartością. Po trzecie, tradycyjne metody szacowania statystyk F zakładają dwualleliczność każdego *locus* (Meirmans i Hedrick, 2011), a ich współczesne modyfikacje jedynie częściowo usuwają ten problem.

Ponieważ jakość rodowodów koni czystej krwi arabskiej (mierzona m.in. poziomem lub indeksem kompletności rodowodów (MacCluer i in., 1986)) jest wysoka w porównaniu z innymi rasami, dane rodowodowe wykorzystane zostały w kilku pracach poświęconych szacowaniu zmienności genetycznej populacji utrzymywanych w różnych krajach: polskiej (Głazurewska i Jezierski, 2004), hiszpańskiej (Cervantes Navarro i in., 2008) czy tureckiej (Duru, 2017). Dwa doświadczenia miały z kolei na celu porównanie wyników otrzymywanych w analizach rodowodowych z tymi otrzymywanymi za pomocą analiz genomowych. Delgado

i in. (2014) określili strukturę subpopulacji hiszpańskiej na podstawie rodowodów oraz 16 markerów mikrosatelitarnych, zaś Al Abri i in. (2017) porównali wyniki analiz danych rodowodowych z wynikami badań mikromacierzy SNP. Najważniejsze parametry populacyjne obliczone w wymienionych badaniach przedstawiono w Tabeli 1.

Tabela 1: Parametry populacyjne oszacowane za pomocą analizy rodowodowej. – populacja hiszpańska; Duru (2017) – populacja turecka; Cervantes Navarro i in. (2008) – populacja hiszpańska; Marín Navas i in. (2021) – populacja hiszpańska; Głażewska i Jezierski (2004) – populacja polska; Al Abri i in. (2017) – populacja niemiecka.

Parametr	Delgado i in. (2014)	Duru (2017)	Cervantes Navarro i in. (2008)	Marín Navas i in. (2021)	Głażewska i Jezierski (2004)	Al Abri i in. (2017)
Liczba analizowanych osobników	120	14 838	6240	13 576	1186	36
Liczba założycieli	221	342	860	131	213	b/d
Efektywna liczba założycieli	30	40	39,5	37,7	b/d	b/d
Liczba założycieli wyjaśniająca 50% zmienności genetycznej	b/d	14	b/d	b/d	b/d	b/d
Całkowita liczba przodków	88	223	b/d	958	b/d	b/d
Liczba przodków wyjaśniająca 50% zmienności genetycznej	5	8	5	b/d	b/d	b/d
Efektywna liczba przodków	13	22	13	16d	b/d	b/d
Średni ekwiwalent genomów założycielskich	6,2	9,6	b/d	7,9	b/d	b/d
Efektywna wielkość populacji na podstawie przyrostu zimbredowania na ekwiwalent pełnych pokoleń	35,1	66,4	b/d	b/d	b/d	b/d
Średni współczynnik zimbredowania	0,094	0,046	0,070	0,084	0,053	0,305
Ekwiwalent pełnych pokoleń (t)	7,7	7,8	b/d	7,1	b/d	b/d
Średnia liczba pełnych pokoleń	b/d	5,4	b/d	4,03	b/d	b/d
Średnia maksymalna liczba prześlędzonych pokoleń	b/d	12,2	b/d	12,86	b/d	b/d

Badania z użyciem narzędzi genomowych

Coraz większa dostępność i malejące koszty badań genomowych przekładają się na coraz większą liczbę badań populacyjnych z wykorzystaniem autosomalnych markerów genetycznych. Historycznie największym powodzeniem cieszyły się markery mikrosatelitarne, obecnie podstawowym narzędziem są macierze polimorfizmów pojedynczych nukleotydów (*Single Nucleotide Polymorphisms*, SNP).

Sekwencje mikrosatelitarne

Markery (sekwencje) mikrosatelitarne, nazywane także krótkimi powtórzeniami tandemowymi (*Short Tandem Repeats*, STR) lub prostymi powtórzeniami sekwencji (*Short Sequence Repeats*, SSR) to krótkie, liczące od kilku do kilkunastu par zasad powtarzające się motywy, otoczone konserwatywnymi fragmentami flankującymi. Dzięki swojemu równomiernemu rozmieszczeniu w genomie, małym rozmiarom, dziedziczeniu według praw Mendla i wysokiemu polimorfizmowi przy jednoczesnym braku reakcji na presję selekcyjną, stanowią dobre narzędzie diagnostyczne. Koń był jednym z pierwszych gatunków, poza człowiekiem i myszą, u którego zostały one zidentyfikowane i opisane (Ellegren i in., 1992). Panel markerów mikrosatelitarnych do dziś rekomendowany jest przez Międzynarodowe Towarzystwo Genetyki Zwierząt (*International Society of Animal Genetics*, ISAG) do kontroli pochodzenia u koni. Historycznie sekwencje mikrosatelitarne używane były powszechnie (dziś takie badania są sporadyczne) także do opisu struktury populacji i jej zmienności genetycznej, szczególnie do obliczania heterozygotyczności i współczynnika zinbredowania.

Przegląd wartości współczynników obserwowanej heterozygotyczności szacowanej przy użyciu markerów mikrosatelitarnych pozwala na stwierdzenie, że u koni arabskich czystej krwi jest ona niższa niż u większości innych ras (Khanshour i in., 2013; Mahrous i in., 2011). Co więcej, konie tej rasy z regionów Bliskiego Wschodu i Afryki Północnej cechują się wyższą heterozygotycznością niż te z krajów europejskich i Stanów Zjednoczonych (Berber i in., 2014; Khanshour i in., 2013; Seyedabadi i in., 2023), zaś wśród populacji z krajów zachodnich najwyższą heterozygotyczność obserwuje się u polskich koni arabskich (Głazewska i in., 2018; Khanshour i in., 2013). Niektóre z tych wniosków okazują się nieprawdziwe przy walidacji wyników za pomocą znacznie większej liczby markerów genetycznych, możliwej dzięki wykorzystaniu mikromacierzy SNP.

Macierze polimorfizmów pojedynczych nukleotydów

Analiza macierzy polimorfizmów pojedynczych nukleotydów (SNP) stały się w ostatnich latach najbardziej rozpowszechnioną metodą w badaniach genomowych współczesnych populacji zwierząt. Polimorfizmy pojedynczych nukleotydów (SNP) to miejsca w genomie, gdzie dochodzi do zmiany jednego nukleotydu w sekwencji DNA. Macierz SNP składa się z danych przedstawiających genotypy poszczególnych osobników w określonych pozycjach w genomie. W macierzy takiej kolumny reprezentują specyficzne pozycje SNP, natomiast wiersze odpowiadają poszczególnym osobnikom. Każda komórka macierzy zawiera informacje o genotypie osobnika w danej pozycji, tj. jakie dwa allele znajdują się w tej lokalizacji. Macierze SNP są wykorzystywane u wielu gatunków m.in. do analizy asocjacji genotypów z cechami fenotypowymi i selekcji genomowej, a także do badania struktury genetycznej populacji.

Pierwsza macierz polimorfizmów pojedynczych nukleotydów (SNP) została opracowana sześć lat po zsekwencjonowaniu genomu klaczy Twilight i trzy lata po opublikowaniu genomu referencyjnego dla konia (McCue i in., 2012). Zawierała ona 54 602 markerów zidentyfikowanych w małej próbie siedmiu koni (w tym konia arabskiego) na podstawie sekwencjonowania metodą Sangera (Illumina Equine SNP50 BeadChip; Illumina, San Diego, CA). Wkrótce potem została ona zastąpiona przez macierz o większej gęstości 65 157 SNP (Illumina Equine SNP70 BeadChip). Najnowsza dostępna komercyjnie macierz SNP opracowana dla koni mapuje 670 805 SNP (MNEc670k Axiom Array, Affymetrix, Santa Clara, CA). Macierz ta opracowana została na podstawie sekwencjonowania całego genomu (*whole genome sequencing*, WGS) 153 koni reprezentujących 24 rasy (Schaefer i in., 2017). Oczywiście im więcej zmapowanych SNP, tym bardziej informatywne są wyniki badań, jednak należy zaznaczyć, że jakość odczytów z mikromacierzy 670K została kilkakrotnie zakwestionowana – cechują się one bardzo małą powtarzalnością, a ponadto odczytane genotypy często nie są zgodne z obserwowanymi prostymi cechami jakościowymi takimi jak podstawowe maści¹². To powoduje, że mikromacierz Illumina SNP70 do dziś pozostaje narzędziem preferowanym przez wielu badaczy.

¹² Zagadnienie to było przedmiotem warsztatów i dyskusji podczas konferencji Havemeyer International Genome Workshop 2024 (Caen, Francja), podczas których szereg grup badawczych zgłosiło problemy z jakością sekwencji z odczytów z mikromacierzy Axiom 670K. W przygotowaniu jest publikacja poświęcona walidacji wyników genotypowania z użyciem tej platformy.

Cosgrove i in. (2020) przeprowadzili największe do tej pory badanie populacyjne z wykorzystaniem markerów SNP, genotypując 378 koni z 12 krajów. Wykazali oni, że z wyjątkiem populacji Straight Egyptian konie arabskie nie odznaczają się niższym poziomem heterozygotyczności niż inne rasy, co sugerowała większość badań z użyciem sekwencji mikrosatelitarnych (Khanshour i in., 2013; Mahrous i in., 2011). Stawia to pod znakiem zapytania trafność doboru panelu STR dla tej rasy. Al Abri i in. (2021) zbadali strukturę populacji i zmienność genetyczną koni arabskich czystej krwi pochodzących z Omanu, wykorzystując genotypy SNP 63 nowych osobników, a także 201 osobników z wcześniej opublikowanych badań. Analiza ta potwierdziła zależności filogenetyczne dla rasy opublikowane przez Cosgrove i in. (2020), a ponadto wykazała bliskie powinowactwo ($F_{st} = -0,001$) większości populacji omańskiej do wyścigowej populacji francuskiej, u której wykazano uprzednio introgresję koni pełnej krwi angielskiej. W tych populacjach wykazano również najniższe zimbredowanie (odpowiednio $-0,041$ i $-0,079$), w zestawieniu z $0,043$ dla populacji polskiej, $0,137$ dla populacji saudyjskiej oraz $0,169$ dla populacji egipskiej. Z kolei w badaniach Jasielczuka i in. (2020) współczynnik zimbredowania dla populacji polskiej określony na podstawie obserwowanej heterozygotyczności wyniósł aż $0,177$, co należy jednak uznać za obserwację odstającą – nawet dla bardzo małej ($N_e = 37$) populacji irańskiej współczynnik zimbredowania nie przekroczył $0,114$ (Bazvand i in., 2024).

Jak wspomniano już w poprzednim rozdziale, Al Abri i in. (2017) porównywali wyniki estymacji zimbredowania w małym ($n = 36$) stadzie, gdzie od 1981 r. prowadzona jest reprodukcja zamknięta, zarówno na podstawie rodowodów prześlędzonych do roku 1849 oraz macierzy SNP. Na podstawie rodowodów można by stwierdzić, że analizowane stado cechuje się niezwykle niską zmiennością genetyczną ($F = 0,305$). Współczynnik zimbredowania oszacowany na podstawie analizy SNP wyniósł jednak znacznie mniej, $-0,184$, co oznacza, że obserwowana homozygotyczność ($0,523$) jest niższa niż oczekiwana przy losowym doborze par do kojarzeń. Wyniki otrzymane obiema metodami korelowały jedynie w stopniu umiarkowanym ($r = 0,41$). Oznacza to, że informacje zawarte w rodowodach nie zawsze odpowiadają informacjom pozyskanym wprost z genomu. Najbardziej prawdopodobnym wyjaśnieniem tego zjawiska są oczywiście błędy zawarte w rodowodach, jednak autorzy podkreślają, że może ono być także „skutkiem ubocznym” próbkowania mendlowskiego, które powoduje odchylenia estymowanych współczynników zimbredowania i spokrewnienia od rzeczywistych wartości (Hill i Weir, 2011). Przy większej niż $n = 36$ próbie i większej niż $n = 7217$ liczbie markerów można by się spodziewać bliższych sobie wartości dla obu metod

i wyższej korelacji między nimi. Hipotezę tę popierają wyniki badań prowadzonych przez Sadeghi i in. (2019), którzy zaobserwowali silną korelację ($r = 0,75$) między współczynnikiem zimbredowania oszacowanym na podstawie rodowodów i na podstawie obserwowanej heterozygotyczności u 71 irańskich koni arabskich czystej krwi z 99 483 informatywnymi SNP uzyskanymi z genotypowania na mikromacierzy 670K.

Jednorodzielskie markery pochodzenia

Jak wspomniano w poprzednich rozdziałach, wielu hodowców koni arabskich czystej krwi dużą wagę przykładają do przynależności do poszczególnych rodów męskich oraz linii żeńskich. Unikalność genetyczną rodów ogierów i linii klaczy oraz zależności między nimi można przeanalizować przy użyciu tzw. jednorodzielskich markerów pochodzenia (ang. *uniparental markers*). W przypadku rodów męskich są to specyficzne dla samców, nierekombinujące odcinki chromosomu Y, nazywane najczęściej haplotypami Y (*Equine Chromosome Y HaploType* – ECY HT). Do badań pochodzenia ze strony matki używa się najczęściej genomu mitochondrialnego, ze szczególnym naciskiem na jego region kontrolny, tzw. pętlę D.

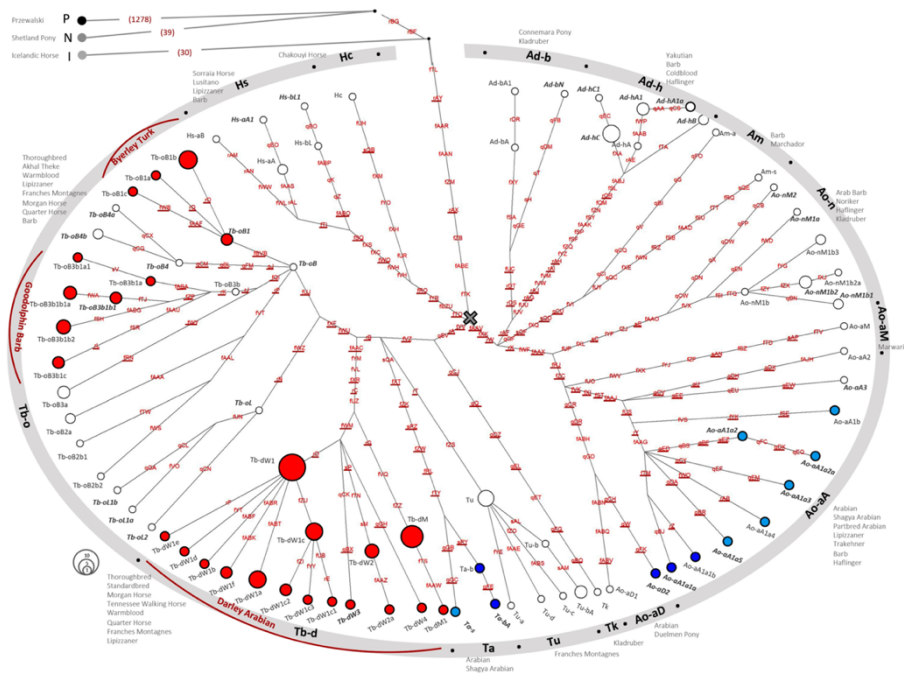
Haplotypy chromosomu Y

Haplotypy chromosomu Y, przekazywane w niezmienionej formie z ojca na syna, są szeroko wykorzystywane m.in. w badaniach nad genealogią człowieka. Podobne zastosowanie znajdują w badaniach pochodzenia m.in. poszczególnych ras koni. W praktyce hodowlanej niekiedy stosuje się je obok STR do kontroli pochodzenia osobników zgłoszonych do ksiąg stadnych.

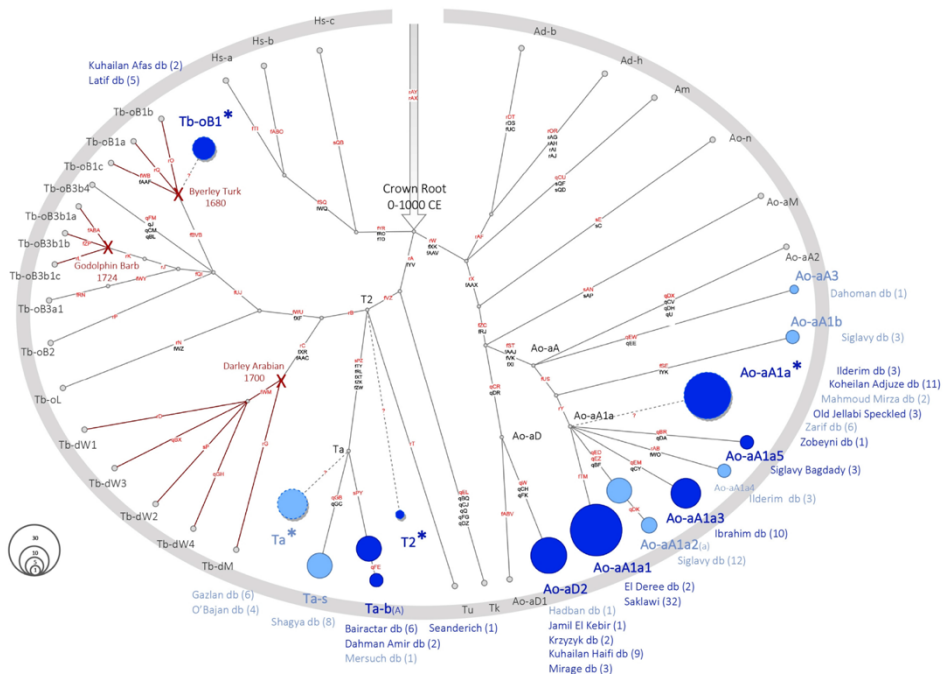
W ostatnich latach opracowana została dokładna topologia ECY HT dla koni przy użyciu sekwencjonowania następnej generacji (NGS) (Wallner i in., 2017). Wcześniejsze badania wykazały m.in., że zbiór haplotypów MSY (tak zwana haplogrupa Y – HGY) konia domowego odróżnia się znacząco od haplotypów ECY konia Przewalskiego (Wallner i in., 2003). Wykazano również, że wszystkie rasy pochodzące ze środkowej i południowej Europy i obu Ameryk, a także większość ras z Azji Wschodniej posiada tę samą haplogrupę, nazwaną przez autorów „koroną ECY”. Najbliższy wspólny przodek dla korony ECY datowany jest na 1000–2000 lat temu. Na podstawie kolejnych badań (Fages i in., 2019) można postawić hipotezę (wciąż czekającą na potwierdzenie), że przynależność lub jej brak do korony ECY może zostać wykorzystana jako marker tzw. krwi orientalnej. Haplotypy nienależące do korony ECY zidentyfikowano dotychczas u udomowionych koni z Azji oraz północnej Europy (Wallner i in., 2017).

Użyteczność śledzenia pochodzenia linii męskich za pomocą ECY została po raz pierwszy potwierdzona dla koni pełnej krwi angielskiej (Felkel i in., 2019). Dane molekularne NGS nie tylko potwierdziły umiejscowienie haplotypów ECY trzech założycieli rasy w koronie ECY, w sposób potwierdzający prawdziwość danych rodowodowych, ale także pozwoliły na wydzielenie poszczególnych „sublinii” HT ECY specyficznych dla koni pełnej krwi angielskiej, nazwanych ‘Tb’. Spośród wydzielonych sublinii na szczególną uwagę zasługuje Tb-dW1, introdukowany przez ogiera Whalebone (ur. 1807). Haplotyp ten został zidentyfikowany również u pięciu użytkowanych wyścigowo ogierów wpisanych do ksiąg dla koni arabskich czystej krwi (Cosgrove i in., 2020), co podaje w wątpliwość „czystość krwi” współczesnych koni arabskich.

Konsekwencją przytoczonych wyżej wyników było opracowanie mapy haplotypów chromosomów Y specyficznych dla koni arabskich, analogicznej do tej opracowanej wcześniej mapy haplotypów dla koni pełnej krwi angielskiej. Sieci haplotypów koni uwzględnionych w tej analizie przedstawiono na Ryc. 11 i 12. Analiza sekwencji MSY ogierów arabskich pozwoliła na wydzielenie trzech haplogrup specyficznych dla rasy arabskiej czystej krwi (Ao-aA, Ao-aD i Ta).



Ryc. 12: Sieć HT MSY zbudowana ze 118 sekwencji WGS i 39 sekwencji celowanych (TES), oparta na 1639 wariantach (281 w koronie i 1358 poza nią). Krzyżykiem oznaczono najbliższego wspólnego przodka (MRCA) dla HT MSY w koronie. Na podstawie dystansów genetycznych wydzielono 14 haplogrup (HG MSY), których symbole literowe umieszczono na obrzeżach sieci. HT oznaczone kolorem ciemnoniebieskim zostały zidentyfikowane u koni arabskich czystej krwi, a jasnoniebieskim – u koni, których założycielem linii męskiej był ogier arabski czystej krwi. Dodatkowo kolorem czerwonym zaznaczono wszystkie sublinie wprowadzone przez trzy ogiery – założycieli rasy pełnej krwi angielskiej (Remer i in., 2022).



Ryc. 13: Sieć HT MSY arabskich rodów męskich. Na obrzeżach sieci umieszczono imiona założycieli rodów reprezentowanych przez poszczególne haplotypy. Czerwonymi krzyżykami zaznaczono początek genealogii założycieli rasy pełnej krwi angielskiej (Remer i in., 2022).

Genom mitochondrialny

Genom mitochondrialny (mtDNA), dziedziczony prawie wyłącznie po matce, jest często uznawany za model do badań ewolucyjnych – nie tylko z racji tego, że jest haploidalny, ale także dlatego, że rekombinacje zachodzą w nim wyjątkowo rzadko, dzięki czemu można łatwo śledzić poszczególne linie ewolucyjne (Boore, 1999). Genom mitochondrialny konia, podobnie jak większości pozostałych strunowców, ma kolisty kształt i koduje 37 genów, głównie związanych z funkcjami metabolicznymi (Xiufeng i Árnason, 1994). Z punktu widzenia badań filogenetycznych najważniejszy jest niekodujący, końcowy odcinek mtDNA, nazywany pętlą D. Zawiera on dwa regiony hiperzmiennie (HVR1 i HVR2) o długości 397 par zasad (pz) każdy, cztery regiony konserwatywne (CSB) oraz niekodujące introny. Łączna długość pętli D u konia wynosi ok. 1200 pz.

Z racji dużego znaczenia linii i sublinii żeńskich w hodowli koni arabskich, niemal od razu po publikacji genomu referencyjnego (Xiufeng i Árnason, 1994) pojawił się pomysł weryfikacji przynależności do poszczególnych linii tradycyjnie wyróżnianych przez Beduinów przy pomocy sekwencji pętli D. Pierwsze takie badania zostały przeprowadzone na populacji amerykańskiej (A. T. Bowling i in., 2000). Wykazały one, że konie przypisane do tych samych tradycyjnych linii czy sublinii niekoniecznie mają wspólnych żeńskich przodków, a niektóre konie przypisane do różnych linii mają z kolei identyczne haplotypy w hiperzmiennym regionie pętli D. Dało to solidne podstawy do odrzucenia hipotez forsowanych przez Carla Raswana w latach 30. XX wieku, że tradycyjna beduińska hodowla odbywała się wyłącznie w czystości linii. Jednocześnie badania te potwierdziły wiarygodność informacji rodowodowych i bardzo dużą zmienność w badanym regionie mtDNA (wśród 62 koni należących do 34 linii żeńskich zidentyfikowano 27 różnych haplotypów). Do badań wykorzystano jedynie region HVR1 (ok. 300 z 1200 pz pętli D), toteż wyniki te zostały później zweryfikowane przy użyciu pełnych sekwencji pętli D pochodzących od koni ze zróżnicowanych geograficznie populacji (Khanshour i Cothran, 2013). Przeprowadzona przez nich analiza potwierdziła znaczne zróżnicowane haplotypów w obrębie pojedynczych linii (poza linią Shweemat), a także występowanie tych samych haplotypów w różnych subpopulacjach geograficznych (np. syryjskiej, amerykańskiej i polskiej). Co więcej, jeden z haplotypów został zidentyfikowany zarówno w rasie arabskiej, jak i u koni kaspijskich i mongolskich. Do analogicznych wniosków (brak zależności między przypisaniem do konkretnej linii a przynależnością do konkretnego haplotypu czy położeniem na kladogramie) doprowadziła analiza zmienności HVR1 u tradycyjnych sublinii – Saglawi, Kahlawi

i Hamdani (Almarzook i in., 2017), co zostało również potwierdzone analizą sekwencji całego genomu mitochondrialnego (Sheikh, 2023; Sheikh i in., 2019), zmienności genetycznej ras i typów użytkowych z Egiptu (Othman i in., 2017), historii filogenetycznej lokalnych ras irańskich (Hedayat Evrigh i in., 2018; Moridi i in., 2013) oraz weryfikacji rodowodów subpopulacji Straight Egyptian (Hudson, 2017).

Kolejna przekrojowa analiza całych pętli D została wykonana przez Machmouma i in. (2023), którzy zbadali 211 koni arabskich pochodzących z siedmiu krajów. Każdy osobnik został przypisany do jednej z 12 tradycyjnych linii wyróżnianych przez Beduinów (*Rasan*). Również ta analiza ujawniła dzielenie haplotypów przez różne linie i dużą zmienność w obrębie każdej z nich. Jedynie analiza głównych składowych (PCA) pozwoliła na wydzielenie częściowo osobnego klastra „polskiego” i „egipskiego”. Haplotypy pętli D zostały wykorzystane także do zweryfikowania informacji rodowodowych u polskich linii (Głazewska i in., 2007). Analiza wykazała niezgodności u dwóch linii: Milordka oraz Gazella. Sekwencje koni przypisanych do tych linii dzieliły się na dwie haplogrupy każda.

Najobszerniejsze badania końskich genomów mitochondrialnych, stanowiące punkt odniesienia dla wielu późniejszych artykułów, przeprowadzili Achilli i in. (2012). Głównym celem badania było stworzenia zegara molekularnego i określenie miejsca i momentu udomowienia konia. Badacze, po zsekwencjonowaniu całych genomów mitochondrialnych 83 koni z różnych regionów świata, podzielili je na podstawie zidentyfikowanych mutacji na oznaczone literami haplogrupy. Podejście to było powielane przez kilka następnych lat przez wielu badaczy, jednak okazało się niezbyt uniwersalne – w kolejnych badaniach ujawniano nowe mutacje, a przy tym nowe haplotypy i haplogrupy, których liczba wkrótce przekroczyła liczbę liter alfabetu.

Alternatywne podejście do badań genomu mitochondrialnego zaprezentowali Ahmed i in. (2011, 2016) oraz Mahrous i in. (2017). Nie skupiali się oni na regionie kontrolnym, ale na fragmentach kodujących białka bezpośrednio związane z wydolnością organizmu: *ND2* (dehydrogenaza NADH), *COI* (oksydaza cytochromu C) oraz *ATP6* (syntaza ATP) (Ahmed i in., 2011; Ahmed i in., 2016). Mutacje w tych genach wpływają na funkcje łańcucha oddechowego i efektywność podaży energii. Autorzy postawili hipotezę, że istnieje negatywna korelacja między genetyczną odległością od koni pełnej krwi angielskiej a wartościami wskaźników dzielności wyścigowej. Hipoteza ta została zweryfikowana pozytywnie tylko

w pewnym zakresie, jednocześnie także opisano dużą zmienność genetyczną w *loci* będących przedmiotem badań.

Metody oceny wartości fenotypowej

Ocena wartości fenotypowej koni rasy arabskiej czystej krwi odbywa się przede wszystkim poprzez trzy główne rodzaje współzawodnictwa: pokazy „w ręku”, podczas których oceniany jest pokrój i ruch, oraz dwie konkurencje pod siodłem: wyścigi płaskie (w Polsce na dystansach 1400–4000 m) i sportowe rajdy konne na dystansach 20–160 km. W sportowych rajdach konnych, dyscyplinie nadzorowanej przez Międzynarodową Federację Jeździecką (FEI), mogą uczestniczyć konie wszystkich ras, ale konie arabskie, z racji swoich szczególnych predyspozycji wytrzymałościowych, są rasą zdecydowanie dominującą w tych zawodach (Ropka-Molik i in., 2019). Ze względu na zakres badań realizowanych w niniejszej dysertacji, poniższy opis dotyczy praktycznych i eksperymentalnych metod oceny pokroju i ruchu, pomijając problematykę rozgrywania wyścigów płaskich oraz sportowych rajdów konnych.

Pokazy i czempionaty

Rys historyczny

W epoce nowożytnej pierwsze pokazy zwierząt gospodarskich, w tym koni, odbywały się podczas organizowanych od 1851 r. wystaw światowych. Analogiczne wystawy o zasięgu krajowym były organizowane w poszczególnych państwach Europy. W Cesarstwie Rosyjskim pierwszą wystawę koni zorganizowano w 1866 r. w Moskwie. Wystawy takie były organizowane cyklicznie aż do wybuchu I wojny światowej.

W XIX wieku zazwyczaj nie zwracano uwagi na przynależność konia do konkretnej rasy, za to dużo większą wagę przykładano do reprezentowanego przez konia typu użytkowego. Konie arabskie prawie zawsze przypisywano do typu wierzchowego. Najczęściej na wystawach zwierząt gospodarskich konie były dzielone tylko według typu na pododdziały. Z kolei na wystawach koni typy, nazywane oddziałami, dzielone były dalej na rasy. Przykładowo, podział oddziału I wierzchowego na Wszechrosyjskiej Wystawie Koni w Petersburgu w roku 1898 obejmował 8 grup rasowych (Ryc. 14).

Oddział I, wierzchowy.

1. Pełnej krwi arabskiej.
2. Pełnej krwi angielskiej.
3. Pełnej krwi wschodniej (karabachskie, tekińskie, perskie i t. d.)
4. Anglo-arabskiej rasy.
5. Orłowsko-roztopczyńskiej rasy.
6. Pół-krwi:
 - a) ciężkiego typu
 - b) lekkiego typu.
7. Góralskie:
 - a) czystej rasy
 - b) ulepszonej lub uszlachetnionej rasy.
8. Stepowe:
 - a) czystej rasy
 - b) ulepszonej lub uszlachetnionej rasy.

W stosunku do gatunku i typu eksponowanych koni kategorie 3, 4 i 5 mogą być rozdzielone na konie ciężkiego i lekkiego typu.

Ryc. 14: Podział oddziału wierzchowego na Wszechrosyjskiej Wystawie Koni w Petersburgu. *Jeździec i Myśliwy*, nr 7/1898, s. 3.

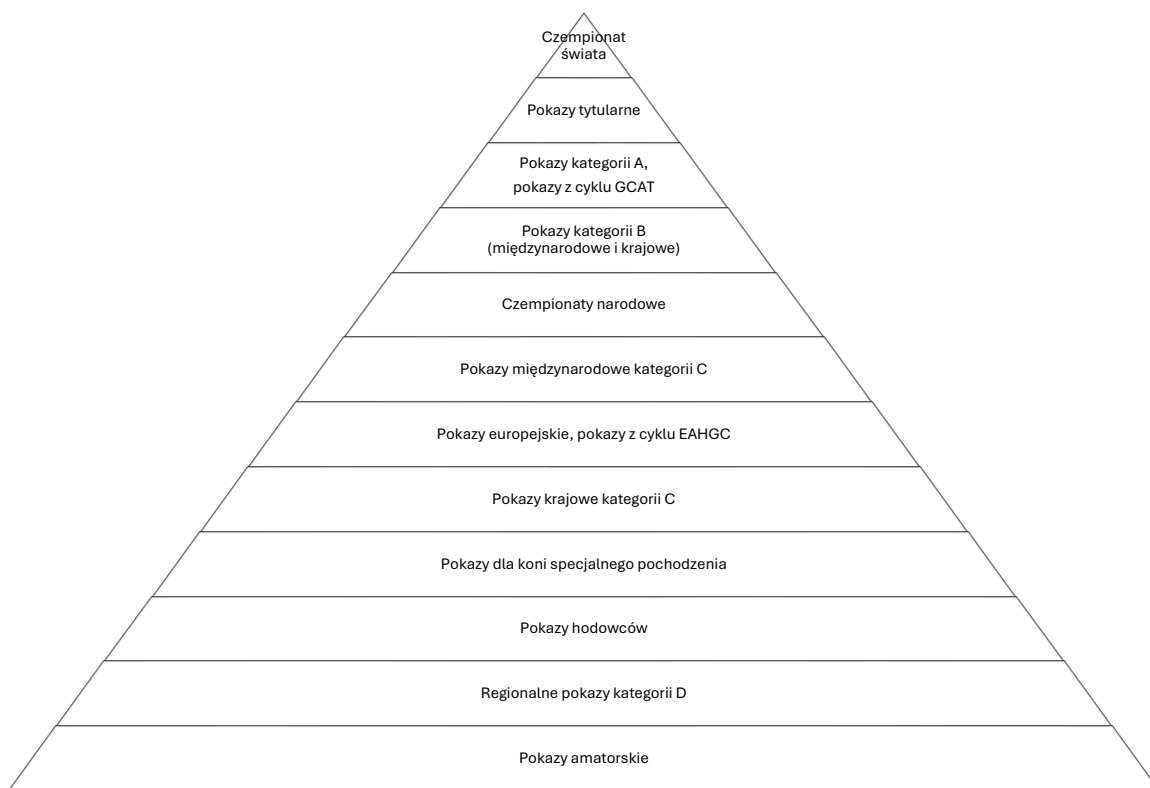
Pierwsza porównawcza ocena pokroju, wyłącznie dla koni arabskich czystej krwi (licząc okres po założeniu księgi stadnej) miała miejsce w 1929 r. podczas Powszechnej Wystawy Krajowej w Poznaniu. Prezentowano na niej łącznie 756 koni, w tym osiem ogierów i 21 klaczy arabskich, dla których zorganizowano osobny dział prezentacji.

Jeśli idzie o pokazy światowe dla koni arabskich, to w pierwszych latach po II Wojnie Światowej w ich organizacji przodowały Stany Zjednoczone Ameryki. Początkowo konie arabskie współzawodniczyły w pokazach z końmi innych ras, zaś od 1945 r. zorganizowano pierwszy pokaz wyłącznie dla koni arabskich. W 1950 r. powstało Międzynarodowe Stowarzyszenie Konia Arabskiego (*International Arabian Horse Association*, IAHA), które już 25 lat później liczyło prawie 19 000 członków i organizowało pokazy na terenie całego USA i Kanady. W Ameryce Północnej do dziś znacznie popularniejsze niż w Europie pozostają konkurencje „pod siodłem”, takie jak English, Western czy Hunter Pleasure, Reining, Dressage itd. Niektórzy hodowcy prowadzą własne oddzielne programy hodowlane w kierunku konkurencji pod siodłem. Niezależnie od nich organizuje się też pokazy „w rękę” (*Halter*).

Zasady rozgrywania pokazów i czempionatów afiliowanych przez ECAHO

Za reguły rozgrywania pokazów i czempionatów w krajach Europy i Bliskiego Wschodu odpowiada Komitet Pokazów ECAHO. Jak wspomniano w poprzednim rozdziale, organizacja ta co roku publikuje tzw. „Niebieską Księgę” (*Blue Book*), zawierającą wszystkie szczegółowe regulacje dotyczące zasad rozgrywania i afiliacji pokazów, kwestii dyscyplinarnych czy weterynaryjnych.

W 2024 r. ECAHO wyróżniało 12 kategorii pokazów, zhierarchizowanych w formie tzw. „piramidy ECAHO” (Ryc. 15). Poszczególne kategorie różnią się między sobą prestiżem oraz warunkami organizacji.



Ryc. 15: Hierarchia pokazów afiliowanych przez ECAHO. Na podstawie ECAHO *Blue Book* 2024 (s.2).

W każdym roku odbywa się tylko jeden Czempionat Świata. Do roku 2022 miejscem jego organizowania był Paryż. Od 2023 r. ma się on odbywać naprzemiennie w Katarze i w Paryżu.

Wszystkie klasy wiekowe koni, poza klasami koni rocznych obowiązuje kwalifikacja do udziału w Czempionacie Świata. Według *Blue Book* 2024 (s. 6), koń uzyskuje kwalifikację poprzez zajęcie:

- 1–5 miejsca na pokazie kategorii A, GCAT lub B, lub
- 1–5 miejsca w klasie koni rocznych na czempionacie świata, pokazie tytułowym, pokazie kategorii A lub pokazie z cyklu GCAT, lub
- 1–3 miejsca na czempionacie narodowym, krajowym lub międzynarodowym pokazie kategorii C lub pokazie europejskim lub pokazie z cyklu EAHGC lub
- 1–2 miejsca na pokazie dla koni specjalnego pochodzenia.

Konie pochodzące z krajów niebędących członkami ECAHO mogą dodatkowo zakwalifikować się przez zdobycie:

- tytułu czempiona, wiceczempiona lub „Top Ten” na Czempionacie USA lub
- tytułu czempiona, wiceczempiona lub 1 miejsca na pokazie w Scottsdale (Arizona, USA) lub
- tytułu czempiona lub wiceczempiona na regionalnych czempionatach USA lub
- 1–3 miejsca na Pucharze Świata Koni Arabskich (dawniej pokaz w Las Vegas) lub
- tytułu czempiona, wiceczempiona lub 1–3 miejsca na pokazie typu „Egyptian Event” w USA lub
- tytułu czempiona, wiceczempiona lub 1–3 miejsca w klasie na oficjalnym czempionacie kraju pochodzenia, jeżeli kraj ten nie jest członkiem ECAHO.

Podczas Czempionatu Świata konie oceniane są przez minimum ośmiu sędziów w skali 20-punktowej w pięciu kategoriach: typ, głowa i szyja, kłoda, nogi, ruch. Dopuszczalne jest przyznawanie połówek punktów. Ten system oceny jest najczęściej stosowany na pokazach wszystkich rang, z tym, że na pokazach niższej rangi liczba sędziów jest mniejsza i wynosi od dwóch do pięciu (z wyjątkiem pokazów z cyklu GCAT).

Liczba pokazów tytułowych jest ograniczona do maksymalnie ośmiu w roku (trzy w Europie i pięć poza Europą, nie więcej niż jeden pokaz w danym kraju). Warunkiem utrzymania kategorii pokazu tytułowego jest uczestnictwo w nim co najmniej 70 koni, z czego co najmniej 10% jest hodowli zagranicznej. Organizatorzy pokazu chcący otrzymać afiliację „Title” zgłaszają ten fakt pisemnie do organizacji krajowej będącej pełnoprawnym członkiem ECAHO, a jeżeli ta popiera wniosek – przekazuje aplikację do komitetu pokazowego ECAHO (EAHSC). W 2024 r. afiliację pokazu tytułowego otrzymało pięć pokazów: All Nations Cup

(Niemcy), Czempionat Europy (Belgia)¹³, Międzynarodowy Czempionat Koni Arabskich w Abu Dhabi (Zjednoczone Emiraty Arabskie), Międzynarodowy Festiwal Konia Arabskiego Księcia Sultana ibn Abdulaziza (Arabia Saudyjska) oraz Międzynarodowy Festiwal Konia Arabskiego Katara (Dauha, Katar). Każdy pokaz tytułarny ma własne zasady kwalifikacji i rozgrywania; zazwyczaj są one zbliżone do zasad na Czempionat Świata lub na pokazy kategorii A.

Pokazy kategorii A ograniczone są do liczby jednego w każdym z pięciu geograficznych regionów Europy (północ, południe, wschód, zachód i Wielka Brytania) oraz dziesięciu poza Europą, z czego w jednym kraju mogą odbyć się najwyżej dwa pokazy. W 2024 r. kategorię A otrzymało osiem pokazów, z czego odbyło się siedem: Międzynarodowy Pokaz Koni Arabskich Souq Waqif (Katar), Międzynarodowy Czempionat Koni Arabskich Al Shiraa’a (Zjednoczone Emiraty Arabskie), Międzynarodowy Festiwal Koni Arabskich Sharjah (Zjednoczone Emiraty Arabskie), Pokaz krajów Śródziemnomorskich i Arabskich (Francja), Intercup w Pradze (Czechy), Pokaz El Jadida (Maroko) oraz Czempionat Koni Arabskich Króla Abdula al-Aziza (Arabia Saudyjska). Na pokaz kategorii A również obowiązuje kwalifikacja dla koni starszych niż rok, tj. zajęcie miejsca w „Top 5” na pokazach kategorii A lub B lub Czempionacie Narodowym lub miejsca w „Top 3” na pokazach kategorii C lub pokazie europejskim, lub miejsca w „Top 2” na pokazie dla koni ze specjalnym pochodzeniem.

Pokazy z cyklu GCAT (*Global Champions Arabian Tour*) zostały zorganizowane po raz pierwszy w 2024 r. Cykl ma formułę pucharową – konie (i prezenterzy) zdobywają punkty za miejsca zajęte na każdym z pokazów wchodzących w skład cyklu (Tabela 2). W 2024 r. odbyło się siedem pokazów cyklu GCAT – cztery w krajach Bliskiego Wschodu i trzy w Europie. Na pokazy GCAT obowiązują podobne zasady kwalifikacji, co na Czempionat Świata (dopuszczany jest udział koni, które dotychczas brały udział wyłącznie w pokazach amerykańskich). Pokazy GCAT wyróżniają się

Tabela 2: Liczba punktów przyznawanych za zajęcie poszczególnych miejsc podczas cyklu GCAT.

Miejsce	Liczba punktów
1	20
2	17
3	15
4	13
5	12
6	11
7	10
8	9
9	8
10	7

¹³ Czempionat Europy odbywa się co roku w innej lokalizacji (najczęściej jest to rotacyjnie Werona, Włochy lub Lier, Belgia).

liczbą sędziów (każdy koń otrzymuje od 9 do aż 11 ocen), oraz pulą nagród – w 2024 r. wynosiła ona łącznie 4 065 000 euro, z czego za pierwsze miejsce w klasyfikacji generalnej dla każdej płci przyznawano 500 000 euro.

Liczba pokazów kategorii B oraz kategorii niższych nie jest już ograniczona, poza Czempionatem Narodowym, który może zostać zorganizowany w danym roku kalendarzowym tylko raz w każdym państwie. Na pokazy kategorii B i niższe nie obowiązuje też kwalifikacja, ale z udziału wykluczone są konie, które zdobyły tytuł czempiona lub wiceczempiona na pokazach wyższej rangi albo wygrały pokaz B w danym roku kalendarzowym. Warunki rozgrywania Czempionatu Narodowego ustala organizacja krajowa. Pokazy niższych kategorii (międzynarodowe i narodowe C, regionalne D, pokazy hodowców etc.) są zarezerwowane dla koni, które nie zdobyły dotychczas medali na pokazach wyższej rangi.

Uczestnictwo w pokazach dla koni ze specjalnym pochodzeniem ograniczone jest dla osobników zarejestrowanych w księgach stadnych uznanych przez WAHO i spełniających szczegółowe warunki rodowodowe określone przez organizatora. Przykładowe grupy to: Straight Egyptian, Desert Bred, Pure Polish, Pure Russian, Crabbet, etc.).

Podczas pokazów konie podzielone są na klasy w zależności od wieku i płci. Klasy wyróżniane przez ECAHO to:

- Żrebięta (klaczki i ogierki albo połączone),
- Ogierki młodsze (1–3 lata),
- Klaczki młodsze (1–3 lata),
- Ogiery starsze (4 lata i powyżej),
- Klacze starsze (4 lata i powyżej),
- Wałachy (młodsze: 1–3 lata i starsze: 4 lata i powyżej albo połączone: roczne i starsze).

W każdej z tych kategorii (nieobligatoryjnie w przypadku żrebiąt) przyznawane są trzy medale – złoty, srebrny i brązowy. Najczęściej klasy młodzieżowe dzielone są dodatkowo na klasę koni rocznych i klasę juniorską (2–3 lata). Sędziowie przyznają medale porównując między sobą konie zakwalifikowane do czempionatu na podstawie ocen punktowych w danej klasie. Liczba koni z danej klasy kwalifikujących się do czempionatu zależy od liczby koni w danej klasie. Najczęściej jest to 50% występujących koni – co najmniej jeden, ale nie więcej niż pięć. Przykładowo, jeżeli w klasie występuje 5–6 koni, to kwalifikują się dwa pierwsze miejsca, jeżeli 7–8 – trzy, itd.

Zarówno liczba punktów przyznawanych w poszczególnych kategoriach, jak i wybór koni zdobywających medale, leży wyłącznie w gestii sędziów. W materiałach szkoleniowych dla sędziów (Upton, 2018) opisany jest wprawdzie wzorzec rasy, a także wady pokroju i ruchu, za które należy odejmować punkty, natomiast opisy te mają charakter jedynie pomocniczy i nie są w żaden sposób wiążące podczas oceny koni.

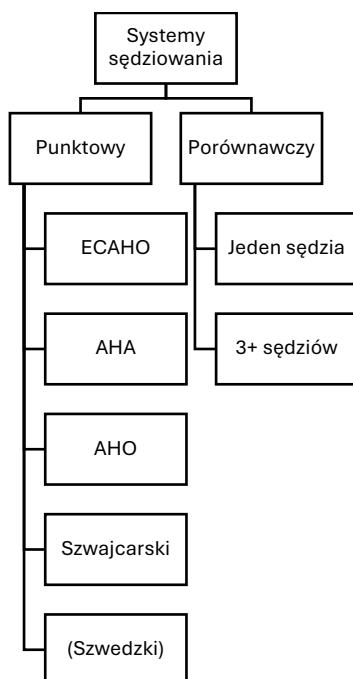
Systemy sędziowania

Jak wspomniano wcześniej, podczas każdego pokazu konie oceniane są przez licencjonowanych sędziów, którzy zdali egzamin uprawniający ich do sędziowania pokazów na określonym poziomie. Warunki afiliacji oraz poziomy uprawnień sędziów z każdej grupy przedstawione są w Tabeli 3.

Tabela 3: Uprawnienia i obowiązki sędziego pokazów ECAHO na poszczególnych stopniach afiliacji.

Poziom licencji	Sędziowane pokazy	Warunki otrzymania licencji
Sędzia krajowy	<p>Tylko w kraju uzyskania licencji:</p> <ul style="list-style-type: none"> - Amatorskie - Regionalne D - Narodowe C - Międzynarodowe C - Europejskie - Specjalnego pochodzenia - Czempionat Narodowy 	Ukończenie kursu organizowanego przez krajowy związek hodowców będący członkiem ECAHO
Sędzia krajowy ECAHO	<p>Wszystkie pokazy afiliowane przez ECAHO:</p> <ul style="list-style-type: none"> - Amatorskie - Regionalne D - Narodowe C - Międzynarodowe C - Europejskie - Specjalnego pochodzenia - Czempionat Narodowy 	<ul style="list-style-type: none"> - Wpis na listę sędziów krajowych - Zdanie egzaminu na poziomie I (<i>ECAHO Level I Assessment</i>) - Nieposiadanie licencji zawodowego trenera lub prezentera
Sędzia międzynarodowy B	Wszystkie pokazy afiliowane przez ECAHO	<ul style="list-style-type: none"> - Wpis na listę sędziów krajowych ECAHO. - Ukończenie próbnej oceny koni na co najmniej trzech pokazach zagranicznych, pod nadzorem trzech różnych sędziów z listy A, z zadowalającymi wynikami. - Trzy lata doświadczenia po otrzymaniu licencji sędziego krajowego ECAHO. - Ukończenie kursu na poziomie II (<i>ECAHO Judges Level II Course</i>). - Pisemna rekomendacja organizacji krajowej. - Nieposiadanie licencji zawodowego trenera lub prezentera.
Sędzia międzynarodowy A	Wszystkie pokazy afiliowane przez ECAHO	<ul style="list-style-type: none"> - Co najmniej pięć lat doświadczenia jako sędzia międzynarodowy B. - Sędziowanie co najmniej 25 międzynarodowych pokazów afiliowanych przez ECAHO. - Zaakceptowanie przez grupę instruktorów sędziowskich ECAHO (<i>ECAHO Judges Instructors Group</i>) i Komitet Wykonawczy ECAHO. - Rekomendacja organizacji krajowej podczas spotkania EAHSC. - Zaakceptowanie przez EAHSC.

Systemy sędziowania można podzielić na dwie ogólne kategorie: ocenę punktową (liniową) oraz porównawczą. Poszczególne systemy przedstawione są na Ryc. 16.



Ryc. 16: Podział systemów sędziowania. System szwedzki (ocena punktowa bezpośrednio przekładająca się na medale) nie jest już w użyciu (Upton, 2018, s. 102–105).

Według podręcznika dla sędziów (Upton, 2018, s. 102), wszystkie będące w użyciu systemy, poza szwajcarskim (omówionym poniżej), mają na celu uszeregowanie ocenianych koni od najgorszego do najlepszego. Za pomocą systemów punktowych panel sędziów ocenia konia porównując go do wzorca rasowego, a ranking koni jest oparty na średniej zdobytych punktów. W systemie porównawczym pozycja konia w rankingu wynika z porównania go z innymi osobnikami ocenianymi w tej samej klasie.

Najbardziej rozpowszechniony system punktowy ECAHO zakłada ocenę koni w pięciu kategoriach: typ, głowa i szyja, kłoda, nogi i ruch w skali 20-punktowej, z dopuszczalnymi połowami punktów. Łączna ocena konia jest sumą punktów przyznanych we wszystkich kategoriach. Liczba sędziów waha się od trzech do jedenastu w zależności od poziomu pokazu. Każdy sędzia przyznaje punkty bez konsultacji z pozostałymi członkami panelu, a następnie ze wszystkich punktów wyciągana jest średnia (w przypadku dużej liczby sędziów dopuszczalne jest odrzucanie najniższej i najwyższej oceny). Jest to system szybki i łatwy do zrozumienia dla publiczności, jednak wiąże się z szeregiem problemów, których ECAHO wymienia aż 17 (Upton, 2018, s. 102–103). Wśród nich na uwagę zasługuje:

- zawężanie przez sędziów ocen do zakresu maksymalnie pięciu punktów (de facto czwartego kwartyłu skali), co często powoduje błędne wyobrażenie o rzeczywistej jakości ocenianego konia. Potwierdzenie tego problemu widoczne jest nawet na oficjalnych kartach ocen (Ryc. 17), gdzie zaznaczono jedynie skalę 13–20 (a nie 1–20);
- potencjalny duży wpływ czynników personalnych na ocenę. Sędziowie zazwyczaj wywodzą się ze środowiska hodowców i właścicieli koni arabskich, co, z racji kontaktów towarzyskich i biznesowych, może wpływać na ich bezstronność;
- potencjalny duży wpływ jakości prezentacji na ocenę. Przed pokazem konie poddawane są różnym zabiegom kosmetycznym, takim jak golenie, olejowanie itp., zaś krytycznym momentem prezentacji jest pozycja stojąca, w trakcie której koń powinien nieruchomo zastygnąć (Ryc. 18). Zarówno wygląd osiągnięty zabiegami kosmetycznymi, jak i wytrenowanie do pokazowej pozycji stojącej nie ma wpływu na rzeczywistą jakość fenotypową, a tym bardziej hodowlaną ocenianego osobnika;
- według założeń, wszystkie oceny częściowe powinny mieć taką samą wagę i przełożenie na ocenę końcową. Według Uptona (2018), na wyniki pokazu mają jednak zdecydowanie większy wpływ ocena za typ i ruch niż ocena w kategoriach bezpośrednio związanych z pokrojem.



Show:

Date:

Class :

Horse No :

Name of the Judge : Signature:

Please circle the chosen marks

TYPE

Lower

	13	13,5	14	14,5	15	15,5	16	16,5	17	17,5	18	18,5	19	19,5	20
--	-----------	------	-----------	------	-----------	------	-----------	------	-----------	------	-----------	------	-----------	------	-----------

Notes.....

HEAD & NECK

Lower

	13	13,5	14	14,5	15	15,5	16	16,5	17	17,5	18	18,5	19	19,5	20
--	-----------	------	-----------	------	-----------	------	-----------	------	-----------	------	-----------	------	-----------	------	-----------

Notes.....

BODY

Lower

	13	13,5	14	14,5	15	15,5	16	16,5	17	17,5	18	18,5	19	19,5	20
--	-----------	------	-----------	------	-----------	------	-----------	------	-----------	------	-----------	------	-----------	------	-----------

Notes.....

LEGS

Lower

	13	13,5	14	14,5	15	15,5	16	16,5	17	17,5	18	18,5	19	19,5	20
--	-----------	------	-----------	------	-----------	------	-----------	------	-----------	------	-----------	------	-----------	------	-----------

Notes.....

MOVEMENT

Lower

	13	13,5	14	14,5	15	15,5	16	16,5	17	17,5	18	18,5	19	19,5	20
--	-----------	------	-----------	------	-----------	------	-----------	------	-----------	------	-----------	------	-----------	------	-----------

Notes.....

Ryc. 17: Karta oceny punktowej konia na pokazach ECAHO.

Źródło: https://www.ecaho.org/uploads/1c6a51872b2f5bf5e5f7c1bc2e16a2c3_scoringsheet1-20.pdf



Ryc. 18: Klacz prezentowana podczas pokazu w Scottsdale w trakcie charakterystycznej pozycji stojącej. Fot. Montanabw/Wikipedia Commons (domena publiczna).

System porównawczy, popularny w USA oraz powszechnie stosowany podczas czempionatów ECAHO w celu wyłonienia medalistów, polega na uszeregowaniu koni w rankingu jedynie porównując je w obrębie ocenianej grupy. Jest to oczywiście system szybszy i bardziej intuicyjny niż ocena punktowa, jednak nie dostarcza dokładnych informacji na temat wartości fenotypowej, a w konsekwencji wartości hodowlanej konia w odniesieniu do wzorca rasy.

Na uwagę zasługuje system szwajcarski, który, choć niezaakceptowany przez ECAHO i nieużywany na pokazach, stanowi najprawdopodobniej najdokładniejszy system oceny wartości fenotypowej i hodowlanej. W systemie tym sędziowie przyznają oceny od 1 do 10 punktów w jedenastu kategoriach wraz z podaniem uzasadnienia swojej decyzji. Podczas oceniania sędziowie mogą konsultować się między sobą. System ten oczywiście jest zbyt czasochłonny, by mógł być stosowany na szeroką skalę, niemniej wart jest odnotowania jako najbardziej precyzyjna z metod stosowanych w praktyce hodowlanej.

Eksperymentalne metody fenotypowania ruchu i pokroju

Metody fenotypowania stosowane w badaniach naukowych różnią się od tych stosowanych w praktyce hodowlanej. Rozwój fenomiki powoduje ciągłe zwiększanie zarówno efektywności, jak i precyzji fenotypowania. Współczesne metody można podzielić na te wymagające fizycznego kontaktu ze zwierzęciem (mniej efektywne, ale dokładniejsze) oraz bezkontaktowe, wykorzystujące fotografie lub nagrania wideo (mniej dokładne, ale bardziej efektywne). Metody te będą się także różnić w zależności od tego, czy celem jest fenotypowanie pokroju czy ruchu.

Fenotypowanie pokroju

Pomiary biometryczne

Do najprostszych precyzyjnych metod fenotypowania pokroju, stosowanych już od starożytności, należą pomiary biometryczne. Wzrost konia w kłębie, a w przypadku niektórych ras także obwód klatki piersiowej oraz obwód nadpęcia, są kryteriami selekcji. Jak wspomniano we wcześniejszym rozdziale, polski „Program hodowlany dla Koni Arabskich Czystej Krwi” wskazuje preferowane wymiary, z uwzględnieniem dymorfizmu płciowego:

- wysokość w kłębie: 152–156 cm dla ogierów, 148–154 cm dla klaczy,
- obwód klatki piersiowej: 175–185 cm dla ogierów, 170–180 cm dla klaczy,
- obwód nadpęcia: 17,5–18,5 cm dla ogierów, 17–18 cm dla klaczy.

Jako że podane wymiary nie stanowią ścisłego kryterium selekcyjnego, a raczej niezobowiązującą wskazówkę, w polskiej populacji znajdujemy konie zdecydowanie wyższe, choć niekoniecznie masywniejsze. Według Biuletynu Polskiego Klubu Wyścigów Konnych (PKWK), w 2024 r. najwyższy koń zgłoszony do wyścigów miał 164 cm w kłębie (najwyższa klacz 159 cm), ale żaden nie przekroczył 185 cm w klatce piersiowej. Największy obwód nadpęcia wyniósł 20 cm.

Zaletą pomiarów biometrycznych jest bezpośredniość, uniwersalność i dość wysoka dokładność tej metody. Uzyskane fenotypy mają charakter stricte ilościowy i można je porównywać z wcześniejszymi badaniami lub z fenotypami uzyskanymi przez inne zespoły badawcze. Do największych wad pomiarów biometrycznych należy ich czasochłonność. W przypadku młodych, nieobytych z człowiekiem koni, czas ten może dodatkowo się wydłużyć, a w ekstremalnych przypadkach pomiary mogą być niemożliwe do wykonania. Pomiary biometryczne nie są również możliwe do przeprowadzania w populacjach wolno

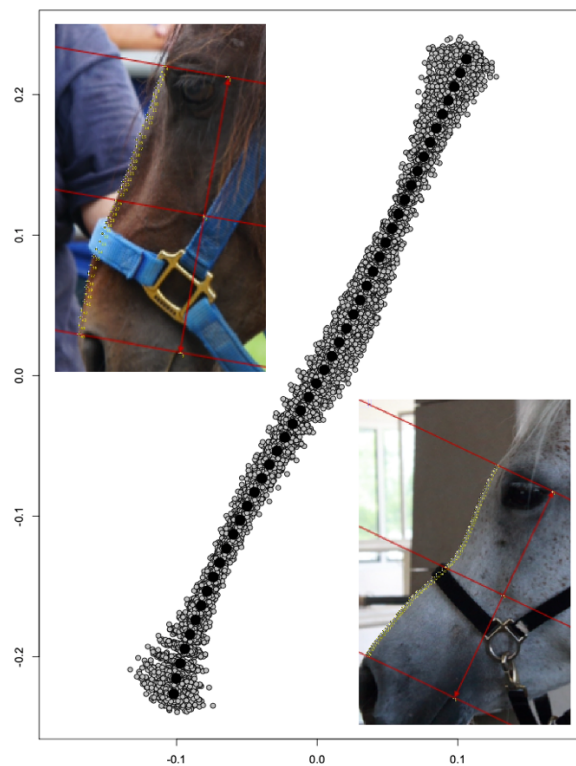
żyjących, ze względu na brak bezpośredniego kontaktu z każdym osobnikiem. W badaniach nad takimi populacjami standardem jest stosowanie fotogrametrii przy użyciu laserów równoległych (Weisgerber i in., 2015).

Morfometria geometryczna

Oprócz łatwo mierzalnych długości czy kątów, uwagę badaczy przyciąga również kształt poszczególnych części ciała. Historycznie, trudne do jednoznacznego zdefiniowania kształty były traktowane opisowo (np. profil głowy wklęsły – prosty – wypukły) lub dodatkowo definiowane za pomocą skali punktowej wyznaczającej dwie skrajności cechy. Podejście takie nie jest jednak przydatne w erze badań genomowych, do których niezbędne są precyzyjne fenotypy. Przełożeniem złożonych kształtów na wartości liczbowe zajmuje się morfometria geometryczna, której głównym założeniem jest analiza zależności między współrzędnymi w układzie kartezjańskim wyznaczonymi przez położenie ustalonych *a priori* punktów anatomicznych (*landmarks*). Według założeń tej metody na obrysie analizowanego kształtu należy wyznaczyć tyle punktów, aby zniekształcenia wynikające z wartości liczbowej kątów między sąsiadującymi punktami stały się nieistotne statystycznie (Ryc. 19). Ponieważ uzyskany w ten sposób „obrys” (w postaci wartości współrzędnych) jest unikalny dla każdej analizowanej fotografii i zależy nie tylko od cech osobnika, ale również m.in. od odległości od aparatu czy dokładnego położenia na fotografii, konieczne jest stosowanie metod standaryzujących. Najpopularniejszą z nich jest tzw. uogólniona analiza Prokrusta (*General Procrustes Analysis*, GPA). W metodzie tej najpierw wyznacza się najmniejsze kwadraty odległości między analogicznymi punktami w całym zbiorze fotografii, a następnie przeprowadza się skalowanie analizowanych obiektów jako punkt odniesienia uznając pierwiastek z sumy kwadratów dystansów między analogicznymi punktami. Dzięki zastosowaniu tej metody punkty ze wszystkich fotografii można umieścić na tym samym układzie współrzędnych i, co za tym idzie, porównywać zmienność ich położenia (Ryc. 20).



Ryc. 19: Obrys profilu głowy z zastosowaniem półpunktów morfometrycznych (Alhaddad i in., 2024).



Ryc. 20: Obrysy profilu głowy po standaryzacji za pomocą uogólnionej analizy Prokrusta (GPA) (Alhaddad i in., 2024).

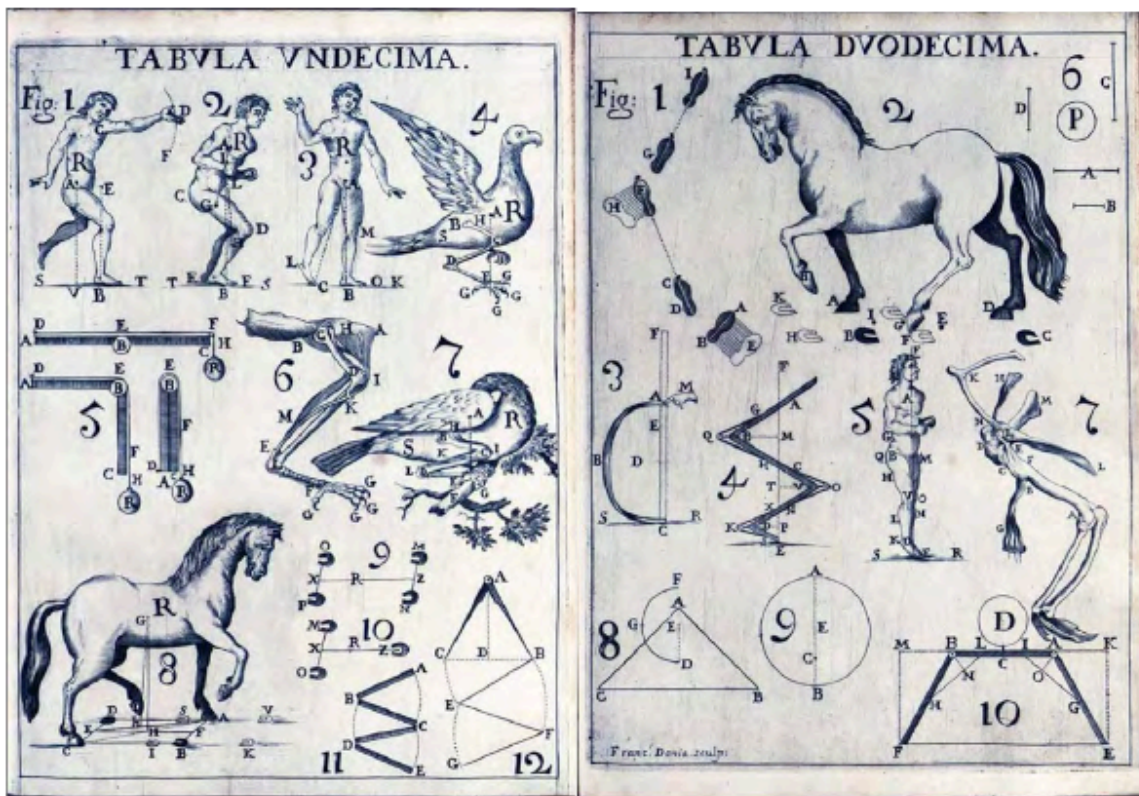
Morfometria geometryczna wykorzystywana była do badania zmienności w pokroju koni od końca pierwszej dekady XXI wieku (Cervantes i in., 2009; Druml, Telalbasic, in., 2009). Od tego czasu metoda ta znalazła zastosowanie w różnych obszarach badań nad zmiennością cech morfometrycznych. Były to zarówno badania nad zmiennością różnych cech pokroju między typami użytkowymi koni (Cervantes i in., 2009), jak i badania skupiające się na konkretnych regionach ciała, a szczególnie na morfometrii głowy. Alhaddad i in. (2024) porównywali profile głowy między rasami oraz między różnymi osobnikami w rasie arabskiej czystej krwi, udowadniając ogromną zmienność w zakresie tej cechy. Wyniki dwóch doświadczeń sugerowały, że charakterystyczny kształt głowy typowy dla koni arabskich czystej krwi, a także ras miniaturowych jest cechą pedomorficzną (Heck i in., 2019; Salamanca-Carreño i in., 2022). Maško i in. (2022) wykazali istotne różnice między profilami głowy koni i osłów.

Morfometrię geometryczną można stosować nie tylko do badań przyżyciowych, ale także osteologicznych. Za jej pomocą wykazano dymorfizm płciowy w kształcie miednicy (Gündemir i in., 2020) czy różnice w budowie siekaczy między koniem a osłem (Gürbüz i Demiraslan, 2023), a także opisano zmienność w budowie czaszek i zębów różnych ras i typów koni w kontekście ewolucyjnym (Hanot i in., 2021; Heck i in., 2018). Poza badaniami związanymi ściśle z pokrojem, morfometria geometryczna znajduje zastosowanie w badaniach behawioralnych. Fureix i in. (2011) wykazali, że różne zachowania koni (obserwacja otoczenia, odpoczynek, eksploracja itd.) są silnie skorelowane ze względną pozycją poszczególnych punktów anatomicznych.

Morfometria geometryczna jest z pewnością obiecującym kierunkiem precyzyjnego fenotypowania pokroju. Do jej zalet należy brak konieczności fizycznego kontaktu ze zwierzęciem, co czyni ją uniwersalną i szybszą od tradycyjnych pomiarów, choć ciągle wymagającą dużego nakładu pracy (punkty morfometryczne nanoszone są ręcznie). Należy jednak mieć na uwadze, że kształty i obrysy są jedynie wypadkową wielu innych cech morfometrycznych, które w pełni precyzyjnym systemie powinny być rozpatrywane oddzielnie. Ponadto, geometria morfometryczna wymaga wielu etapów przekształceń i standaryzacji (GPA, PCA), co czyni ją mniej intuicyjną i trudniejszą w interpretacji. Pewnych problemów nastęrcza również określenie minimalnej liczebności próby w tego typu badaniach (Cardini i in., 2015).

Fenotypowanie ruchu

Badania nad ruchem konia prowadzone były już w Starożytności. Pierwsze znane źródła pisane poświęcone w całości lokomocji zwierząt¹⁴ wchodzi w skład słynnego *Historia animalium*¹⁵ Arystotelesa (384–322 p.n.e.). W księgach *De motu animalium* i *De incessu animalium* opisuje on m.in. kolejność stawiania kończyn w poszczególnych chodach konia. Na kolejne naukowe ujęcie zagadnienia biomechaniki ruchu trzeba było czekać aż do epoki renesansu. W 1681 r. matematyk z Pizy, Giovanni Alphonso Borelli, dokonał pierwszej znanej analizy ilościowej ruchu konia, opublikowanej w dziele pod arystotelejskim tytułem *De motu animalium*. Uwagę badacza przyciągały proporcje między poszczególnymi częściami układu mięśniowo-szkieletowego, a także możliwość szczegółowego wyliczenia siły mięśni oraz parametrów kinetycznych i kinematycznych (Ryc. 21).

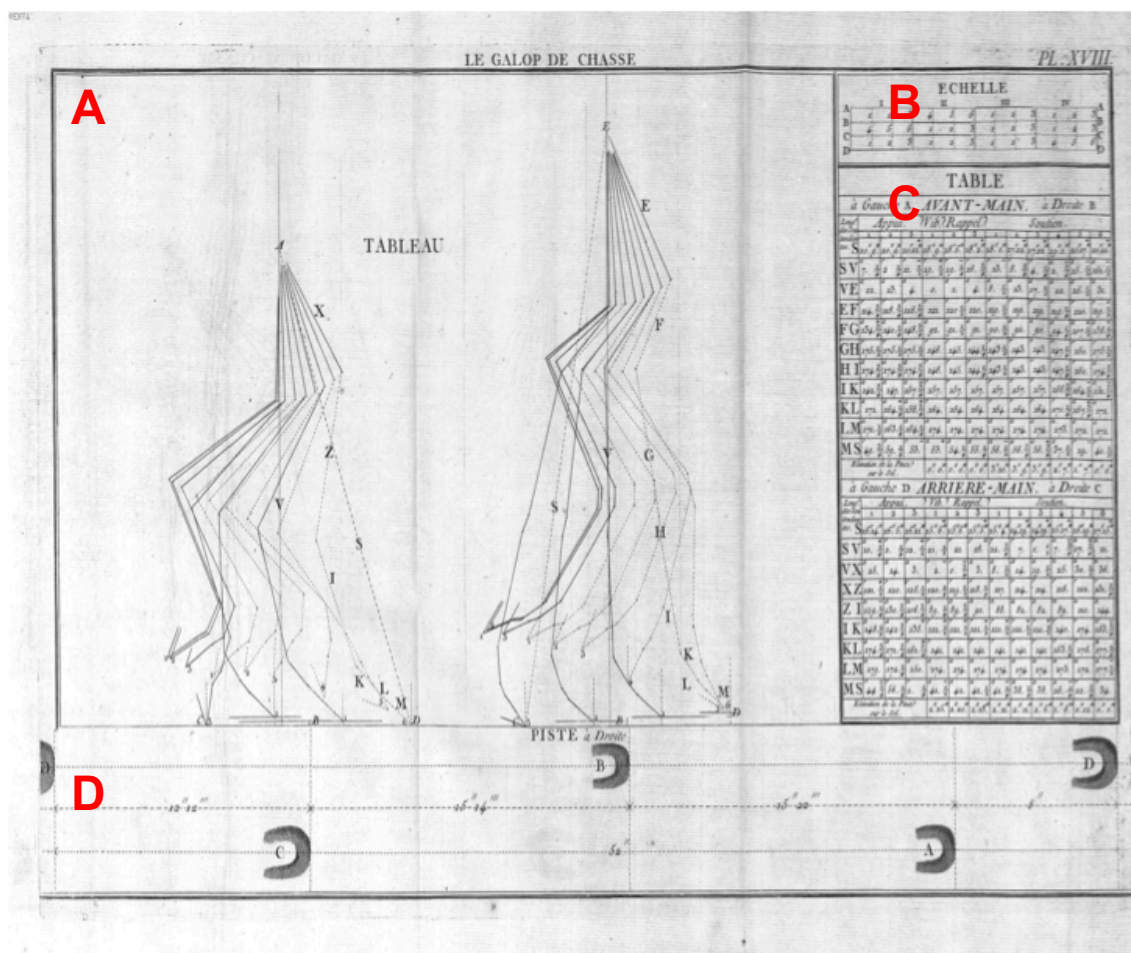


Ryc. 21: Schematy *De motu animalium* Giovanniego Alphonso Borellego (1608–1679). Z lewej (*tabula undecima*): „Badanie siły mięśni rozciągających kość piszczelową” (*Vires musculorum tibiam extendentium inquiruntur*). Z prawej: „Coraz większy wzrost siły potrzebny jest do utrzymania tej samej masy” (*De maiori incremento potentiae, quae requiritur ad idem pondus sustinendum*). Zestawienie rysunków i opisów własne ze zdigitalizowanych oryginałów (Borelli, 1680, domena publiczna).

¹⁴ Należy zaznaczyć, że opisów biomechaniki koni dokonywał też Ksenofont (431–355 p.n.e.), jednak czynił to przy okazji prac nad pokrojem.

¹⁵ Polski tytuł *Zoologia* (tłum. Paweł Siwek, wyd. PWN 1982).

Dalszy znaczący rozwój badań nad ruchem konia nastąpił już w czasach nowożytnych. W 1779 r. Antoine-François Vincent i Georges Goiffon opublikowali trzypiętomowe dzieło pt. *Mémoire artificielle des principes relatifs à la fidèle représentation des animaux tant en peinture qu'en sculpture* („Metoda i zasady wiernego odwzorowywania zwierząt w malarstwie i rzeźbie”), z czego pierwszy tom poświęcili w całości koniom. Dzieło to miało na celu, jak wskazuje sam tytuł, przekazanie wskazówek na temat właściwego przedstawiania zwierząt w sztukach pięknych (Goiffon, z wykształcenia architekt, był zatrudniony jako nauczyciel rysunku anatomicznego w szkole weterynaryjnej w Lyonie) (Roche, 1978, s. 375). Dzięki wnikliwości i ścisłym umysłom autorów ich studium przyczyniło się znacznie do rozwoju wiedzy dotyczącej biomechaniki ruchu konia. Autorzy opracowali m.in. inną nową metodę analizy sekwencji ruchu kończyn w poszczególnych chodach, która, pod nazwą „kinogram”, wykorzystywana jest do dzisiaj (Ryc. 22).



Ryc. 22: Kinogram galopu opracowany przez Goiffona i Vincenta (1779). Składają się na niego cztery elementy: schemat ruchu kończyn (A), skali z zaznaczonymi momentami fazy lotu i podparcia (kontakt z podłożem) (B), tabeli z kolejnością faz ruchu oznaczonych na schemacie A oraz z wartościami kątów w stawach w każdej fazie; na dole tor reprezentujący podłoże z zaznaczonym położeniem kopyt (D).

Za pioniera współczesnej analizy ruchu koni uważa się Eadwearda Muybridge'a (1830–1904), który jako pierwszy wykorzystał do tego celu fotografię sekwencyjną. Dzięki temu eksperymentowi udało się udowodnić, że w kłusie występuje faza lotu, podczas której żadna z kończyn nie ma kontaktu z podłożem (Muybridge, 1882). W początkach XX wieku opracowano również pierwsze czujniki i przyrządy do badań kinetycznych. Współczesne metody badań nad ruchem, podobnie jak nad pokrojem, można podzielić na dwie główne kategorie: kontaktowe i bezkontaktowe. W metodach kontaktowych wykorzystuje się różnego rodzaju czujniki, montowane na koniu, które pozwalają m.in. na dokładny pomiar parametrów kinetycznych. Metody bezkontaktowe to przede wszystkim analiza wideo z różnego rodzaju sposobami interpretacji wyników.

Czujniki fizyczne

Jednym z pierwszych zastosowań czujników fizycznych do analizy lokomocji koni była elektrogoniometria. Elektrogoniometry, mierzące zmiany kąta stawu, były przez pewien czas używane do diagnozowania subklinicznej kulawizny (Adrian i in., 1977; Taylor i in., 1966), ale ze względu na bardzo dużą pracochłonność szybko zostały zastąpione przez diagnostykę obrazową.

Inne historycznie używane rodzaje aparatury miały na celu pomiar tylko siły reakcji podłoża (*ground reaction force* – GRE), czyli siły wywieranej przez podłoże na spoczywające na nim ciało (kończynę)¹⁶. Aparatura ta obejmowała zarówno platformy do pomiaru siły reakcji podłoża – stalowe płyty zamontowane na wybiegu, rejestrujące siłę w momencie nadeptnięcia na nie przez konia oraz przymocowane do kopyt czujniki.

Obecne systemy oparte na czujnikach wykorzystują głównie kombinacje akcelerometrów, żyroskopów i magnetometrów. Inercyjne jednostki pomiarowe (IMU) zamontowane na koniu mogą rejestrować z dużą precyzją różne cechy kinetyczne i kinematyczne. Chociaż pierwsze zastosowania takich urządzeń miały miejsce na początku lat 90. ubiegłego wieku (Barrey i in., 1990), dopiero opracowane w ostatnich latach systemy analizy oparte na uczeniu maszynowym (Serra Bragança i in., 2020) pozwoliły efektywnie wykorzystać tę metodę. Dotychczas IMU

¹⁶ Obie siły – nacisku (kończyny) i reakcji (podłoża) – z reguły mają taką samą wartość, zatem dzięki przeciwnym zwrotom wektorów ich siła wypadkowa jest równa zero.

znalazły zastosowanie m.in. w wykrywaniu kulawizn (Crecan i in., 2022), klasyfikacji chodu (Serra Bragança i in., 2020), interakcji koń-jeździec (Eckardt i Witte, 2017) i wielu innych.

Metody oparte na czujnikach, zwłaszcza IMU, mają kilka niekwestionowanych zalet. Po pierwsze, mogą mierzyć nie tylko parametry kinematyczne, ale także kinetyczne (czyli interakcje między kończyną a powierzchnią), takie jak siła reakcji podłoża (GRE). Po drugie, dostarczają danych z niezwykle precyzją, sięgającą nawet 97% (Brighton i in., 2015). Nie są one jednak odpowiednie do badań populacyjnych, ponieważ wymagają czasochłonnego, indywidualnego montowania sprzętu na każdym badanym przedmiocie. Co więcej, montaż IMU na koniu może spowodować znaczną zmianę jego zachowania, stwarzając potencjalnie istotny czynnik środowiskowy wpływający na wyniki badań.

Analiza wideo

Analiza wideo poruszającego się obiektu zwykle wymaga umieszczenia znaczników w określonych punktach ciała zwierzęcia, takich jak np. stawy. Następnie zmiany pozycji tych punktów w filmach są analizowane i wykorzystywane do obliczania parametrów kinematycznych.

W przeszłości istniały dwie metody pozycjonowania markerów. Przez wiele lat powszechnie stosowanym standardem było ręczne oznaczanie filmów (Clayton i Schamhardt, 2001). Metoda ta polega na ręcznym identyfikowaniu i oznaczaniu kluczowych obiektów anatomicznych klatka po klatce. Chociaż technika ta jest bardzo dokładna i może dostarczyć cennych danych, jest też niezwykle czasochłonna i pracochłonna, co ogranicza jej zastosowanie w badaniach na dużą skalę. Charakter ręcznego oznaczania wymaga również znacznej wiedzy specjalistycznej i trudnej do osiągnięcia powtarzalności oznaczeń, ponieważ wszelkie odchylenia w procesie etykietowania mogą prowadzić do rozbieżności w danych.

Drugie historyczne podejście to umieszczanie fizycznych, odbijających światło samoprzylepnych markerów bezpośrednio na ciele konia. Mimo wielu prób, technika ta nie znalazła szerszego zastosowania, jako że generuje wiele problemów technicznych: markery często odklejają się lub zmieniają pozycję, szczególnie gdy koń porusza się szybko lub intensywnie się poci; ponadto zmiana oświetlenia może spowodować trudności z odczytem danych. Co więcej, podobnie jak w przypadku IMU, proces mocowania i kalibracji tych markerów jest pracochłonny i wymaga ścisłej interakcji ze zwierzęciem, co może stanowić dodatkowe wyzwanie, szczególnie w badaniach na dużej próbie lub być niemożliwe do zastosowania w badaniach nad populacjami dziko żyjącymi.

W ostatnich latach problemy związane z ręcznym znakowaniem filmów zostały częściowo rozwiązane dzięki nowemu podejściu opartemu na integracji kilku gałęzi sztucznej inteligencji, m.in. widzenia komputerowego i uczenia maszynowego. Nagrania wideo poruszających się koni można oznaczyć wirtualnymi anatomicznymi punktami orientacyjnymi za pomocą architektur głębokiego uczenia (DL), takich jak konwolucyjne sieci neuronowe (CNN). Algorytmy śledzenia pozycji pozwalają użytkownikowi zdalnie oznaczyć dowolnie wybrane punkty na ciele konia, a następnie automatycznie oznaczyć resztę zbioru danych. Współrzędne przestrzenne wybranych punktów anatomicznych w każdej klatce są następnie wykorzystywane do obliczania wartości cech biomechanicznych związanych m.in. z odległością, skątowaniem czy czasem trwania. Podejście to, po raz pierwszy wdrożone do badań nad końmi w roku 2020 (Mathis i Mathis, 2020), umożliwia analizę dużych zbiorów danych w sposób bardzo efektywny pod względem wymaganego nakładu czasu. Jednak nawet jeśli dobrze wyszkolone sieci osiągają bardzo niski poziom błędu i wysoką przepustowość, ich precyzja jest ciągle niższa niż w przypadku systemów opartych na IMU.

Podsumowując, badania nad kinematyką koni ewoluowały, poczynając od prostych badań obserwacyjnych do zaawansowanego wykorzystania algorytmów sztucznej inteligencji. Obecny stan wiedzy pozwala wreszcie na zastosowanie precyzyjnych metod do analizy dużych prób badawczych oraz do badań populacyjnych. Postęp ten ma kluczowe znaczenie m.in. dla przyszłych badań nad genetycznym podłożem cech związanych z lokomocją. Integracja zaawansowanych technologii i uczenia maszynowego daje możliwość wyjścia poza subiektywne oceny jakościowe i przejścia do bardziej precyzyjnych i obiektywnych ocen opartych na pomiarach.

Cele, zakres pracy i hipotezy badawcze

Głównymi celami niniejszej pracy były:

1. Ocena struktury i zróżnicowania genetycznego współczesnych populacji koni arabskich czystej krwi, ze szczególnym uwzględnieniem populacji polskiej.
2. Identyfikacja czynników wpływających na oceny koni na pokazach „w ręku” oraz zależności między poszczególnymi kategoriami oceny przyznawanymi przez sędziów.
3. Opracowanie nowej metody precyzyjnego fenotypowania pokroju i ruchu koni, wykorzystującej zaawansowane techniki widzenia komputerowego i bezznacznikowego śledzenia ruchu.

Hipotezy badawcze:

- Zróżnicowanie genetyczne polskich koni arabskich czystej krwi uległo znaczącemu zmniejszeniu w wyniku historycznych zdarzeń, zwłaszcza wojen światowych, co może wpływać na strukturę genetyczną współczesnej populacji.
- Filogenetyczne zależności między sekwencjami genomu mitochondrialnego nie odzwierciedlają relacji między liniami żeńskimi wynikającymi z rodowodów i źródeł historycznych.
- Stosowane obecnie metody oceny koni na pokazach, oparte o przyznawanie punktów w pięciu kategoriach nie zapewniają wystarczającej precyzji i zróżnicowania przyznawanych ocen.
- Wyniki ocen poszczególnych osobników mogą być zależne od wpływu stałych czynników środowiskowych, takich jak pochodzenie konia, narodowość i doświadczenie sędziów.
- Ze względu na fakt, że cele badawcze realizowane w tej pracy i postawione hipotezy dotyczą trzech różnych obszarów tematycznych, materiał, metody, uzyskane wyniki i ich dyskusja są przedstawione osobno dla każdego obszaru badań.

Części badawcze pracy

Struktura populacji¹⁷

Analiza parametrów demograficznych i zmienności genetycznej w populacji koni arabskich czystej krwi, a także wpływu genetycznego i powiązań filogenetycznych poszczególnych linii żeńskich, oparta została o dwa komplementarne podejścia: analizę rodowodową oraz analizy molekularne. Analiza rodowodów pozwoliła na obliczenie kluczowych parametrów demograficznych i genetycznych na poziomie populacyjnym. materiał obejmował wszystkie osobniki wpisane do Polskiej Księgi Stadnej w latach 2003–2013.

Metaanaliza sekwencji pętli D publikowanych przez ostatnie 25 lat była z kolei próbą odpowiedzi na pytanie, czy poszczególne linie żeńskie i subpopulacje istotnie różnią się od siebie na poziomie molekularnym. Oprócz konstrukcji drzew filogenetycznych omówiono także problemy związane z dopasowywaniem sekwencji. W konsekwencji zaproponowano udoskonalenie niektórych metod, przede wszystkim algorytmu dopasowania sekwencji (zaproponowano m. in. dopasowanie wielokrotne przy użyciu szybkiej transformaty Fouriera (Kato i in., 2002) zamiast powszechnie stosowanego dopasowania na podstawie oczekiwanych wartości logarytmów (Edgar, 2004)).

Material i metody

Analiza parametrów populacyjnych na podstawie rodowodów

Material

Populację referencyjną (RP) stanowiło 1217 klaczy i 281 ogierów zarejestrowanych w Polskiej Księdze Stadnej (PASB), urodzonych w latach 2003–2013 i wykorzystywanych w hodowli w latach 2006-2016. Lista ta została sporządzona na podstawie wydanych wcześniej publikacji książkowych (Głazewska, 2019, 2022). Dane na temat RP, przygotowane w formie ramki danych, objęły następujące zmienne: nazwa konia, rok urodzenia konia, płeć, kraj pochodzenia, maść, imię ojca, imię matki, imię ojca matki. Następnie nazwy osobników ujętych w zbiorze danych przekonwertowano na jednoznaczne identyfikatory w formie Nazwa_YYYY, gdzie Nazwa – nazwa konia pisana łącznie, a YYYY – rok urodzenia konia. Na tej podstawie skonstruowano bazę rodowodową obejmującą następujące zmienne: Nazwa konia, płeć (f lub

¹⁷ Wyniki analizy rodowodów zostały już opublikowane (Klecel i in., 2024)

m), nazwa ojca, nazwa matki. Kompletne dane rodowodowe dla każdego z osobników wchodzących w skład populacji referencyjnej zostały pozyskane z bazy danych All Breed Pedigree (www.allbreedpedigree.com) i zweryfikowane przy użyciu dodatkowych dostępnych źródeł, m. in. innych baz internetowych (www.arabianessence.com, www.bazakoni.pl) oraz danych z ksiąg stadnych.

Osobniki o obojgu nieznanym rodzicach i/lub wprowadzone do I Tomu księgi stadnej jako założyciele (np. Ibrahim 1899) na potrzeby prowadzonych analiz zostały zdefiniowane jako założyciele. Ponadto klacze od nieznannej matki były klasyfikowane jako założycielki linii żeńskiej, podczas gdy ogiery po nieznanym ojcu były określane jako założyciele rodu męskiego.

Analiza rodowodowa objęła łącznie 12 254 osobniki (całkowita populacja – TP), z których 11065 zidentyfikowano jako przodków (ANC) osobników z RP. Materiał poddany analizie rodowodowej przedstawiono w Tabeli 4.

Tabela 4: Struktura danych wykorzystanych do analizy rodowodowej. TP – całkowita populacja, ANC – przodkowie, RP – populacja referencyjna.

Liczebność	TP	ANC	RP
Liczba koni	12 254	11 065	1498
Liczba ojców	3708	3647	61
Liczba matek	7581	7418	163

Oprogramowanie

Wszystkie obliczenia przeprowadzono w środowisku R w wersji 4.2.3 (15-03-2023 – „Shortstop Beagle”), przy użyciu 4 pakietów: ‘nadir’ (Wolak, 2012), ‘optiSel’ (Wellmann i Wellmann, 2018), ‘pedigree’ (Coster i Coster, 2010) oraz ‘purgeR’ (López-Cortegano, 2022) oraz funkcji opracowanych przez autorkę na potrzeby niniejszych badań. Szczegółowe informacje na temat funkcji wykorzystanych do obliczeń dotyczących analizy rodowodów przedstawione są w Aneksie.

Parametry demograficzne

Głębokość i wiarygodność rodowodów oszacowano na podstawie następujących parametrów:

- Maksymalna liczba prześlizgniętych pokoleń (MG): zdefiniowana jako liczba pokoleń dzielących osobnika od najdalszego pokolenia, dla którego u przynajmniej jednego przodka zidentyfikowani są oboje rodzice.
- Średnia liczba pełnych pokoleń (CG): obliczona jako średnia wartość maksymalnej liczby prześlizgniętych pokoleń dla każdego osobnika.

- Liczba równoważnych pełnych pokoleń (EG): definiowana przez formułę $\sum (\frac{1}{2})^n$, gdzie n oznacza liczbę pokoleń dzielących jednostkę od każdego zidentyfikowanego przodka (Maignel i in., 1996). Liczba równoważnych pełnych pokoleń jest podstawowym wskaźnikiem jakości rodowodu; dla wartości EG przekraczającej pięć jakość rodowodu uznaje się za wystarczającą (Faria i in., 2021).
- Poziom kompletności rodowodu (PCL): określony przez ocenę całego rodowodu, uwzględniając proporcję zidentyfikowanych i niezidentyfikowanych przodków w każdym pokoleniu.
- Indeks kompletności rodowodu (PCI): za MacCluer i in. (1983) wyrażony jest formułą:

$$PCI_i = \frac{1}{k} \sum_{j=1}^k \frac{A_{ij}}{2^j} \times 100$$

gdzie k to liczba pokoleń, A_{ij} to liczba znanych przodków w j -tym pokoleniu dla osobnika i , a 2^j to całkowita liczba przodków w j -tym pokoleniu.

- Odstęp międzypokoleniowy (GI): zdefiniowany jako średni wiek rodziców w momencie narodzin potomka, który następnie został rodzicem w następnym pokoleniu.

Zróżnicowanie genetyczne populacji

Oszacowanie zróżnicowania genetycznego zostało przeprowadzone na podstawie następujących parametrów:

- Indywidualny współczynnik zimbredowania wg Wrighta (F): prawdopodobieństwo, że dwa allele w jednym *locus* są identyczne dzięki pochodzeniu.
- Parametry dotyczące źródeł wariacji genetycznej:
 - Efektywna liczba założycieli (f_e) (Lacy, 1989): określa taką hipotetyczną liczbę założycieli o jednakowym wkładzie genetycznym do populacji, jaka byłaby wymagana do uzyskania obserwowanej zmienności genetycznej.
 - Efektywna liczba przodków (f_a) (Boichard i in., 1997): określa minimalną liczbę przodków (mogących nie wchodzić w skład populacji założycielskiej), którzy wyjaśniają całą zmienność genetyczną populacji, uwzględniając utratę zmienności genetycznej spowodowaną nierównomiernym wkładem reprodukcyjnym niektórych przodków.
 - Równoważniki genomów założycieli (f_{ge}) (Caballero i Toro, 2000): hipotetyczna liczba założycieli przewidywana do uzyskania obserwowanej różnorodności

genetycznej w populacji badawczej, zakładając jednakową reprezentację każdego założyciela i brak spontanicznej utraty alleli.

- Współczynnik założycielski: stosunek f_e/f_a , wskazujący na wystąpienie efektu wąskiego gardła. Wartości tego współczynnika znacząco odbiegające od 1,0 mogą wskazywać na to, że populacja przeszła przez zdarzenie dające efekt wąskiego gardła. Utrata zmienności genetycznej przypisywana efektowi wąskiego gardła jest oszacowana stosunkiem $1/(2/f_a)$.
 - Wskaźnik dryfu genetycznego: stosunek efektywnej liczby założycieli (f_e) do liczby równoważników genomu założycieli (f_{ge}), kwantyfikujący wpływ dryfu genetycznego na populację.
- Efektywna wielkość populacji (N_e): analogiczna do hipotetycznego rozmiaru populacji wykazującej taki sam poziom zimbredowania lub oddziaływania dryfu genetycznego, jak analizowana populacja. Szacowana na podstawie tempa przyrostu zimbredowania na jedno pokolenie.

Analiza filogenetyczna pętli D

Materiał

Powszechnie dostępne bazy artykułów naukowych (Google Scholar, PubMed, Web of Science i Scopus) zostały przeszukane pod kątem badań poświęconych zróżnicowaniu sekwencji genomu mitochondrialnego u koni arabskich oraz ras/typów potencjalnie związanych genetycznie z rasą czystej krwi arabskiej. W tym celu zastosowano strategię wyszukiwania zgodną z metodyką Cochrane'a (Henderson i in., 2010) i kryteriami PRISMA (Moher i in., 2010). Do każdej z baz wprowadzonych zostało osiem zapytań skupiających się na różnych aspektach poruszanego zagadnienia oraz dwa zapytania łączące te aspekty. Zapytania wraz z założoną strategią wyszukiwania i liczbą wyników w poszczególnych bazach przedstawiono w Tabeli 5.

Ponadto, w bazach danych GenBank wprowadzono terminy wyszukiwania „Arabian horse mitochondrial” oraz „Arabian horse D-loop” w celu zidentyfikowania zdeponowanych tam, ale nieopublikowanych dotychczas sekwencji.

Tabela 5: Strategie wyszukiwania źródeł do analizy sekwencji pętli D.

Nr	Zapytanie wyszukiwania	Wyjaśnienie	Liczba uzyskanych rekordów
1	("Arabian horse" OR "Shagya horse" OR "Barb horse" OR "local breeds" OR "Arabian Peninsula" OR "North Africa") AND ("D-loop sequence" OR "mitochondrial DNA" OR "mtDNA" OR "mitochondrial genome")	Podstawowe terminy związane z końmi arabskimi i pokrewnymi rasami oraz DNA mitochondrialne (najbardziej ogólne wyniki)	GS: 12700 PM: 712 WoS: 595 S: 683
2	("Arabian horse" OR "Shagya horse" OR "Barb horse" OR "local breeds" OR "Arabian Peninsula" OR "North Africa") AND ("D-loop" OR "mitochondrial DNA" OR "mtDNA" OR "mitochondrial genome") AND ("genetic diversity" OR "genetic variation")	Różnorodność genetyczna i zmienność w obrębie DNA mitochondrialnego tych ras.	GS: 14000 PM: 163 WoS: 230 S: 278
3	("Arabian horse" OR "Shagya horse" OR "Barb horse" OR "local breeds" OR "Arabian Peninsula" OR "North Africa") AND ("D-loop" OR "mitochondrial DNA" OR "mtDNA") AND ("phylogenetic analysis" OR "phylogeny")	Wyszukiwanie badań dotyczących analizy filogenetycznej DNA mitochondrialnego tych ras.	GS: 12700 PM: 191 WoS: 334 S: 179
4	("Arabian horse" OR "Shagya horse" OR "Barb horse" OR "local breeds" OR "Arabian Peninsula" OR "North Africa") AND ("D-loop" OR "mitochondrial DNA" OR "mtDNA") AND ("haplotypes" OR "sequencing study" OR "genetic analysis")	Haplotypy i sekwencjonowanie DNA mitochondrialnego tych ras.	GS: 12000 PM: 165 WoS: 155 S: 369
5	("Arabian horse" OR "Shagya horse" OR "Barb horse" OR "local breeds" OR "Arabian Peninsula" OR "North Africa") AND "equine" AND ("D-loop" OR "mitochondrial DNA" OR "mtDNA") AND ("genetic diversity" OR "genetic variation" OR "phylogenetic analysis" OR "haplotypes")	Uwzględnienie szerszego kontekstu, ale z naciskiem na rasy pokrewne koniom arabskim.	GS: 727 PM: 3 WoS: 1 S: 3
6	("Arabian horse" OR "Shagya horse" OR "Barb horse" OR "local breeds" OR "Arabian Peninsula" OR "North Africa") AND ("D-loop" OR "mitochondrial DNA" OR "mtDNA" OR "mitochondrial genome") AND ("genetic diversity" OR "phylogenetic analysis" OR "haplotypes" OR "sequencing study" OR "genetic analysis")	Łączone wyszukiwanie różnych typów badań dotyczących DNA mitochondrialnego i różnorodności genetycznej tych ras.	GS: 16100 PM: 203 WoS: 300 S: 464
7	("Arabian horse" OR "Shagya horse" OR "Barb horse" OR "local breeds" OR "Arabian Peninsula" OR "North Africa") AND ("D-loop" OR "mitochondrial DNA" OR "mtDNA") AND ("genetic diversity" OR "phylogeny" OR "haplotypes" OR "sequencing")	Szczegółowe badania dotyczące koni arabskich i pokrewnych ras.	GS: 16400 PM: 272 WoS: 385 S: 524
8	("Arabian horse" OR "Shagya horse" OR "Barb horse" OR "local breeds" OR "Arabian Peninsula" OR "North Africa") AND "equine" AND ("D-loop sequence" OR "mitochondrial DNA" OR "mtDNA") AND ("genetic diversity" OR "phylogenetic analysis" OR "haplotypes")	Wyszukiwanie badań dotyczących genetyki mitochondrialnej w kontekście koni arabskich i pokrewnych ras.	GS: 696 PM: 3 WoS: 1 S: 3
9	("Arabian horse" OR "Shagya horse" OR "Barb horse" OR "local breeds" OR "Arabian Peninsula" OR "North Africa") AND ("D-loop" OR "mitochondrial DNA" OR "mtDNA" OR "mitochondrial genome") AND ("genetic diversity" OR "genetic variation" OR "phylogeny" OR "haplotypes" OR "sequencing study")	Łączone wyszukiwanie terminów genetycznych dla koni arabskich i pokrewnych ras.	GS: 17000 PM: 280 WoS: 390 S: 536
10	("equine" AND ("D-loop" OR "mitochondrial DNA" OR "mtDNA") AND ("Arabian horse" OR "Shagya horse" OR "Barb horse" OR "local breeds" OR "Arabian Peninsula" OR "North Africa") AND ("genetic diversity" OR "phylogenetic analysis" OR "haplotypes" OR "sequencing study"))	Łączone wyszukiwanie badań genetycznych dotyczących koni z uwzględnieniem pokrewnych ras.	GS: 710 PM: 3 WoS: 1 S: 3

Liczba zidentyfikowanych źródeł danych

Artykuły stanowiące wynik wyszukiwania w zapytaniach przedstawionych w Tabeli 5 ujęto następnie w jednej bazie danych bibliograficznych w programie Zotero (Mueen Ahmed i Dhubaib, 2011). Po zebraniu metadanych każdego z artykułów zidentyfikowano i usunięto duplikaty. Każdy unikalny artykuł został następnie sprawdzony pod kątem spełniania przyjętych kryteriów, a mianowicie:

- a) prezentowania oryginalnych badań (wykluczone zostały monografie, przeglądy literatury, metaanalizy, prace dyplomowe i doniesienia konferencyjne);
- b) badanej rasy (wykluczone zostały badania poświęcone rasom geograficznie odległym od koni arabskich, np. lokalnym rasom azjatyckim) i gatunku (wykluczono artykuły poświęcone m. in. populacjom *Homo sapiens* z Półwyspu Arabskiego);
- c) dostępu do publikowanych sekwencji (włączane artykuły musiały wskazywać numery akcesyjne w bazie GenBank lub innej powszechnie dostępnej bazie sekwencji nukleotydów (*Nucleotide Sequence Data – NSD*);
- d) analizy genomu mitochondrialnego (wykluczone zostały artykuły skupiające się na różnicowaniu genetycznym koni arabskich, ale na podstawie sekwencji mikrosatelitarnych, macierzy SNP obejmujących jedynie genom jądrowy lub haplotypów chromosomu Y).

Po wykluczeniu publikacji niespełniających kryteriów przedstawionych powyżej sporządzono listę numerów akcesyjnych sekwencji opublikowanych w artykułach włączanych do metaanalizy. Ostateczna lista numerów akcesyjnych liczyła 896 unikalnych pozycji. Wszystkie sekwencje zdeponowane były w bazie GenBank, z której zostały następnie pobrane w formacie FASTA przy użyciu modułów SeqIO oraz Entrezpy (Buchmann i Holmes, 2019) dla narzędzi BioPython (Cock i in., 2009). Dodatkowo z bazy GenBank wyekstrahowano metadane dla każdej unikalnej sekwencji.

Dopasowanie sekwencji

Przed właściwą analizą filogenetyczną przeprowadzono dopasowanie sekwencji do genomu referencyjnego EquCab 3.0 (nr akcesyjny NC 001640.1) (Kalbfleisch i in., 2018). Jako że większość sekwencji nie obejmowała całego genomu mitochondrialnego, a jedynie poszczególne fragmenty o różnej długości i różnicowanych pozycjach, do dopasowania sekwencji zastosowano algorytm MAFFT (*Multiple Alignment using Fast Fourier Transform – dopasowanie wielokrotne przy użyciu szybkiej transformaty Fouriera*) (Kato i in., 2009)

z dodatkowym lokalnym dopasowaniem parami z udoskonaleniem interakcyjnym (L-INS-i). Maksymalną liczbę iteracji określono na 1000. Dopasowanie przeprowadzono w programie MAFFT 7.0 (Kato i in., 2009, 2019) w wersji dla 64-bitowego systemu Linux.

Konstrukcja drzew filogenetycznych

Konstrukcja drzew filogenetycznych została przeprowadzona przy użyciu oprogramowania IQ-TREE (Nguyen i in., 2015) w wersji 1.6.12 dla 64-bitowego systemu Linux. Analizę przeprowadzono na wysokowydajnym systemie obliczeniowym z AVX512, FMA3 i 251 GB pamięci RAM (dystrybucja Ubuntu 20.04.5 LTS, wersja jądra 5.4.0-139-generic x86_64). Jako dane wejściowe wykorzystano plik dopasowanych sekwencji w formacie FASTA, wygenerowany w poprzednim kroku przy użyciu algorytmu MAFFT.

Do wybrania najlepiej dopasowanego modelu substytucji nukleotydów (spośród 286 dostępnych) został użyty algorytm Model Finder Plus (Kalyaanamoorthy i in., 2017). Ultraszybki bootstrap (Hoang i in., 2018) został przybliżony przy użyciu 1000 replikacji. Przybliżony test ilorazu wiarygodności przeprowadzono na 1000 powtórzeniach. W celu zapewnienia powtarzalności zastosowano losowe ziarno powtórzeń 12345, wykorzystując SPRNG (*Scalable Parallel Random Number Generator* – skalowalny równoległy generator liczb losowych) (Mascagni i Srinivasan, 2000).

Oceniono skład każdej sekwencji i oflagowano sekwencje z nadmiernymi lukami lub niejednoznacznymi znakami. Wartości p-value dla składu zostały obliczone osobno dla każdej sekwencji. Model substytucji o najlepszym dopasowaniu zidentyfikowano na podstawie bayesowskiego kryterium informacyjnego (*Bayesian Information Criterion*, BIC). Do wizualizacji drzew wykorzystano narzędzie iTOL v6 (Letunic i Bork, 2024).

Wyniki

Parametry populacyjne i zróżnicowanie genetyczne populacji

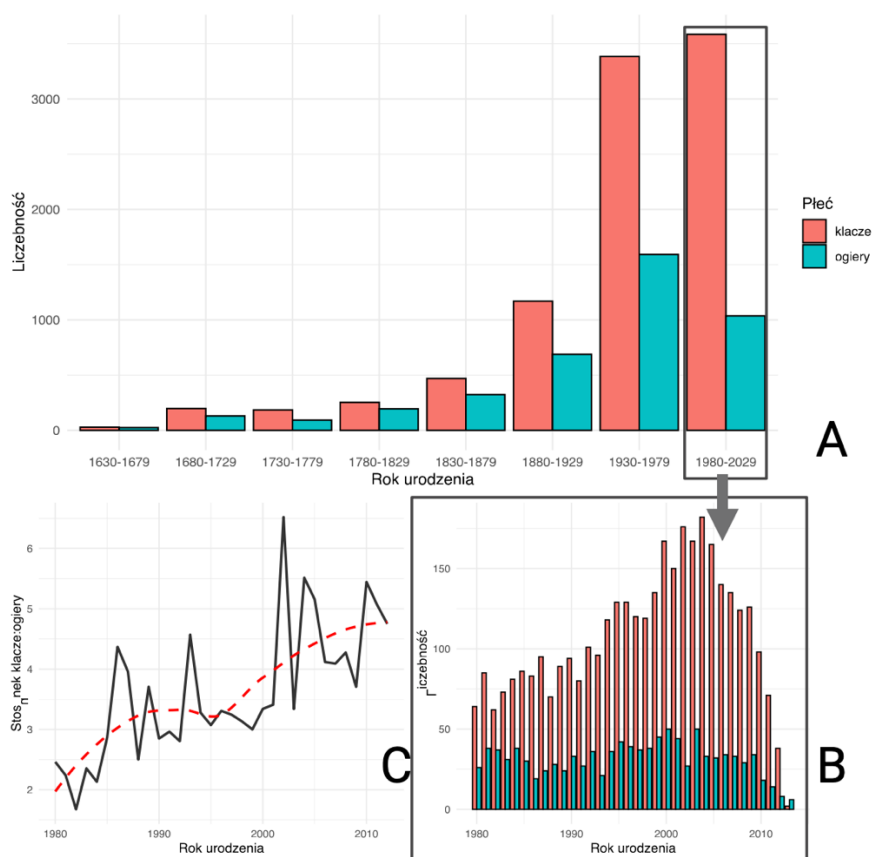
Struktura demograficzna

Przodkowie osobników wchodzących w skład populacji referencyjnej (RP) urodzeni byli w latach 1633–2010. W całkowitej populacji (TP) zidentyfikowano łącznie 1128 grup pełnego rodzeństwa (FS) (Tabela 6). Ich średnia wielkość wyniosła 2,22 FS, a maksymalna 7,00. W populacji referencyjnej było 96 rodzin FS, ze średnią wielkością 2,06 i maksymalną wielkością 3,00.

Tabela 6: Liczba i wielkość grup pełnego rodzeństwa (FS) w całkowitej populacji (TP), grupie przodków (ANC) i populacji referencyjnej (RP).

Parametr	TP	ANC	RP
Liczba grup pełnego rodzeństwa (FS)	1128	1022	96
Średnia wielkość grupy pełnego rodzeństwa (FS)	2,22	2,28	2,06
Maksymalna wielkość grupy pełnego rodzeństwa (FS)	7	7	3
Minimalna wielkość grupy pełnego rodzeństwa (FS)	2	2	2
Liczba założycieli	861	861	0
Liczba założycieli z >1 potomkiem	281	281	0

Liczba koni, w zależności od roku urodzenia, przedstawiona jest na Ryc. 23A. Ponad połowa osobników w TP urodziła się w ciągu ostatnich 100 lat. W ostatnich ponad 30 latach (1980–2013) zaobserwowano wzrost liczby urodzeń klaczy, który szczyt osiągnął w roku 2005, podczas gdy liczba ogierów używanych do rozrodu w tym okresie względnie stała (Ryc. 23B). W TP stosunek klaczy do ogierów wynosił 2,04, a w RP wzrósł do 4,33 (Ryc. 22C).

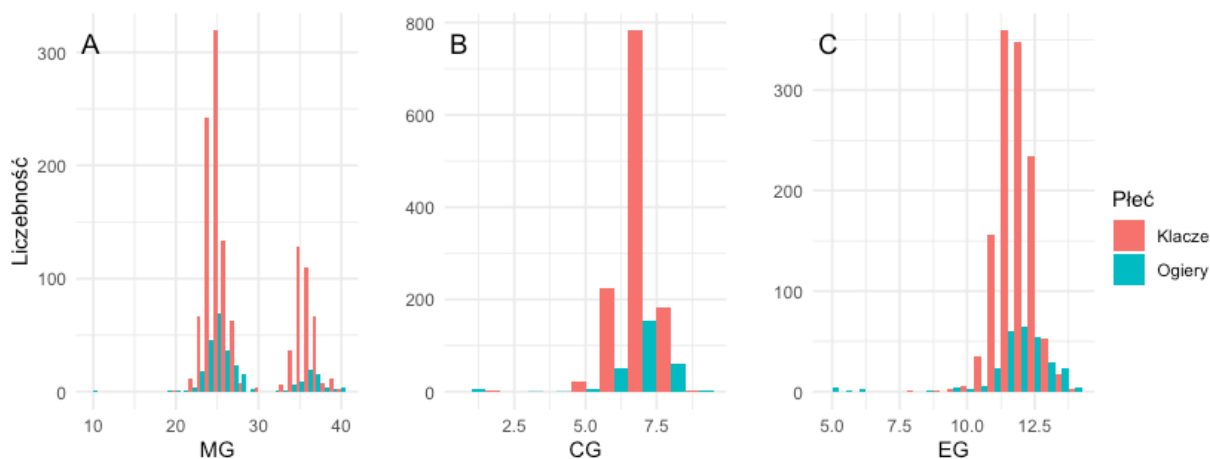


Ryc. 23: A – Liczba osobników (z podziałem na płć) w zależności od roku urodzenia w całkowitej populacji (TP); B – liczba osobników (z podziałem na płć) w zależności od roku urodzenia w okresie 1980–2013, C – zmiana stosunku klaczy: ogierów w okresie 1980–2013.

Jakość rodowodów

Średnia liczba maksymalnych prześlędzonych pokoleń (MG) w populacji referencyjnej (RP) wynosiła 28,1. Godne uwagi jest to, że rodowody siedmiu koni, wszystkich należących do RP, obejmowały aż 40 pokoleń. Graficzne przedstawienie rozkładu MG wykazało jego bimodalność, z granicą przy wartości 30–32 pokoleń (Ryc. 24A). Dalsza analiza tego fenomenu wykazała istotny wpływ przynależności do niektórych konkretnych linii żeńskich i rodów męskich, a także kraju pochodzenia, na liczbę MG (Por. Aneks).

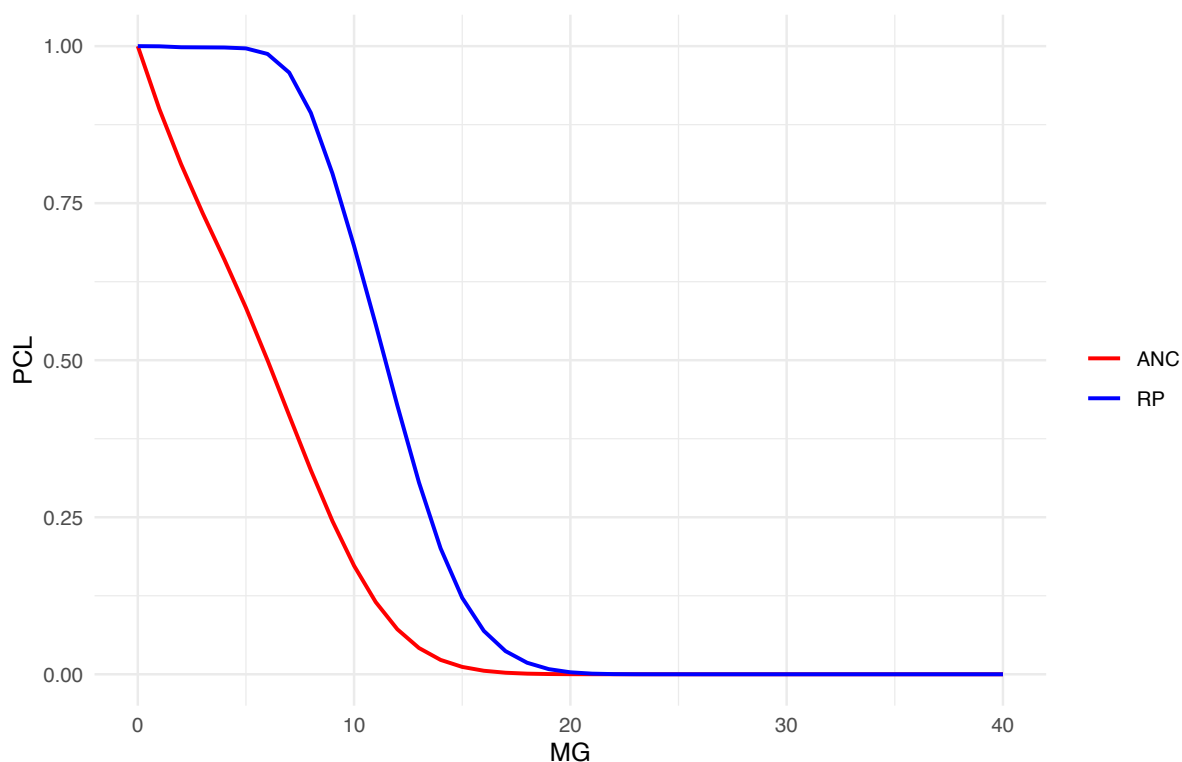
Średnia liczba średnich pełnych pokoleń (CG) dla RP wynosiła 6,9 (Ryc. 24B), a średnia głębokość rodowodu reprezentowana przez ekwiwalent liczby pełnych pokoleń (EG) była na poziomie 11,85 (Ryc. 24C).



Ryc. 24: A – rozkład maksymalnej prześlędzonej liczby pokoleń (MG), B – rozkład średniej liczby pełnych pokoleń (CG), C – rozkład liczby średniego ekwiwalentu liczby pełnych pokoleń (EG).

Ryc. 24 przedstawia zmiany w poziomie kompletności rodowodu (PCL) dla populacji referencyjnej (RP) i grupy przodków (ANC). W RP poziom kompletności rodowodu przekraczał 99% dla pierwszych pięciu pokoleń. Zaobserwowano znaczący spadek kompletności rodowodów po siódmym pokoleniu, z 95,8% do 89,4%. Dla dwunastego pokolenia PCL wynosił 42,8%. Średni indeks kompletności rodowodu (PCI) dla RP wynosił 0,59.

W porównaniu do RP w rodowodach przodków (ANC) odnotowano znacznie więcej braków. PCL spadał poniżej 0,75 już w trzecim pokoleniu, a poniżej 0,50 – w szóstym. Pewną wartością graniczną jest $MG = 20$, gdzie zarówno osobniki z RP jak i ANC osiągnęły $PCL = 0$.



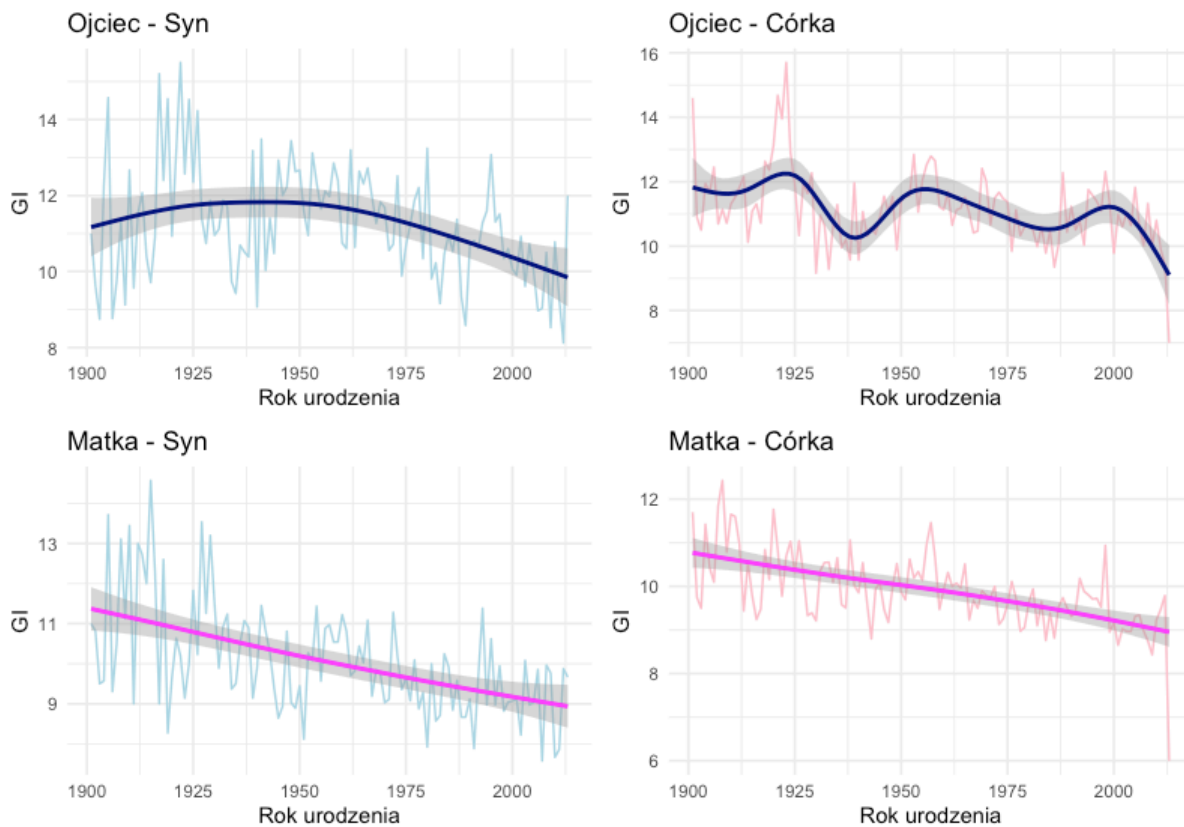
Ryc. 25: Poziom kompletności rodowodu (PCL) w zależności od maksymalnej liczby przeszędzonych pokoleń (MG) dla przodków (ANC) i populacji referencyjnej (RP).

Odstęp międzypokoleniowy (GI)

Wartości odstępu międzypokoleniowego (GI) dla wszystkich ścieżek zamieszczono w Tabeli 7. Najdłuższy GI u osobników należących do całkowitej populacji (TP) zaobserwowano dla ścieżki ojciec–syn (11,6 lat). Jednocześnie w populacji referencyjnej (RP) ścieżka ojciec–syn została skrócona do 9,8 lat, podczas gdy ścieżka ojciec–córka zmalała tylko do 10,9 lat. Wartości GI w RP były krótsze w przypadku każdej ścieżki niż obserwowane w całkowitej populacji (TP). Średni GI w RP skrócił się o około jednego roku w porównaniu do TP. Porównując TP i RP, można stwierdzić, że na przestrzeni ostatnich stu lat obserwowano trend spadkowy w odniesieniu do wszystkich czterech ścieżek rodzic-potomek (Ryc. 26).

Tabela 7: Wartości odstępu międzypokoleniowego w analizowanej populacji dla poszczególnych ścieżek.

Ścieżka	TP	RP
Ojciec-syn	11,6	9,8
Ojciec-córka	11,3	10,9
Ojciec-potomek (łącznie)	11,5	10,3
Matka-syn	10,0	9,2
Matka-córka	9,9	9,1
Matka-potomek (łącznie)	9,9	9,2
Rodzic-potomek (łącznie)	10,7	9,7

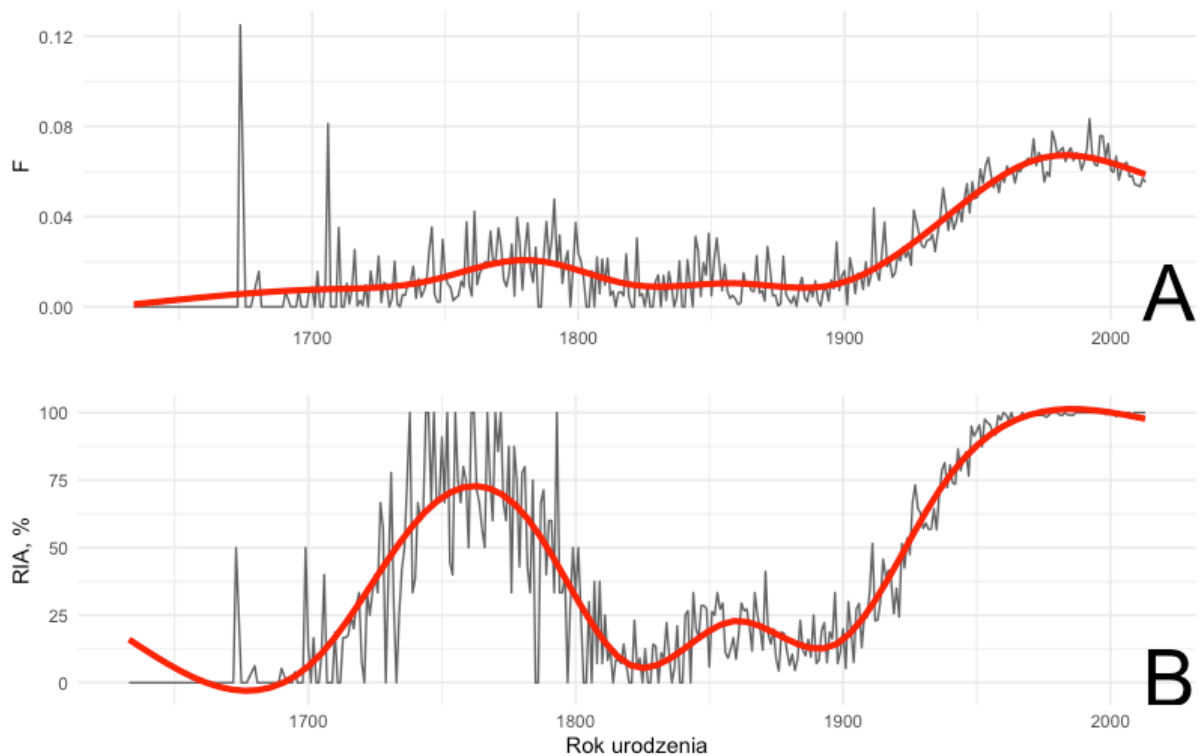


Ryc. 26: Średnie wartości odstępu międzypokoleniowego (GI) dla każdej z czterech ścieżek od 1900 roku do współczesności. Linie trendu (wraz z przedziałami ufności) wyznaczono za pomocą uogólnionych modeli addytywnych (*Generalized Additive Models – GAMs*).

Zróżnicowanie genetyczne

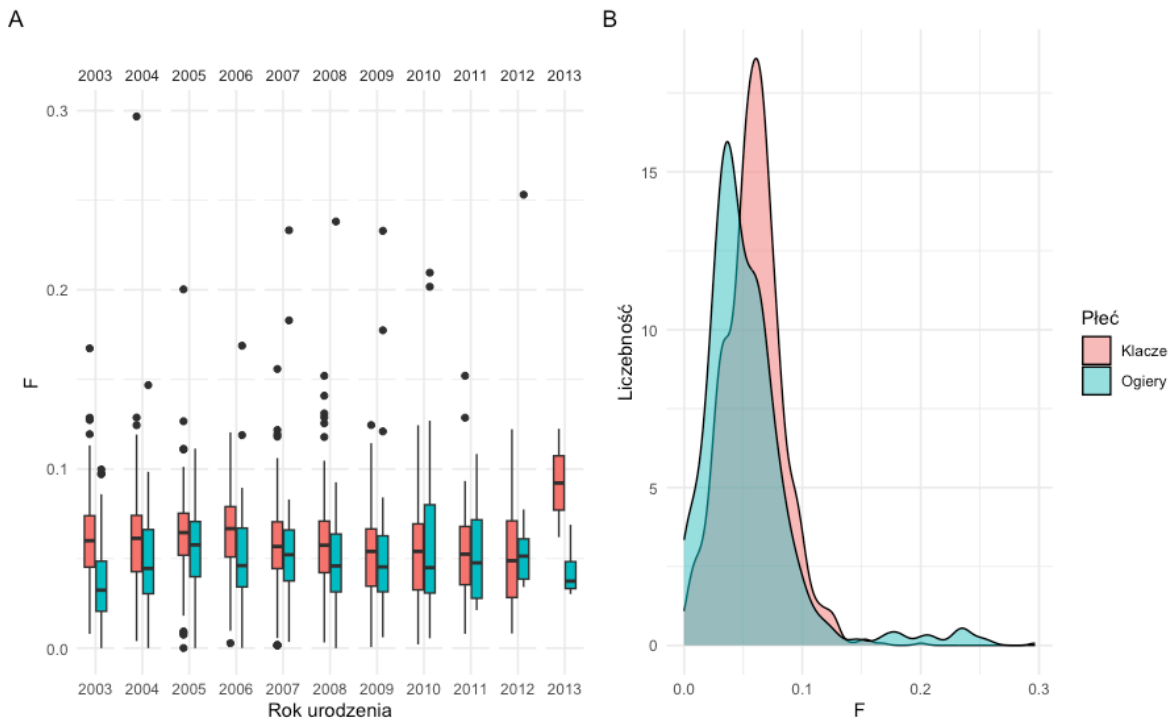
Zinbredowanie

Ryc. 27 prezentuje średnie wartości współczynnika zinbredowania oraz odsetek zinbredowanych przodków (*Rate of Inbred Ancestors – RIA*) w całej populacji. W analizowanym okresie zaobserwowano wzrost wartości obu tych parametrów. Najbardziej zauważalny wzrost poziomemu zinbredowania miał miejsce w XX wieku, ale zwiększenie zinbredowania obserwowano również w połowie XVIII wieku. W ostatnich latach zaobserwowano nieznaczny spadek wskaźnika zinbredowania.



Ryc. 27: Średni współczynnik A – zinzredowania (F) oraz B – odsetka zinzredowanych przodków (*Rate of Inbred Ancestors* – RIA) według roku urodzenia. Linię trendu wyznaczono za pomocą uogólnionego modelu addytywnego (GAM). Między parametrami zanotowano silną korelację ($r = 0,819$).

Zinzredowane osobniki stanowiły aż 99,6% całej populacji referencyjnej. Średni współczynnik inbrodu Wrighta (F) w RP wynosił 0,058, z maksymalną zaobserwowaną wartością 0,297. Jak pokazano na Ryc. 28A, tylko osiem osobników (sześć ogierów i dwie klacze) miało współczynnik zinzredowania powyżej 0,200. Zdecydowana większość (99% RP) miała współczynnik zinzredowania poniżej 0,155. Poziom zinzredowania nie był zależny ani od roku urodzenia, ani od płci osobników w RP. (Ryc. 28B).



Ryc. 28: A – współczynniki zimbredowania (F) w populacji referencyjnej (RP) w zależności od płci i roku urodzenia oraz B – rozkład wartości współczynnika zimbredowania w RP w zależności od płci.

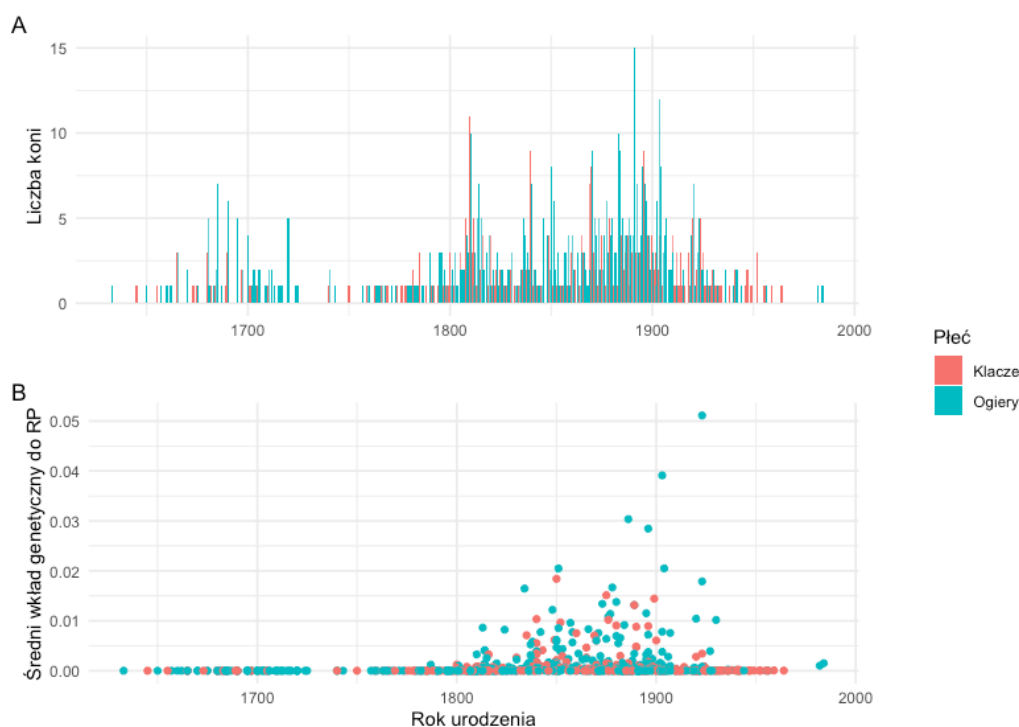
Osobniki założycielskie oraz utrata zróżnicowania genetycznego

Rodowody osobników należących do RP zawierają łącznie 852 różnych założycieli. Mimo to efektywna liczba założycieli (f_e) ograniczona jest do zaledwie 73 osobników (Tabela 8). Wkład genetyczny założycieli do RP jest bardzo zróżnicowany i waha się od $6,38 \times 10^{-10}$ do 0,051. Analiza efektywnej liczby założycieli i przodków ujawniła znaczną utratę różnorodności genetycznej, głównie ze względu na wystąpienie efektu wąskiego gardła.

Tabela 8: Wskaźniki utraty zróżnicowania genetycznego w całkowitej populacji (TP).

Parametr	TP
Łączna liczba osobników założycielskich (N_f)	852
Łączna liczba przodków (N_a)	10 448
Efektywna liczba osobników założycielskich (f_e)	73
Efektywna liczba przodków (f_a)	21
Efektywna liczba ekwiwalentów genomów założycielskich (f_{ge})	8,8 +/- 1,5
Dryf genetyczny (f_e/N_f)	0,09
Efekt wąskiego gardła (f_e/f_a)	3,1
Utrata zróżnicowania genetycznego ze względu na efekt wąskiego gardła ($1/2f_a$)	11,8%
Utrata alleli założycielskich przez pokolenia (f_{ge}/f_e)	0,12
Efektywna wielkość populacji wg przyrostu inbredu na każde najdalsze prześledzone pokolenie	162,98 +/- 2,87
Efektywna wielkość populacji wg przyrostu inbredu na każde średnie pełne pokolenie	29,94 +/- 0,82
Efektywna wielkość populacji wg przyrostu inbredu na ekwiwalent liczby pełnych pokoleń	70,43 +/- 0,96

Lata urodzenia założycieli obejmowały szeroki zakres czasowy, 351 lat (1633–1984). Choć fakt tej mógłby potencjalnie sugerować różnorodne wkłady genetyczne do populacji, wynikające z okresu urodzenia założyciela, dalsze analizy wykazały, że rok urodzenia przodków wykazywał jedynie słabą korelację ($r = 0,128$) z ich genetycznym wkładem do RP. Największy wpływ genetyczny na RP mieli założyciele urodzeni między 1800 a 1930 rokiem (Ryc. 29).



Ryc. 29: A – Liczba założycieli w zależności od ich roku urodzenia i B – ich wkład genetyczny do populacji referencyjnej (RP).

Połowę genetycznego wkładu do RP można przypisać zaledwie 32 założycielom (22 ogierom i 10 klaczom). Chociaż Polski Program Hodowlany zakłada kontynuację 8 rodów męskich i 15 linii żeńskich, rodowody TP prowadzą w sumie aż do 18 osobników – założycieli rodów męskich i 57 założycielek linii żeńskich. W RP ogiery można przypisać do 15 odrębnych rodów ojcowskich, podczas gdy klacze reprezentują 45 unikalnych linii żeńskich. Szczegółowa analiza poszczególnych rodów i linii żeńskich zamieszczona została w Aneksie.

Powiązania filogenetyczne linii żeńskich na podstawie sekwencji pętli D

Pierwsze dopasowanie sekwencji do genomu referencyjnego EquCab 3.0 miało długość 24 200 par zasad, z czego 22 878 (94,54%) stanowiły pozycje niezmiennie (stałe lub niejednoznacznie stałe). 1069 pozycji było informatywnych dla parsymonii. Ponadto wykryto 1194 unikalnych wzorców pozycji nukleotydów.

Najniższą wartość kryterium informacyjnego BIC uzyskał model tranzycji-transwersji z nierównoważnymi frekwencjami, z poprawką na nierównowagę we frekwencji zasad i ośmioma kategoriami zmienności wariancji w różnych lokalizacjach (TPM2u-F-R8). Wartość parametrów R dla każdej z mutacji przedstawiono w Tabeli 9. Empiryczne frekwencje każdej z zasad wynosiły $\pi(A) = 0,2719$, $\pi(C) = 0,2639$, $\pi(G) = 0,2090$, $\pi(T) = 0,2553$. Macierz Q przedstawiono w Tabeli 10.

Tabela 9: Wartość parametru R dla każdej z substytucji.

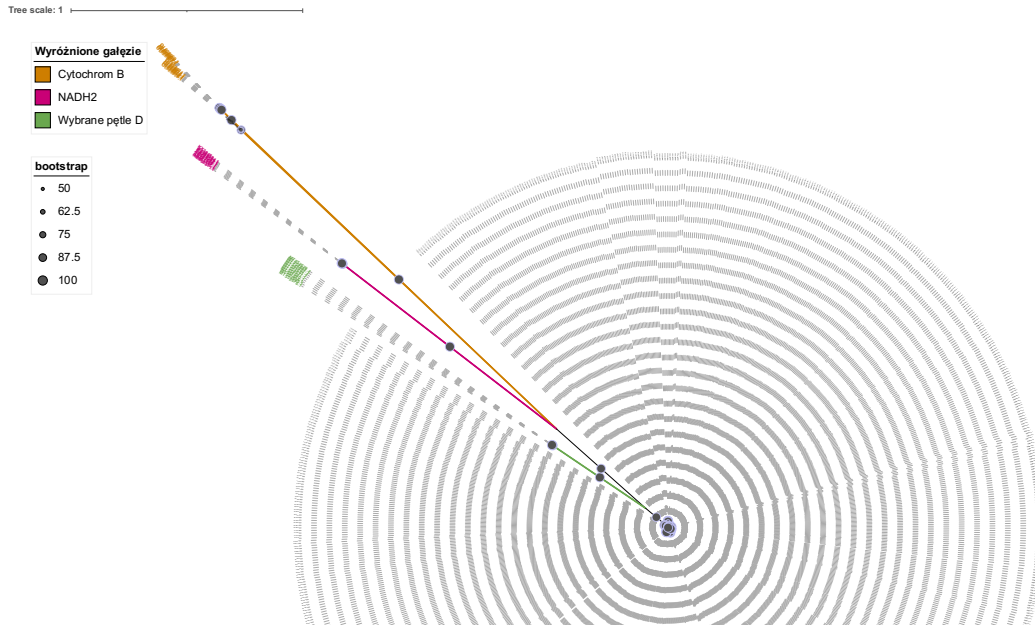
Rodzaj mutacji	Wartość parametru R
A-C	0,7219
A-G	7,3470
A-T	0,7219
C-G	1,0000
C-T	7,3470
G-T	1,0000

Tabela 10: Macierz substytucji Q dla modelu TPM2u+F+R8. Model heterogeniczności współczynników: FreeRate z 8 kategoriami. Odsetek lokalizacji i współczynniki: (0,9501; 0,6344) (0,0184; 0,9849) (0,0002663; 2,322) (0,002049;5,165) (0,002108,5;167) (0,008408;5,169) (0,001155;5,17) (0,01755;17,53).

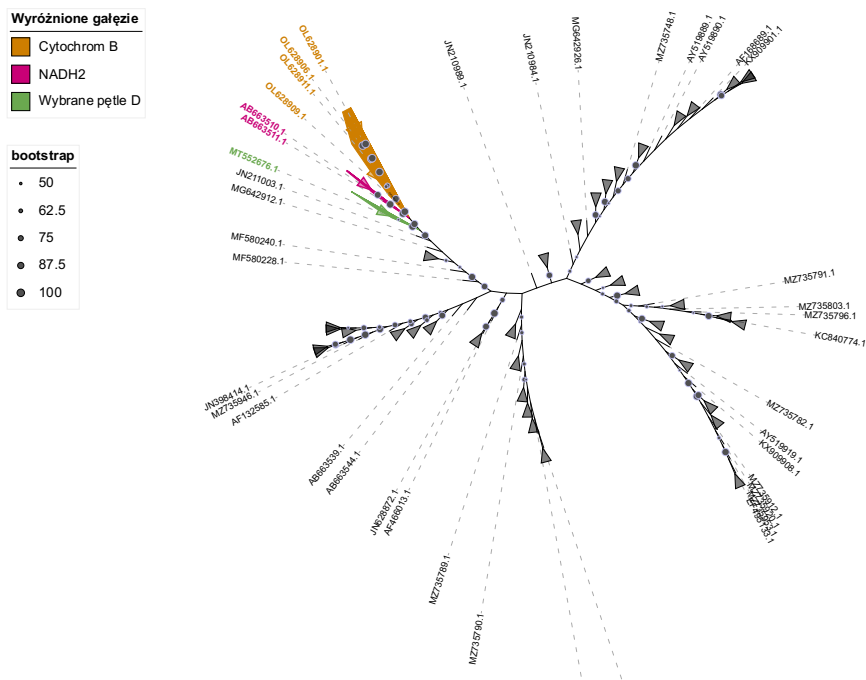
A	-0,8507	0,0848	0,6838	0,0821
C	0,0874	-1,016	0,0931	0,8352
G	0,8896	0,1175	-1,1210	0,1137
T	0,0874	0,8633	0,0931	-1,0440

Pierwsza wizualizacja i selekcja sekwencji do dalszej analizy

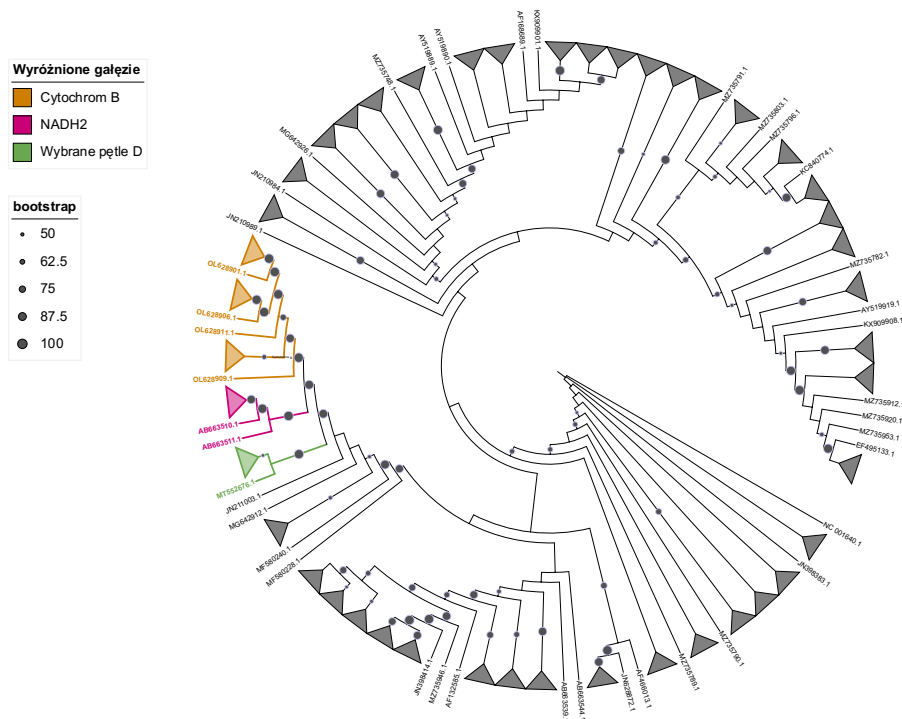
Wizualizacja drzewa konsensusowego bez korzenia ujawniła nieproporcjonalnie dużą długość gałęzi dla sekwencji cytochromu B (1,85) oraz niektórych sekwencji NADH2 (1,62). Długością wyróżniały się także gałęzie dla 10 sekwencji regionu kontrolnego D-loop (0,47), opublikowanych przez Santos Alves i in. (2021) (Ryc. 30–31). Sekwencje o najdłuższych dystansach filogenetycznych na drzewie konsensusowym z ignorowaną długością gałęzi utworzyły osobny klaster z różnicą bootstrap > 50 (Ryc. 32).



Ryc. 30: Niezakorzenione drzewo konsensusowe z widocznymi długimi gałęziami dla sekwencji cytochromu B, wybranych sekwencji NADH2 oraz wybranych sekwencji regionu kontrolnego D-loop.



Ryc. 31: Niezakorzenione drzewo konsensusowe po ukryciu gałęzi o długości $< 0,1$.



Ryc. 32: Pozycje sekwencji o najdłuższych gałęziach na drzewie zakorzenionym w sekwencji referencyjnej EquCab 3.0. Długości gałęzi są ignorowane, numery sekwencji o gałęziach krótszych niż 0,1 zostały ukryte.

Dopasowanie i przycięcie sekwencji regionu kontrolnego D-loop, walidacja dopasowania i konstrukcja drzewa konsensusowego

Po usunięciu sekwencji regionów kodujących w zbiorze danych pozostało 810 sekwencji. Ponieważ po ujednoczeniu regionu będącego przedmiotem zainteresowania nie traktowano już krótszych fragmentów jako sekwencji flankujących wokół jednej domeny referencyjnej, zdecydowano o zmianie algorytmu dopasowania na prostszy, oparty na progresji z udoskonaleniem iteracyjnym FFT-NS-i z maksymalnie 1000 cyklami (Wang i in., 2015).

Po dokonaniu dopasowania przeprowadzono jego dodatkową walidację za pomocą wizualizacji w programie AliView (Larsson, 2014). Wizualizacja ta ujawniła pewne niezgodności i potencjalne błędy jakościowe. Nieprawidłowe dopasowanie zidentyfikowano w sekwencjach o numerach akcesyjnych AF168699-705 (Kavar i in., 1999) oraz JN498434 (Achilli i in., 2012). W pierwszym przypadku częściowe dopasowanie ujawniono jedynie w obrębie HVR1. W przypadku drugim zidentyfikowano zdublowanie motywu CCCCCCCCCC w pozycjach 16573–16584. Powyższe sekwencje zostały usunięte ze zbioru, po czym przeprowadzono ponowne dopasowanie z użyciem najprostszego algorytmu FFT-NS-1. Po ponownej wizualizacji ujawniono zadowalającą jakość dopasowania, po czym przystąpiono do konstrukcji drzewa.

Porównanie modeli według kryteriów BIC zidentyfikowało najlepsze dopasowanie dla modelu Tamura-Nei z empirycznymi frekwencjami nukleotydów i czterema kategoriami stawek dla rozkładu Gamma (TN+F+R4). Parametry R dla każdej z mutacji przedstawiono w Tabeli 11. Empiryczne frekwencje każdej z zasad wynosiły $\pi(A) = 0,295$, $\pi(C) = 0,292$, $\pi(G) = 0,141$, $\pi(T) = 0,272$. Macierz Q przedstawiono w Tabeli 12.

Tabela 11: Wartości parametru R dla każdej z substytucji.

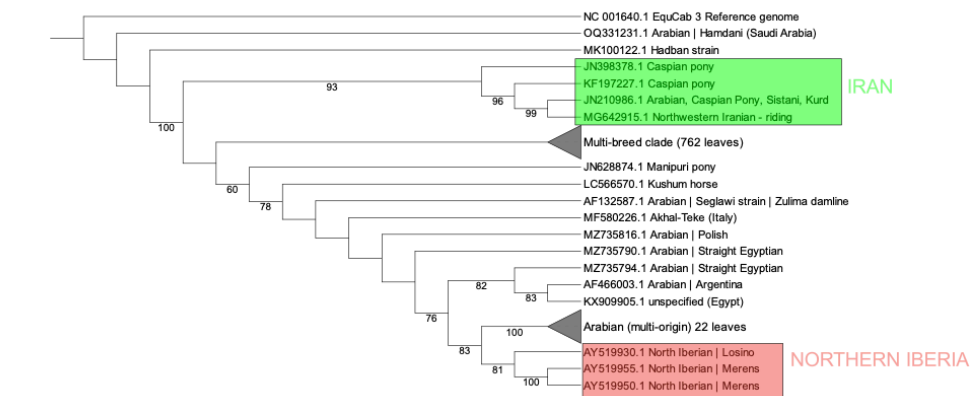
Rodzaj mutacji	Wartość parametru R
A-C	1,00000
A-G	22,4388
A-T	1,00000
C-G	1,00000
C-T	13,1303
G-T	1,0000

Tabela 12: Macierz substytucji Q dla modelu TN+F+R4. Model heterogeniczności współczynników: FreeRate z 4 kategoriami. Odsetek lokalizacji i współczynniki: (0,8966; 0,1875) (0,06538; 3,197) (0,02943; 13,22) (0,00854; 27,36).

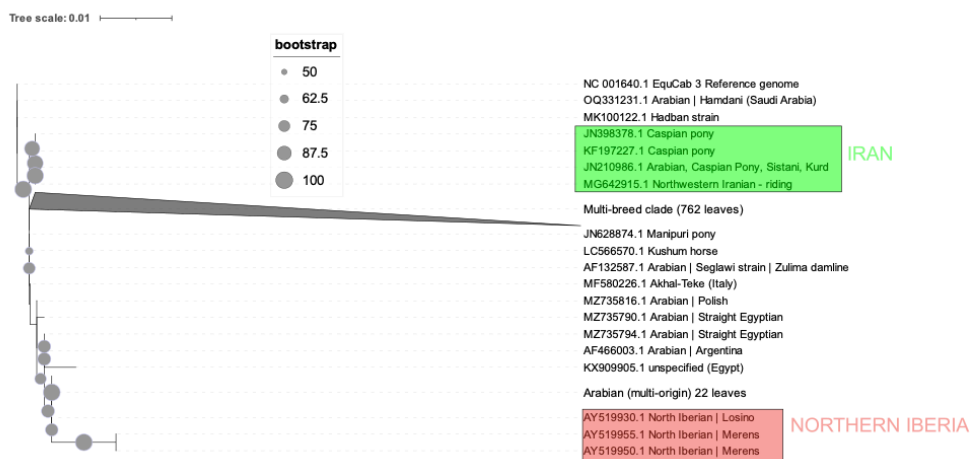
A	-0,8381	0,06572	0,7112	0,06126
C	0,06639	-0,9024	0,03169	0,8043
G	1,49	0,06572	-1,617	0,06126
T	0,06639	0,8629	0,03169	-0,961

Wizualizacja drzewa konsensusowego regionu kontrolnego

Wizualizacja drzewa konsensusowego po zgrupowaniu sekwencji o różnicy bootstrap < 25% ujawniła pomijalne różnice między 762 sekwencjami obejmującymi różne rasy (Ryc. 33). Osobną pozycję zajęły dwie sekwencje koni arabskich pochodzenia saudyjskiego (bez różnicy wobec sekwencji referencyjnej). Następna wyróżniona gałąź objęła sekwencje opisane u koni pochodzenia irańskiego, w tym koni kaspijskich, koni arabskich oraz nieopisanego rasowo typu konia wierzchowego. Na drzewie wyróżniono także indyjskie konie Manipuri, kazachskiego konia Kushum, konia achaltekińskiego oraz, na osobnej gałęzi, dwie rasy pochodzenia północnoiberyjskiego. Cztery sekwencje koni arabskich, które nie znalazły się w żadnym z dwóch największych klastrow, pochodziły z Egiptu (2), Polski (1) i Argentyny (1). W jednej sekwencji, zgrupowanej na jednej gałęzi z koniem arabskim z Argentyny, oznaczono jedynie kraj pochodzenia – Egipt.



A



B

Ryc. 33: Drzewo konsensusowe regionów kontrolnych D-loop z uwzględnionym bootstrapem > 25%. A – długości gałęzi ignorowane; B – długości gałęzi uwzględnione.

Dyskusja

Po stratach poniesionych w obu wojnach światowych populacja polskich koni arabskich szybko odbudowywała swoją liczebność. W ostatnim pięćdziesięcioleciu odnotowano trend wzrostu stosunku krycia – liczba krytych klaczy systematycznie rosła, podczas gdy liczba ogierów pozostawała na podobnym poziomie. Mimo tego wzrostu stosunek matek do ojców w populacji referencyjnej wyniósł 2,04, co jest wskaźnikiem niższym niż ten odnotowany w tureckiej populacji koni arabskich (Duru, 2017) czy u rasy Mangalarga Marchador (Baena i in., 2020) Należy przy tym zaznaczyć, że w obu badaniach odnotowano niższy średni współczynnik zimbredowania niż w niniejszej analizie – odpowiednio 4,6% i 1,10%.

Zmniejszenie stosunku krycia nie gwarantuje więc zwiększenia różnorodności genetycznej populacji. Również średnia wielkość grup pełnego rodzeństwa u polskich koni arabskich czystej krwi (2,22 dla całej populacji i 2,06 dla populacji referencyjnej) jest nieco niższa niż średnia 2,8 odnotowana dla tureckich arabów (Duru, 2017) i może sugerować większą tendencję polskich hodowców do eksperymentowania podczas doboru par do kojarzeń.

Najbardziej wiarygodny wskaźnik jakości rodowodu, średni ekwiwalent pełnych pokoleń (EG) wynosił średnio 11,9 dla RP. Wartość ta jest jedną z największych ze wszystkich dotychczas opisanych w literaturze (Giontella i in., 2019; Kasarda i in., 2019; Faria i in., 2021), w tym w badaniach dotyczących innej populacji koni arabskich (Duru, 2017). Wyższe wartości EG opisano tylko u austriackich norikerów (12,28) (Druml i in., 2009) węgierskich koni pełnej krwi (15,6) (Bokor i in., 2013) i rasy starokladrubskiej (15,7) (Vostrá-Vydrová i in., 2016). Austriackie norikery i czeskie starokladruby to stare rasy ze skutecznie realizowanymi programami ochrony, podczas gdy dla koni pełnej krwi angielskiej pełne i wiarygodne informacje rodowodowe są znane od 1791 roku. Podobnie, inny wskaźnik jakości rodowodu, średnia liczba pełnych pokoleń, (CG) (6,9 dla RP) również przewyższa CG odnotowane dla kilku innych ras (Pjontek i in., 2012; Somogyvari i in., 2018; Kasarda i in., 2019). Uderzająca rozbieżność w maksymalnej liczbie prześlędzonych pokoleń (MG) między populacją polską (średnio 28,1) a turecką (12,2) związana jest z występowaniem w rodowodach polskich koni arabskich osobników koni pełnej krwi angielskiej – przodków koni Shagya ze stadniny w Bábólnie używanych między innymi do rekonstrukcji stada podstawowego po I wojnie światowej. Potwierdza tę tezę nie tylko sama analiza rodowodów, ale także wartości MG stwierdzone u węgierskich koni pełnej krwi (28,96) (Bokor i in., 2013) i węgierskich koni Shagya (32,82) (Pjontek i in., 2012). Analiza jakości rodowodów pokazuje również, że polskie araby można podzielić na dwie odrębne podgrupy na podstawie wartości MG. Wartość ta może być więc dobrym wskaźnikiem introgresji (lub jej braku) koni pełnej krwi angielskiej w rodowodzie danego osobnika.

Odstęp międzypokoleniowy w polskiej populacji (9,7 dla RP) jest krótszy niż ten odnotowany u arabów tureckich (12,2) (Duru, 2017). Podobnie jak w innych badaniach (Duru, 2017; Somogyvari i in., 2018) odstępów międzypokoleniowe dla ścieżek ojcowskich były dłuższe niż dla ścieżek matecznych. W niniejszych badaniach największą redukcję odstepu międzypokoleniowego w populacji referencyjnej w stosunku do całej populacji zaobserwowano w ścieżce ogier-syn (-1,8 roku). Może to być spowodowane rosnącą dostępnością mrożonego nasienia, a co za tym idzie możliwością wczesnego sprawdzenia

ogiera na większej grupie klaczy. Odstęp międzypokoleniowy zmniejszył się znacząco na wszystkich ścieżkach nie tylko w ciągu ostatnich 100 lat, ale także, w porównaniu z badaniami nad polskimi końmi arabskimi czystej krwi sprzed 20 lat (Głazewska i Jezierski, 2004). Na podstawie wyników uzyskanych dla różnych innych ras (Druml i in., 2009; Vostrý i in., 2011; Pinheiro i in., 2013) można przypuszczać, że istnieje fizjologiczna możliwość uzyskania jeszcze krótszych średnich odstępów międzypokoleniowych. U brazylijskich koni pełnej krwi angielskiej wartość ta została zredukowana do zaledwie 7,7 roku (Taveira i in., 2004).

Średni współczynnik zimbredowania (F) w populacji zmieniał się wraz z różnymi okresami we współczesnej hodowli. Duży wzrost zimbredowania w latach 1720–1780 można wytłumaczyć modą na kojarzenie w wysokim pokrewieństwie koni pełnej krwi w osiemnastowiecznej Anglii. Spadek inbrodu w latach 1760–1830 odpowiada z kolei czasom importów koni orientalnych i wprowadzenia do populacji dużej liczby założycieli. Bardziej wyraźny wzrost zimbredowania obserwowany jest w XX wieku, z niewielkim spadkiem w latach siedemdziesiątych XX wieku. Spadek ten zbiega się z okresem szerszego zastosowania sztucznej inseminacji w hodowli koni. Wyniki te zgodne są z trendami odnotowanymi w populacji tureckich koni arabskich (Duru, 2017), chociaż tam nie odnotowano spadku zimbredowania po 1970 r.

Jak wspomniano wcześniej, średnia wartość współczynnika zimbredowania w populacji referencyjnej była nieco wyższa niż ta odnotowana dla populacji tureckiej (Duru, 2017). Średnia wartość F wynosząca 5,8% plasuje polskie araby w środku stawki w porównaniu z innymi rasami koni. Niższe poziomy inbrodu odnotowano dla Norika z Muran (Kasarda i in., 2019), brazylijskich wyścigowych koni Quarter Horse (Faria i in., 2021) czy koni hanowerskich (Bartolomé i in., 2011), podczas gdy wyższy poziom inbrodu odnotowano dla różnych populacji koni huculskich (Pjontek i in., 2012; Maćkowski i in., 2015; Somogyvari i in., 2018), Lusitano (Vicente i in., 2012) i koni fryzyjskich (15,7%) (Sevinga i in., 2004). Niniejsze badania wykazały także, że 99,6% populacji polskich arabów jest zimbredowane. Wskaźnik ten jest znacznie wyższy niż w przypadku brazylijskich koni rasy Quarter Horse (Faria i in., 2021) lub Mangalarga Marchador (Baena i in., 2020). Podobnie wysoki odsetek koni zimbredowanych zaobserwowano tylko u węgierskich koni huculskich (Somogyvari i in., 2018). Oczywiście, wysoki odsetek osobników zimbredowanych wynika w dużej mierze z wyjątkowej głębokości rodowodów polskich arabów, niemniej jednak jest to jeden ze wskaźników wymagających monitoringu w kontekście zróżnicowania genetycznego populacji.

Wartym podkreślenia jest fakt, że średni poziom inbredu uzyskany w tych badaniach (5,8%) był znacznie niższy niż średni F oszacowany dla małej próby polskich arabów na podstawie analizy genomowej (14,0%) (Cosgrove i in., 2020). Wskazuje to z jednej strony na potencjalną niedokładność szacowania inbredu na podstawie rodowodów, a z drugiej na potencjalnie nieprawidłowy dobór próby do badań genomowych. W celu dokładnego określenia tych różnic należałoby porównać wyniki dla tych samych prób koni, podobnie jak to miało miejsce u koni arabskich z Omanu (M. Al Abri i in., 2021), co może być tematem ciekawego doświadczenia.

Efektywna wielkość populacji (N_e) oszacowana w niniejszych badaniach (163 na podstawie maksymalnej liczby prześlędzonych pokoleń, 30 na podstawie pełnych pokoleń i 70 na podstawie równoważnych pełnych pokoleń) wskazuje na wrażliwość i ograniczoną różnorodność genetyczną polskiej populacji koni arabskich. Wytyczne FAO za bezpieczną (niegrożącą depresją inbredową) wartość N_e wskazują 50 (Stały Komitet ISAG/FAO, 2004). Wartości N_e niższe niż w niniejszych badaniach odnotowano dla koni fryzyjskich (Sevinga i in., 2004) i różnych populacji koni huculskich (Vostrý i in., 2011; Pjontek i in., 2012; Somogyvari i in., 2018), podczas gdy wyższe wartości zaobserwowano dla austriackiego Norikera (Vostrý i in., 2011) i koni lipicańskich (Zechner i in., 2002). Należy jednak wziąć pod uwagę, że rozbieżności w efektywnej wielkości populacji są również kształtowane przez takie czynniki, jak całkowita wielkość populacji, jakość danych rodowodowych i prawdopodobieństwo pochodzenia genów (Faria i in., 2021).

Łączna liczba założycieli w tych badaniach wyniosła 852, czyli była blisko czterokrotnie większa niż wykazano w pracy Głazewskiej i Jezierskiego (2004). Różnica ta może wynikać z większej głębokości rodowodów wykorzystanych w analizie w niniejszej pracy. Jednocześnie w naszej analizie zaobserwowano wyraźne zmniejszenie różnorodności genetycznej, wynikające z faktu, że z 852 początkowych założycieli tylko 73 wnoszą znaczący wkład w obecną różnorodność genetyczną populacji. Jeszcze bardziej niepokojący jest wkład genetyczny przodków: z 10 448 przodków tylko 21 odpowiada za całkowitą różnorodność genetyczną współczesnej populacji. Wskaźnik dryfu genetycznego, obliczony poprzez stosunek prawdopodobieństwa pochodzenia genu i N_f , dał wartości różne od jedności, co wskazuje na jego znaczny udział w utracie różnorodności genetycznej.

Efektywna liczba założycieli oszacowana w naszych badaniach dla populacji polskich koni arabskich (f_e) – 73 – jest znacznie niższa niż wcześniej obserwowana u rasy Mangalarga Marchador (Baena i in., 2020), słowackich koni pełnej krwi angielskiej (Pavlík i in., 2014) i

austriackiego Norikera (Druml i in., 2009), ale wyższa niż u koni Sorraia (Pinheiro i in., 2013), węgierskiego hucuła (Somogyvari i in., 2018) lub polskiego hucuła (40) (Maćkowski i in., 2015). Tymczasem dryf genetyczny (f_e / N_f) w tych badaniach jest porównywalny z wynikami dla innych populacji, na przykład koni starokladrubskich (Vostrá-Vydrová i in., 2016), brazylijskich koni Quarter Horse (Faria i in., 2021) lub tureckich koni arabskich (Duru, 2017). Występowanie dryfu genetycznego, obserwowane w wielu rasach, budzi obawy dotyczące zachowania szerokiej puli genów. Nierówny wkład genetyczny założycieli obserwowany w polskiej populacji arabów, wahający się od $6,38\% \times 10^{-10}$ do 5,11%, jest zgodny z wynikami Głazewskiej i Jezierskiego (2004), którzy stwierdzili wkład założycieli w zakresie od $< 0,005\%$ do 7,96%. Zakresy tych wartości nie są unikalne dla polskiej populacji koni arabskich – podobne trendy odnotowano w innych rasach i populacjach (Duru, 2017; Faria i in., 2021). Zaobserwowany efekt wąskiego gardła (f / f_{ea}) o wartości 3,1 jest podobny do stwierdzonego u brazylijskich wyścigowych koni rasy Quarter Horse (Faria i in., 2021). Co ciekawe, ważne wydarzenia historyczne, takie jak II wojna światowa, nie pozostawiły trwałego śladu na obecnej różnorodności genetycznej populacji. Prawdopodobnym wyjaśnieniem tej sytuacji jest skuteczna reintrodukcja odzyskanych osobników i ich potomstwa do polskiego programu hodowlanego, a także szerokie wykorzystanie w hodowli niemal wszystkich koni arabskich, które przetrwały wojnę.

Chociaż ośmiu założycieli linii męskich wymienionych w polskim „Programie hodowlanym dla Koni Arabskich Czystej Krwi” nadal ma zauważalny wpływ na obecną pulę genetyczną polskich koni arabskich, wpływ ten jest bardzo zróżnicowany. Niektóre z linii męskich nieuwzględnionych w programie hodowlanym, takie jak Latif (ur. 1903), mają już większy wkład genetyczny niż inne uwzględnione w programie. Sytuacja dotycząca linii żeńskich jest jeszcze bardziej złożona. Może to wskazywać na potrzebę korekty programu w celu dostosowania go do struktury współczesnej populacji. Jednocześnie w tym kontekście pojawia się pytanie, czy istnieje sens kontynuowania pracy hodowlanej tylko na podstawie imienia założyciela danego rodu męskiego. Za przykład może posłużyć ród Krzyżyka 1876, uznawany za najstarszy w polskich księgach hodowlanych. Prosta analiza rodowodowa wykazała, że wszystkie ogiery aktywne w populacji referencyjnej przypisane do rodu Krzyżyk w rzeczywistości mają wspólnego znacznie młodszego przodka – ogiera Banat (ur. 1967 r.), który występuje w ich rodowodach w drugim lub trzecim pokoleniu. Za unikalnością rodu Krzyżyka nie przemawia też analiza haplotypów chromosomu Y – dzieli on haplotyp Ao-aD2 z rodami Jamil el Kebir, Mirage, Kuhailan Haifi i Hadban (Remer i in., 2022). Podobna

sytuacja obserwowana jest w przypadku wszystkich rodów męskich ujętych w Polskim Programie Hodowlanym poza rodem Saklawi I. Jednocześnie, odpowiadając na podnoszone czasem zarzuty nadreprezentacji rodu Saklawi I, należy zaznaczyć, że mimo niemal dwukrotnie większej liczebności należących do niego ogierów, ma on mniejszy wkład genetyczny, zarówno średni, jak i sumaryczny, do populacji referencyjnej w porównaniu do rodu Kuhailan Haifi.

Jak wspomniano wcześniej, sytuacja wśród linii żeńskich jest jeszcze bardziej skomplikowana niż w przypadku rodów męskich. W populacji referencyjnej, wobec 15 ujętych w krajowym programie hodowlanym, zidentyfikowano 45 aktywnych linii (niektóre z nich reprezentowane są przez tylko jedną klacz). Wprawdzie klacze reprezentujące 15 linii uwzględnionych w programie stanowią największe grupy pod względem liczebności, wkład genetyczny niektórych innych linii, np. Emese 1880 czy Zulima 1897, jest wyższy i przekracza wartość wkładu linii Ukrainka 1815. Badania molekularne również nie dają nam jasnych odpowiedzi. Na poziomie pojedynczej próby analiza choćby regionów hiperzmiennych pętli D (o długości 200-300 pz każda), nie mówiąc o analizie całych genomów mitochondrialnych, wydaje się dość jasno różnicować poszczególne linie żeńskie, a szerzej – także rasy. Pokazują to badania prowadzone przez ostatnie 25 lat, od pionierskich prac Bowling (A. Bowling i in., 2000; A. T. Bowling i in., 1998), przez do dziś najszerszą zakres i najczęściej cytowaną publikację Achilli i in. (2012), po przekrojowe badania obejmujące dużą, zróżnicowaną genetycznie próbę samych koni arabskich (Machmoum i in., 2023). Studium porównawcze wszystkich dotychczas opublikowanych sekwencji pokazuje jednak, że wykorzystanie genomu mitochondrialnego do badań filogenetycznych jest tylko z pozoru łatwe i wygodne. Po pierwsze, zakwestionować należy jakość danych sekwencyjnych deponowanych w bazie GenBank i innych bazach, co jako pierwsza zademonstrowała Shi i in. (2014). Zawierają one błędy z odczytów z sekwencjonowania Sangera, jak np. zdublowany motyw z sekwencji JN498434 (Achilli i in. 2012), jak i kontaminacje paralogami mtDNA z DNA jądrowego (ang. nuclear-mitochondrial, NUMTs) nabyte podczas reakcji PCR (Goios i in., 2008). Powoduje to trzy główne typy błędów: i) sztuczną rekombinację, powodującą albo zamaskowanie mutacji diagnozującej, albo dodanie mutacji diagnozującej dla innej haplogrupy; ii) sztuczne powtórzenia mutacji, szczególnie transwersji, insercji-delekcji oraz mutacji heteroplazmatycznych; iii) mutacje fantomowe, powtarzające się w danym laboratorium i dla danej haplogrupy (spotykane najczęściej przy sekwencjonowaniu następnej generacji). Błędy

te generują również dalsze problemy na etapie analizy bioinformatycznej, zwłaszcza wyboru algorytmu dopasowania, które zostały już omówione w sekcji Wyniki.

Poza kontekstem filogenetycznym, na szczególną uwagę zasługują różnice we frekwencji zasad między całym genomem mitochondrialnym a wyłącznie pętlą D. W pętli D, niska frekwencja guaniny przy jednocześniej wysokiej wartości parametru mutacyjnego R dla pary A–G może wskazywać na oksydacyjne uszkodzenia guaniny prowadzące do powstawania 8-oksoguaniny, a w konsekwencji mutacji G–A w procesie replikacji (Nelson i in., 2019).

Analiza genomu mitochondrialnego, a szczególnie pętli D, jest dobrym narzędziem do weryfikacji ewentualnych błędów w rodowodzie, a także różnicowania odległych klastrow rasowych. Liczne wyzwania związane z tą analizą nakazują jednak daleko posuniętą ostrożność.

Podczas gdy analiza rodowodowa pozostaje potężnym narzędziem w szacowaniu parametrów populacyjnych, posiada ona również liczne ograniczenia. Co najważniejsze, dostarcza jedynie szacunkowej oceny różnorodności genetycznej w obrębie populacji (pokazuje to na przykład różnica między poziomem inbredu odnotowanym w niniejszym badaniu a tym oszacowanym dla polskich arabów na podstawie analizy genomowej). Co więcej, błędy zapisane w rodowodach mogą być przenoszone przez kolejne pokolenia, zniekształcając wyniki analiz. Jak wspomniano wcześniej, błąd w jednej ze znaczących sublinii koni arabskich został niedawno zgłoszony w analizie linii męskich na podstawie haplotypów chromosomu Y (Remer i in., 2022). Wskazuje to na potrzebę szerszego wykorzystania narzędzi genomowych nie tylko w badaniach populacyjnych, ale również praktyce hodowlanej.

Ogólnie rzecz biorąc, spadek różnorodności genetycznej w polskiej populacji arabów wymaga krytycznej analizy stosowanych obecnie strategii hodowlanych i być może ich rewizji. Ciągłe monitorowanie populacji oraz strategie hodowlane o charakterze adaptacyjnym mają kluczowe znaczenie dla zachowania i wzbogacenia dziedzictwa genetycznego polskiej populacji koni arabskich.

Zależności między ocenami na pokazach i wpływ czynników środowiskowych na ocenę¹⁸

Material i metody

Analiza zależności między elementami oceny podczas pokazu wykonana została na podstawie wyników uzyskanych przez konie arabskie czystej krwi podczas siedmiu czempionatów świata w Paryżu, rozgrywanych w latach 2013–2019 oraz 2021 (w 2020 r. czempionat został odwołany z powodu pandemii COVID-19). Dane pochodziły z bazy danych Europejskiej Konferencji Organizacji Konia Arabskiego (ECAHO). W latach 2013–2019 konie były oceniane przez sześciu sędziów z listy A ECAHO, zaś w 2021 r. – przez siedmiu sędziów z listy A ECAHO. Łącznie próba badawcza obejmowała oceny wystawione przez 37 różnych sędziów z 15 krajów. Konie zostały podzielone na grupy ze względu na płeć (ogierzy i klacze) oraz wiek (roczne, młodsze: 2–3 lata oraz starsze: 4 lata i więcej).

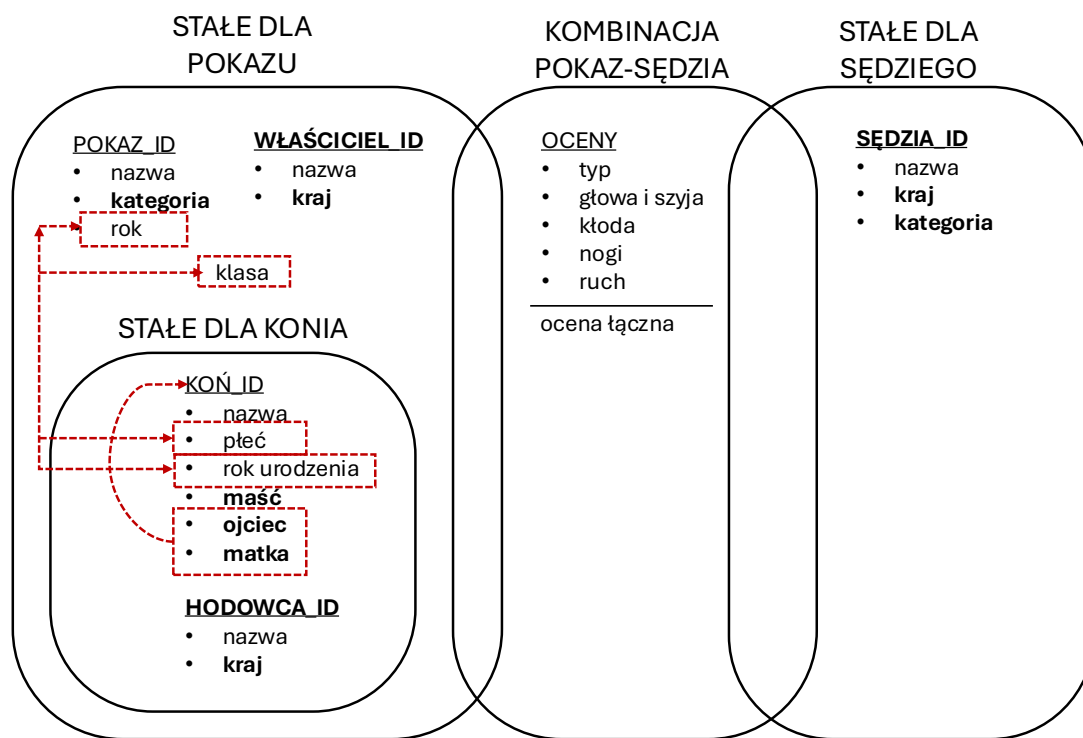
Zebrano oceny w pięciu kategoriach przyznawane każdemu koniowi przez każdego sędziego, a także informacje opisowe takie jak płeć i wiek. Na tej podstawie dla każdego występu konia obliczono średnią ocenę w każdej kategorii oraz średnią ocenę łączną, zdefiniowaną jako suma średnich ocen w każdej z kategorii, co stanowiło jeden rekord. Zbiór danych, który następnie poddano analizie korelacji, zawierał 761 rekordów dla 583 różnych koni (335 klaczy i 248 ogierów). Liczba koni w każdej z analizowanych klas zaprezentowana jest w Tabeli.

Tabela 13: Liczba rekordów w każdej z omawianych klas.

Nazwa klasy	Liczba rekordów
Klacje roczne (YF)	120
Ogierki roczne (YM)	100
Klacje młodsze (JF)	152
Ogierzy młodsze (JM)	114
Klacje starsze (SF)	163
Ogierzy starsze (SM)	112
Łącznie	761

¹⁸ Wyniki analizy korelacji między ocenami cząstkowymi zostały już opublikowane (Klecel i in., 2023).

W celu określenia wpływu czynników środowiskowych na przyznawane oceny zebrano oceny ze wszystkich pokazów, w których brały udział konie, dla których analizowano wyniki z Czempionatów Świata. Łącznie było to ### pokazów (kategorii Title, A, B, C i Hodowlanych), rozgrywanych w latach 2012–2024. Jedna obserwacja w zbiorze danych to unikalna kombinacja uwzględnianych zmiennych, a więc zestaw ocen dla danego konia przyznanych na każdym pokazie przez jednego sędziego. Minimalna liczba obserwacji zebrana dla jednego konia to 21, a maksymalna – 118. Średnio dla jednego konia zebrano 43,76 obserwacji, co odpowiada 25 514 obserwacjom w końcowym zbiorze danych. Strukturę zmiennych uwzględnionych w zbiorze danych prezentuje Ryc.34. Dokładny opis próby poddanej drugiej części analizy zamieszczono w Aneksie.



Ryc. 34: Struktura zmiennych uwzględnianych w modelach predykcyjnych. Zmienne niezależne (predyktory) wyróżniono pogrubieniem.

Zmienność przyznawanych ocen i zależności między nimi

Wstępna eksploracyjna analiza danych obejmowała opis zmienności przyznawanych ocen poprzez obliczenie podstawowych miar skupienia i dyspersji oraz ich wizualizację. W celu zidentyfikowania zależności między ocenami za typ, pokrój i ruch a oceną łączną obliczono korelacje parami przy użyciu współczynnika korelacji Pearsona. Wpływ ocen za pokrój i ruch na ocenę za typ określono za pomocą modelu regresji liniowej, jako zmienną zależną

przyjmując średnią ocenę za typ, a jako zmienne niezależne – średnie oceny w poszczególnych pozostałych kategoriach, z losowym efektem płci, wieku oraz klasy płć–wiek.

Współczynniki korelacji Pearsona zostały obliczone w środowisku R (v. 4.2.0 2022-04-22 „Vigorous Calisthenics”) przy pomocy funkcji bazowych. Istotność współczynników korelacji została przetestowana za pomocą p-value. Współczynniki korelacji zostały obliczone zarówno dla całej próby, jak i osobno dla każdej z sześciu klas płć–wiek. Przy interpretacji wartości współczynników korelacji posłużono się zakresami wartości zaproponowanymi przez Schobera i Schwarte (2018), gdzie wartości w przedziale 0,00–0,09 uważane były za pomijalne, wartości w przedziale 0,10–0,39 za słabe, wartości w przedziale 0,40–0,69 umiarkowane, wartości w przedziale 0,70–0,89 za silne, a wartości w przedziale 0,90–1,00 za bardzo silne.

Uogólniony model regresji liniowej (GLM) został zbudowany w środowisku R (v. 4.2.0 2022-04-22 „Vigorous Calisthenics”) przy użyciu pakietu glm2 (Marschner i Donoghoe, 2018). Dopasowanie modelu zostało określone za pomocą testu χ^2 z czterema stopniami swobody. Istotność wpływu ocen w poszczególnych kategoriach została określona za pomocą 97,5% przedziałów ufności, t-value i p-value. Najlepsze dopasowanie modelu zostało wybrane ze względu na najmniejszą wartość parametru kryterium informacyjnego AIC (Akaike, 1973), przy pomocy wstecznej regresji krokowej. Współliniowość analizowanych czynników została określona za pomocą współczynnika inflacji wariancji (VIF), a próg wykluczenia został wyznaczony według ogólnie przyjętej zasady $VIF < 5$ (O’Brien, 2007). Żaden z analizowanych czynników nie został wykluczony na podstawie zbyt wysokiej wartości VIF.

Porównanie grup wiekowych

W celu sprawdzenia czy wyniki na pokazie różnią się w zależności od wieku, zarówno w klasach koni młodszych, jak i w klasach koni starszych, porównano średnie oceny w poszczególnych grupach wiekowych. W przypadku koni młodszych, wśród których wyróżniono tylko dwie grupy wiekowe (dwu- i trzyletnie), zastosowano test t dla prób niezależnych (Ross i in., 2017). W przypadku koni występujących w klasach seniorskich (czteroletnich i starszych), a z racji specyfiki rozkładu wartości w próbie (por. Aneks), konie 11-letnie i starsze zgrupowano w jedną grupę, a następnie wykonano analizę wariancji ANOVA (Shaw i Mitchell-Olds, 1993).

Porównanie grup ojcowskich i matecznych oraz estymacja odziedziczalności ocen

W celu sprawdzenia czy czynnik ojca miał istotny wpływ na ocenę w każdej z kategorii, przeprowadzono analizę wariancji ANOVA. Model dopasowano przy użyciu zwykłej regresji najmniejszych kwadratów (OLS) dla każdej kategorii.

Obliczanie średniej wartości rodziców

Pierwszym krokiem w szacowaniu odziedziczalności było obliczenie średniej wartości ocen rodziców dla każdego konia. Wartość ta reprezentuje średni wynik ojca i matki ze wszystkich pokazów, w jakich uczestniczyli. Jeśli wyniki były dostępne dla obojga rodziców, obliczono średnią wartość ocen rodziców.

Oszacowanie odziedziczalności

Odziedziczalność oszacowano na podstawie współczynnika regresji liniowej wyników potomstwa względem średnich wartości ich rodziców dla każdej kategorii według następującego modelu:

$$\text{ocena w kategorii} = b \times \bar{x} + a$$

Gdzie b – współczynnik regresji średniej oceny potomstwa do średniej oceny rodziców albo rodzica, \bar{x} – średnia wartość rodziców, a – reszta regresji. Współczynniki uzyskane z tego modelu reprezentowały szacunkową odziedziczalność dla każdej kategorii ocen.

Predykcja przyszłych ocen na podstawie “informacji katalogowych”

Ze względu na dużą liczbę analizowanych czynników i potencjalne interakcje między nimi, aby sprawdzić, z jaką dokładnością można przewidzieć oceny przyznawane w poszczególnych kategoriach, skonstruowano trzy modele klasyfikacyjne oparte na uczeniu maszynowym: Random Forest (Rigatti, 2017), Gradient Boosting (Natekin i Knoll, 2013) i XGBoost (Chen i Guestrin, 2016). Jako predyktory zastosowano zmienne o charakterze kategoriowym, które najczęściej zawarte są w dostępnym wcześnie katalogu pokazowym: płeć, maść, imię ojca, imię matki, nazwa hodowcy, kraj wpisania do księgi stadnej, nazwa właściciela, kraj reprezentowany przez właściciela, nazwisko sędziego, kraj licencji sędziego, rodzaj afiliacji sędziego, oraz nazwisko prezentera. Predyktory zostały zamienione na wartości binarne przy użyciu kodowania typu 1 z n (ang. *One-Hot Encoding*) (Potdar i in., 2017), a następnie wykorzystane do wygenerowania efektów interakcji do drugiego stopnia włącznie, przy użyciu cech wielomianowych, w zbiorze predyktorów zostawiając ostatecznie jedynie interakcje

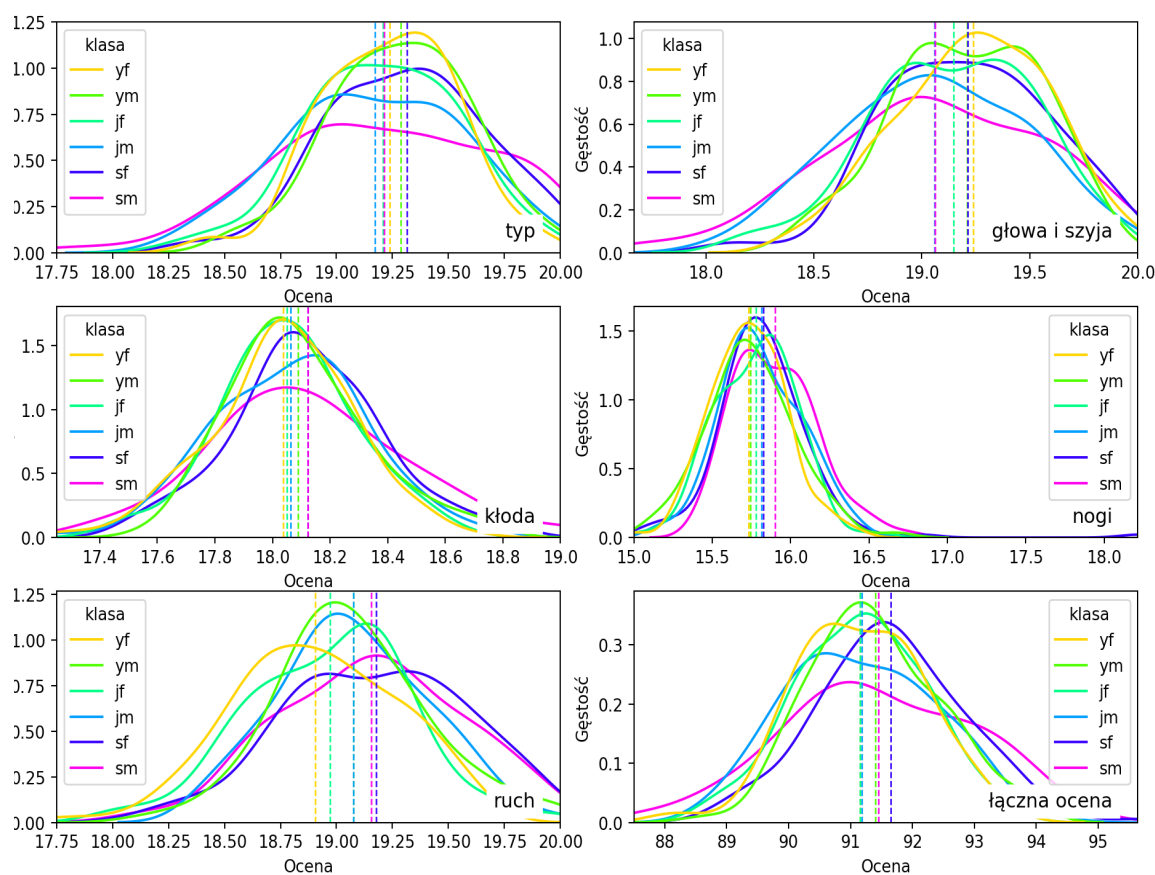
nieobciążone współliniowością. Zbiór danych został podzielony na zestawy treningowe i testowe w proporcji 80–20, zapewniając spójny stan losowy dla powtarzalności.

Dokładność modeli została oceniona i porównana przy użyciu wskaźników najmniejszego błędu średniokwadratowego (*Minimal Standard Error*, MSE) i maksymalnego dopasowania (R^2). Oceny te przeprowadzono na zbiorze testowym, uzyskując wyjściowe wartości dla każdej zmiennej zależnej, to jest oceny w każdej z czterech pozostałych kategorii oraz oceny łącznej.

Wyniki

Zakres i rozkład ocen

Opis statystyczny próby wykazał bardzo małą zmienność między ocenami przyznawanymi przez sędziów. Rozkład ocen z podziałem na poszczególne klasy zaprezentowany jest na Ryc. 35. Mimo 20-punktowej skali, oceny używane przez sędziów mieściły się w zakresie 14,5–20. Zauważalnie niższe oceny przyznawane były za nogi (średnia = 15,797), a ich rozkład był zdecydowanie prawoskośny. Nogi były też jedyną kategorią, w której ani razu nie przyznano oceny 20-punktowej. Oceny za kłode były również nieco niższe niż w pozostałych kategoriach.



Ryc. 35: Rozkład ocen w poszczególnych kategoriach z podziałem na klasy. Pionowe linie przerywane wskazują średnią dla każdej z klas. Skróty: yf – klaczki roczne, ym – ogierki roczne, jf – klacze młodsze, jm – ogierki młodsze, sf – klacze starsze, sm – ogierki starsze.

Normalizacja zmienności przyznawanych ocen

W Tabeli 14 przedstawiono maksymalne i minimalne przyznawane oceny i odpowiadające im wartości po normalizacji, a także procentową wagę różnicy 0,5 punktu.

Tabela 14: Zakres punktów przyznawanych przez sędziów oraz procentowa waga różnicy 0,5 pkt.

Kategoria oceny	Minimalna ocena (= 0,0 po normalizacji)	Maksymalna ocena (= 1,0 po normalizacji)	Liczba użytych ocen (ocena = różnica 0,5 pkt)	Procentowa waga różnicy 0,5 pkt (%)
Typ	17,5	20,0	6	8,33
Głowa i szyja	17,5	20,0	6	8,33
Kłoda	16,0	20,0	9	5,55
Nogi	14,5	19,5	12	4,17
Ruch	17,0	20,0	7	7,14
Ocena łączna	82,5	98,5	33	1,51

Zmienność w zakresie przyznawanych ocen

Zmienność w zakresie przyznawanych ocen dla całej próby, z podziałem na płęć, maści, klasy płęć–wiek oraz indywidualnie, przedstawiono w Tabeli 15. U ogierów odnotowano istotnie wyższą zmienność ocen niż u klaczy w przypadku czterech kategorii, poza kłoda i nogami. W klasach płęć–wiek zmienność w ocenach koni starszych była zasadniczo najwyższa. Na poziomie indywidualnym zmienność w zakresie oceny łącznej nie przekroczyła jednego punktu.

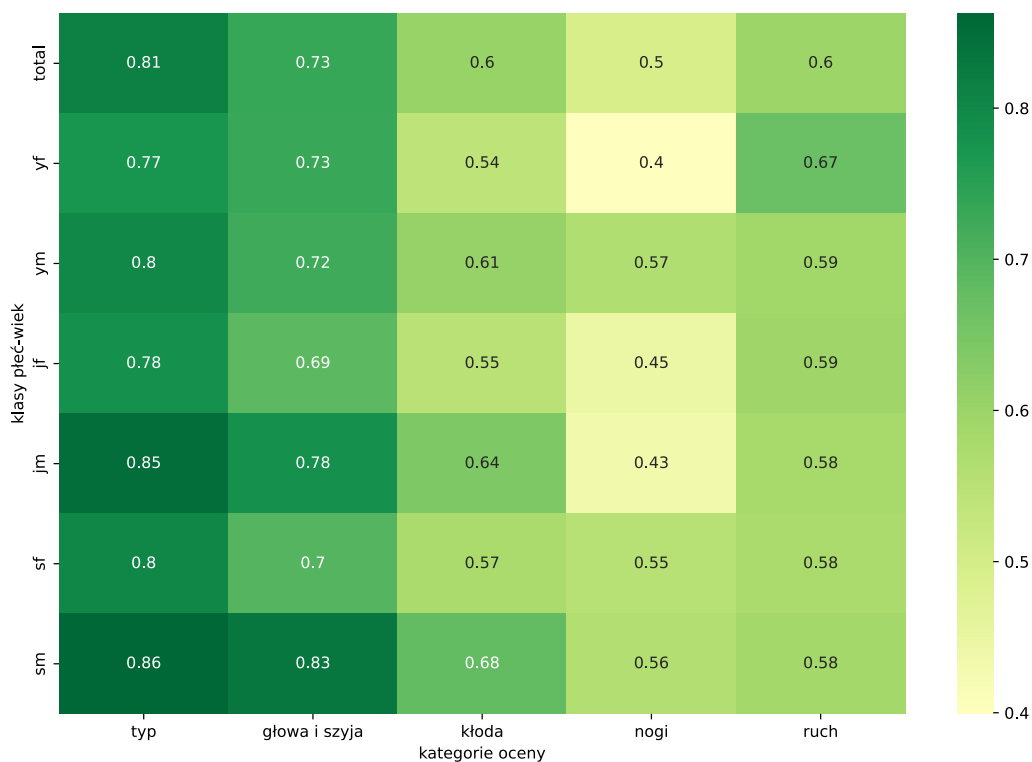
Tabela 15: Zmienność ocen przedstawiona jako wartość odchyłeń standardowych (przed normalizacją) dla całej próby, wewnątrz grup i dla każdego osobnika. Poziomy istotności: * < 0,05; ** < 0,01; *** < 0,001. Różnymi literami oznaczono grupy statystycznie różniące się od siebie. Skróty: k – klacze, o – ogiery, s. – siwa, gn. – gniada, kaszt. – kasztanowata, k. – kara, YF – klacze roczne, YM – ogierki roczne, JF – klacze młodsze, JM – ogiery młodsze, SF – klacze starsze, SM – ogiery starsze.

Kategoria oceny / Grupa	Typ	Głowa i szyja	Kłoda	Nogi	Ruch	Ocena łączna
Cała próba	0,445	0,481	0,399	0,453	0,485	1,479
Płęć	k: 0,423*** o: 0,473***	k: 0,458*** o: 0,507***	k: 0,390 o: 0,415	k: 0,438 o: 0,474	k: 0,330** o: 0,465**	k: 1,407* o: 1,570*
Maść	s: 0,436 ^a gn.: 0,388 ^b kaszt.: 0,390 ^c k.: 0,426 ^d	s: 0,471 ^a gn.: 0,427 ^b kaszt.: 0,452 ^c k.: 0,471 ^a	s.: 0,390 ^a gn.: 0,367 ^b kaszt.: 0,404 ^a k.: 0,309 ^c	s.: 0,420 ^a gn.: 0,403 ^b kaszt.: 0,500 ^c k.: 0,333 ^d	s.: 0,470 ^a gn.: 0,472 ^a kaszt.: 0,440 ^a k.: 0,516 ^a	s.: 1,473 ^a gn.: 1,306 ^a kaszt.: 1,350 ^a k.: 1,270 ^a
Klasa wiek–płęć	YF: 0,388 ^a YM: 0,384 ^b JF: 0,436 ^a JM: 0,458 ^c SF: 0,418 ^d SM: 0,528 ^b	YF: 0,438 ^a YM: 0,418 ^b JF: 0,476 ^a JM: 0,497 ^c SF: 0,449 ^b SM: 0,560 ^c	YF: 0,359 ^a YM: 0,372 ^b JF: 0,396 ^a JM: 0,401 ^a SF: 0,387 ^c SM: 0,450 ^b	YF: 0,421 ^a YM: 0,446 ^a JF: 0,423 ^b JM: 0,448 ^b SF: 0,387 ^c SM: 0,450 ^c	YF: 0,474 ^a YM: 0,447 ^b JF: 0,476 ^c JM: 0,451 ^b SF: 0,479 ^d SM: 0,486 ^c	YF: 1,304 ^a YM: 1,343 ^a JF: 1,408 ^a JM: 1,474 ^b SF: 1,377 ^c SM: 1,751 ^d
Indywidualnie	0,263	0,285	0,302	0,362	0,323	0,936

Korelacje z łączną oceną

Macierz korelacji przedstawiająca związki między oceną łączną a ocenami w poszczególnych kategoriach dla całej próby, jak również oddzielnie dla każdej z sześciu klas, jest przedstawiona na Ryc. 36. Najsilniejszy związek z oceną łączną zaobserwowano w odniesieniu do oceny za typ ($r = 0,907$) oraz oceny za głowę i szyję ($r = 0,816$). Oceny za kłode oraz oceny za ruch były skorelowane z oceną łączną na podobnym, umiarkowanym poziomie (odpowiednio $r = 0,646$ i $r = 0,623$). Korelacja między oceną łączną a oceną za nogi była słaba ($r = 0,413$) w porównaniu z pozostałymi czterema kategoriami punktacji.

Zarówno najsilniejsze, jak i najslabsze korelacje zaobserwowano w klasie ogierów młodszych ($r = 0,943$ dla typu i $r = 0,254$ dla nóg). W przypadku oceny za głowę i szyję wyższe wartości współczynnika korelacji zaobserwowano u ogierów niż u klaczy we wszystkich klasach wiekowych. W odniesieniu do oceny za nogi, najwyższą korelację zaobserwowano w klasach koni starszych ($r = 0,495$ dla klaczy, $r = 0,563$ dla ogierów). Jedyna silna korelacja ($r = 0,727$) między oceną łączną a oceną za ruch została zaobserwowana w klasie klaczek rocznych, podczas gdy w całej próbie i w innych klasach była ona umiarkowana.



Ryc. 36: Macierz korelacji między oceną łączną a ocenami w 5 kategoriach cząstkowych. Wszystkie współczynniki korelacji były wysoko istotne ($p < 0,001$). Skróty: total – cała próba, yf – klaczki roczne, ym – ogierki roczne, jf – klacze młodsze, jm – ogierki młodsze, sf – klacze starsze, sm – ogierki starsze.

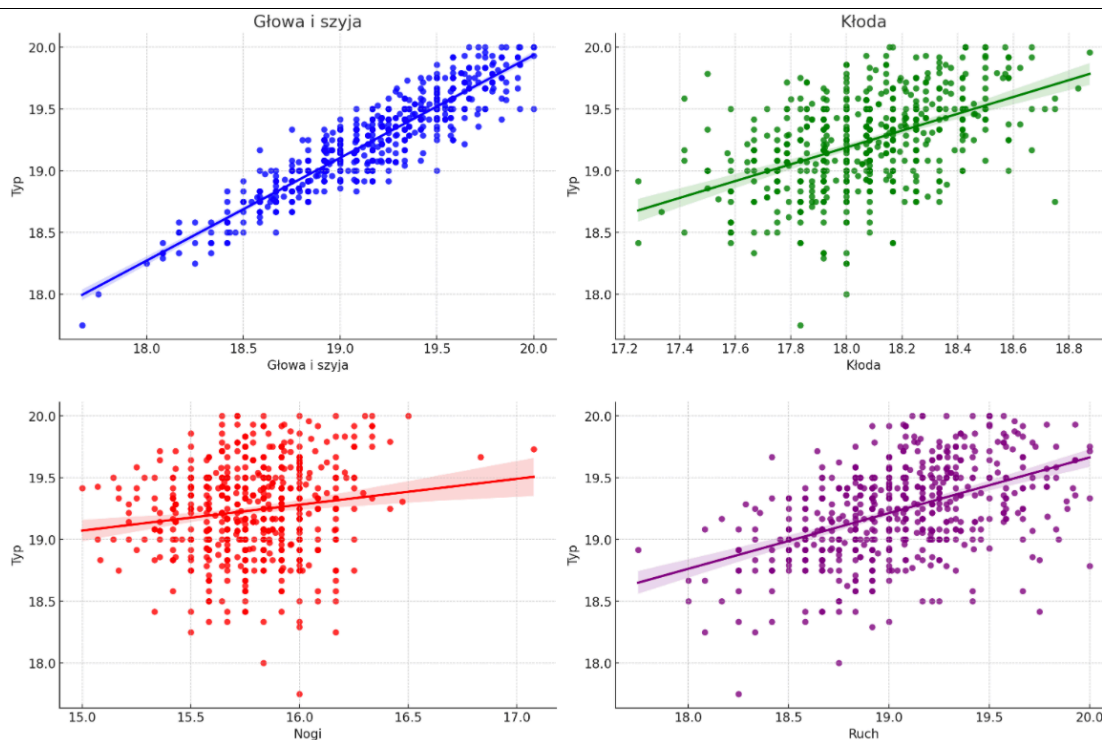
Wpływ składowych pokroju na ocenę za typ

Wpływ ocen za pokrój i ruch na ocenę za typ jest przedstawiony w Tabeli 16 oraz na Ryc. 37. Ocena za głowę i szyję miała silny, wysoce istotny wpływ na ocenę za typ. Ocena za kłodę i ocena za ruch miały, aczkolwiek istotny, to znikomy co do wartości wpływ na ocenę za typ. Natomiast ocena za nogi nie miała istotnego wpływu na ocenę za typ. Nie odnotowano różnic między płciami i klasami wiekowymi w tym zakresie.

Najlepsze dopasowanie modelu zostało osiągnięte, gdy uwzględniono jedynie wyniki dla trzech kategorii: głowy i szyi, kłody oraz ruchu wraz z losowym efektem płci.

Tabela 16: Wpływ ocen w trzech kategoriach związanych z pokrojem oraz oceny za ruch na ocenę za typ. Szacowany parametr dyspersji = 0,016.

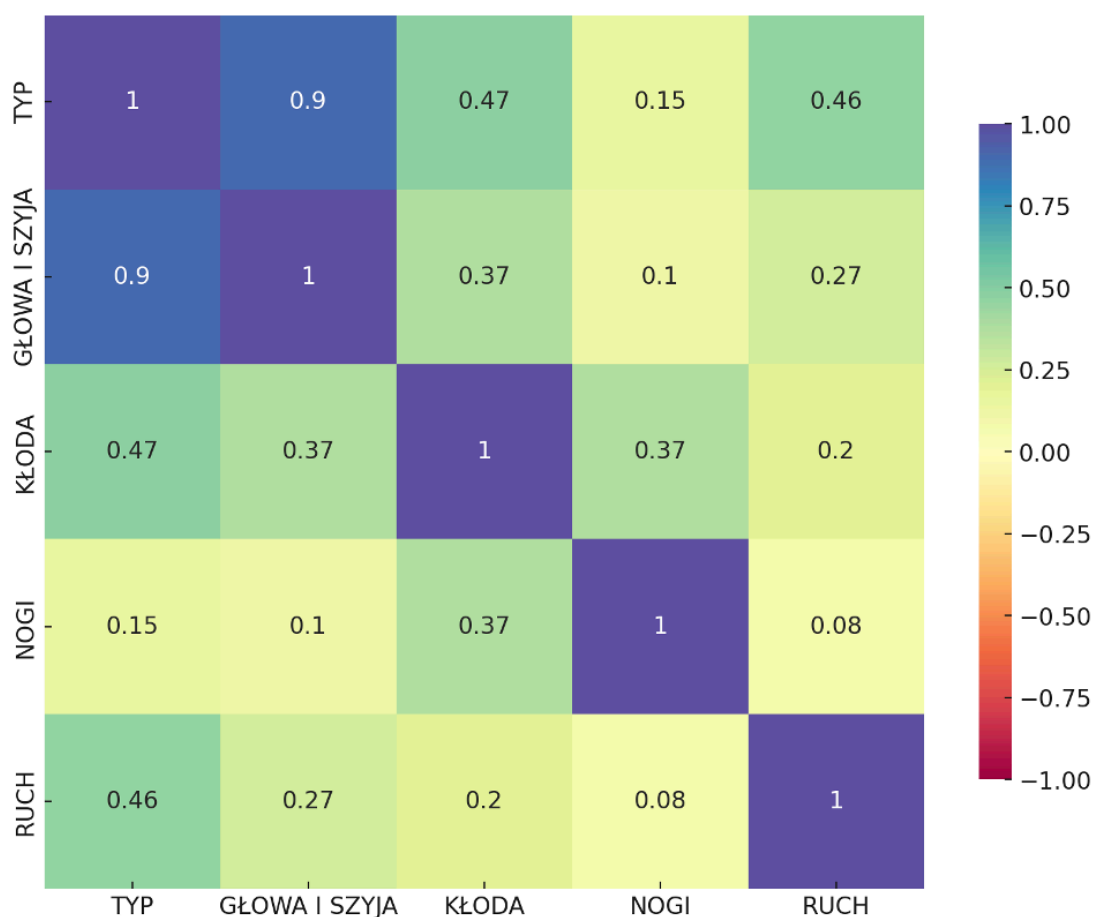
Kategoria oceny	Współczynnik regresji	Przedziały ufności (97,5%)	t-value	p-value
Głowa i szyja	0,7296	0,7049 0,7542	58,0085	< 0,001
Kłoda	0,1856	0,1464 0,2247	9,2918	< 0,001
Nogi	-0,0023	-0,0391 0,0344	-0,1238	0,9015
Ruch	0,2066	0,1821 0,2310	16,5860	< 0,001



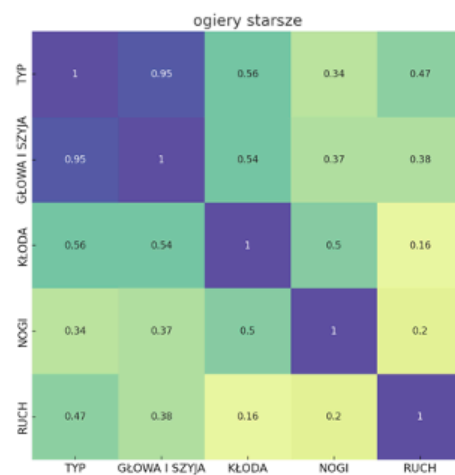
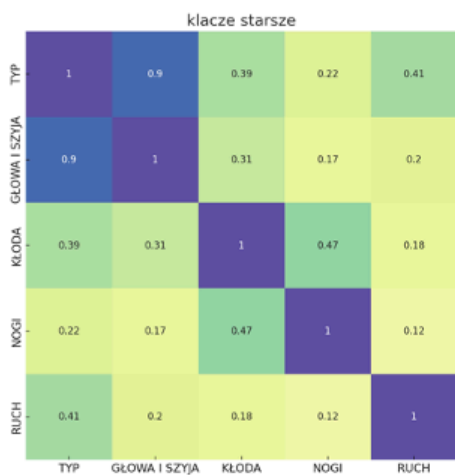
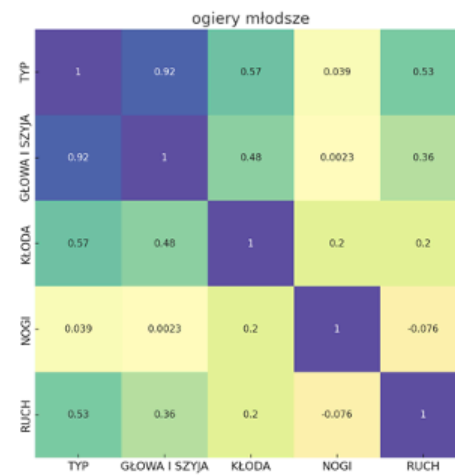
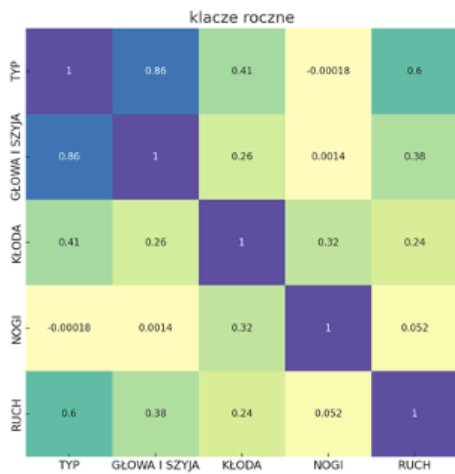
Ryc. 37: Ocena za typ w zależności od oceny w czterech kategoriach pokroju.

Zależności między ocenami za pokrój i ruch

Wartości korelacji między ocenami w całej próbie i w poszczególnych klasach płeć–wiek przedstawione są na Ryc. 38–39. Wewnątrz całej próby zdecydowana większość korelacji była istotna i dodatnia, choć nie silna. Między płciami i klasami wiekowymi odnotowano zauważalne różnice w wartościach korelacji.



Ryc. 38: Korelacje w poszczególnych kategoriach dla całej próby.



Ryc. 39: Korelacje między poszczególnymi kategoriami w klasach płéć-wiek.

Analiza macierzy korelacji potwierdziła wyniki uzyskane w analizie regresji. We wszystkich sześciu klasach oceny za głowę i szyję korelowały silnie, a w przypadku ogierów młodszych i starszych bardzo silnie, z ocenami za typ. W klasach koni rocznych i koni młodszych (2–3 letnich) nie odnotowano korelacji między ocenami za nogi i ocenami za ruch, a w klasie koni starszych korelacja ta była bardzo słaba ($r = 0,116$ dla klaczy i $r = 0,199$ dla ogierów). Ocena za nogi skorelowana była jedynie z ocenami za kłode, ale zależność ta była jedynie słaba (dla klas koni rocznych i młodszych) lub umiarkowana (dla klas koni starszych). Odnotowano zauważalne różnice między klasami w przypadku wartości korelacji między oceną za głowę i szyję oraz oceną za kłode. W przypadku wszystkich klas wiekowych zależność ta była silniejsza w przypadku ogierów. Generalnie, siła korelacji między ocenami w poszczególnych kategoriach wzrastała wraz z wiekiem ocenianych koni.

Identyfikacja czynników różnicujących oceny

Porównanie grup wiekowych

Konie młodsze

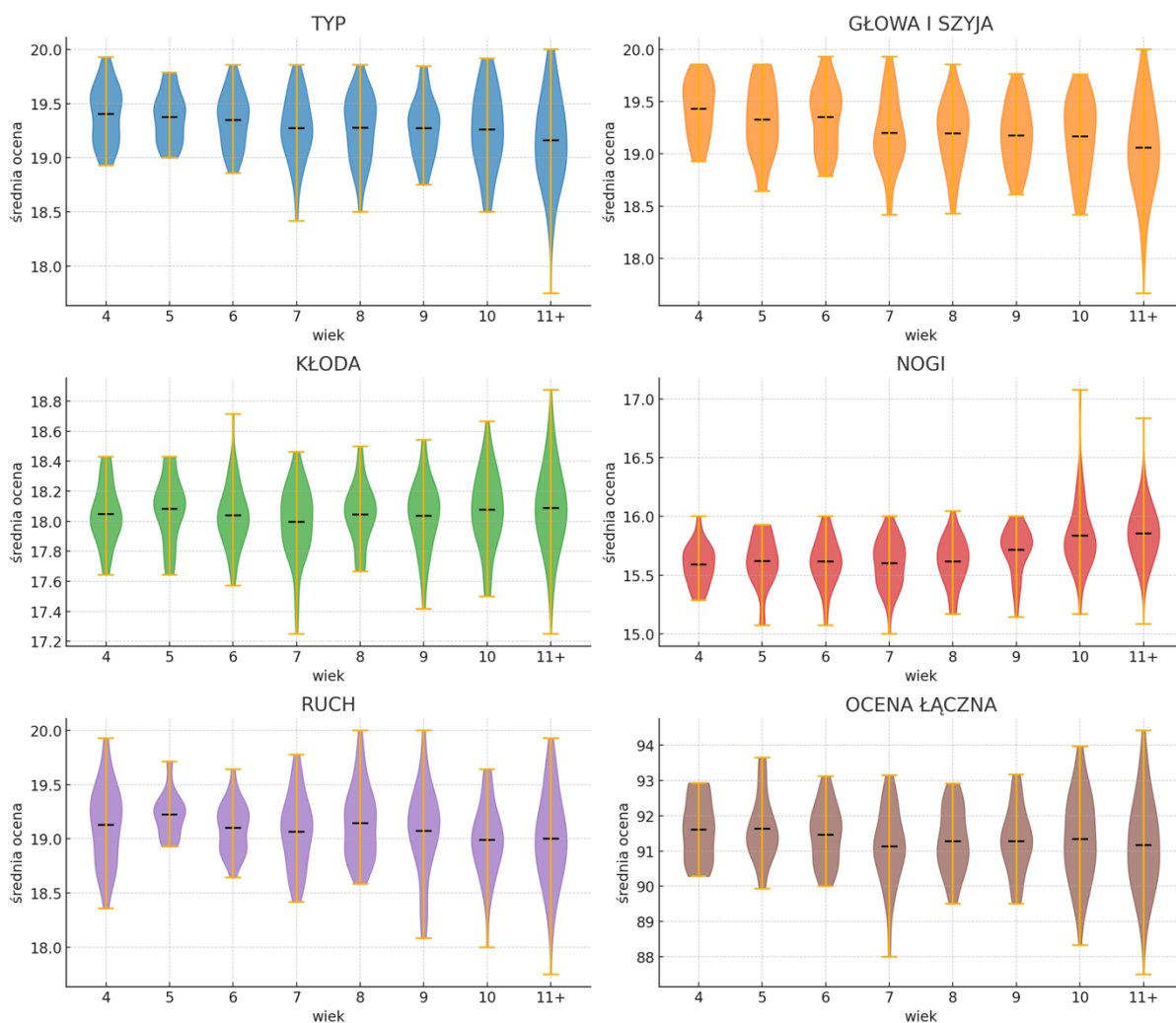
Różnice w ocenach między końmi dwu- i trzyletnimi przedstawione są w Tabeli 17. Wyniki testu t dla prób niezależnych wykazały nieznacznie wyższe oceny w przypadku koni trzyletnich. Różnice istotne statystycznie zaobserwowano jedynie w ocenach za typ oraz głowę i szyję, a także w ocenie łącznej.

Tabela 17: Średnie oceny w poszczególnych kategoriach dla klasy koni młodszych oraz różnice między końmi dwu- i trzyletnimi. *p < 0,05, **p < 0,01, ***p < 0,001.

Kategoria oceny	Klacz	Ogiery	Klacz i ogiery łącznie
Typ	2: 19,37*	2: 19,17***	2: 19,31***
	3: 19,44*	3: 19,39***	3: 19,42***
	t = -2,02	t = -4,47	t = -4,12
Głowa i szyja	2: 19,33*	2: 19,08***	2: 19,25***
	3: 19,41*	3: 19,36***	3: 19,39***
	t = -2,27	t = -5,54	t = -4,82
Kłoda	2: 18,10	2: 18,02	2: 18,08
	3: 18,09	3: 18,09	3: 18,09
	t = 0,35	t = -1,54	t = -0,51
Nogi	2: 15,76	2: 15,57	2: 15,7
	3: 15,73	3: 15,67	3: 15,71
	t = 0,98	t = -1,93	t = -0,16
Ruch	2: 19,09	2: 19,14	2: 19,11
	3: 19,11	3: 19,17	3: 19,13
	t = -0,54	t = -0,65	t = -0,86
Łącznie	2: 91,65	2: 90,98***	2: 91,44***
	3: 91,77	3: 91,69***	3: 91,75***
	t = -1,12	t = -4,41	t = -3,35

Konie starsze

Średnie oceny w poszczególnych kategoriach dla koni starszych w różnym wieku przedstawione są na Ryc. 40. We przypadku typu, głowy i szyi oraz ruchu, największą zmienność w przyznawanych ocenach obserwowano u koni w wieku 4–5 lat, a najmniejszą – u koni 11-letnich i starszych. Z kolei w przypadku nóg i kłody dość małą zmienność obserwowano już u najmłodszych koni w obrębie grupy koni starszych. Oceny za ruch charakteryzowały się największą zmiennością spośród wszystkich kategorii, zaś oceny za nogi – najmniejszą.



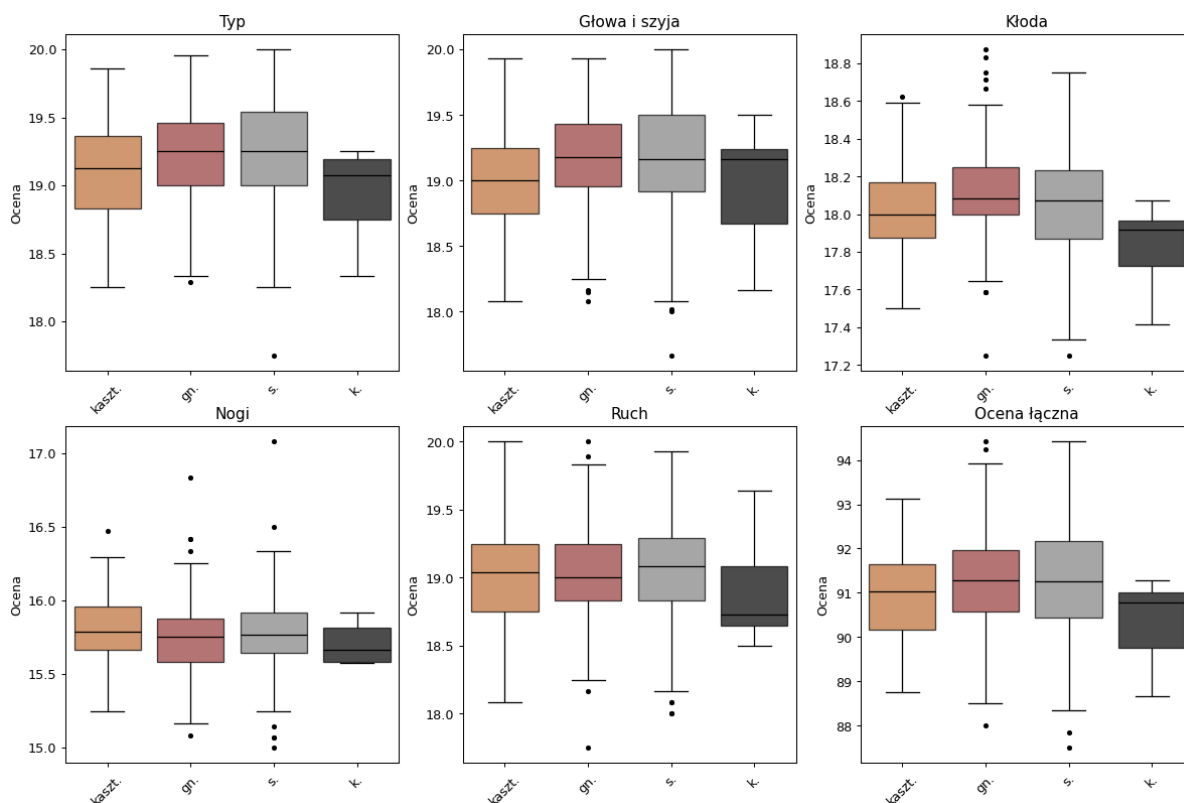
Ryc. 40: Rozkład ocen w poszczególnych kategoriach wśród koni starszych w różnym wieku.

Maść

Analiza wariancji wykazała istotne różnice między maściami w ocenach za typ, głowę i szyję oraz kłoda (Tabela 18, Ryc. 41). Szczególnie warta odnotowania jest średnia ocena za kłoda wśród koni gniadych, która okazała się istotnie wyższa od wszystkich pozostałych grup.

Tabela 18: Średnie wyniki w poszczególnych kategoriach z podziałem na maść. Literami oznaczono grupy istotnie różniące się między sobą.

Maść	Typ	Głowa i szyja	Kłoda	Nogi	Ruch	Ocena łączna
Gniada	19,24 ^a	19,17 ^a	18,12 ^{abc}	15,73	19,02	91,28
Kara	18,93	18,95	17,83 ^a	15,71	18,90	90,32
Kasztanowata	19,11 ^{ab}	19,02 ^{ab}	18,02 ^b	15,81	19,01	90,97
Siwa	19,27 ^b	19,17 ^b	18,04 ^c	15,78	19,07	91,33



Ryc. 41: Średnie oceny w poszczególnych kategoriach w zależności od maści. Skróty: kaszt. – kasztanowata, gn. – gniada, s. – siwa, k. – kara.

Kraj hodowcy

Rozkłady średnich ocen w poszczególnych kategoriach dla koni wyhodowanych w różnych krajach przedstawiono na Ryc. 42. Wyniki analizy wariancji (ANOVA) wskazują na istotne różnice w ocenach poszczególnych cech w zależności od kraju hodowcy.

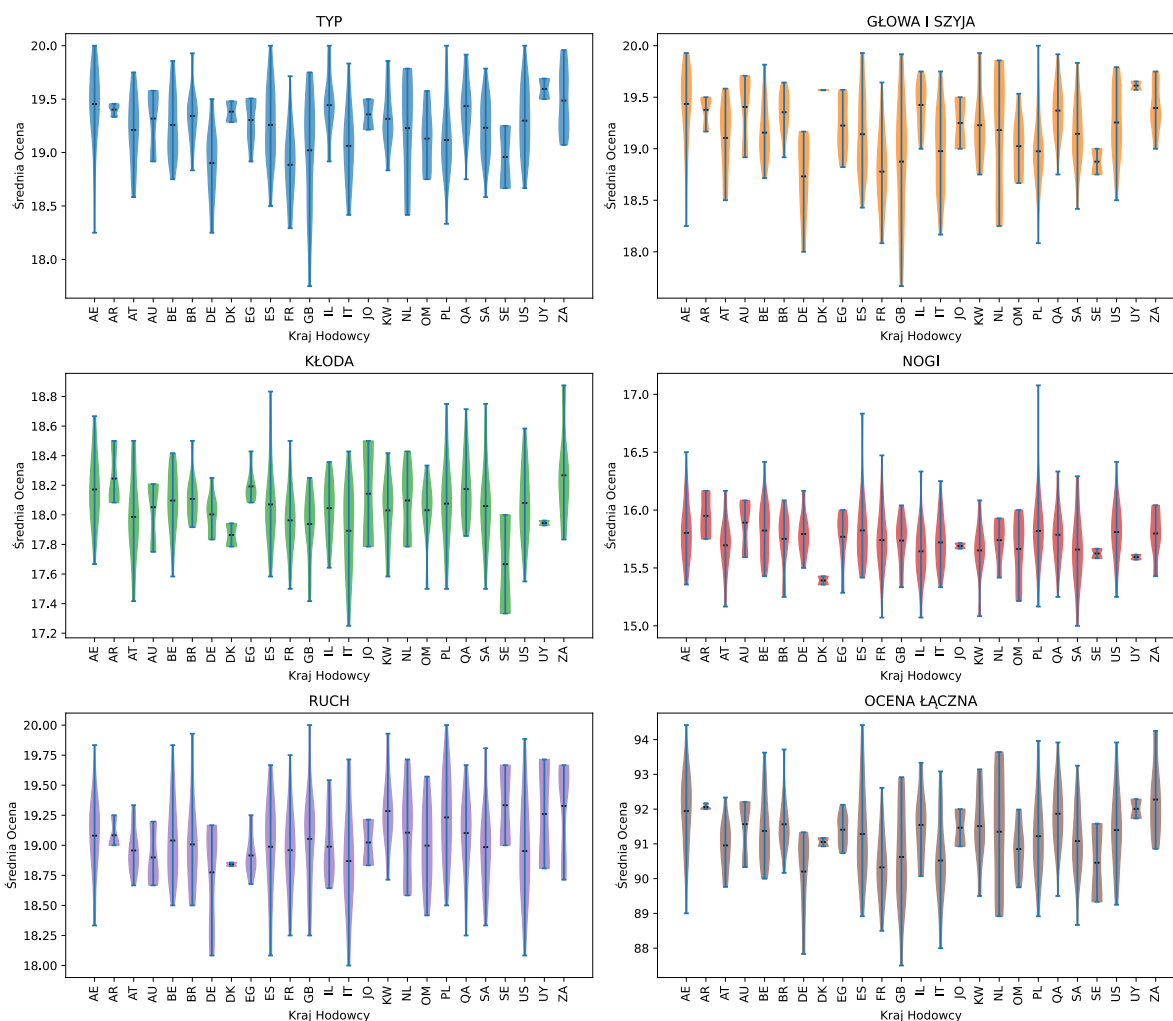
W ocenach za typ wykazano bardzo istotne różnice między krajami pochodzenia hodowców ($F = 39,87$; $p < 0,001$). Najwyższe średnie oceny za typ uzyskały konie wyhodowane w Zjednoczonych Emiratach Arabskich (średnia = 19,56) oraz Australii (średnia = 19,48). Najniższą średnią ocenę za typ uzyskiwały konie austriackie (średnia = 19,16). Średnie wartości dla Belgii i Argentyny były również niższe w porównaniu do ZEA i Australii. W przypadku oceny za głowę i szyję różnice między krajami hodowców ($F = 51,81$; $p < 0,001$) były jeszcze większe, chociaż tendencje były praktycznie takie same: ponownie najwyższe średnie oceny uzyskali hodowcy z Australii (średnia = 19,54) i Zjednoczonych Emiratów Arabskich (średnia = 19,53), zaś najniższe wartości zarejestrowano u koni austriackich (średnia = 19,06) oraz belgijskich (średnia = 19,18).

W przypadku ocen za kłode różnice między krajami hodowców były również wysoko istotne ($F = 10,78$, $p < 0,001$), jednak mniej wyraźnie niż dla poprzednich cech. Konie ze

Zjednoczonych Emiratów Arabskich (18,19) oraz Argentyny (18,20) uzyskały najwyższe średnie wartości, podczas gdy konie austriackie (17,93) i belgijskie (18,10) osiągnęły najniższe wyniki. Również w przypadku oceny za nogi wykazano wysoko istotne różnice statystyczne ($F = 6,22$, $p < 0,001$) aczkolwiek nieznaczne, co do wartości. Ta kategoria była jedyną, gdzie konie ze Zjednoczonych Emiratów Arabskich nie były w czołówce. Najwyższe średnie oceny za nogi odnotowano u koni argentyńskich (przy średniej 15,94 oraz belgijskich (15,86), natomiast konie austriackie (15,66) ponownie uzyskały najniższe średnie wartości. Należy podkreślić, że średnie oceny za nogi były najniższe w stosunku do pozostałych czterech kategorii oceny koni.

W przypadku oceny za ruch analiza ANOVA również wykazała istotne różnice ($F = 19,86$; $p < 0,001$). Najwyższe średnie oceny przypadały koniom wyhodowanym w Zjednoczonych Emiratach Arabskich (19,13) oraz Australii (19,06), podczas gdy konie austriackie (18,96) i belgijskie (19,03) osiągnęły niższe wyniki.

Natomiast najwyższe średnie łączne oceny ($F = 29,50$, $p < 0,001$). uzyskiwały konie wyhodowane w Republice Południowej Afryki (92,44), Zjednoczonych Emiratach Arabskich (92,19) oraz Argentynie (92,04). Z kolei najniższe oceny przypadały koniom z Francji (90,42), Niemiec (90,44) i Włoch (90,67).



Ryc. 42: Rozkład średnich ocen w poszczególnych kategoriach oraz oceny łącznej w zależności od kraju pochodzenia hodowcy. Na wykresach ujęto tylko kraje reprezentowane na pokazach przez minimum trzy konie.

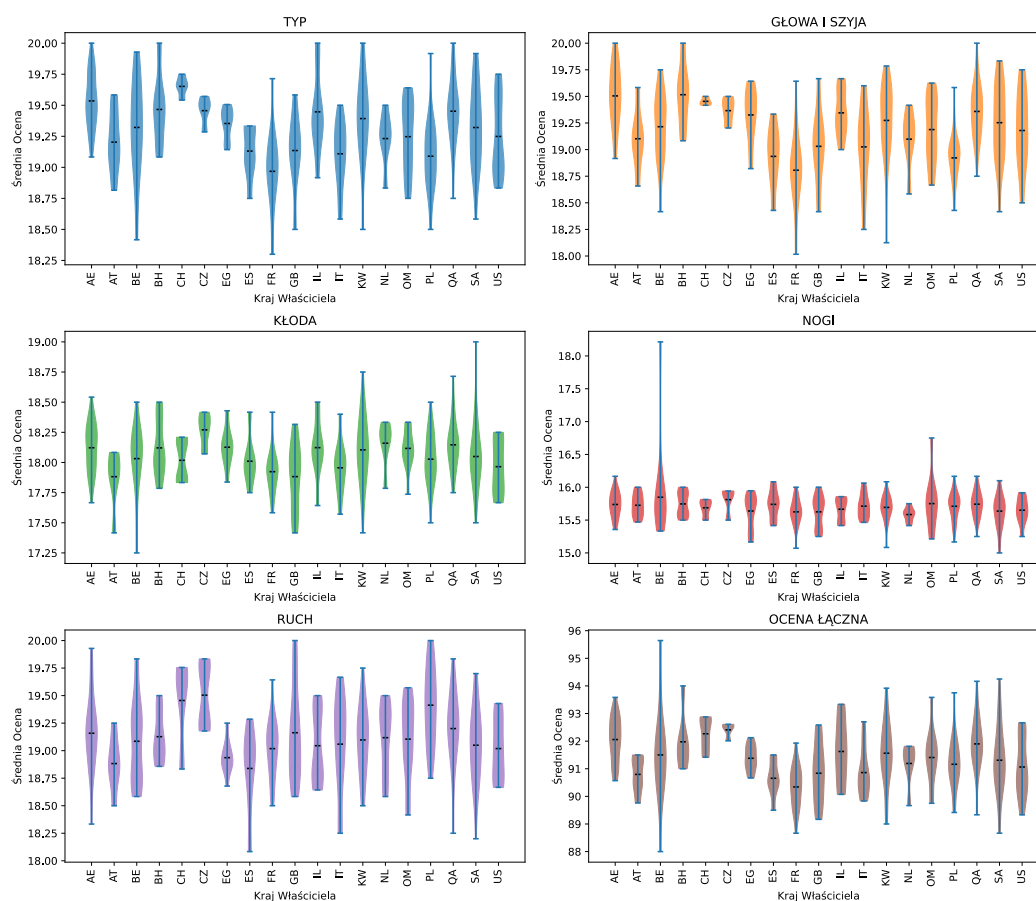
Kraj właściciela

Rozkłady ocen w poszczególnych kategoriach w zależności od kraju, jaki reprezentował koń na pokazie przedstawiono na Ryc. 43. Analiza wariancji wykazała istotne różnice między końmi należącymi do właścicieli pochodzącymi z różnych krajów.

W przypadku oceny za typ ($F = 39,87$, $p < 0,001$) ponownie w czołówce znalazły się konie należące do właścicieli ze Zjednoczonych Emiratów Arabskich ze średnią = 19,60, nieznacznie wyprzedzane przez konie szwajcarskie (19,65), podczas gdy konie austriackie (19,08) miały najniższe wyniki. Najwyższe oceny za głowę i szyję ($F = 51,81$, $p < 0,001$) otrzymywały konie ze Zjednoczonych Emiratów Arabskich (19,56) i Bahrajnu (19,44), natomiast konie austriackie (18,95) uzyskiwały najniższe oceny.

Konie reprezentujące właścicieli ze Szwajcarii (18,11) i Bahrajnu (18,06) uzyskały najwyższe oceny w kategorii kłoda ($F = 10,78$, $p < 0,001$), natomiast konie reprezentujące Austrię (17,90) uzyskiwały w tej kategorii najniższe wyniki, przy czym różnice w średniej punktacji były minimalne, aczkolwiek potwierdzone statystycznie.

Podobnie w przypadku nóg ($F = 6,22$, $p < 0,001$) i ruchu ($F = 19,86$, $p < 0,001$) konie należące do właścicieli ze Szwajcarii uzyskały najwyższe wyniki (średnie odpowiednio 15,76 i 19,64), a Austrii – najniższe (średnie odpowiednio = 15,60 i 18,91). W przełożeniu na ocenę łączną ($F = 29,50$, $p < 0,001$) najwyższe wyniki odnotowano u koni reprezentujących Szwajcarię (92,60) i Zjednoczone Emiraty Arabskie (92,27), natomiast najniższe u koni reprezentujących Austrię (90,43), przy czym różnica wynosiła jedynie poniżej 2 punktów.



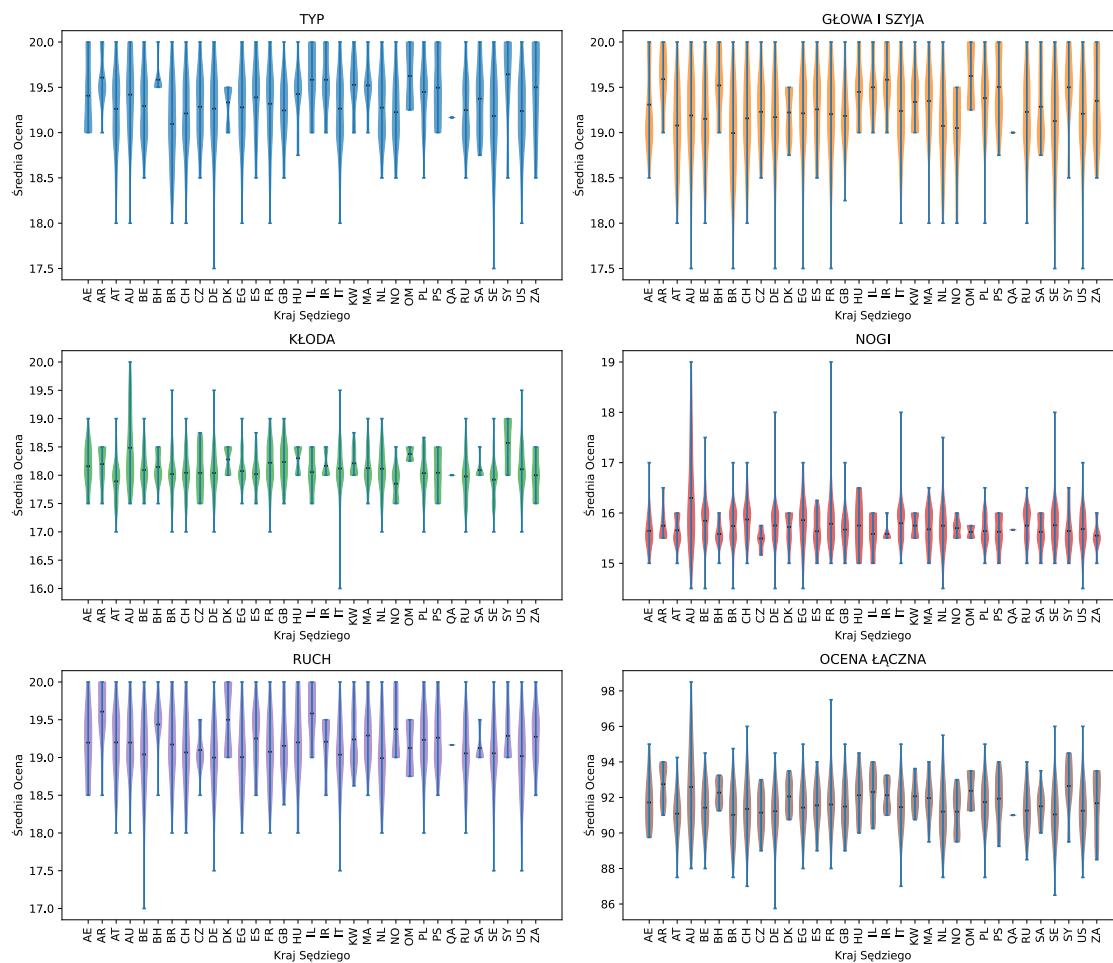
Ryc. 43: Rozkład średnich ocen w poszczególnych kategoriach oraz oceny łącznej w zależności od kraju reprezentowanego przez konia (kraju właściciela). Na wykresach uwzględniono tylko kraje reprezentowane przez co najmniej trzy konie.

Sędzia

Porównanie średnich ocen przyznawanych przez sędziów z różnych krajów prezentuje Ryc. 44. Analiza ocen wykazała istotne różnice zarówno w średnich ocenach, jak i w zmienności stosowanych not, co wskazuje na odmienne podejścia do oceny fenotypowych cech koni. Sędziowie z Argentyny przyznawali najwyższe średnie oceny w kategoriach takich jak typ (19,71), głowa i szyja (19,68), ruch (19,58) i ocena łączna (92,97). Z kolei sędziowie z Austrii przyznawali najniższe średnie oceny, szczególnie w kategoriach typ (19,27), głowa i szyja (19,09) i ocena łączna (91,12), co może wskazywać na bardziej rygorystyczne standardy oceny lub inne preferencje sędziowskie w tym kraju. Różnice te były istotne statystycznie ($p < 0,001$), co potwierdza wpływ kraju pochodzenia sędziego na ocenę koni.

Oprócz różnic w średnich ocenach, zauważalne były także różnice w zmienności ocen (zakresie stosowanych punktacji). Największą zmienność w ocenach wykazali sędziowie z Australii, zwłaszcza w kategoriach takich jak nogi ($SD = 0,93$) oraz ocena łączna ($SD = 2,23$), co wskazuje, że stosowali oni szerszy zakres skali ocen. W kategoriach takich jak kłoda i szyja (18,43) i nogi (16,22), Australijczycy również przyznawali stosunkowo wysokie średnie oceny, co w połączeniu z wysoką zmiennością może wskazywać na zróżnicowane postrzeganie poszczególnych cech.

Oceny sędziów z krajów takich jak Bahrajn, Argentyna i Belgia cechowały się znacznie mniejszą zmiennością, szczególnie w kategoriach głowa i szyja oraz kłoda. Na przykład, oceny sędziowie z Bahrajnu w kategorii głowa i szyja osiągnęło $SD = 0,30$, co wskazuje, że ich oceny były bardzo zbliżone do siebie, bez większych skrajności. Podobna sytuacja występowała u sędziów z Argentyny. Taka mniejsza zmienność może wynikać z bardziej uproszczonych standardów oceny w tych krajach lub większej zgodności w interpretacji fenotypowych cech koni. W efekcie, różnice te wskazują, że choć oceny koni mogą być subiektywne, kraj pochodzenia sędziego wyraźnie wpływa na zarówno średnią, jak i zakres stosowanych ocen.



Ryc. 44: Rozkład ocen w poszczególnych kategoriach i oceny łącznej przyznawanej przez sędziów afiliowanych w różnych krajach.

Dalsza analiza wykazała, że istnieją również istotne różnice między sędziami ze względu na ich doświadczenie zawodowe i poziom kwalifikacji (Ryc. 45). Najwyższe średnie oceny za typ przyznawali sędziowie z listy B (19,48), natomiast najniższe odnotowano w grupie listy sędziów spoza krajów ECAHO (19,24) i z listy A (19,28), chociaż różnice między wartościami średnimi były niewielkie. Różnice w zmienności ocen w poszczególnych grupach były także stosunkowo małe: odchylenie standardowe wynosiło od 0,37 w grupie sędziów z listy B do 0,47 w grupie sędziów afiliowanych w krajach niezrzeszonych w ECAHO, co może świadczyć o zróżnicowanych metodach szkolenia sędziów.

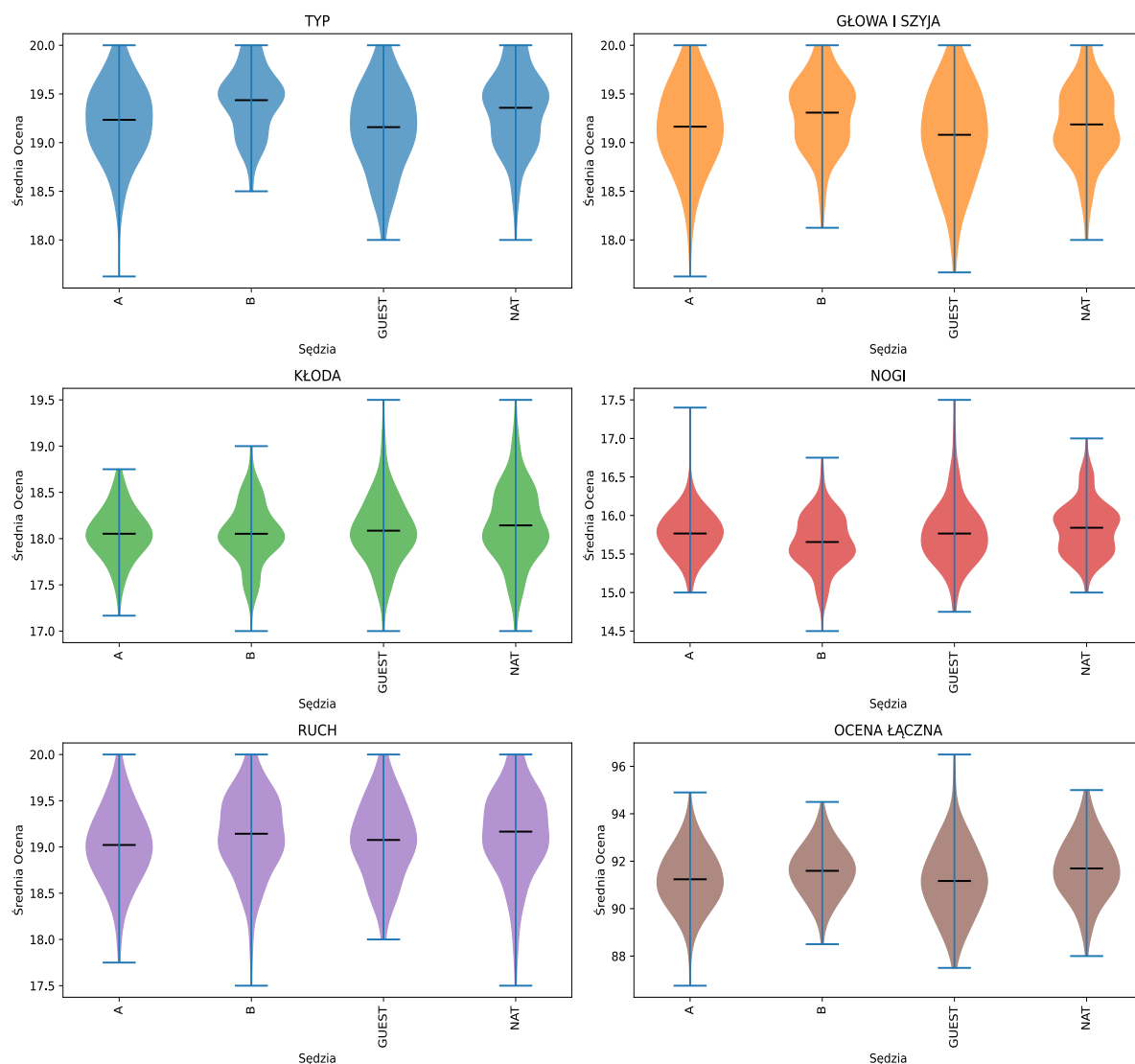
W kategorii „głowa i szyja” również najwyższe oceny przyznawali sędziowie z listy B (19,36), a najniższe z listy A (19,21). Zmienność ponownie była niewielka, a odchylenie standardowe wahało się od 0,41 (sędziowie krajowi ECAHO) do 0,50 (sędziowie afiliowani w krajach niezrzeszonych w ECAHO).

Najwyższe oceny za kłode odnotowano wśród sędziów wpisanych na listę krajową ECAHO, przy średniej 18,14, a najniższe wśród sędziów z listy A (18,08). Zmienność wahała się od $SD = 0,38$ (lista B) do 0,43 (kraje niezrzeszone w ECAHO). Za nogi najwyższe oceny przyznawali sędziowie z grupy sędziów krajowych ECAHO (15,79), natomiast najniższe z listy B (15,67) ale różnice w średnich były wyjątkowo niskie. Największa zmienność występowała w grupie sędziów afiliowanych poza krajami zrzeszonymi w ECAHO ($SD = 0,51$), a najmniejsza w grupie sędziów krajowych ($SD = 0,36$).

W kategorii „ruch” najwyższe oceny przyznawali sędziowie z listy B (19,23), podczas gdy lista A przyznawała najniższe oceny (19,07). Zmienność ocen wahała się od 0,46 (sędziowie krajowi ECAHO) do 0,49 (lista A). Łączne oceny okazały się najwyższe w przypadku sędziów z listy B (91,84), a najniższe wśród sędziów z listy A (91,41). Największa zmienność wystąpiła w grupie sędziów afiliowanych w krajach niezrzeszonych w ECAHO ($SD = 1,63$), natomiast najmniejsza zmienność odnotowana została w przypadku sędziów z listy B ($SD = 1,28$).

Podsumowując, sędziowie z listy B przyznawali ogólnie wyższe oceny we wszystkich kategoriach, z jednocześnie z najmniejszą zmiennością. Grupa sędziów afiliowanych w krajach niezrzeszonych w ECAHO charakteryzowała się największą zmiennością w ocenach. Zarówno sędziowie najbardziej doświadczeni (lista A), jak i najmniej doświadczeni (lista B) stosowali mniejszy zakres ocen, ale na innym poziomie.

Między poziomami uprawnień sędziów nie odnotowano istotnych różnic w zakresie średnich przyznawanych ocen, natomiast sędziowie reprezentujący kraje niezrzeszone w ECAHO stosowali istotnie większą rozpiętość ocen.



Ryc. 45: Odchylenia standardowe od średniej oceny w zależności od afiliacji sędziego. a – lista A, b – lista B, nat – lista krajowa, guest – sędzia z kraju niebędącego członkiem ECAHO.

Porównanie grup ojcowskich i matecznych oraz estymacja odziedziczalności ocen na pokazach

Analiza wariancji wykazała istotny wpływ ojca na oceny we wszystkich kategoriach oraz istotny wpływ matki na oceny we wszystkich kategoriach oprócz oceny za nogi (Tabela 19). Oszacowana odziedziczalność była wysoka w przypadku ocen za typ, głowę i szyję oraz nogi, średnia w przypadku oceny łącznej, niska w przypadku oceny za kłodę i ruch.

Tabela 19: Wyniki analizy wariancji dla grup ojcowskich (O) i matecznych (M) oraz oszacowane współczynniki odziedziczalności dla ocen w poszczególnych kategoriach. Liczba stopni swobody dla grup ojcowskich = 199; dla grup matecznych = 522.

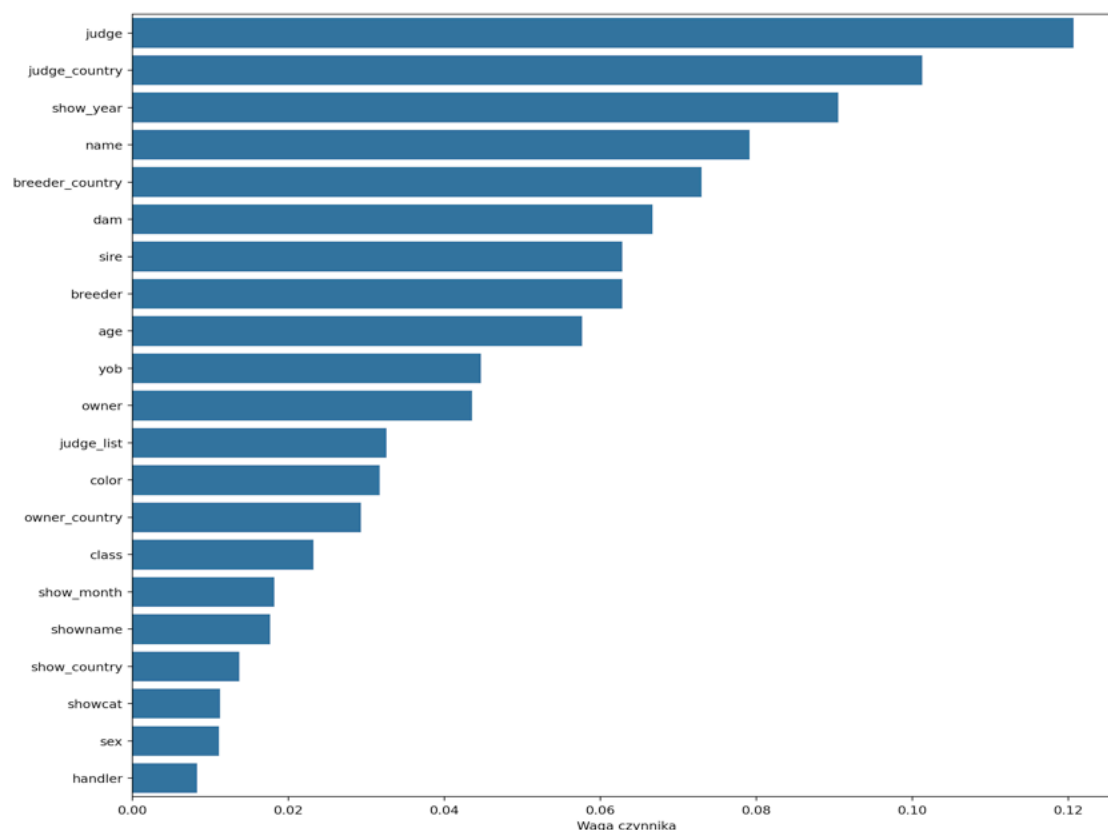
Kategoria oceny	Suma kwadratów	F-value	p-value	Współczynnik odziedziczalności h^2
Typ	O: 39,774 M: 71,361	O: 2,116 M: 1,786	O: < 0,001*** M: 0,003**	0,507
Głowa i szyja	O: 47,686 M: 85,996	O: 2,117 M: 1,964	O: < 0,001*** M: 0,001**	0,538
Kłoda	O: 17,193 M: 34,766	O: 1,630 M: 1,466	O: < 0,001*** M: 0,033*	0,094
Nogi	O: 16,703 M: 33,127	O: 1,628 M: 1,145	O: < 0,001*** M: 0,262	0,628
Ruch	O: 32,642 M: 74,607	O: 1,324 M: 1,561	O: 0,010* M: 0,017*	0,141
Ocena łączna	O: 354,394 M: 713,121	O: 1,662 M: 1,590	O: < 0,001*** M: 0,014*	0,291

Predykcja przyszłych ocen na podstawie “informacji katalogowych”

Porównanie modeli wykazało najmniejszy błąd oraz największe dopasowanie w przypadku modelu Random Forest (Tabela 20), z nieznacznie gorszymi wynikami dla modelu XGBoost. Wszystkie modele najlepsze wyniki osiągnęły w przypadku ocen za typ, głowę i szyję oraz ruch ($MSE < 0,115$, $R^2 > 0,5$), a znacznie gorsze w przypadku ocen za kłode oraz nogi ($MSE > 0,120$; $R^2 < 0,25$). Wagi poszczególnych predyktorów w modelu Random Forest przedstawiono na Ryc. 46.

Tabela 20: Dopasowanie trzech modeli klasyfikacyjnych dla ocen w każdej kategorii na podstawie najmniejszego błędu średniokwadratowego (MSE) oraz dopasowania (R^2).

Rodzaj modelu	Typ	Głowa i szyja	Kłoda	Nogi	Ruch	Ocena łączna
Random Forest	MSE: 0,085 R ² : 0,539	MSE: 0,093 R ² : 0,586	MSE: 0,104 R ² : 0,333	MSE: 0,130 R ² : 0,291	MSE: 0,113 R ² : 0,528	MSE: 0,910 R ² : 0,514
Gradient Boosting	MSE: 0,115 R ² : 0,377	MSE: 0,137 R ² : 0,388	MSE: 0,123 R ² : 0,211	MSE: 0,142 R ² : 0,230	MSE: 0,160 R ² : 0,335	MSE: 1,364 R ² : 0,350
XGBoost	MSE: 0,090 R ² : 0,512	MSE: 0,099 R ² : 0,560	MSE: 0,109 R ² : 0,298	MSE: 0,132 R ² : 0,280	MSE: 0,121 R ² : 0,496	MSE: 1,019 R ² : 0,514



Ryc. 46: Średnie wagi czynników uwzględnianych jako predyktory w modelu Random Forest przewidującym oceny w poszczególnych kategoriach.

Dyskusja

Eksploracyjna analiza danych potwierdziła tezy zamieszczone w podręczniku dla sędziów ECAHO (Upton, 2018). Pomimo dostępnej 20-punktowej skali ocen, sędziowie używają jedynie przedziału 5,5 punktu (14,5–20), co w praktyce przekłada się na czwarty kwartył skali. Podobne zjawisko ograniczonego wykorzystania dostępnej skali punktowej oraz "inflacji ocen", czyli zbyt dużej tolerancji na istniejące wady fenotypowe, zaobserwowano przy połowych próbach dzielności (Pasing i König von Borstel, 2012) oraz w liniowej ocenie ruchu rasy Franches-Montagnes (Gmel i in., 2020).

Należy jednak już w tym momencie zaznaczyć, że badana próba składała się wyłącznie z osobników, które uzyskały kwalifikację na Czempionat Świata, a więc potencjalnie najlepszych i najbardziej zbliżonych do wzorca rasowego. W przyszłości warto rozszerzyć próbę o konie, które odniosły mniejszy sukces na pokazach lub uczestniczyły jedynie w pokazach niższej kategorii. Pozwoli to na pełniejsze zrozumienie różnych aspektów wykorzystania skali ocen stosowanych przez sędziów. Analiza korelacji wykazała, że ocena za

typ oraz ocena za głowę i szyję są najmocniej związane z końcową oceną konia. Silny związek oceny za typ z oceną końcową został podkreślony w podręczniku dla sędziów ECAHO (Upton, 2018). Jednak jako drugą „najważniejszą” kategorię wskazywano ruch. Tymczasem korelacja między oceną końcową a oceną za ruch była jedynie umiarkowana ($r = 0,60$ dla całej próby), podczas gdy ocena za głowę i szyję była skorelowana z oceną końcową na poziomie $r = 0,73$.

Najsłabszy związek z ostatecznym wynikiem konia wykazano w przypadku oceny za nogi. Wyniki te sugerują, że sędziowie największą wagę przywiązują do morfologii głowy i szyi. Upton (2018) sugeruje, że głowa ma znacznie większe znaczenie niż szyja, co należałoby zweryfikować po opracowaniu efektywnego systemu precyzyjnego fenotypowania. Dalsze badanie oceny za typ, kategorii o najmniej sprecyzowanych kryteriach oceny, wykazało, że wpływ na nią ma przede wszystkim ocena za głowę i szyję oraz w znacznie mniejszym stopniu, oceny za kłode i za ruch. Ocena za nogi była nieistotna w przyznawaniu oceny za typ. Jest to zgodne z wynikami analizy korelacji par ocen.

Warto zauważyć, że niemal wszystkie korelacje między ocenami cząstkowymi były dodatnie i w większości przypadków silne lub umiarkowanie silne. Zakładając, że oceny sędziów są nieobciążone subiektywizmem i precyzyjne, można wnioskować, że wszystkie pożądane cechy fenotypowe są ze sobą pozytywnie skorelowane. Taka sytuacja ułatwiałaby pracę hodowlaną, gdyż selekcja na jedną cechę wpływałaby pozytywnie na inne. Jednak stoi to w sprzeczności z wynikami publikowanych badań dotyczących genetycznego uwarunkowania cech anatomicznych koni. Na przykład, długość szyi jest pozytywnie fenotypowo i genetycznie skorelowana z długością kłody (Molina i in., 1999), podczas gdy pożądany fenotyp w rasie to długa szyja i krótka kłoda. Innym wytłumaczeniem istnienia wyłącznie dodatnich korelacji jest założenie, że sędziowie, mając do czynienia z koniem o bardzo dobrym fenotypie w zakresie jednej cechy, bardziej tolerancyjnie i mniej skrupulatnie podchodzą do jego oceny w innych kategoriach.

Na szczególną uwagę zasługują słabe i często nieistotne korelacje między ocenami za nogi, kłode i ruch. Wiele wcześniejszych badań wykazywało wpływ prawidłowego pokroju kłody i kończyn na jakość ruchu. Wady pokroju wpływają na niesymetryczne obciążenie stawów, co przekłada się na zwiększoną częstotliwość występowania urazów i gorsze wyniki sportowe. Na przykład, wady budowy kończyn mogą prowadzić do niesymetrycznego obciążenia stawów nadgarstkowych, zwiększając ryzyko urazów (Ducro i in., 2009; Kroekenstoel i in., 2006). Badania przeprowadzone w rasie Pura Raza Español wykazały istotne, silne korelacje między

budową kłody a parametrami kinematycznymi kłusa (José Sánchez i in., 2013). Podobne wyniki uzyskali Rosengren i in. (2021) analizując inochód u kuców islandzkich.

Możliwym wytłumaczeniem uzyskanych w tym badaniu słabych korelacji między pokrojem a ruchem są trudności i subiektywizm w ocenie poruszającego się zwierzęcia w warunkach pokazu lub też wpływ trudnych do zmierzenia czynników charakterystycznych dla pokazów koni arabskich, wywołujących określoną odpowiedź behawioralną (np. kontrolowane straszenie, aplauz, głośna muzyka, światła itd.). Te czynniki mogą wpływać na sposób poruszania się koni podczas pokazu, niezależnie od ich budowy anatomicznej.

Analizując zależności między poszczególnymi kategoriami oceny odnotowano zauważalne różnice między wartościami współczynników korelacji między ocenami cząstkowymi a typem oraz łączną oceną dla poszczególnych klas płéć-wiek. Większość korelacji była najsilniejsza w przypadku koni starszych, u których ustabilizowane są proporcje między poszczególnymi obszarami ciała (Anderson i McIlwraith, 2004). Może to sugerować, że oceniając konie starsze, sędziowie kierują się w większym stopniu ogólnym wrażeniem niż poszczególnymi pojedynczymi cechami. Wyniki te są zgodne z badaniami Suontamy i in. (2009), którzy wykazali, że wiek osobników jest istotnym czynnikiem przy subiektywnej ocenie pokroju koni fińskich.

Odwrotne od spodziewanych wyniki otrzymano przez porównanie ocen przyznawanych koniom dwu- i trzyletnim, rywalizującym w jednej klasie. W środowisku hodowlanym panuje przekonanie, że w wieku trzech lat większość koni wygląda niekorzystnie, dlatego niektórzy właściciele rezygnują z wystawiania na pokazie koni trzyletnich. Tymczasem wyniki wskazują, że konie trzyletnie w stosunku do dwuletnich otrzymywały lepsze oceny w najważniejszych kategoriach, to jest za typ oraz głowę i szyję. Uzyskiwały również wyższą ocenę łączną, a więc statystycznie mają większą szansę wygrać pokaz lub czempionat koni młodszych niż konie dwuletnie. Aby w pełni potwierdzić tę tezę, należałoby porównać wiek medalistów pokazu, to jest sprawdzić, jaki odsetek koni nagrodzonych medalami stanowią konie dwuletnie, a jaki trzyletnie oraz jaki jest współczynnik powodzenia (liczba medalistów w stosunku do liczby koni startujących) w obu grupach wiekowych.

Różnice w ocenach między maściami były nieznaczne, choć w wielu przypadkach istotne statystycznie. Na przykład, konie gniade otrzymywały statystycznie wyższe oceny za kłode w porównaniu do wszystkich innych maści (0,08 punktu więcej niż konie siwe; 0,10 więcej niż konie kasztanowate i 0,29 więcej niż konie kare). Konie kare, które stanowiły jedynie 1,4%

próby (por. Aneks), otrzymywały niższe oceny we wszystkich kategoriach. Nie musi to jednak wskazywać na istnienie negatywnej korelacji genetycznej, a raczej na inne priorytety i preferencje w pracy hodowlanej. Uzyskanie dość rzadkiego genotypu $ggeeC^+$, warunkującego maść karą, zazwyczaj wymaga od hodowców przyjęcia bardziej tolerancyjnych kryteriów selekcyjnych pod względem cech związanych z pokrojem. Konie kasztanowate otrzymywały średnio niższą ocenę za typ niż konie gniade i siwe (odpowiednio o 0,13 i 0,16 punktu mniej). Może to świadczyć o preferencjach sędziów (oraz zważywszy na frekwencje fenotypów, o preferencjach hodowców) wobec maści warunkowanych allelami dominującymi, maści siwej i gniadej.

Zarówno kraj hodowcy, jak i pochodzenia właściciela miał istotny wpływ na średnie oceny, przyznawane w poszczególnych kategoriach. Fundamentalnym pytaniem jest, czy jest to rzeczywiście odzwierciedleniem wyższej czy niższej jakości fenotypowej koni w poszczególnych krajach, czy też, sugerowanego czasem w środowisku hodowlanym, braku pełnego obiektywizmu sędziów.

Odnotowano pewne różnice między sędziami o różnym doświadczeniu (lista krajowa ECAHO, lista B, lista A). Najbardziej widocznym aspektem analizy ocen różnych grup sędziów była jednak znacząco wyższa zmienność ocen przyznawanych przez sędziów z krajów niezrzeszonych w ECAHO (np. Stany Zjednoczone Ameryki, Australia, Brazylia). Jest to ciekawy wynik, mogący świadczyć o tym, że sędziowie ci są mniej zachowawczy w przyznawanych ocenach, a zatem ich oceny mogą w większym stopniu odzwierciedlać rzeczywistą wartość fenotypową, bądź też ich szkolenie odbiega od szkolenia sędziów z krajów członkowskich ECAHO.

Odziedziczalność oszacowana na podstawie prostego modelu regresji rodzic–potomek wskazuje na istnienie efektu genetycznego przy ocenach na pokazach. Należy jednak zaznaczyć, że tego typu estymacja odziedziczalności cechuje się bardzo niską dokładnością. Dokładniejsze oszacowanie wymagałoby zastosowania bardziej zaawansowanych modeli statystycznych i uwzględnienia większej liczby danych rodowodowych.

Modele predykcyjne zbudowane na podstawie informacji katalogowych osiągnęły dopasowanie znacznie lepsze niż przypuszczano. Świadczy to o tym, że z dużym prawdopodobieństwem i dokładnością można przewidzieć ocenę konia na pokazie nawet bez jego oglądania, jedynie na podstawie maści, wieku, prostych informacji rodowodowych oraz

danych o hodowcy, właścicielu i sędziach. Należy jednak pamiętać, że modele predykcyjne dotyczyły najlepszych osobników w populacji, uczestniczących w czempionatach świata.

Fakt, że model Random Forest osiągnął zdecydowanie lepsze dopasowanie niż modele typu Gradient Boosting, może świadczyć o istnieniu złożonych interakcji między uwzględnianymi czynnikami (Denisko i Hoffman, 2018; Li i in., 2021). Wykorzystanie modeli uczenia głębokiego z użyciem wielowarstwowych perceptronów, takich jak rekurencyjne sieci neuronowe (RNNs) (Salehinejad i in., 2017) mogłoby jeszcze bardziej poprawić dokładność predykcji modelu. W kontekście wykazanej małej zmienności ocen, warto rozważyć zbudowanie modelu przewidującego wyniki konia na podstawie jego poprzednich występów. Taki model mógłby być użytecznym narzędziem dla hodowców i właścicieli w planowaniu strategii zgłaszania koni na pokazy.

Analiza wag poszczególnych predyktorów wykazała dominujący wpływ osoby sędziego i kraju jego afiliacji. Bardziej informatywny niż czynnik samego osobnika był także rok pokazu, co wskazuje na to, że oceny różniły się znacząco w poszczególnych latach. Ta obserwacja wymaga dalszej analizy w celu zrozumienia przyczyn takich zmian. Zaskakujące były też czynniki wnoszące najmniej informacji do modelu: płeć oraz osoba prezentera. Może to wskazywać na to, że te czynniki mają minimalny wpływ na ocenę końcową lub że ich wpływ jest już uwzględniony w innych, silniej działających czynnikach (np. płeć jest uwzględniona w nazwie konia).

Podczas analizy różnych aspektów ocen na pokazach, od korelacji między ocenami cząstkowymi, przez wpływ poszczególnych czynników na wynik, po estymację efektów genetycznych i złożone modele klasyfikacyjne, powtarza się jeden motyw: istotność i silne powiązanie ocen za typ oraz głowę i szyję, oraz losowość ocen za nogi. Wskazuje to na kierunki selekcyjne w rasie, gdzie nacisk kładziony jest na cechy głowy i szyi, które są charakterystyczne dla koni arabskich. Z drugiej strony, losowość ocen za nogi oraz ich słaba korelacja z innymi cechami sugeruje, że ta kategoria jest oceniana mniej precyzyjnie lub że sędziowie przywiązują do niej mniejszą wagę. Może to budzić wątpliwości co do dokładności ocen w obecnym systemie i zasadności jego istnienia w takiej formie.

Podsumowując, wyniki przeprowadzonych badań wskazują, że podczas ocen na pokazach sędziowie kierują się przede wszystkim morfologią głowy i szyi, które są ściśle związane z oceną za typ. Jest to zgodne z tradycyjnym postrzeganiem koni arabskich, gdzie głowa o charakterystycznych cechach jest jednym z najbardziej rozpoznawalnych elementów pokroju

rasy. Jednakże ograniczony zakres wykorzystania dostępnej skali ocen oraz losowość w ocenianiu niektórych kategorii, takich jak nogi czy brak korelacji między oceną za nogi a oceną za ruch sugerują potrzebę przemyślenia i ewentualnej reformy systemu ocen. Dokładniejsze zdefiniowanie kryteriów oceny oraz wprowadzenie precyzyjnych metod fenotypowania mogłoby przyczynić się do zwiększenia obiektywizmu i dokładności ocen. Przyszłe badania powinny uwzględnić szerszą próbę koni, w tym te mniej utytułowane, oceniane na innych pokazach niż Czempionat Świata, aby sprawdzić, jaki jest wpływ różnych czynników stałych i środowiskowych na wyniki ocen. Może to pomóc w lepszym zrozumieniu procesu i czynników wpływających na wyniki punktowania koni i w konsekwencji wprowadzeniu zmian sprzyjających rozwojowi rasy.

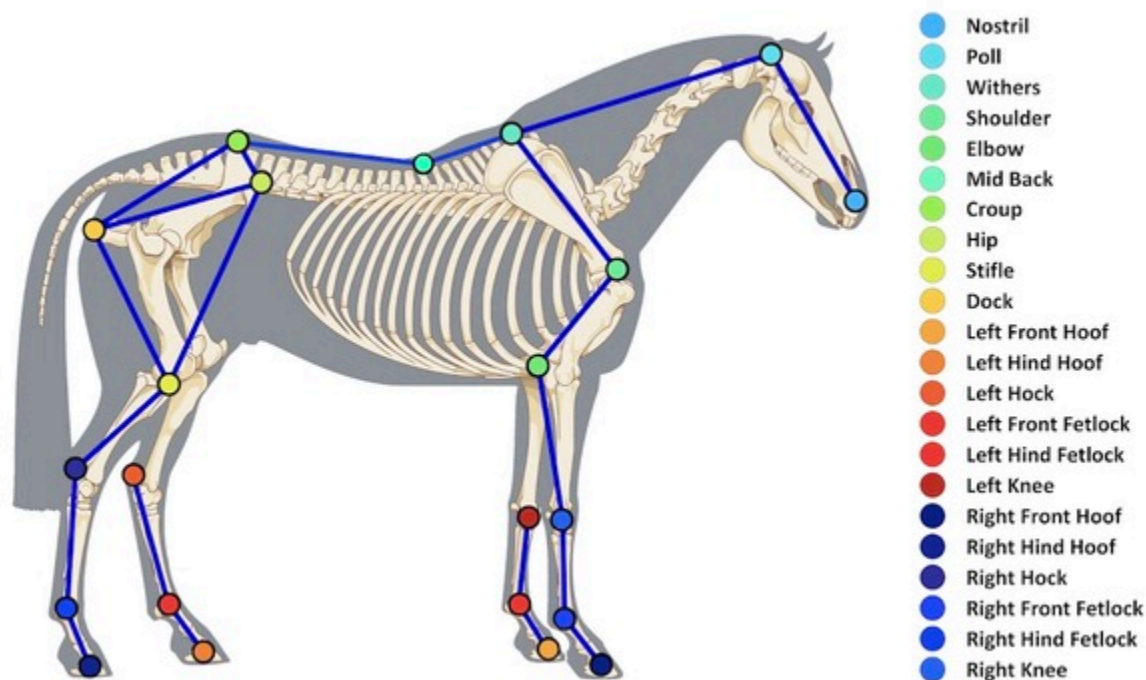
System fenotypowania ruchu i pokroju z użyciem głębokiego uczenia

Material i metody

Materiałem wykorzystanym do badań były komercyjne filmy z pokazów koni arabskich afiliowanych przez ECAHO w latach 2014–2023. Filmy miały rozdzielczość 720 pikseli i nagrane zostały przy częstotliwości 24,56–25,12 klatek/s. Każdy z filmów został ręcznie przycięty tak, aby obejmował jedynie fragment, w którym koń porusza się klusem po linii prostej. Przycięte fragmenty miały długość od 1,73 do 7,24 sekundy, co odpowiadało zakresowi od 33 do 181 klatek. W razie potrzeby przycięte fragmenty zostały dodatkowo odwrócone wzdłuż osi y tak, aby koń poruszał się od lewej do prawej strony. Każdy film został opisany jednoznacznym identyfikatorem konia, którego dotyczył. Po walidacji materiału utworzono bazę nagrań 196 filmów przedstawiających ruch unikalnych osobników. Podczas wyboru koni do filmów „treningowych” zwrócono uwagę na to, by były one zróżnicowane pod względem maści, a także tła, na którym były one prezentowane i nagrane podczas pokazu.

Przygotowanie zbioru treningowego, trening i walidacja modelu

Plik konfiguracyjny modelu został przygotowany według protokołu opisanego przez Mathisa i in. (2018). Do znakowania przygotowano 22 punkty morfometryczne odpowiadające przede wszystkim położeniu kluczowych stawów (Ryc. 47).



Ryc. 47: Położenie 22 punktów morfometrycznych uwzględnianych w trenowanym modelu. Wyjaśnienie anatomicznego położenia każdego z punktów zamieszczono w Aneksie. Opracowanie własne.

Po opracowaniu pliku konfiguracyjnego i utworzeniu projektu w programie DeepLabCut, wykorzystano funkcję 'extract_frames' do wyekstrahowania reprezentatywnych klatek do ręcznego oznakowania. Do wyekstrahowania klatek użyto algorytmu 'uniform', który losuje klatki w równych odstępach czasowych bez względu na unikatowość przedstawianej na nich informacji. Z każdego wideo wyekstrahowano ok. 20 klatek. Ostateczny zbiór klatek do oznakowania liczył 2047 klatek.

Do oznakowania klatek do zbioru treningowego wykorzystano rozszerzenie napari (github.com/DeepLabCut/napari-deeplabcut). Na każdą z klatek naniesiono ręcznie 22 punkty morfometryczne pokazane na Ryc. 47. Dodatkowo, w celu poprawienia dokładności uczenia się modelu, oznakowano cztery punkty na nogach prezentera. Ekstrakcję klatek i ręczne oznaczenia dokonano w systemie MacOS Sonoma 14.1, przy użyciu karty graficznej Intel Iris Plus 645 1536 MB i 16 GB pamięci RAM.

Po naniesieniu punktów morfometrycznych na wszystkich klatkach w zbiorze przystąpiono do ustalenia parametrów treningowych głębokiej sieci neuronowej. W tym celu oszacowano dokładność możliwych kombinacji wstępnie wyszkolonych konwolucyjnych sieci neuronowych oraz augmenterów. Do treningu wykorzystano architekturę konwolucyjnej nawracającej sieci neuronowej 'ResNet' z 48 warstwami ukrytymi. Zbiór oznaczonych klatek podzielono na zbiór treningowy (95%) i zbiór testowy (walidacyjny) (5%). Maksymalną liczbę iteracji ustalono na 1 milion. Trening sieci przeprowadzono w klastrze obliczeniowym superkomputera HiPerGator 3.0 (University of Florida Research Computing), z użyciem wysokowydajnego GPU NVIDIA Ampere A100. Ewaluację wytrenowanego modelu wykonano porównując błąd estymacji pozycji punktów anatomicznych w zbiorze treningowym i w zbiorze testowym co 10 tysięcy iteracji.

Analiza nowych filmów, powiększenie zbioru danych do analiz i zebranie metadanych

Wykorzystując wytrenowany model, przeanalizowano kolejne 328 filmów. Ponieważ jednym z celów prowadzonych badań była estymacja współczynnika odziedziczalności, konie prezentowane na wybranych filmach zostały wybrane według rodowodów, tak, aby tworzyły możliwie liczne grupy ojcowskie i mateczne. Ostateczny zbiór treningowy liczył 520 filmów przedstawiających pojedyncze osobniki pochodzące po 159 ojcach i od 468 matek. Dodatkowo, dla każdego osobnika zebrano dane o płci, roku urodzenia i wieku (w miesiącach) w momencie prezentacji na konkretnym filmie.

Oczyszczanie i filtrowanie współrzędnych

„Surowe” współrzędne przestrzenne uzyskane z analizy wideo za pomocą wytrenowanego modelu poddano trzystopniowemu oczyszczeniu.

Pierwszym etapem oczyszczania było odwrócenie wartości współrzędnych na osi y. W większości komputerowych modeli przetwarzania obrazu, wartości współrzędnych osi y, w przeciwieństwie do konwencji matematycznej, rosną od góry do dołu, tak, że miejsce punktu dla $x = 0$ ma maksymalną wartość y. Taka konwencja nie wpływa wprawdzie na wartości obliczanych odległości euklidesowych lub wartości kątowych estymowanych przy użyciu prawa cosinusów, ale nie jest intuicyjna przy graficznej wizualizacji zmiany położenia punktów anatomicznych.

Drugim etapem było usunięcie z plików wyjściowych rzędów (klatek) wyłącznie z wartościami „zero”. Ten krok wymuszony był przez błąd w kodzie źródłowym pakietu DeepLabCut, który sporadycznie, w danym momencie obliczeń, przestaje analizować wprowadzone do programu ramki.

Trzecim i ostatnim krokiem było usunięcie z plików wyjściowych nieistotnych dla dalszych obliczeń punktów anatomicznych, tj. czterech punktów na nogach prezentera.

Walidacja dokładności i filtrowanie danych wyjściowych

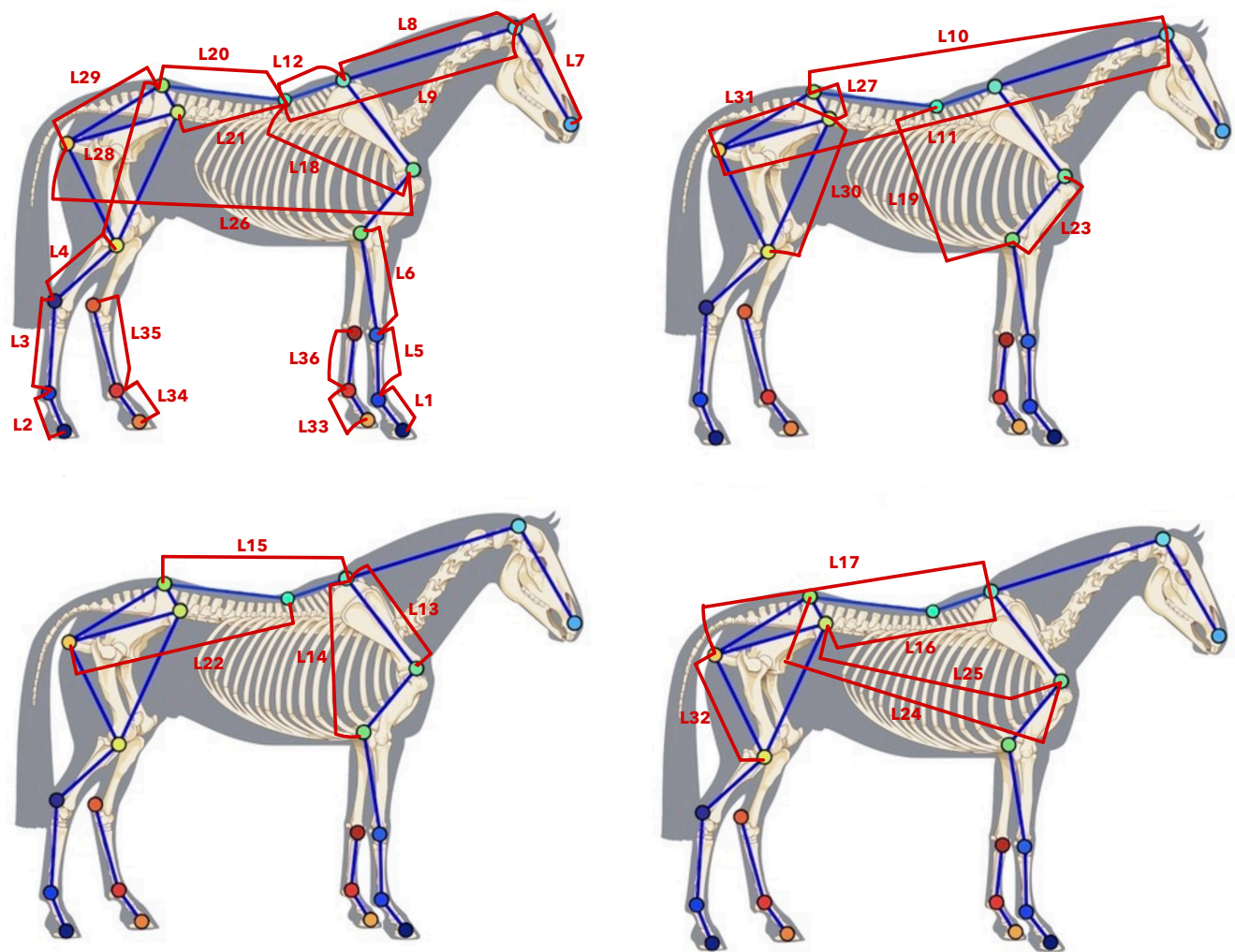
Po oczyszczeniu danych, współrzędne poddano analizie wstępnej, w celu eliminacji obserwacji o niskim prawdopodobieństwie (szacowanym przez sieć neuronową), a także obserwacji „fałszywie pozytywnych” (współrzędnych o estymowanym wysokim prawdopodobieństwie, ale w rzeczywistości nieprawidłowo umieszczonych). W tym celu opracowano dwa filtry: prawdopodobieństwa oraz dla obserwacji fałszywie pozytywnych, zmian w położeniu współrzędnych konkretnego punktu między sąsiadującymi klatkami, wyrażonych w wartościach odległości euklidesowych. Po zastosowaniu każdego z wymienionych filtrów – najpierw prawdopodobieństwa, a następnie odległości euklidesowych, przeprowadzono interpolację liniową w celu uzupełnienia brakujących danych. W końcowej fazie czyszczenia danych oceniono procent brakujących klatek po zastosowaniu filtrów i interpolacji. Jako że maksymalny procent utraconych klatek nie przekraczał 12,5%, zdecydowano o pozostawieniu w zbiorze danych wszystkich analizowanych filmów. Dokładny opis protokołu filtrowania i oczyszczania danych przedstawiono w Aneksie.

Szacowanie długości poszczególnych partii ciała na podstawie odległości euklidesowych

W celu zbadania cech morfometrycznych definiujących proporcje ciała, obliczono odległości między odpowiednimi punktami anatomicznymi. Punkty morfometryczne zostały zidentyfikowane za pomocą nagłówków i odpowiadających im typów współrzędnych. Za prawidłowe dane wejściowe uznawane były tylko pełne pary współrzędnych x i y, co zapobiegło potencjalnym nieprawidłowościom podczas obliczeń. Dla każdej pary punktów orientacyjnych obliczono odległość euklidesową między ich współrzędnymi dla każdej klatki według standardowego wzoru dla dwóch punktów p, q w dwuwymiarowym układzie kartezjańskim:

$$d(p, q) = \sqrt{(p_1 - q_1)^2 + (p_2 - q_2)^2}$$

Metoda ta, z użyciem przetwarzania wsadowego, zapewniła pełny zestaw danych dotyczącymi odległości między punktami morfometrycznymi we wszystkich klatkach. Trzydzieści sześć długości uwzględnianych w analizie przedstawiono na Ryc. 48.

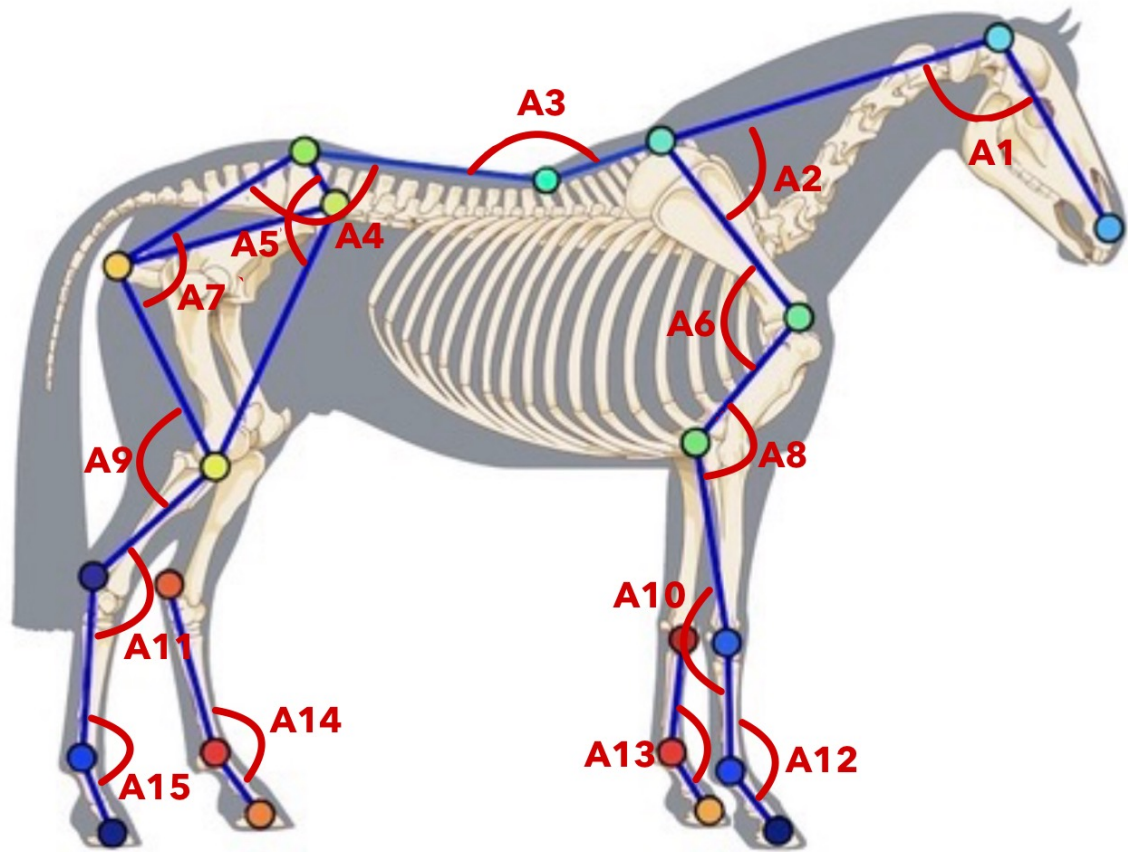


Ryc. 48: Odległości między punktami morfometrycznymi i ich symboliczne oznaczenia (L1–L36). Opracowanie własne.

Ze względu na brak wiarygodnych informacji na temat wymiarów osobników w jednostkach skalowalnych, przeprowadzono skalowanie długości poszczególnych odcinków zgodnie z powszechnie przyjętą w badaniach zoometrycznych metodą, za punkt odniesienia uznając długość kości ramiennej (Auerbach i Sylvester, 2011; Christiansen, 1999). Długość ta została zdefiniowana jako odległość euklidesowa między punktami “shoulder” i “elbow” (L23). Przypisano jej wartość „1”, a wszystkie pozostałe wymiary ujęto następnie jako relacje do tej długości. Po skalowaniu i usunięciu wartości odstających według reguły 1,5 rozstępu międzykwartylowego (IQR) (Vinutha i in., 2018) dla każdego pomiaru obliczono średnią, medianę, maksymalną i minimalną wartość w próbie. W celu wykrycia istotnych różnic między płciami przeprowadzono test t dla dwóch grup niezależnych.

Szacowanie wartości kątów w stawach na podstawie prawa cosinusów

Skątowanie w stawach – jego zakres i zmiany podczas kolejnych faz ruchu – zostało obliczone przy użyciu trzech punktów morfometrycznych: odpowiadającemu danemu stawowi oraz dwóch sąsiadujących. Współrzędne tych punktów zostały przekształcone na dwa wektory reprezentujące odcinki między punktami, według logiki użytej przy obliczaniu odległości euklidesowych. Cosinus kąta między tymi wektorami został obliczony przy użyciu iloczynu kropkowego i wielkości wektorów. Uzyskana wartość kąta w radianach została następnie przekonwertowana na stopnie. Dokonano korekt w oparciu o pionowe położenie punktów orientacyjnych w celu uwzględnienia orientacji anatomicznej. Na przykład podczas analizy pozycji szyi (kąty potylicy–kłęb–ramię), jeżeli punkt odpowiadający potylicy znajdował się poniżej drugiego punktu, kąt został dostosowany tak, aby reprezentował pełny obrót o 360 stopni. Podobne korekty zostały wprowadzone dla punktów orientacyjnych grzbietu i stawu nadgarstkowego w oparciu o ich specyficzny kontekst anatomiczny. W sumie obliczono wartości dla 15 stawów (Ryc. 49).



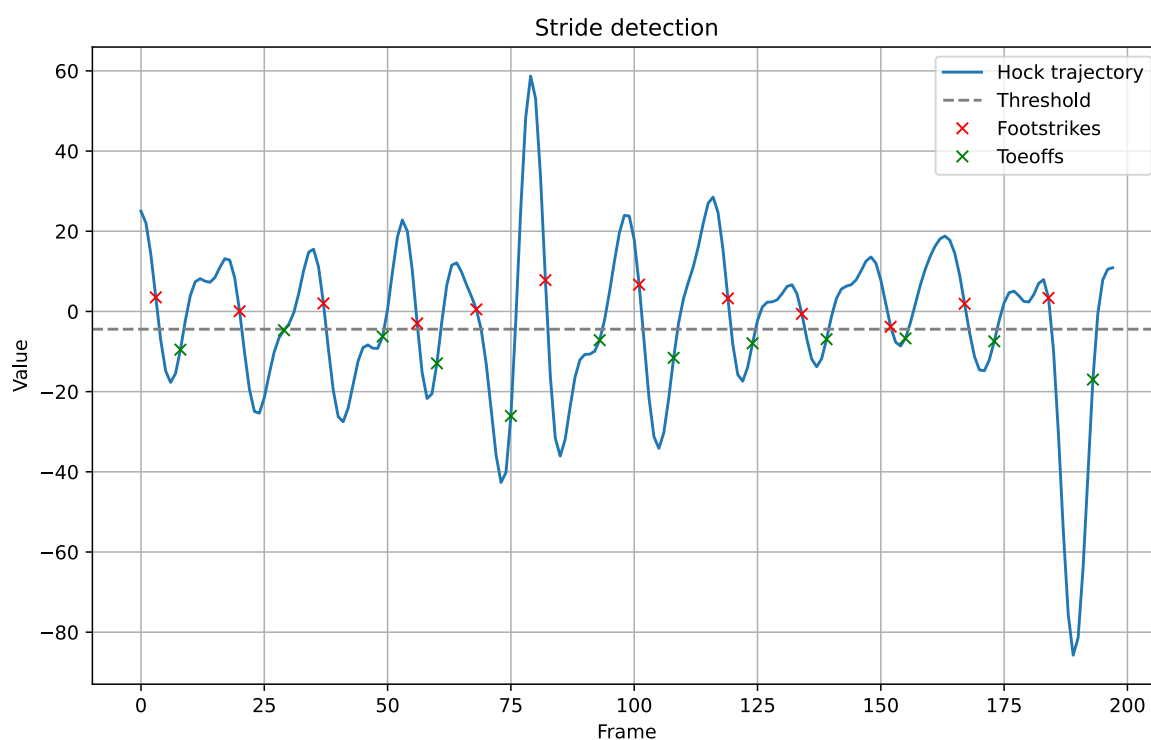
Ryc. 49: Kąty między stawami uwzględniane w badaniach, A1–A15. Dla strony oznaczonej łukiem przyjęto wartości kątów $< 180^\circ$. Opracowanie własne.

Wykrywanie faz ruchu i obliczanie parametrów kinematycznych

Dla każdego filmu obliczono dwa parametry kinematyczne: długość trwania jednego cyklu ruchu (w sekundach) oraz współczynnik obciążenia (ang. *duty factor*, DF). Długość trwania jednego cyklu ruchu została zdefiniowana jako czas upływający między kolejnymi zdarzeniami kontaktu prawej kończyny miednicznej z podłożem. Interwał ten najpierw obliczany był jako liczba klatek, a następnie na podstawie metadanych konwertowany na sekundy. Współczynnik obciążenia został zdefiniowany jako proporcja czasu kontaktu z podłożem do czasu trwania całego cyklu ruchu. Krokiem wstępnym do obliczania parametrów kinematycznych było opracowanie algorytmu automatycznego wykrywania faz ruchu: kontaktu z podłożem oraz fazy lotu.

Do wykrywania faz ruchu wykorzystano wcześniej przygotowane pliki z oczyszczonymi współrzędnymi położenia punktów. Za morfometryczny punkt odniesienia przyjęta została współrzędna x prawego stawu skokowego ('righthock'). W pierwszym kroku została ona przetworzona za pomocą filtra dolnoprzepustowego Butterwortha (Selesnick i Burrus, 1998),

z rzędem projektowym ustawionym na osiem i częstotliwością graniczną 0,05. Proces filtracji miał na celu usunięcie szumów o wysokiej częstotliwości, spowodowanych między innymi ewentualnymi niewykrytymi wcześniej błędami w oznaczeniach. Następnie obliczony został gradient przefiltrowanego sygnału, który posłużył jako podstawa do wykrywania wartości szczytowych, odpowiadających punktowi środkowemu każdego cyklu ruchu. W celu wykrycia fazy lotu i kontaktu z podłożem, próg został ustalony na poziomie 25% mediany wartości gradientu szczytowego. Momenty osiągnięcia kontaktu z podłożem zostały zidentyfikowane jako punkty, w których gradient spadł poniżej wyznaczonego progu, podczas gdy moment oderwania kończyny od ziemi zostały zdefiniowane jako moment, gdy gradient wzrasta powyżej tego progu (Ryc. 50).



Ryc. 50: Przykładowy wykres trajektorii ruchu stawu skokowego użytej do wykrywania poszczególnych faz ruchu. Footstrikes – uderzenie kopyta o podłoże, toeff – uniesienie kończyny w powietrze. Opracowanie własne.

Wyodrębnione cechy – długości cyklu ruchu i współczynniki obciążenia – zostały skompilowane i dołączone do ramki danych wyjściowych dla poszczególnych osobników. Przefiltrowane sygnały, wraz z wykrytymi wartościami szczytowymi, momentami kontaktu z podłożem i momentami oderwania kończyny od podłoża zostały wizualnie przedstawione na wykresach i zapisane w celu ręcznej walidacji dokładności metody, do której wybrano losowo 105 ($\approx 20\%$) filmów. Dla podstawowych parametrów ruchu – długości trwania cyklu czy współczynnika obciążenia – sporządzono następnie opis statystyczny.

Odziedziczalności zredukowanych komponentów

Szacowanie odziedziczalności poprzedziła analiza głównych składowych (PCA), mająca na celu redukcję wymiarów i pozbycie się ewentualnej współliniowości. Odziedziczalność została oszacowana dla każdego komponentu na podstawie współczynnika korelacji wewnątrzklasowej w grupach ojcowskich. Dla oszacowanych współczynników odziedziczalności obliczono przedziały ufności na podstawie próbkowania bayesowskiego z 1000 replikatami (Schweiger i in., 2016). W celu uproszczenia analizy skupiono się na komponentach wyjaśniających powyżej 5% zmienności. Dla każdego z tych komponentów na podstawie wartości współczynnika obciążenia określono najważniejsze cechy.

Wyniki

Ewaluacja modelu

Ewaluacja wytrenowanej sieci na podstawie średniego błędu euklidesowego wykazała średni błąd w wysokości 7,8 piksela (= 0,601%) (Ryc. 51).



Ryc. 51: Punkty morfometryczne oznaczone manualnie (koła) i automatycznie przez model (plusy).

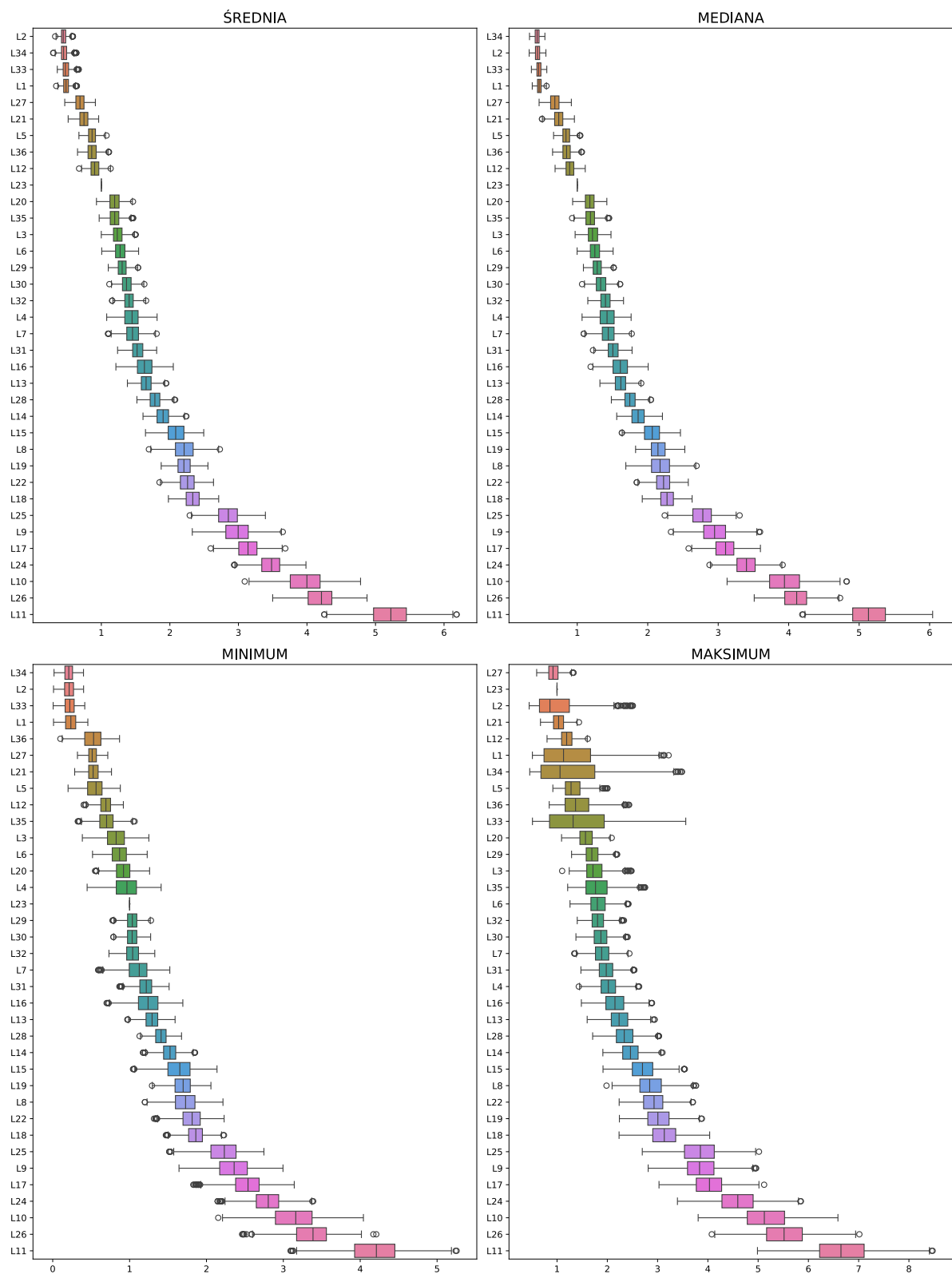
Długości euklidesowe

Rozkłady skalowanych średnich, median, minimalnych i maksymalnych wartości dla każdej długości przedstawiono na Ryc. 52. Analiza miar skupienia wykazała bardzo małą zmienność w zakresie długości pęcin (L1, L2, L33 i L34), które były najkrótszymi odcinkami ze wszystkich mierzonych. Krótsze od wartości referencyjnej – kości ramiennej (L23) były też:

kość miedniczna (L27), odcinek między dwunastym kręgiem piersiowym i pierwszym kręgiem lędźwiowym (L21), przednie nadpęcia (L5 i L36) oraz odcinek między najwyższym punktem kłębu i dwunastym kręgiem piersiowym. Zgodnie z przewidywaniami największe wartości (4–5 razy większe niż L23) osiągnęły całkowite długości ciała mierzone jako odległość od ramienia do kości krzyżowej (L26) oraz od stawu potylicznego do kości krzyżowej (L11)¹⁹.

Analiza minimalnych i maksymalnych długości badanych odcinków wykazała bardzo dużą zmienność maksymalnych długości pęcin (L1, L2, L33 i L34). Wszystkie, poza prawą miedniczną (L2), osiągały wartości większe niż L23. Najmniejsze rozproszenie wykazały długości kości miednicznej (L27): najmniejsza wartość z całego zbioru danych wyniosła 0,322, podczas gdy największa maksymalna wartość wyniosła 1,326 długości kości ramiennej. Średnia rozpiętość tej długości (mierzona jako różnica maksymalnej i minimalnej wartości dla danej obserwacji) wyniosła 0,394 długości kości ramiennej. Generalnie, kolejność długości uporządkowanych według wartości maksymalnych nie odpowiadała kolejności długości uporządkowanych według miar skupienia, co może wskazywać na asymetryczność rozkładów.

¹⁹ Długość od nozdrzy do kości krzyżowej nie była mierzona ze względu na zmienną pozycję głowy podczas ruchu.



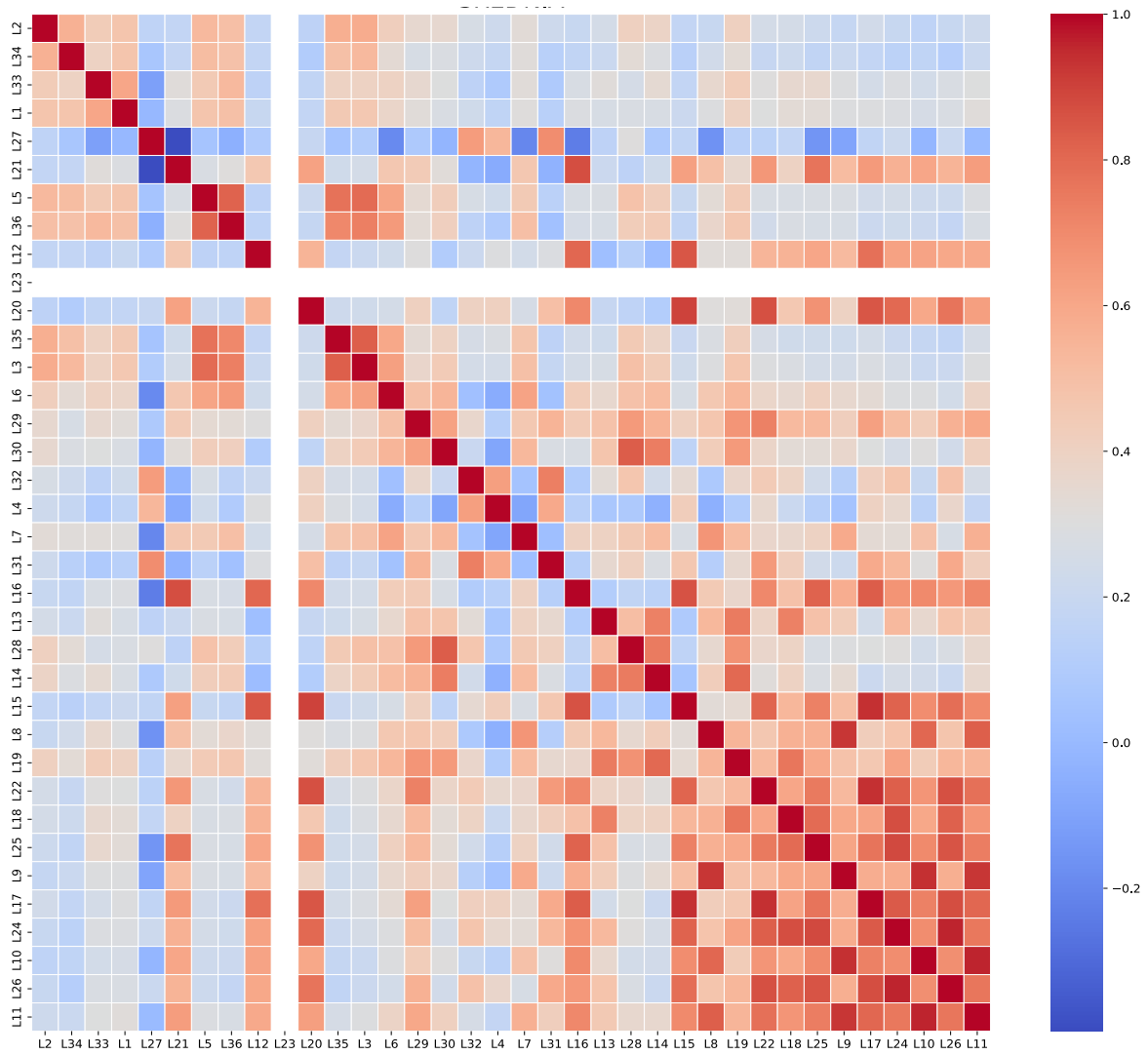
Ryc. 52: Rozkłady średnich, środkowych, minimalnych i maksymalnych wartości odległości między poszczególnymi punktami anatomicznymi zeskalowanymi do długości kości ramiennej (L23 = 1).

W całej próbie nie wykazano żadnych negatywnych korelacji między średnimi dla poszczególnych długości ($r_{\min} = 0,323$), a większość długości była ze sobą skorelowana umiarkowanie pozytywnie (Ryc. 53). Na uwagę zasługuje wspomniana już długość kości miednicznej (L27), która negatywnie (słabo) skorelowana była z odległością między dwunastym kręgiem piersiowym i pierwszym kręgiem lędźwiowym (L21), długością głowy (L7), długością szyi (L8) oraz odległością między kłębem i biodrem (L16).

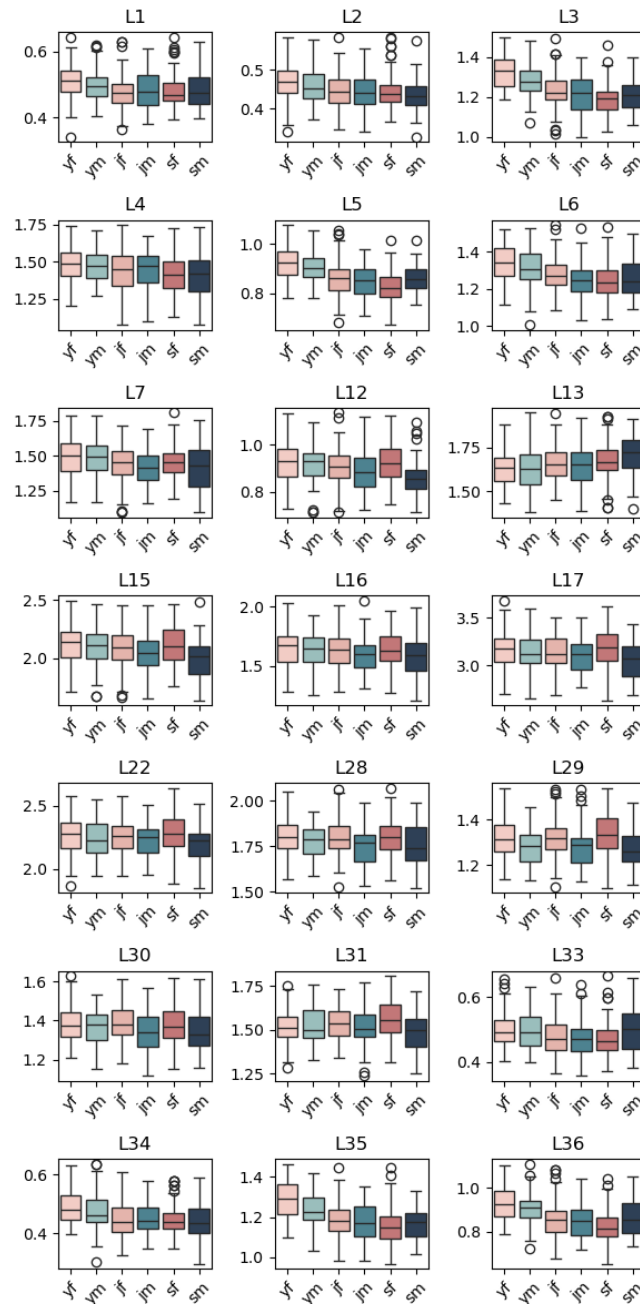
Długość szyi (L8) nie była skorelowana z długością kłody definiowanej jako odległość od kłębu do kości kulszowej (L15) i jedynie w stopniu umiarkowanym pozytywnie skorelowana z odległością między kłębem a kością krzyżową (L17). Była za to silnie ($r = 0,823$) skorelowana z długością między kłębem a 12. kręgiem piersiowym (L9), a więc dogłową częścią kręgosłupa.

Najsilniejsze pozytywne korelacje odnotowano między odległościami składającymi się na górną linię grzbietu: kłęb – 12. kręg piersiowy (L12), 12. kręgowy piersiowy – kość kulszowa (L20), kość kulszowa – kość krzyżowa (L29) oraz naturalnie, sumami tych długości (L17, L18, L15 i L11).

Istotne ($p < 0,05$) różnice między płciami wykazano dla większości średnich zeskalowanych długości w obrębie kłody, tj.: kłęb–dwunasty kręg piersiowy (L12), kłęb–staw łokciowy (L14), kłęb–guz kulszowy (L15), kłęb–guz biodrowy (L16), kręg T12–łokieć (L19), kręg T12–guz krzyżowy (L22), guz kulszowy–staw kolanowy (L28), guz kulszowy–guz krzyżowy (L29), guz biodrowy–staw kolanowy (L30) oraz guz biodrowy–guz krzyżowy (L31). We wszystkich wymienionych przypadkach u klaczy odnotowano istotnie wyższą średnią zeskalowaną do długości kości ramiennej (L23). Z kolei między grupami wiekowymi największe istotne różnice odnotowano między proporcjami odpowiednich odcinków kończyn. Konie roczne miały istotnie dłuższe pęciny (L1, L2, L33, L34), a także odcinki śródstopia (L3, L35), śródrezcza (L5 i L36) oraz przedramienia (L6) w stosunku do kości ramiennej niż konie starsze. Wraz z wiekiem wzrastała za to proporcjonalna długość łopatki (L13) i odcinka od kręgu T12 do ramienia (L18). Analiza z uwzględnieniem kombinacji tych dwóch czynników (czyli sześciu kategorii płć–wiek, według których konie są zazwyczaj oceniane na pokazach) potwierdziła te obserwacje (Ryc. 54). Na szczególną uwagę zasługują następujące wyniki: niezależne od wieku, dłuższe odcinki odpowiadające kości miednicznej u klaczy (L29) oraz niezależne od płci krótsze pęciny (L1, L2, L33, L34) oraz odcinki śródrezcza (L5 i 36) i śródstopia (L3, L35) u koni starszych.



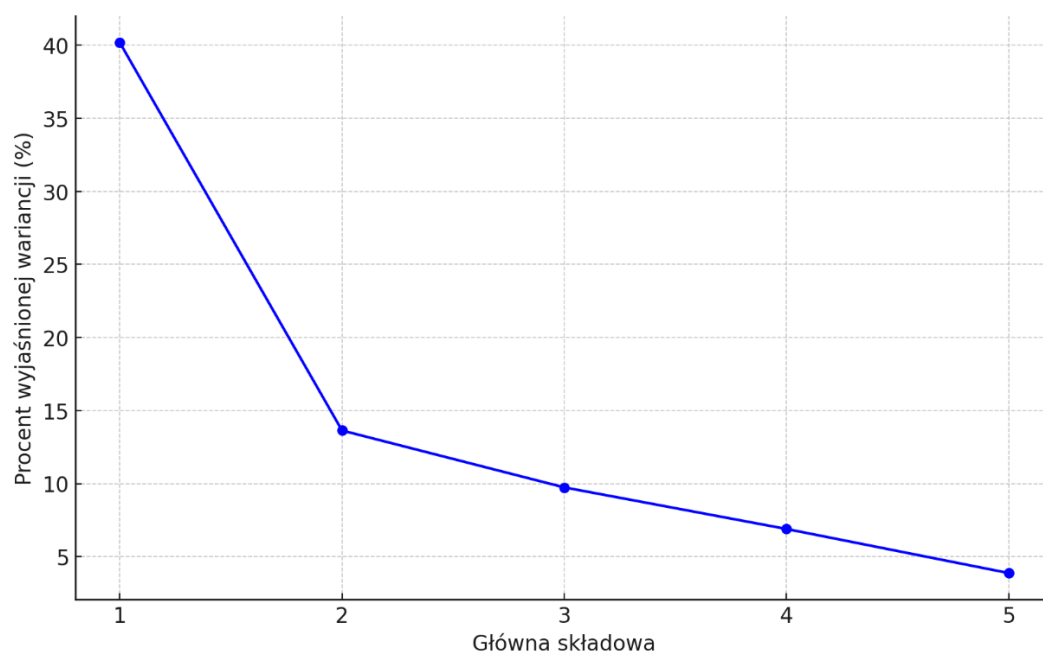
Ryc. 53: Macierz korelacji między średnimi wartościami analizowanych długości (uszeregowanymi według średnich wartości).



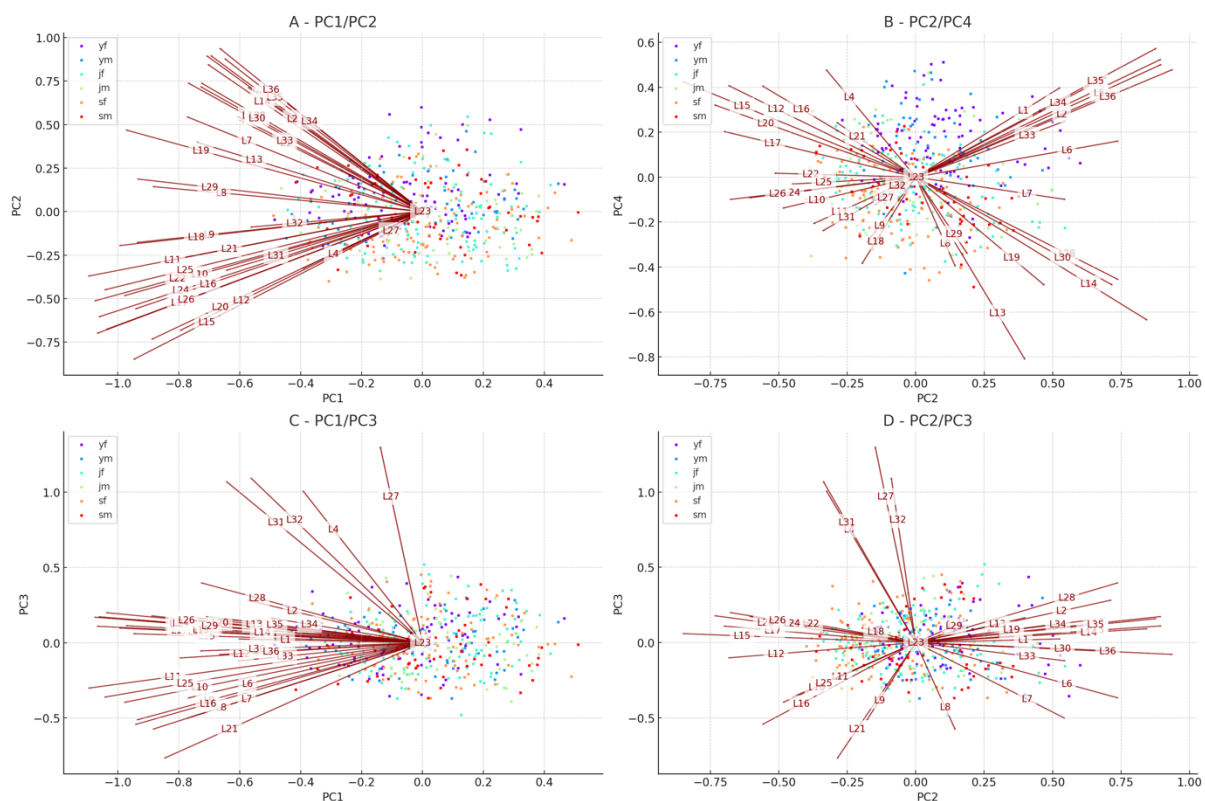
Ryc. 54: Rozkłady zmienności odcinków w zależności od kategorii wiek-płeć. Skróty: yf – klacze roczne, ym – ogierki roczne, jf – klacze młodsze, jm – ogierki młodsze, sf – klacze starsze, sm – ogierki starsze.

Pięć głównych składowych wyjaśniła 74,35% ogólnej zmienności w zakresie długości zeskalowanych do kości ramiennej (Ryc. 55). Na podstawie drugiej składowej (PC2) zbiór analizowanych zmiennych można podzielić na dwa zbiory (Ryc. 56 A, B). Pierwszy, o wartości $PC2 > 0$, to długość głowy (L7) i szyi (L8), długości poszczególnych kończyn wyjąwszy odcinek od stawu skokowego do stawu kolanowego (L4), wysokość kłody mierzona: od kłębu do stawu łopatkowo-ramiennego (L13) i stawu łokciowego (L14) oraz dwunastego kręgu piersiowego do stawu łokciowego (L19), oraz wysokość zadu od guza kulszowego do stawu

kolanowego (L28) i do guza krzyżowego (L29) oraz guza biodrowego do stawu kolanowego (L30). Drugi zbiór, o wartości $PC2 < 0$, to wszystkie pozostałe długości w obrębie kłody. Na podstawie $PC3$ można za to wydzielić podzbiór czterech pomiarów *zeugopodium* i *stylopodium* kończyny miednicznej (Ryc. 56 C, D): od stawu skokowego do stawu kolanowego (L4), od stawu kolanowego do guza krzyżowego (L32), od guza krzyżowego do guza biodrowego (L31) oraz od guza biodrowego do guza kulszowego (L27).



Ryc. 55: Procent wyjaśnionej wariancji przez kolejne główne składowe modelu.

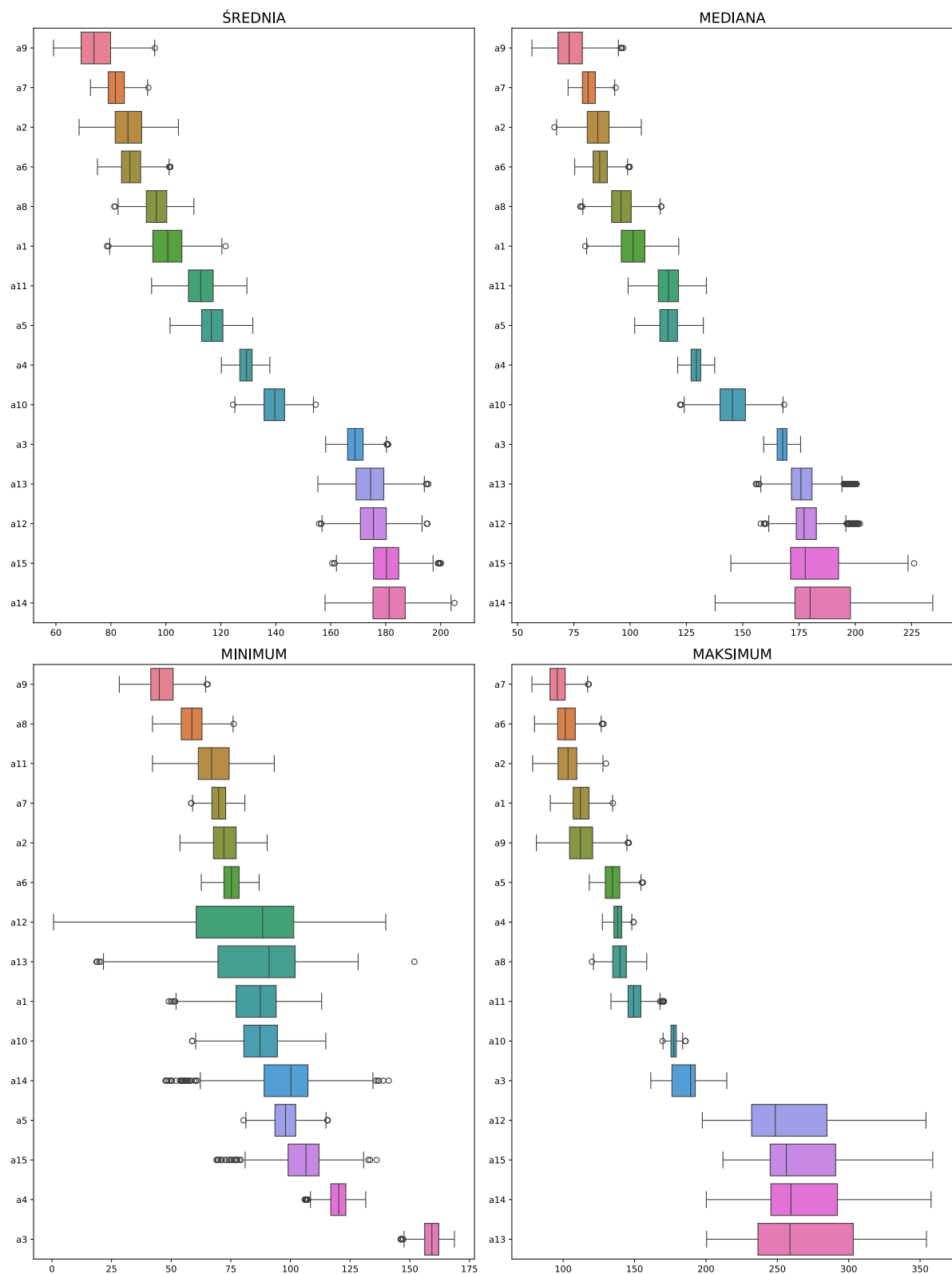


Ryc. 56: Wykresy głównych składowych długości. Wartość drugiego komponentu (PC2) dzieli zbiór na dwa główne podzbiory. Wartość komponentu PC3 pozwala wyróżnić cztery pomiary kończyny miednicznej.

Kąty w stawach

Rozkład średnich, środkowych, minimalnych i maksymalnych wartości analizowanych kątów przedstawiono na Ryc. 57. Najmniejsze wartości miar skupienia miały dwa stawy budowane przez kość udową: staw udowo-piszczelowy (A9) i staw biodrowo-udowy (A7), który osiągał także najmniejsze maksymalne wartości skątowania. Największe wartości zarówno miar skupienia, jak i maksymalne wartości kątów, osiągały naturalnie stawy pęcinowe (A12–A15). Przy wartościach minimalnych, które odzwierciedlają elastyczność stawu podczas lądowania, dało się zauważyć różnice między stawami pęcinowymi w kończynach ramiennych (A12 i A13) i kończynach miednicznych (A14 i A15). Wartości minimalne ujawniły również niedokładność modelu – mimo usunięcia wartości odstających, dla niektórych obserwacji przypisano wartości nieprawdopodobne anatomicznie, zbliżone do zera.

Warte omówienia są wartości kąta między kłębem, dwunastym kręgiem piersiowym i guzem krzyżowym, obrazującym linię grzbietu (A3). Według wskazówek ECAHO powinna być ona zbliżona do linii prostej, a więc do kąta 180° . Wartości średnie i środkowe oscylują wobec tej wartości. Minimalne wartości (dla sześciu obserwacji) wyniosły 146° , natomiast maksymalne przekraczały 200° .

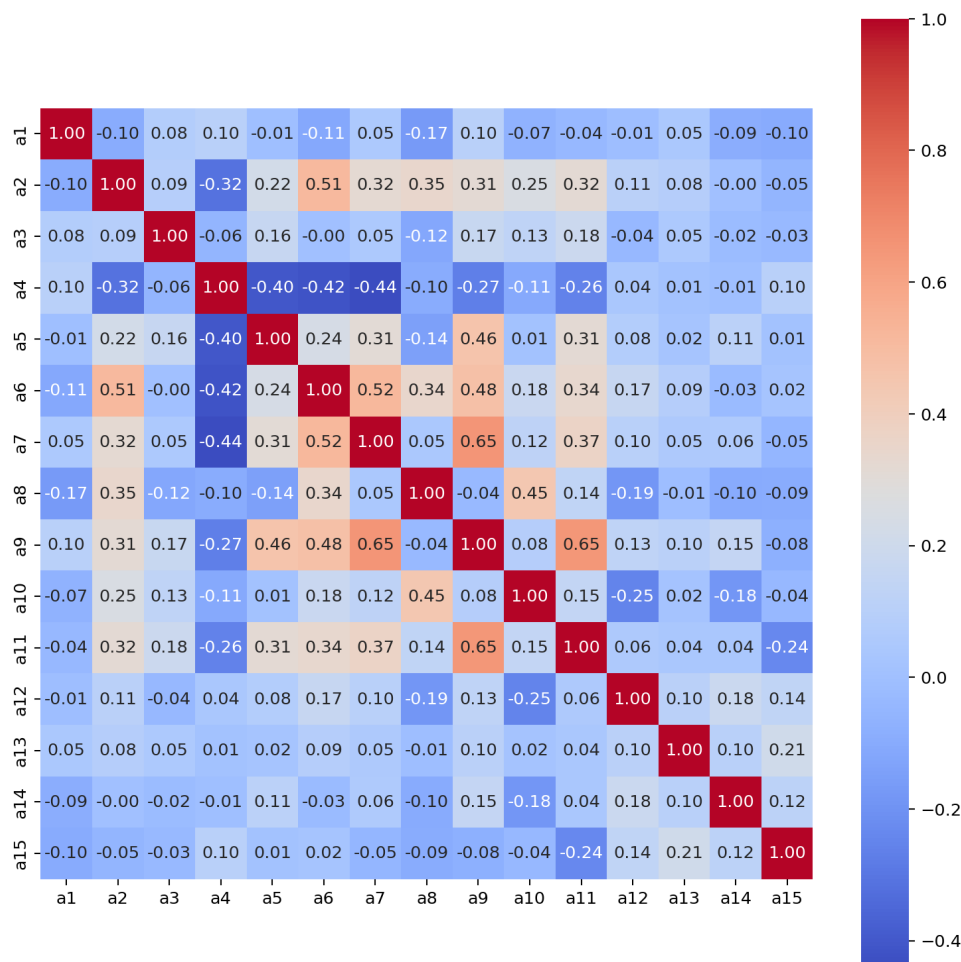


Ryc. 57: Rozkłady średnich, median oraz minimalnych i maksymalnych wartości analizowanych kątów.

Analiza korelacji (Ryc. 58) ujawniła ciekawe zależności dla stawów kończyny miednicznej. W przypadku skątowania stawu lędźwiowo-krzyżowego (A4) wszystkie istotne korelacje były negatywne, najsilniejszą, choć wciąż umiarkowanie słabą wartość uzyskano w przypadku sąsiedniego stawu krzyżowo-biodrowego (A5): $r = -0,40$ i sąsiadującego z A5 biodrowo-udowego (A7): $r = -0,44$. Co ciekawe, w taki sam sposób staw lędźwiowo-krzyżowy korelował ze stawem łopatkowo-ramiennym (A6): $r = -0,42$. Średnie wartości kątów we wspomnianych już stawach biodrowo-udowym (A7) i udowo-piszczelowym (A9) były ze sobą umiarkowanie silnie skorelowane ($r = 0,65$). Identyczną wartość współczynnika korelacji odnotowano między kątem w stawie udowo-piszczelowym i kolejnym z nim sąsiadującym, stawem skokowym (A11). Z kolei drugi staw z udziałem kości nadpęcia, staw pęciny (A15), był skorelowany negatywnie ze stawem skokowym ($r = -0,24$).

Analogicznie, w przypadku stawu ramiennie-łopatkowego (A6), poza wspomnianą już negatywną korelacją z kątem w stawie lędźwiowo-krzyżowym, dla pozostałych stawów kończyny miednicznej wykazano pozytywne korelacje: ze stawem biodrowo-udowym (A7) $r = 0,52$; ze stawem udowo-piszczelowym (A9) $r = 0,48$ i ze stawem skokowym $r = 0,34$. Poza tym umiarkowanie silne korelacje między kątem w stawie A6 wykazano dla skątowania osadzenia szyi (A2) i kąta w sąsiednim stawie łokciowym (A8).

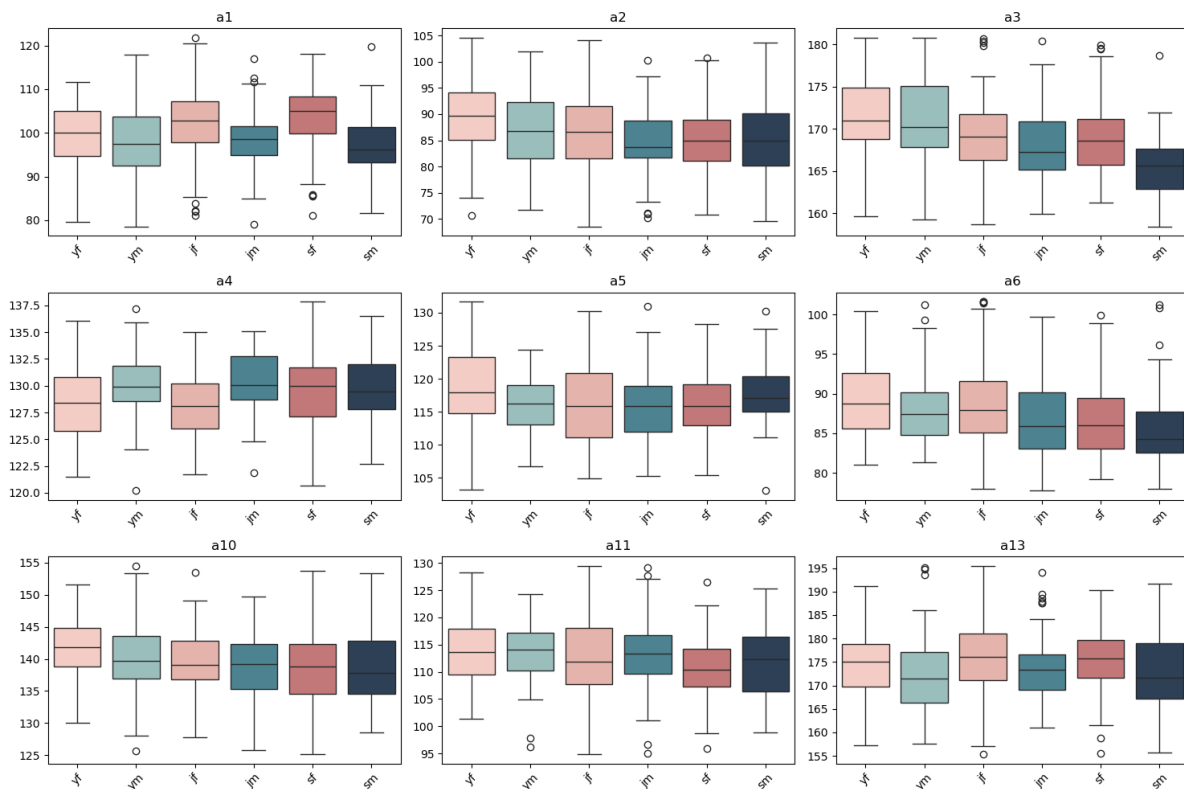
Natomiast nie odnotowano korelacji między średnimi wartościami kątów w stawach pęciny. Nieznacznie silniejsze od pozostałych korelacje odnotowano między parami diagonalnymi: prawą ramienną (A12) i lewą miedniczną (A14): $r = 0,18$ oraz lewą ramienną (A13) i prawą miedniczną (A15): $r = 0,21$. Dla kąta linii grzbietu nie odnotowano żadnej istotnej korelacji.



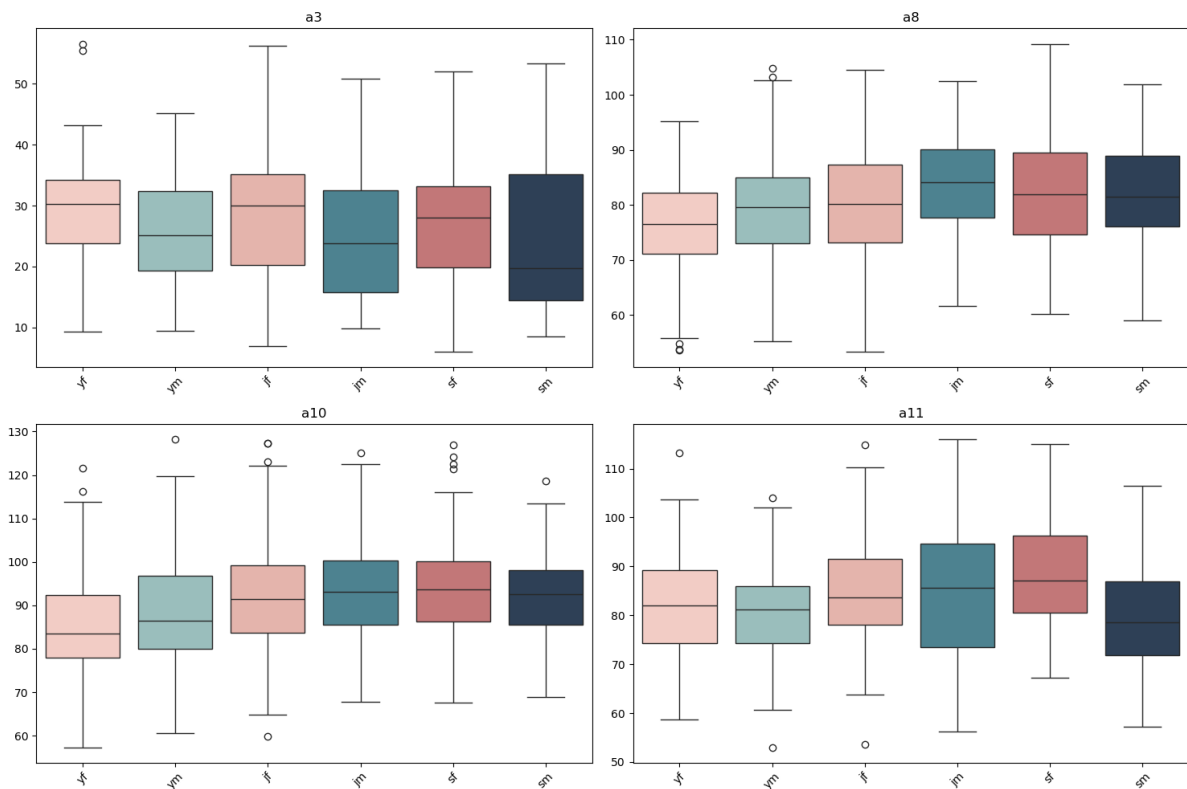
Ryc. 58: Macierz wartości korelacji między średnimi skątowaniami w poszczególnych stawach.

W przypadku średnich wartości, istotne różnice między płciami odnotowano w skątowaniu górnej linii grzbietu: w stawie potylicznym (A1), w kłębie (A2), linii kłody (A3), linii zadu (A4), a także stawach *stylopodium*: łopatkowo-ramiennym (A6) i krzyżowo-biodrowym (A7), oraz zaskakująco, w stawie pęciniowym lewej kończyny ramiennej (A13). Z kolei różnice w zakresie ruchu (różnicy między maksymalnym a minimalnym kątem) okazały się istotne w przypadku linii kłody (A3), stawów *zeugopodium*: łokciowego (A8) i kolanowego (A9), oraz stawu skokowego (A11). Między grupami wiekowymi dało się zauważyć wyraźny spadek średniej wartości kąta osadzenia szyi (A2) i linii kłody (A3) wraz z wiekiem, a także nieznaczne zmniejszenie skątowania stawu łopatkowo-ramiennego (A6), ramiennie-łokciowego (A8), nadgarstkowego (A10) i skokowego (A11). Jednocześnie nie odnotowano żadnych istotnych różnic między grupami wiekowymi, jeżeli chodzi o zakres ruchu w jakimkolwiek stawie. Analiza kombinacji czynników (klasy wiek-płeć) potwierdziła większą średnią wartość kąta w stawie potylicznym (A1) u kłaczy, spadek wartości skątowania linii grzbietu (A3) wraz z wiekiem, a także istotnie wyższy średni kąt w stawach lędźwiowo-krzyżowym (A4)

i krzyżowo-biodrowym (A5) u ogierów (Ryc. 59). W przypadku zakresu ruchu (określonego jako różnica między największą a najmniejszą wartością kąta) istotne różnice odnotowano w wypadku czterech kątów: klacze miały bardziej elastyczną linię kłody (A3); wraz z wiekiem wzrastał zakres ruchu w stawie łokciowym (A8), przy czym ogiery miały większy zakres ruchu w tym stawie niż klacze; konie roczne miały mniejszy zakres ruchu w stawie nadgarstkowym (A10); natomiast ogiery starsze cechowały się istotnie niższym zakresem ruchu w stawie skokowym (A11) (Ryc. 60).

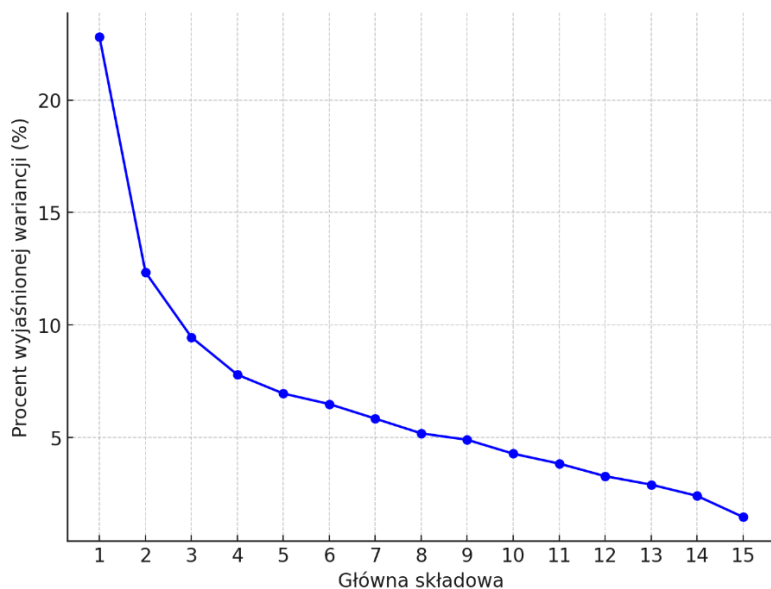


Ryc. 59: Rozkłady wartości w średnim skątowaniu poszczególnych stawów w zależności od klas wiek-płeć.



Ryc. 60: Stawy z zakresem ruchu, w których stwierdzono istotne różnice między grupami wiek–płeć.

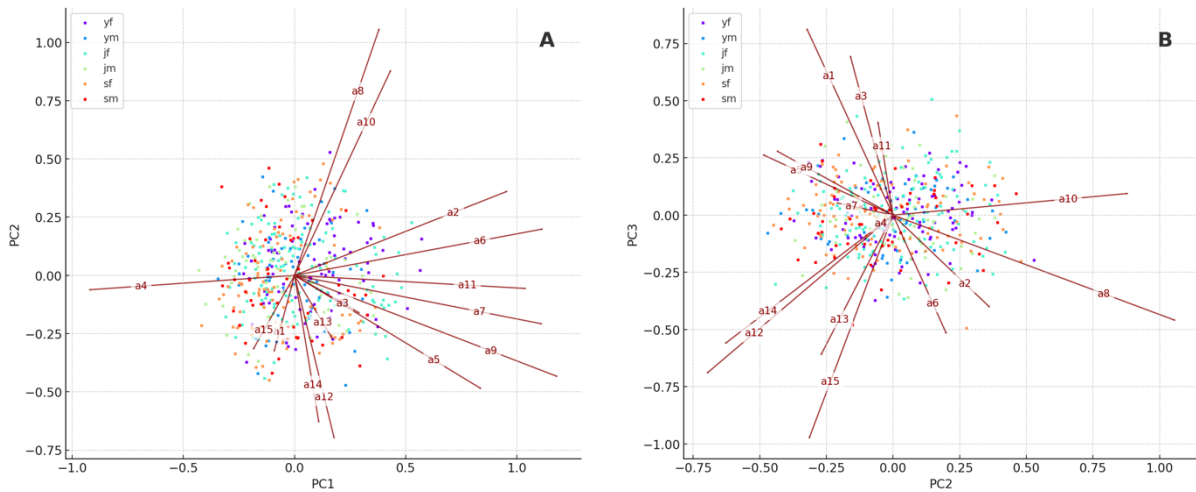
Analiza głównych składowych (PCA) zredukowała piętnaście średnich miar kątów w stawach do ośmiu komponentów wyjaśniających 80% wariacji (Ryc. 61).



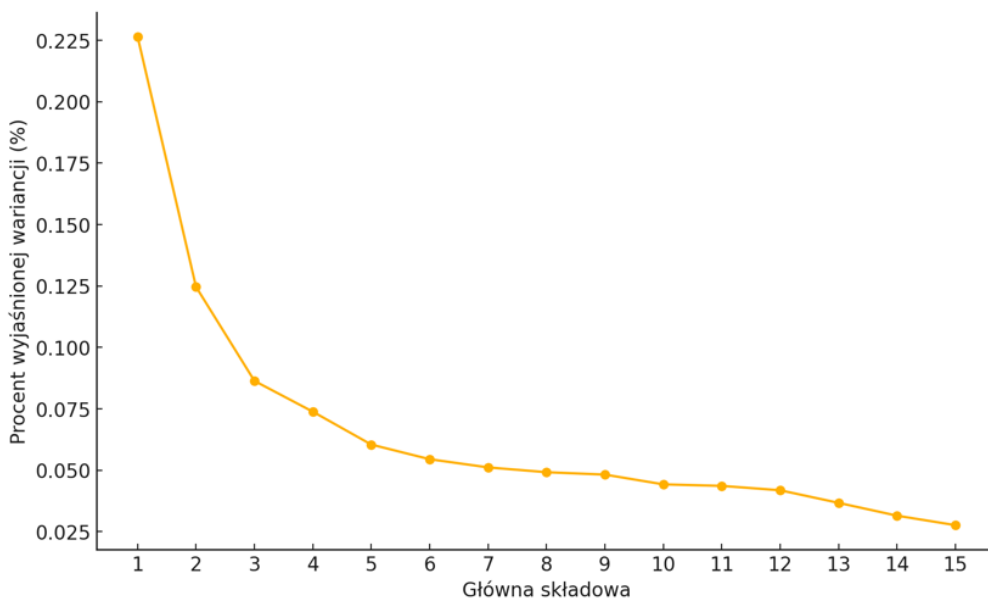
Ryc. 61: Procent wariacji wartości skątowania stawów wyjaśniony przez kolejne główne składowe PCA.

Na podstawie PC1 w relacji do PC2 średnią wartość kątów można podzielić na trzy klastry (Ryc. 62A): kończyna ramienna (A2, A6, A8 i A10), kończyna miedniczna (A5, A7, A9, A11)

oraz stawy pęcínowe razem ze stawem potylicznym (A1 oraz A12–A15). Natomiast negatywną wartość PC1 przy jednoczesnej wartości PC2 zbliżonej do zera miał kąt w stawie łędźwiowo-krzyżowym (A4). Z kolei zestawienie PC2 z PC3 (Ryc. 62B) podzieliło kąty na: klaster kończyny ramiennej (A2, A6, A8, A10), klaster kątów w stawach pęcínowych (A12–A15) oraz klaster kończyny miednicznej (A5, A7, A9, A11) razem z kątem w stawie potylicznym (A1) oraz skątowaniem górnej linii grzbietu (A3).



Ryc. 62: Zestawienie pierwszej i drugiej składowej (A) oraz drugiej i trzeciej składowej (B) w analizie PCA średniego skątowania stawów.

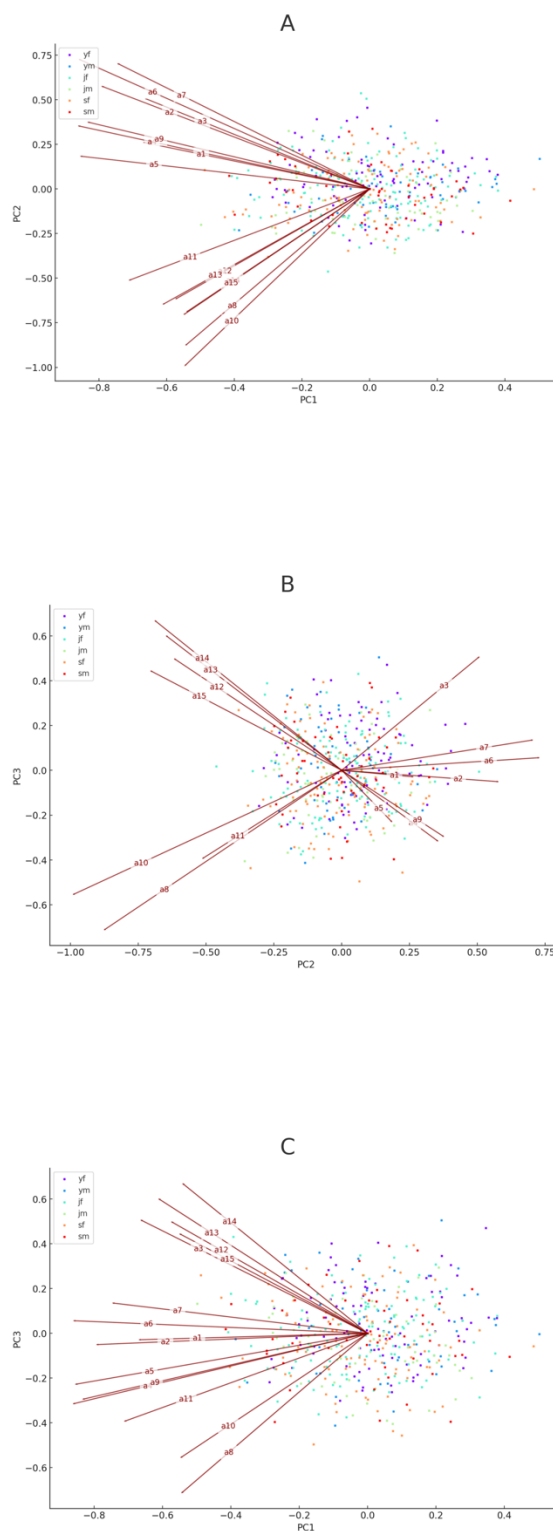


Ryc. 63: Wariancja zakresu ruchu w poszczególnych stawach wyjaśniana przez poszczególne główne składowe PCA.

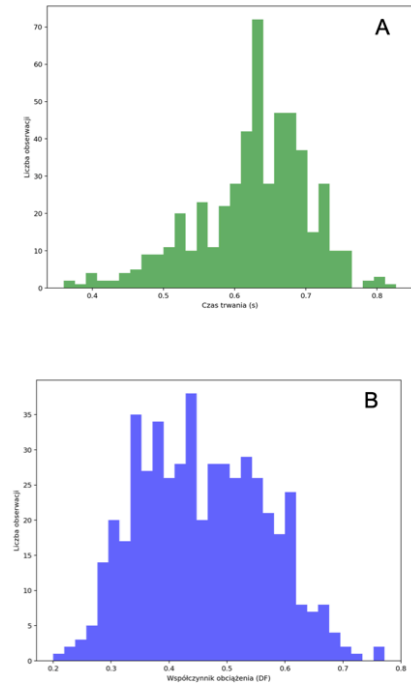
Jeszcze ciekawsze wyniki uzyskano z analizy głównych składowych zakresów ruchu w poszczególnych stawach. Pięć głównych składowych wyjaśniało wprawdzie jedynie 57,15% całej wariancji (Ryc. 62), ale dalsza analiza czynnikowa pozwoliła na identyfikację wzorców niewidocznych w przypadku analizy głównych składowych średnich miar kątów. W zestawieniu z wartością $PC1 < 0$ na podstawie wartości $PC2 < 0$ wydzielono klaster, w którego skład wchodziły zakresy ruchów w stawach pęciny (A12–A15) oraz stawów *zeugopodium*: nadgarstkowego (A10), skokowego (A11) oraz łokciowego (A8) (Ryc. 64A). Klaster ten można w dalszej kolejności rozdzielić na podstawie wartości $PC3$ na stawy *zeugopodium* (A8, A10, A11, $PC3 < 0$) i stawy pęciny (A1–A15, $PC3 > 0$) (Ryc. 64B). Przy pominięciu wartości $PC2$ wyższe wartości składowej $PC3$ wraz ze stawami pęciny (A12–A15) zgrupowały z kolei skątownie górnej linii grzbietu (A3) (Ryc. 64C).

Parametry kinematyczne

Walidacja dokładności metody, polegająca na porównaniu działania algorytmu z ręcznym oznaczaniem faz ruchu, wykazała dokładność na poziomie dwóch klatek, co odpowiada ok. 0,08 sekundy. Po usunięciu obserwacji odstających, w zbiorze danych pozostały 502 obserwacje. Średni czas trwania jednej fazy ruchu wyniósł 0,627 s (SD = 0,078), a średni współczynnik obciążenia (DF) wyniósł 0,458 (SD = 0,107). Rozkłady obu parametrów przedstawione są na Ryc. 65.

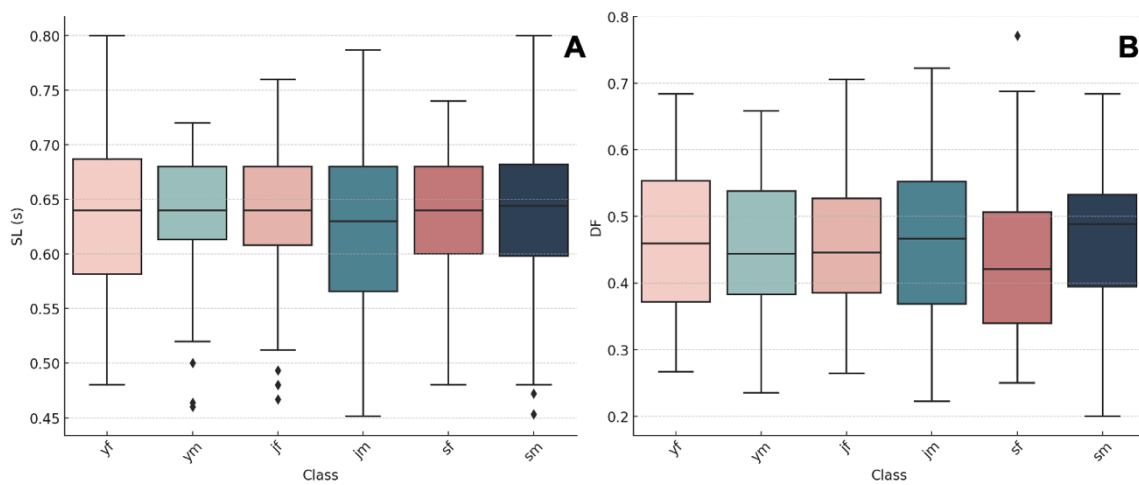


Ryc. 64: Wektory trzech pierwszych głównych składowych dla analizowanych kątów.



Ryc. 65: Rozkłady dwóch analizowanych parametrów kinematycznych: czasu trwania jednego cyklu ruchu (A) oraz współczynnika obciążenia (B).

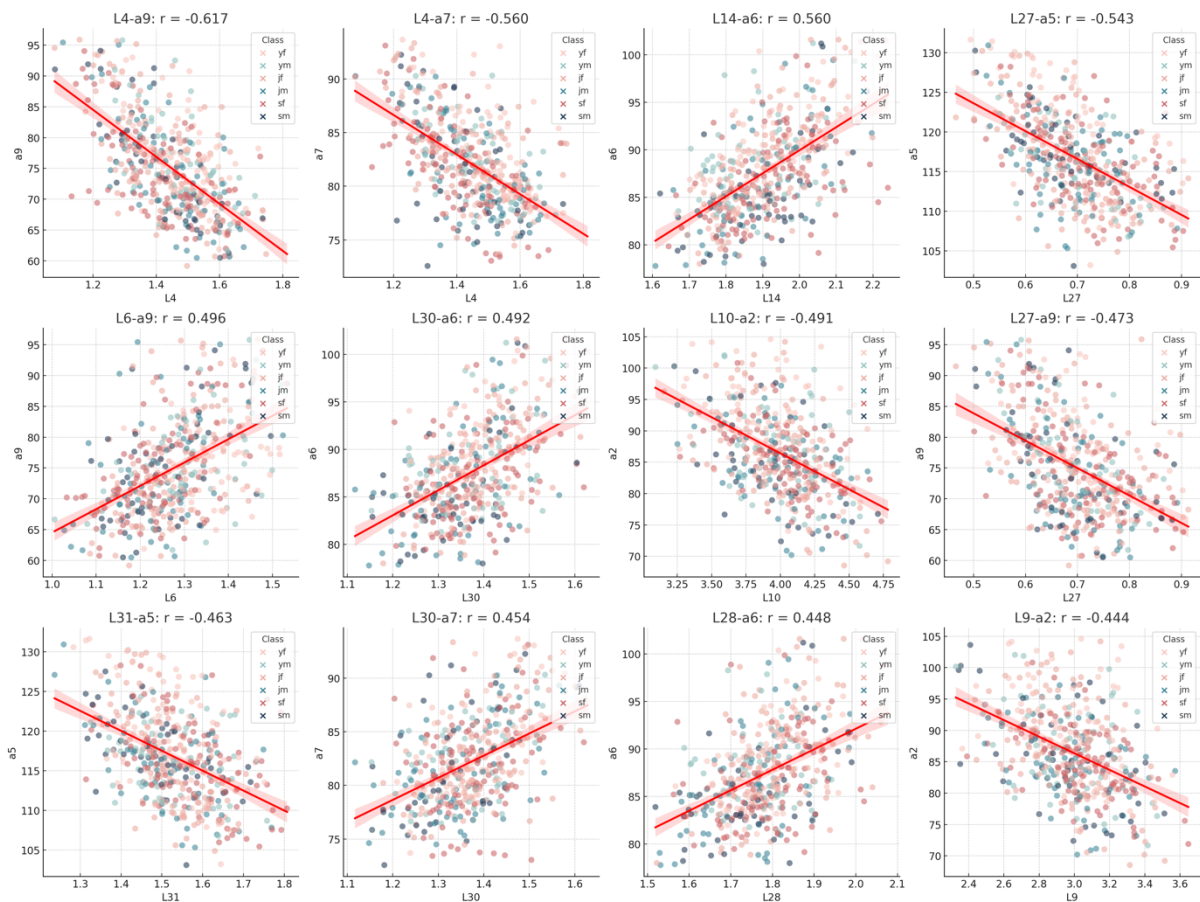
Analizowane parametry kinematyczne były ze sobą słabo negatywnie skorelowane ($r = -0,280$), co wskazuje na to, że dłuższy czas trwania jednego cyklu powoduje wydłużenie fazy lotu w większym stopniu niż fazy kontaktu z podłożem. Nie odnotowano żadnych istotnych statystycznie różnic między analizowanymi grupami (płeć, wiek, klasy płeć-wiek), ale starsze ogiery miały tendencję do ekspresji wyższego współczynnika obciążenia (Ryc. 66).



Ryc. 66: Długość kroku w sekundach (A) i współczynnik obciążenia (B) w zależności od klasy wiek-płeć.

Zależności między długościami i kątami

Na Ryc. 67 przedstawiono 12 najsilniejszych korelacji między średnimi długościami obszarów ciała a średnim skątowaniem w stawach. Długość kości piszczelowej (L4) negatywnie korelowała z wartością kąta w znajdującym się powyżej niej stawie udowo-piszczelowym (A9), a także kolejnym wyżej położonym stawem biodrowo-udowym (A7). Z kolei im większa była wysokość kłody mierzona od kłębu do stawu łokciowego (L14) w stosunku do kości ramiennej, tym większy był średni kąt w stawie łopatkowo-ramiennym (A6). Analogicznie do kości piszczelowej, wspomniana już kilkakrotnie długość kości miednicznej (L27) negatywnie korelowała ze średnim kątem w stawie krzyżowo-biodrowym (A5) – podobnie jak szerokość zadu mierzona od guza biodrowego do guza krzyżowego (L31), oraz stawem udowo-piszczelowym (A9), podobnie jak długość przedramienia (L6) w stosunku do kości ramiennej. Z kolei wysokość zadu mierzona od guza biodrowego do stawu kolanowego (L30) korelowała pozytywnie z sąsiadującym stawem biodrowo-udowym (A7), ale także z jego analogiem w kończynie ramiennej – stawem łopatkowo-ramiennym (A6), podobnie jak wysokość zadu mierzona od guza kulszowego do stawu kolanowego (L28). Im dłuższa linia górna grzbietu, mierzona zarówno od stawu potylicznego do guza kulszowego (L10), jak i od kłębu do kręgu T12 (L9), tym mniejszy kąt między szyją a linią kłody (A2), a więc tym wyższa pozycja głowy.



Ryc. 67: Dwanaście najsilniejszych zależności między długościami partii ciała a kątami w stawach. W tytułach podano wartość współczynników korelacji.

Odziedziczalność parametrów

Każda z czterech składowych wyjaśniała więcej niż 5% zmienności w zakresie długości euklidesowych, łącznie wyjaśniając 40,4% w całym zbiorze danych (Tabela 21). Wszystkie komponenty były umiarkowanie wysoko odziedziczalne ($h^2 = 0,388 - 0,530$). Składowa PC1 określana była przede wszystkim przez całkowitą długość ciała, definiowaną przez odległość między stawem potylicznym a guzem krzyżowym (L11) oraz między kłębem a guzem krzyżowym (L17). Składowa PC2 wyrażała zmienność w zakresie tzw. „ramy” ciała, określanej przez wysokość kłody od kłębu do stawu łokciowego (L14) oraz od guza kulszowego do stawu kolanowego (L28), a także długości kłody od kłębu do guza kulszowego (L15). PC3 to definiujące kształt zadu odległości od guza biodrowego do guza kulszowego (L27), guza krzyżowego (L31) i kręgu T12 (L21), a także od kręgu T12 do stawu łokciowego (L19) i od stawu łokciowego do stawu nadgarstkowego (L6). PC4 również związane było z kształtem zadu – tu najważniejsze komponenty to ponownie długość kości miednicznej (L27) oraz długość kości udowej (L32).

Tabela 21: Wartości współczynników korelacji dla czterech pierwszych składowych grupujących pomiary długości ciała.

Główna składowa	Procent wyjaśnianej zmienności	Najważniejsze odległości	Oszacowana odziedziczalność(h^2)
PC1	17,96%	L11, L17	0,530
PC2	8,91%	L14, L15, L28	0,388
PC3	8,74%	L19, L21, L27, L31, L6	0,435
PC4	5,39%	L27, L32	0,429

Dyskusja

Techniki widzenia komputerowego mają szansę zrewolucjonizować analizę biomechaniki ruchu konia. W niniejszej pracy zaprezentowano badania na dużej próbie ($N = 527$) przy użyciu śledzenia bezznacznikowego. Przy znacznie mniejszym nakładzie pracy uzyskano dokładność oznaczeń zbliżoną do dokładności oznaczania przez człowieka. Próbę badawczą można dalej rozszerzać bez zasadniczego zwiększania nakładu pracy.

Stosowanie tej metody na dużą skalę wciąż wymaga pewnych zasobów obliczeniowych, choć mniejsze modele można z powodzeniem wytrenować na procesorach CPU lub w chmurze (AWS, Google Cloud) (Mathis i Warren, 2018; Wiltshire i in., 2023). Spodziewać się można, że w przyszłości dokładność modelu będzie się poprawiać, a wymagania sprzętowe – zmniejszać.

Jednym ze słabych punktów metody śledzenia bezznacznikowego są rekordy fałszywie pozytywne (oznaczone błędnie, ale z przypisanym przez model wysokim prawdopodobieństwem) oraz fałszywie negatywne (oznaczone poprawnie, ale z prawdopodobieństwem przypisanym poniżej wyznaczonej wartości granicznej). Dotychczas w literaturze problem ten nie był podnoszony. W badaniach realizowanych w ramach pracy doktorskiej zaproponowano dodatkowy filtr dla fałszywie pozytywnych rekordów, oparty na średniej zmianie położenia danego punktu między sąsiadującymi klatkami. Opiera się on na rozumowaniu, że wartości odstające pozostające po wygładzeniu funkcji zmiany położenia nie są organiczne, ale wynikają z błędnych oznaczeń punktów. Potencjalnym problemem tej metody jest utrata organicznych wartości odstających, dlatego kluczowe jest prawidłowe wyznaczenie progów tolerancji. Standardowe metody oparte na zasadzie 2 SD lub 1,5 przedziału międzykwartylowego wydają się tutaj wystarczające. Wyzwaniem na przyszłość jest opracowanie metody identyfikacji a następnie odzyskiwania obserwacji fałszywie negatywnych.

Walidacja opracowanej w pracy metody obliczania pomiarów zoometrycznych zasadniczo przebiegła pomyślnie. Proporcje ciała obliczone na podstawie średnich odległości euklidesowych są zgodne z wynikami uzyskanymi w badaniach z użyciem ręcznych pomiarów, wyniki analizy głównych składowych również były podobne do tych uzyskanych we wcześniejszych badaniach (Brooks i in., 2010; Makvandi-Nejad i in., 2012).

Więcej problemów sprawiają miary rozproszenia – analiza rozkładów maksymalnych uzyskanych długości pozwoliła na zidentyfikowanie kilku nieprawdopodobnych fizjologicznie wyników, na przykład pęcin dłuższych od kości ramiennej. Rozwiązanie tej kwestii jest bardzo ciekawym, ale też trudnym zagadnieniem. Najbardziej intuicyjne wydaje się ustalenie realistycznych przedziałów dla możliwych do uzyskania wyników – podejście takie stosowano już w badaniach myszy oraz człowieka (Le i in., 2024; Vo i Butler, 2022). Takie rozwiązanie jest skuteczne, jednak wiąże się z arbitralną decyzją podejmowaną przez prowadzącego badania co do zakresu przedziałów, co ogranicza jego uniwersalność. Drugi potencjalny problem, o którym wspomniano już wyżej, to pojawienie się organicznych wartości odstających, które zostaną odrzucone przez „fizjologicznie realistyczny” filtr. Innym rozwiązaniem może być łączenie informacji z różnych modeli, a następnie interpolacja wyników. Takie postępowanie pozwala na zachowanie wartości odstających, ale jednocześnie może wprowadzić potencjalnie znaczące zniekształcenie ogółu wyników.

W przypadku pomiarów zoometrycznych, szczególnie długości, lepszym rozwiązaniem wydaje się wykorzystywanie do tego celu fotografii. Usuwa to wspomniany wyżej problem zmienności uzyskiwanych wyników. Następnym krokiem przy kontynuacji badań będzie więc stworzenie sekwencji fotografii, które po konwersji do formatu MP4 zostaną oznaczone za pomocą programu DeepLabCut. Takie podejście zostało już z sukcesem zastosowane w badaniach behawioralnych nad psami (Ferres i in., 2022) i delfinami (Tseng i in., 2024).

Analiza korelacji, poparta analizą głównych składowych, pozwala wysnuć ogólny wniosek, że w zakresie długości można podzielić pokrój konia na część dogłową i doogonową. Długości związane z kością miedniczną grupowały się w oddzielny, wyraźnie wydzielony klaster. Tutaj też zaobserwowano najwyraźniejszy dymorfizm płciowy. Jest to zgodne z wynikami uzyskanymi różnymi metodami przez Purzyc i in. (2011) w rasie huculskiej czy Parés Casanovę i Martínez (2013) u katalońskiego konia pirenejskiego. Szersza kość miedniczna u samic w porównaniu do samców została opisana u szeregu gatunków, zarówno żyworodnych, jak i jajorodnych (Cordero, 2018; Schultz, 1949; Tague, 2003) i uważana jest

za jeden z najbardziej oczywistych, a przy tym najstarszych, osteologicznych mechanizmów ewolucyjnych (Fischer i in., 2021). Ponadto potwierdzono, że długie w stosunku do reszty odcinki obwodowe kończyn są cechą pedomorficzną. Przekrojowe badanie młodych koni pełnej krwi angielskiej wykazało, że wzrost odcinków pęcینowych następuje jedynie w pierwszych dwóch latach życia (Anderson i McIlwraith, 2004). Dłuższe odcinki pęcینowe u koni młodych wykazano również u czeskich koni sportowych (Novotna i in., 2022).

W przypadku obliczania kątów w poszczególnych stawach identyfikacja błędów była najłatwiejsza za pomocą analizy minimalnych wartości, które niekiedy były zbliżone do zera. Niestety tutaj identyfikacja wartości odstających jest znacznie trudniejsza niż w przypadku długości, ze względu na dynamiczne zmiany kątów podczas kolejnych faz ruchu (Johnston i in., 1999). Zakres ruchu w stawach, mierzony albo jako różnica między maksymalną i minimalną wartością, albo ewentualnie za pomocą miar dyspersji, ma potencjalnie większe znaczenie ekonomiczne niż wartości średnie, lub nawet kąty mierzone z pozycji stojącej. Dotychczas, z racji trudności w pomiarach, badania nad kątami w stawach ograniczone były do bardzo małych prób i zwykle skupiały się na wykrywaniu wad postawy kończyn (Unt i in., 2010).

Przeprowadzone wstępne badania ujawniły szereg istotnych zależności i wzorców, które mają znaczenie zarówno z perspektywy biomechaniki ruchu, jak i potencjalnego podłoża genetycznego tych cech. Najmniejsze wartości miar skupienia odnotowano dla stawów udowo-piszczelowego i biodrowo-udowego, co jest zgodne z ich anatomiczną funkcją, jako głównych punktów zgięcia i wyprostowania kończyny miednicznej. Z kolei największe wartości, zarówno średnie, jak i maksymalne, osiągały stawy pęcینowe, co wynika z ich podstawowej roli w amortyzacji i przenoszeniu ciężaru ciała podczas kolejnych faz ruchu. Warto odnotowania są różnice w minimalnych wartościach kątów stawów pęcینowych między kończynami ramiennymi a miednicznymi. Niższe wartości minimalne w stawach pęcینowych kończyn miednicznych mogą wskazywać na większą elastyczność tych stawów podczas lądowania, co jest istotne dla absorpcji wstrząsów i ochrony przed kontuzjami (Back i in., 1995).

Negatywne korelacje między stawem lędźwiowo-krzyżowym a sąsiednimi stawami krzyżowo-biodrowym i biodrowo-udowym wskazują na mechanizmy kompensacyjne w obrębie kręgosłupa i miednicy. Zmiany kąta w jednym stawie mogą być równoważone przez przeciwne zmiany w sąsiadujących stawach w celu utrzymania stabilności i optymalnej biomechaniki ruchu (Faber i in., 2001). Zaskakująca negatywna korelacja między stawem lędźwiowo-

krzyżowym a stawem łopatkowo-ramiennym sugeruje istnienie skoordynowanych mechanizmów między dogłową a doogonową częścią ciała konia. Może być to wynikiem działania niezdefiniowanego jeszcze mechanizmu kompensacyjnego, podobnego do tych opisywanych przez Weishaupta i in. (2006).

Pozytywne korelacje między stawami biodrowo-udowym, udowo-piszczelowym i skokowym potwierdzają ich zintegrowaną funkcję w generowaniu siły napędowej przez kończynę miedniczną. Silna korelacja między tymi stawami może wskazywać na ich wspólną regulację genetyczną lub adaptacje wynikające z treningu i użytkowania (Holmstrom i in., 1990).

Brak istotnych korelacji między średnimi wartościami kątów w stawach pęciniowych oraz niewielkie korelacje między parami diagonalnymi mogą sugerować, że te stawy działają w większym stopniu niezależnie od siebie. Może to wynikać z ich roli w precyzyjnym dostosowywaniu ruchu i amortyzacji na poziomie każdej kończyny (Dyson i in., 2005). Innym prawdopodobnym wytłumaczeniem mogą być błędy w oznaczeniach kopyt przez model.

Istotne różnice między płciami w skątowaniu górnej linii grzbietu oraz stawach *stylopodium* sugerują wpływ hormonów płciowych na rozwój układu mięśniowo-szkieletowego. Wyższe wartości kątów u ogierów mogą być związane z większą masą mięśniową i innymi cechami morfologicznymi charakterystycznymi dla samców (Royo i in., 2005). Zmiany w wartościach kątów wraz z wiekiem, takie jak spadek skątowania osadzenia szyi i linii kłody, mogą odzwierciedlać naturalny rozwój strukturalny konia. Zmniejszenie kątów może wskazywać na zwiększenie masy mięśniowej lub zmiany w postawie ciała związane z treningiem i doświadczeniem (Witte i in., 2004).

Brak istotnych różnic w zakresie ruchu między grupami wiekowymi sugeruje, że elastyczność stawów pozostaje względnie stała w badanym przedziale wiekowym. Jedynie istotne różnice w zakresie ruchu w stawie łokciowym i skokowym między płciami i grupami wiekowymi mogą wskazywać na specyficzne adaptacje funkcjonalne tych stawów, co sugerowali Clayton i Hobbs (2017).

Analiza głównych składowych pozwoliła na zidentyfikowanie klastrów stawów o podobnych wzorcach skątowania, co wskazuje na funkcjonalne powiązania między nimi. Wyodrębnienie klastrów kończyny ramiennej, miednicznej oraz stawów pęciniowych wskazuje na ich odmienną, a jednocześnie komplementarną rolę w biomechanice ruchu (Saslow, 2002). Odmienność stawu lędźwiowo-krzyżowego w PCA może wynikać z jego kluczowej roli w przenoszeniu sił między kręgosłupem a miednicą. Negatywne wartości przyjmowane przez

jego kąt w pierwszym komponencie sugerują wzorce skątownia niezależne od innych stawów. Klaster stawów pęciniowych i *zeugopodium* wskazuje na ich wspólną funkcję w amortyzacji i elastyczności ruchu. Podział na podstawie PC3 sugeruje jednak, że stawy pęciniowe i *zeugopodium* mogą mieć także odrębne funkcje i regulacje.

Dla analizowanej w pracy próby, średni czas trwania jednej fazy ruchu wyniósł 0,627 sekundy (SD = 0,078), a średni współczynnik obciążenia (DF) 0,458 (sd = 0,107). Rozkłady tych parametrów sugerują pewną zmienność wśród badanych koni, co może być wynikiem indywidualnych różnic w budowie anatomicznej, kondycji fizycznej, przebiegu treningu oraz sposobu prezentacji na pokazach. Wartości obu parametrów mieszczą się w przedziałach opisywanych w poprzednich badaniach (Clayton i Hobbs, 2019; Witte i in., 2004).

Słaba negatywna korelacja między czasem trwania jednego cyklu ruchu a współczynnikiem obciążenia ($r = -0,280$) wskazuje, że wydłużenie fazy lotu jest proporcjonalnie większe niż fazy kontaktu z podłożem przy dłuższym czasie trwania cyklu. Jest to zgodne z obserwacjami, że konie o dłuższym kroku mają tendencję do bardziej wydłużonej fazy lotu, co jest często pożądane przy ocenie jakości ruchu na pokazach (Clayton, 1994).

Zaskakujący brak istotnych statystycznie różnic między różnymi grupami (płeć, wiek, klasy płeć-wiek) może sugerować, że omawiane parametry kinematyczne są stosunkowo niezależne od tych czynników. Jednak tendencja starszych ogierów do wyższego współczynnika obciążenia może wskazywać na wpływ doświadczenia, treningu lub zmian fizjologicznych związanych z wiekiem na ich sposób poruszania się (Holmstrom i in., 1990).

Analiza korelacji między średnimi długościami obszarów ciała a średnim skątowniem w stawach wykazała kilka interesujących zależności. Negatywna korelacja między długością kości piszczelowej a kątem w stawie udowo-piszczelowym oraz biodrowo-udowym sugeruje, że dłuższe kości mogą być związane z mniejszym skątowniem tych stawów. Może to wpływać na sposób przenoszenia sił i dynamikę ruchu kończyny miednicznej (Back i Clayton, 2013). Podobnie, długość kości miednicznej negatywnie korelowała ze skątowniem w stawie krzyżowo-biodrowym, co może wskazywać na wpływ budowy miednicy na ruchomość i elastyczność zadu. Szerokość zadu również wykazała taką korelację, co podkreśla znaczenie proporcji anatomicznych w funkcjonalności ruchu (Holmstrom i in., 1990).

Pozytywne korelacje między wysokością kłody a kątem w stawie łopatkowo-ramiennym sugerują, że konie o wyższej kłodzie mogą mieć większe skątownie w tym stawie, co może

wpływać na długość kroku i sposób noszenia przodu. Jest to istotne w kontekście oceny ruchu na pokazach, a także ocenie pokroju, gdzie preferowana jest skośna łopatka (Upton, 2018).

Negatywna korelacja między długością górnej linii grzbietu a kątem między szyją a linią kłody wskazuje, że konie o dłuższym grzbiecie mają tendencję do trzymania głowy wyżej. Może to wpływać na postawę i prezentację konia, a zatem i na jego ocenę podczas pokazu.

Analiza głównych składowych (PCA) przeprowadzona kolektywnie dla wszystkich omawianych parametrów ujawniła cztery komponenty wyjaśniające łącznie 40,4% zmienności. Wszystkie komponenty były umiarkowanie wysoko odziedziczalne ($h^2 = 0,388 - 0,530$), co sugeruje istotny wpływ czynników genetycznych na te cechy morfologiczne.

PC1, związane z całkowitą długością ciała, podkreśla znaczenie proporcji ciała w kontekście ogólnej budowy i potencjalnie jakości ruchu. PC2, dotyczące "ramy" ciała, odzwierciedla zmienność w wysokości i długości kłody, co może wpływać na siłę i wytrzymałość konia. PC3 i PC4, związane z kształtem zadu, podkreślają znaczenie tej części ciała w generowaniu siły napędowej i efektywności ruchu.

Wyniki niniejszych badań jasno wskazują, że istnieją istotne zależności między budową anatomiczną koni arabskich a parametrami kinematycznymi. Jednocześnie brak istotnych różnic między grupami dla wieku i płci w niektórych parametrach kinematycznych może wskazywać na stabilność tych cech lub większy wpływ czynników środowiskowych, takich jak trening czy warunki pokazu. Dalsze badania powinny uwzględniać te aspekty, aby lepiej zrozumieć interakcje między podłożem genetycznym a czynnikami środowiskowymi wpływającymi na ruch koni (Oki i in., 1994).

Choć opracowana wyżej metoda okazała się wystarczająco dokładna do otrzymania wiarygodnych wyników w próbie liczącej 524 osobniki, jej użycie jest limitowane jakością nagrań wideo, a także zasobami obliczeniowymi. Różnice w prezentacji koni przez prowadzących mogą również wpływać na parametry kinematyczne. Dlatego przyszłe badania powinny uwzględnić standaryzację warunków nagrywania oraz większą próbę koni z różnych pokazów i środowisk (Mathis i Mathis, 2020). Ponadto rozszerzenie analiz o dodatkowe parametry biomechaniczne, takie jak siła reakcji podłoża czy analiza ruchu w trzech wymiarach, mogłoby dostarczyć jeszcze bardziej precyzyjnych informacji i nowej wiedzy na temat mechaniki ruchu koni arabskich (Weller i in., 2006).

Wartości wstępnie oszacowanych współczynników odziedziczalności dla omawianych cech są mocnym argumentem przemawiającym za dalszymi badaniami genomowymi. Badania asocjacyjne genomu z wykorzystaniem otrzymanych precyzyjnych fenotypów mogą przynieść odpowiedź na pytanie jakie mechanizmy molekularne różnicują jakość ruchu i parametry kinematyczne. Koń jest gatunkiem, u którego jakość ruchu ma szczególne znaczenie ekonomiczne. Dlatego też poszukiwaniom genomowego podłoża tej cechy poświęcono więcej prac niż u jakiegokolwiek innego gatunku poza człowiekiem. Czynnikiem limitującym jest jednak brak precyzyjnych fenotypów, a nawet szerzej – definicji jakości ruchu. Poza identyfikacją mutacji w genie *DMRT3* warunkującej chody lateralne (Andersson i in., 2012) oraz mutacji w genie *MSTN* związanej z szybkością w galopie (Bower i in., 2012; E. W. Hill i in., 2010) nie ma dotychczas żadnych jednoznacznych wyników badań, wskazujących, jakie molekularne mechanizmy warunkują zmienność w sposobie poruszania się koni (Petersen i in., 2013). Wyniki estymacji odziedziczalności cech kinematycznych (Ablondi i in., 2019) pozwalają jednak na stawianie hipotezy, że takie mechanizmy istnieją, a do ich odkrycia z pewnością przyczyni się opracowanie skutecznej i efektywnej metody precyzyjnego fenotypowania ruchu.

Naturalnym, następnym krokiem będzie powiązanie obiektywizowanych fenotypów koni z ocenami za ruch wystawionymi na pokazie. Pozwoli to na sprawdzenie, które konkretne cechy związane z ruchem są istotne dla sędziów, jak też docelowo może umożliwić zaproponowanie precyzyjnej metody oceny ruchu koni.

Podsumowanie i wnioski

Weryfikacja hipotez

Polska populacja koni arabskich, na przestrzeni swojej kilkusetletniej historii, była narażona na wiele destrukcyjnych zdarzeń, by wspomnieć chociażby obie wojny światowe. Powodowało to wielokrotne przerwanie ciągłości prowadzonych prac hodowlanych, a także masową utratę cennych osobników. Analiza przeprowadzona w tej dysertacji wykazała, że choć efekty wąskiego gardła były zauważalne, nie miały one trwałego charakteru, a współczesna populacja jest stabilna i wystarczająco zróżnicowana genetycznie. Niemniej jednak bardzo wysoki odsetek zimbredowanych osobników oraz rosnący na przestrzeni lat współczynnik inbrodu wskazują na konieczność ciągłego monitorowania struktury genetycznej populacji.

Sekwencje genomu mitochondrialnego, zwłaszcza regionu kontrolnego pętli D, nie okazały się dobrym narzędziem do badania zróżnicowania genetycznego między populacjami i historycznych powiązań między liniami klaczy. Wydaje się, że wynika to głównie z dużej liczby błędów w sekwencjonowaniu, choć może też świadczyć o większym niż się uważa przepływie materiału genetycznego między populacjami. W obliczu spadających kosztów sekwencjonowania nowej generacji (NGS) znacznie bardziej uzasadnione jest wykorzystanie macierzy polimorfizmów pojedynczych nukleotydów (SNP) lub nawet sekwencjonowania całogenomowego (WGS) o wysokiej rozdzielczości. Niemniej jednak, drzewa filogenetyczne skonstruowane na podstawie odległości genetycznych w regionie kontrolnym pętli D dostarczają obecnie cennych, choć jedynie przybliżonych informacji o relacjach konia arabskiego z innymi rasami i grupami rasowymi.

Hipotezy dotyczące braku precyzji oceny fenotypowej koni podczas pokazów „w ręku” zostały zasadniczo potwierdzone. Analiza korelacji wykazała zróżnicowany wpływ ocen dla czterech kategorii pokroju na ocenę za typ oraz odmienne co do wartości korelacje między ocenami cząstkowymi a oceną końcową konia na pokazie. Zidentyfikowano szereg czynników środowiskowych istotnie wpływających na wyniki oceny konia, takich jak kraj pochodzenia konia, kraj reprezentowany podczas pokazu czy osoba sędziego. Co istotne, modele predykcyjne skonstruowane przy użyciu algorytmów uczenia maszynowego wykazały bardzo wysoką skuteczność w przewidywaniu ocen za typ, głowę i szyję, ruch oraz ocenę łączną. Oznacza to, że z dużą precyzją (nawet do 0,1 punktu) można przewidzieć wynik uzyskany przez konia na pokazie, opierając się jedynie na informacjach dostępnych w katalogu, jego rodowodzie i czynnikach środowiskowych, bez oceny faktycznego fenotypu danego osobnika.

Ostatecznie potwierdza to przypuszczenia o braku precyzji i subiektywności stosowanego obecnie systemu oceny.

Opracowany system precyzyjnego fenotypowania z wykorzystaniem widzenia komputerowego i śledzenia bezznacznikowego wykazał dużą dokładność, a uzyskane wstępne wyniki zostały potwierdzone przez wcześniejsze badania z użyciem tradycyjnych technik. Szczególną uwagę zwracają istotne różnice w pokroju badanych koni między płciami i grupami wiekowymi. Udowodniono m.in. dymorfizm płciowy w budowie zadu oraz obniżanie się linii grzbietu i zmniejszanie zakresu ruchu (elastyczności stawów) wraz z wiekiem.

Wnioski i rekomendacje

Wyniki niniejszej pracy wskazują kierunki dalszych badań i sugerują konieczność podjęcia szeregu działań prowadzących do zmian w praktyce hodowlanej.

- Wyniki dotyczące struktury populacji i zmienności genetycznej, uzyskane za pomocą analizy rodowodowej, powinny zostać potwierdzone przy użyciu narzędzi genomowych, takich jak mikromacierze SNP. W ramach monitoringu genetycznego populacji warto powtarzać podobne analizy co około 10 lat, czyli w przybliżeniu co jedno pokolenie (odstęp międzypokoleniowy we współczesnej krajowej populacji wyniósł 9,7 lat).
- Jeżeli o kwestie zróżnicowania genetycznego, to oprócz oczywistej konieczności rutynowej kontroli poziomu inbredu, pokrewieństwa i efektywnej wielkości populacji (których wartości na razie nie budzą niepokoju), należy rozstrzygnąć budzącą wiele emocji w środowisku hodowlanym kwestię znaczenia rodów męskich i linii żeńskich (branych pod uwagę w polskim programie hodowlanym). Analizy przeprowadzone w ramach tej dysertacji nie potwierdzają związku między posiadaniem żadnego szczególnego komponentu genetycznego a wywodzeniem się od konkretnego przodka ani na poziomie rodowodowym, ani molekularnym. Być może przynależność do konkretnych linii i rodów, będąca częścią budowanej marki i „tożsamości” polskich koni arabskich, może zostać powiązana, tak jak to historycznie bywało, z wyznaczaniem bardziej szczegółowych celów hodowlanych, a co za tym idzie – z większą dywersyfikacją fenotypów w ramach tej niegdyś bardzo uniwersalnej rasy.
- Aby oceny na pokazach lepiej odzwierciedlały rzeczywistą wartość fenotypową koni, konieczne jest wprowadzenie zmian systemowych. Najbardziej oczywistym krokiem wydaje się narzucenie obowiązku, a przynajmniej rekomendacji, używania przez sędziów szerszej skali dostępnych ocen, co pozwoli na większą dywersyfikację fenotypów. Obecne

zasady nie przewidują również ciągłego kształcenia i ewaluacji pracy sędziów, przez co po uzyskaniu wpisu na listę A są oni zasadniczo zwolnieni z konieczności podnoszenia swoich kwalifikacji.

- Ponieważ osiągnięcie dobrych wyników (medali) na pokazach jest dla wielu właścicieli celem samym w sobie, z punktu widzenia hodowców zasadne jest dokładne poznanie zależności między wartościami cech ilościowych składających się na pokrój czy ruch a preferencjami sędziów.
- Widzenie komputerowe i głębokie uczenie rewolucjonizują sposób fenotypowania pokroju i ruchu zwierząt. U koni zastosowanie tego typu modeli odbywa się na razie głównie w warunkach eksperymentalnych, ale np. u bydła mlecznego jest już częścią powszechnej praktyki hodowlanej. Tempo rozwoju tych metod pozwala przypuszczać, że również u koni znajdą one szersze zastosowanie. Model opracowany w ramach niniejszej dysertacji wymaga dalszego rozwoju, ale już na tym etapie dostarcza wiarygodnych fenotypów o charakterze stricte ilościowym i w najbliższym czasie będzie można wykorzystać te możliwości precyzyjnego fenotypowania w badaniach genomowych.

Kierunki hodowli koni arabskich czystej krwi prawdopodobnie nadal będą kształtowane przez realia rynkowe i popyt na konie, które obecnie są bliższe definicji dobra luksusowego niż zwierzęcia gospodarskiego. Dzięki precyzyjnemu fenotypowaniu i badaniom genomowym można będzie znacznie przyspieszyć odpowiedź na selekcję i proces doskonalenia tej rasy.

Bibliografia

- Ablondi, M., Viklund, Å., Lindgren, G., Eriksson, S. i Mikko, S. (2019). Signatures of selection in the genome of Swedish warmblood horses selected for sport performance. *BMC Genomics*, 20(1), 1–12. <https://doi.org/10.1186/s12864-019-6079-1>
- Achilli, A., Olivieri, A., Soares, P., Lancioni, H., Kashani, B. H., Perego, U. A., Nergadze, S. G., Carossa, V., Santagostino, M., Capomaccio, S., Felicetti, M., Al-Achkar, W., Penedo, M. C. T., Verini-Supplizi, A., Houshmand, M., Woodward, S. R., Semino, O., Silvestrelli, M., Giulotto, E., ... Torroni, A. (2012). Mitochondrial genomes from modern horses reveal the major haplogroups that underwent domestication. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 109(7), 2449–2454. <https://doi.org/10.1073/pnas.1111637109>
- Adrian, M., Grant, B., Ratzlaff, M., Ray, J. i Boulton, C. (1977). Electrogoniometric analysis of equine metacarpophalangeal joint lameness. *American Journal of Veterinary Research*, 38(4), 431–435.
- Ahmed, M. M., Amer, S. A. M. i Sayed, Samy. M. (2011). Molecular investigation of the Arabian horse breeds of racing, productivity and longevity. *Advances in Bioscience and Biotechnology*, 02(06), 450–455. <https://doi.org/10.4236/abb.2011.26066>
- Ahmed, M. M., Sheikh, A., Mutwakil, M. H. Z., Saini, K. S., Alsulaimany, F. A. S., Hanafy, A. A. E. i Sabir, J. S. M. (2016). Comparative analysis of ATP6 mitochondrial gene diversity in Arabian and non-Arabian horse breeds. *The Journal of Animal & Plant Sciences*, 26(2), 437–444.
- Akaike, H. (1973). Information Theory and an Extension of the Maximum Likelihood Principle. W B. N. Petrov & F. Caski (Red.), *Proceedings of the Second International Symposium on Information Theory* (s. 199–213). Akademiai Kiado. https://doi.org/10.1007/978-1-4612-1694-0_15
- Al Abri, M. A., Von Borstel, U. K., Strecker, V. i Brooks, S. A. (2017). Application of genomic estimation methods of inbreeding and population structure in an Arabian Horse Herd. *Journal of Heredity*, 108(4), 361–368. <https://doi.org/10.1093/jhered/esx025>
- Al Abri, M., Brooks, S., Al-Saqri, N., Alkharousi, K., Johnson, E., Alqaisi, O., Al-Rawahi, A. i Al Marzooqi, W. (2021). Investigating the population structure and genetic diversity of Arabian horses in Oman using SNP markers. *Animal genetics*, 52(3), 304–310.
- Alatas, A., Suleiman, H. i Samsudin, S. (2020). Nomadic and Sedentary Life in The Time of Prophet Muhammad. *Journal of Al-Tamaddun*, 15(2), 57–70.
- Aleman, M., Gray, L. C., Williams, D. C., Holliday, T. A., Madigan, J. E., LeCouteur, R. A. i Magdesian, K. G. (2006). Juvenile idiopathic epilepsy in Egyptian Arabian foals: 22 cases (1985–2005). *Journal of veterinary internal medicine*, 20(6), 1443–1449.
- Alhaddad, H., Powell, B., Del Pinto, L., Sutter, N., Brooks, S. i Alhajeri, B. (2024). Geometric morphometrics of face profile across horse breeds and within Arabian horses. *Journal of Equine Veterinary Science*, 132, 104980.
- Almarzook, S., Reissmann, M. i Brockmann, G. A. (2017). Diversity of mitochondrial DNA in three Arabian horse strains. *Journal of Applied Genetics*, 58(2), 273–276. <https://doi.org/10.1007/s13353-016-0384-z>
- Alshammari, S. (2017). On Mares in Miral Al-Tahawy The Tent. *Cultural Intertexts*, 7(7), 9–16.
- Alvarez, C. G., Rhodin, M., Bobbert, M. F., Meyer, H., Weishaupt, M. A., Johnston, C. i Van Weeren, P. R. (2006). The effect of head and neck position on the thoracolumbar kinematics in the unriden horse. *Equine Veterinary Journal*, 38(S36), 445–451.
- Amjadi, M. A., Yeganeh, H. M., Sadeghi, M., Raza, S. H. A., Yang, J., Najafabadi, H. A., Batool, U., Shoorei, H., Abdelnour, S. A. i Ahmed, J. Z. (2021). Microsatellite analysis of genetic diversity and population structure of the Iranian Kurdish Horse. *Journal of Equine Veterinary Science*, 98, 103358.
- Anderson, T. M. i McIlwraith, C. W. (2004). Longitudinal development of equine conformation from weaning to age 3 years in the Thoroughbred. *Equine Veterinary Journal*, 36(7), 563–570. <https://doi.org/10.2746/0425164044864507>
- Andersson, L. S., Larhammar, M., Memic, F., Wootz, H., Schwochow, D., Rubin, C.-J., Patra, K., Arnason, T., Wellbring, L., Hjälml, G., Imsland, F., Petersen, J. L., McCue, M. E., Mickelson, J. R., Cothran, G., Ahituv, N., Roepstorff, L., Mikko, S., Vallstedt, A., ... Kullander, K. (2012). Mutations in DMRT3 affect locomotion in horses and spinal circuit function in mice. *Nature*, 488(7413), Article 7413. <https://doi.org/10.1038/nature11399>
- Anthony, D. W. (2012). Horses, ancient Near East and Pharaonic Egypt. W R. S. Bagnall, K. Brodersen, C. B. Champion, A. Erskine i S. R. Huebner (Red.), *The Encyclopedia of Ancient History* (1. wyd.). Wiley. <https://doi.org/10.1002/9781444338386.wbeah01092>

- Arbuckle, B. S. i Hammer, E. L. (2019). The Rise of Pastoralism in the Ancient Near East. *Journal of Archaeological Research*, 27(3), 391–449. <https://doi.org/10.1007/s10814-018-9124-8>
- Auerbach, B. M. i Sylvester, A. D. (2011). Allometry and apparent paradoxes in human limb proportions: Implications for scaling factors. *American journal of physical anthropology*, 144(3), 382–391.
- Back, W. i Clayton, H. M. (2013). *Equine Locomotion* (R. Edwards, L. Talbott i C. Jackson, Red.; T. 53). Saunders.
- Back, W., Schamhardt, H., Savelberg, H., Van Den Bogert, A., Bruin, G., Hartman, W. i Barneveld, A. (1995). How the horse moves: 1. Significance of graphical representations of equine forelimb kinematics. *Equine Veterinary Journal*, 27(1), 31–38.
- Baena, M. M., Gervásio, I. C., Rocha, R. de F. B., Procópio, A. M., de Moura, R. S. i Meirelles, S. L. C. (2020). Population structure and genetic diversity of Mangalarga Marchador horses. *Livestock Science*, 239, 104109. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2020.104109>
- Balińska, K., Iwańczyk, E. i Wolc, A. (2007). Ocena wskaźników rozrodu koni i produkcyjności klaczy koników polskich ze Stadniny Koni w Dobrzyniewie z uwzględnieniem ich przynależności do linii żeńskich. *Roczniki Naukowe Polskiego Towarzystwa Zootechnicznego*, 3(1), 65–78.
- Barrey, E. (2013). Genetic basis of equine performance. *Equine Sports Medicine and Surgery: Basic and Clinical Sciences of the Equine Athlete*, 43–58.
- Barrey, E., Landjerit, B. i Wolter, R. (1990). *Shock and vibration during the hoof impact on different track surfaces*. 3. International Conference on Equine Physiology.
- Bartolomé, E., Cervantes, I., Valera, M. i Gutiérrez, J. P. (2011). Influence of foreign breeds on the genetic structure of the Spanish Sport Horse population. *Livestock Science*, 142(1), 70–79. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2011.06.021>
- Bazvand, B., Rashidi, A., Zandi, M., Moradi, M. i Rostamzadeh, J. (2024). Genome-wide analysis of population structure, effective population size and inbreeding in Iranian and exotic horses. *Plos one*, 19(3), e0299109.
- Berber, N., Gaouar, S., Leroy, G., Kdidi, S., Tabet Aouel, N. i Saïdi Mehtar, N. (2014). Molecular characterization and differentiation of five horse breeds raised in Algeria using polymorphic microsatellite markers. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 131(5), 387–394.
- Bernoco, D. i Bailey, E. (1998). Frequency of the SCID gene among Arabian horses in the USA. *Animal Genetics*, 29(1), 41–42. <https://doi.org/10.1046/j.1365-2052.1998.00237.x>
- Boichard, D., Maignel, L. i Verrier, E. (1997). The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. *Genetics Selection Evolution*, 29(1), 5–23.
- Bokor, Á., Jónás, D., Ducro, B., Nagy, I., Bokor, J. i Szabari, M. (2013). Pedigree analysis of the Hungarian Thoroughbred population. *Livestock Science*, 151(1), 1–10.
- Boldyrew, A. (2009). Hodowla i handel końmi w Polsce XVI w. *Roczniki Dziejów Społecznych i Gospodarczych*, 69, 31–90.
- Boldyrew, A. (2016). *Equus Polonus. Koń w wojsku polskim w XVI wieku*. Wydawnictwo Marland2.
- Boore, J. L. (1999). Animal mitochondrial genomes. *Nucleic Acids Research*, 27(8), 1767–1780. <https://doi.org/10.1093/nar/27.8.1767>
- Bordbari, M. H., Penedo, M. C. T., Aleman, M., Valberg, S. J., Mickelson, J. i Finno, C. J. (2017). Deletion of 2.7 kb near HOXD3 in an Arabian horse with occipitoatlantoaxial malformation. *Animal Genetics*, 48(3), 287–294. <https://doi.org/10.1111/age.12531>
- Bower, M. A., McGivney, B. A., Campana, M. G., Gu, J., Andersson, L. S., Barrett, E., Davis, C. R., Mikko, S., Stock, F., Voronkova, V., Bradley, D. G., Fahey, A. G., Lindgren, G., MacHugh, D. E., Sulimova, G. i Hill, E. W. (2012). The genetic origin and history of speed in the Thoroughbred racehorse. *Nature Communications*, 3. <https://doi.org/10.1038/ncomms1644>
- Bowling, A. T., Del Valle, A. i Bowling, M. (1998). Verification of horse maternal lineage based on derived mitochondrial DNA sequence. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 115(1–6), 351–355. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0388.1998.tb00356.x>
- Bowling, A. T., Del Valle, A. i Bowling, M. (2000). A pedigree-based study of mitochondrial D-loop DNA sequence variation among Arabian horses. *Animal Genetics*, 31(1), 1–7. <https://doi.org/10.1046/j.1365-2052.2000.00558.x>
- Brault, L. S., Cooper, C. A., Famula, T. R., Murray, J. D. i Penedo, M. C. T. (2011). Mapping of equine cerebellar abiotrophy to ECA2 and identification of a potential causative mutation affecting expression of MUTYH. *Genomics*, 97(2), 121–129.

- Brighton, C., Olsen, E. i Pfau, T. (2015). Is a standalone inertial measurement unit accurate and precise enough for quantification of movement symmetry in the horse? *Computer Methods in Biomechanics and Biomedical Engineering*, 18(5), 527–532. <https://doi.org/10.1080/10255842.2013.819857>
- Brooks, S. A., Gabreski, N., Miller, D., Brisbin, A., Brown, H. E., Streeter, C., Mezey, J. G., Cook, D. i Antczak, D. F. (2010). Whole-genome SNP association in the horse: Identification of a deletion in myosin Va responsible for Lavender Foal Syndrome. *PLoS Genetics*, 6(4). <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1000909>
- Brooks, S. A., Makvandi-Nejad, S., Chu, E., Allen, J. J., Streeter, C., Gu, E., McCleery, B., Murphy, B. A., Bellone, R. R. i Sutter, N. B. (2010). Morphological variation in the horse: Defining complex traits of body size and shape. *Animal Genetics*, 41(SUPPL. 2), 159–165. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2010.02127.x>
- Buchmann, J. P. i Holmes, E. C. (2019). Entrezpy: A Python library to dynamically interact with the NCBI Entrez databases. *Bioinformatics*, 35(21), 4511–4514.
- Budzyński, M. i Chmiel, K. (1988). *Rejestr wartości użytkowej polskich koni czystej krwi arabskiej*. AR Lublin.
- Caballero, A. i Toro, M. A. (2000). Interrelations between effective population size and other pedigree tools for the management of conserved populations. *Genetics Research*, 75(3), 331–343.
- Cano, M. R., Vivo, J., Miró, F., Morales, J. L. i Galisteo, A. M. (2001). Kinematic characteristics of Andalusian, Arabiano and Anglo-Arabian horses: A comparative study. *Research in Veterinary Science*, 71(2), 147–153. <https://doi.org/10.1053/rvsc.2001.0504>
- Cardini, A., Seetah, K. i Barker, G. (2015). How many specimens do I need? Sampling error in geometric morphometrics: Testing the sensitivity of means and variances in simple randomized selection experiments. *Zoomorphology*, 134, 149–163.
- Carter, R. A., McCutcheon, L. J., George, L. A., Smith, T. L., Frank, N. i Geor, R. J. (2009). Effects of diet-induced weight gain on insulin sensitivity and plasma hormone and lipid concentrations in horses. *American journal of veterinary research*, 70(10), 1250–1258.
- Cervantes, I., Baumung, R., Molina, A., Druml, T., Gutiérrez, J. P., Sölkner, J. i Valera, M. (2009). Size and shape analysis of morphofunctional traits in the Spanish Arab horse. *Livestock Science*, 125(1), 43–49. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2009.03.006>
- Cervantes Navarro, I., Molina, A., Goyache Goñi, F. M., Gutiérrez García, J. P. i Valera Córdoba, M. M. (2008). Population history and genetic variability in the Spanish Arab Horse assessed via pedigree analysis. *Livestock Science*, 2008 (113 (1)), 24-33.
- Chen, T. i Guestrin, C. (2016). *Xgboost: A scalable tree boosting system*. 785–794.
- Christiansen, P. (1999). Scaling of the limb long bones to body mass in terrestrial mammals. *Journal of morphology*, 239(2), 167–190.
- Ciosek, J. (2023). *Genomic Investigation of Cranial and Neurological Phenotypes in the Arabian Horse* [Master's Thesis]. University of Florida.
- Ciosek, J., Alhaddad, H. i Brooks, S. A. (2023). *Genome Wide Association Study for Skull Morphology in Arabian Horses*. Plant and Animal Genome Conference (PAG 30), San Diego, CA.
- Clayton, H. M. (1994). Comparison of the stride kinematics of the collected, working, medium and extended trot in horses. *Equine veterinary journal*, 26(3), 230–234.
- Clayton, H. M. i Hobbs, S. J. (2019). A Review of Biomechanical Gait Classification with Reference to Collected Trot, Passage and Piaffe in Dressage Horses. *Animals*, 9(10), 763. <https://doi.org/10.3390/ani9100763>
- Clayton, H. M. i Hobbs, S.-J. (2017). The role of biomechanical analysis of horse and rider in equitation science. *Applied Animal Behaviour Science*, 190, 123–132.
- Clayton, H. M. i Schamhardt, H. C. (2001). Measurement Techniques for Gait Analysis. W *Equine Locomotion* (s. 55–76). Saunders.
- Cock, P. J., Antao, T., Chang, J. T., Chapman, B. A., Cox, C. J., Dalke, A., Friedberg, I., Hamelryck, T., Kauff, F. i Wilczynski, B. (2009). Biopython: Freely available Python tools for computational molecular biology and bioinformatics. *Bioinformatics*, 25(11), 1422.
- Cordero, G. A. (2018). Is the pelvis sexually dimorphic in turtles? *The Anatomical Record*, 301(8), 1382–1389.
- Cosgrove, E. J., Sadeghi, R., Schlamp, F., Holl, H. M., Moradi-Shahrbabak, M., Miraei-Ashtiani, S. R., Abdalla, S., Shykind, B., Troedsson, M., Stefaniuk-Szmukier, M., Prabhu, A., Bucca, S., Bugno-Poniewierska, M., Wallner, B., Malek, J., Miller, D. C., Clark, A. G., Antczak, D. F. i Brooks, S. A. (2020). Genome Diversity and the Origin of the Arabian Horse. *Scientific Reports*, 10(1), 9702. <https://doi.org/10.1038/s41598-020-66232-1>

- Coster, A. i Coster, M. A. (2010). *Package 'pedigree'*. R package version. <https://cran.r-project.org/web/packages/pedigree/pedigree.pdf>
- Crassard, R. i Drechsler, P. (2013). Towards new paradigms: Multiple pathways for the Arabian Neolithic. *Arabian Archaeology and Epigraphy*, 24(1), 3–8. <https://doi.org/10.1111/aae.12021>
- Crecan, C. M., Morar, I. A., Lupsan, A. F., Repciuc, C. C., Rus, M. A. i Pestean, C. P. (2022). Development of a Novel Approach for Detection of Equine Lameness Based on Inertial Sensors: A Preliminary Study. *Sensors*, 22(18), 7082.
- Crook, T. C., Cruickshank, S. E., McGowan, C. M., Stubbs, N., Wakeling, J. M., Wilson, A. M. i Payne, R. C. (2008). Comparative anatomy and muscle architecture of selected hind limb muscles in the Quarter Horse and Arab. *Journal of Anatomy*, 212(2), 144–152. <https://doi.org/10.1111/j.1469-7580.2007.00848.x>
- Culbertson, C. (2001). *Legacy Of Saudi Arabia. A Tribute to HRH Crown Prince Abdullah Bin Abdul Aziz A Saud and the Arabian Horses of the Kingdom*. GianLuigi Grasso.
- Czacki, T. (1801). *O litewskich i polskich prawach, o ich duchu, źródłach, związku i o rzeczach zawartych w pierwszym Statucie dla Litwy 1529 Roku wydanem* (1. wyd., T. 2). Drukarnia J.C.G. Ragoczego.
- Daumas, E. (1855). *Le cheval de guerre*. Hachette.
- Davies, N. M. i Davies, N. de G. (1941). The Tomb of Amenmosē (No. 89) at Thebes. *The Journal of Egyptian Archaeology*, 26, 131–136. <https://doi.org/10.2307/3854532>
- Delgado, J., De Andrés, N., Valera, M., Gutiérrez, J. i Cervantes, I. (2014). Assessment of population structure depending on breeding objectives in Spanish Arabian horse by genealogical and molecular information. *Livestock Science*, 168, 9–16.
- Delpout, L. (2021). *What Makes a Horse a Horse?: Configurational Aspects of Ancient Egyptian Equines*. Trivent Publishing.
- Denisko, D. i Hoffman, M. M. (2018). Classification and interaction in random forests. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 115(8), 1690–1692.
- Drews, R. (2004). *Early riders: The beginnings of mounted warfare in Asia and Europe*. Routledge.
- Druml, T., Baumung, R. i Sölkner, J. (2009). Pedigree analysis in the Austrian Noriker draught horse: Genetic diversity and the impact of breeding for coat colour on population structure. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 126(5), 348–356. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0388.2008.00790.x>
- Druml, T., Brem, G., Velie, B., Lindgren, G., Horna, M., Ricard, A. i Grilz-Seger, G. (2021). Equine vitiligo-like depigmentation in grey horses is related to genes involved in immune response and tumor metastasis. *BMC Veterinary Research*, 17, 1–12.
- Druml, T., Telalbasic, R. i Curik, I. (2009). Body shape analysis of Bosnian mountain horses using Procrustes statistics. *Italian Journal of Animal Science*, 8(sup3), 131–133. <https://doi.org/10.4081/ijas.2009.s3.131>
- Ducro, B. J., Gorissen, B., van Eldik, P. i Back, W. (2009). Influence of foot conformation on duration of competitive life in a Dutch Warmblood horse population. *Equine Veterinary Journal*, 41(2), 144–148. <https://doi.org/10.2746/042516408X363800>
- Duru, S. (2017). Pedigree analysis of the Turkish Arab horse population: Structure, inbreeding and genetic variability. *Animal*, 11(9), 1449–1456. <https://doi.org/10.1017/S175173111700009X>
- Dyson, S., Murray, R. i Schramme, M. (2005). Lameness associated with foot pain: Results of magnetic resonance imaging in 199 horses (January 2001–December 2003) and response to treatment. *Equine veterinary journal*, 37(2), 113–121.
- Eckardt, F. i Witte, K. (2017). Horse–rider interaction: A new method based on inertial measurement units. *Journal of Equine Veterinary Science*, 55, 1–8.
- Edgar, R. C. (2004). MUSCLE: Multiple sequence alignment with high accuracy and high throughput. *Nucleic Acids Research*, 32(5), 1792–1797. <https://doi.org/10.1093/nar/gkh340>
- Ellegren, H., Johansson, M., Sandberg, K. i Andersson, L. (1992). Cloning of highly polymorphic microsatellites in the horse. *Animal genetics*, 23(2), 133–142.
- F. Mahrous, K., I. Shafey, H., A. Balabel, E. i E. Othman, O. (2017). Genetic Biodiversity Analysis of Two Mitochondrial Genes in Arabian and Thoroughbred Horses. *Biosciences, Biotechnology Research Asia*, 14(1), 25–32. <https://doi.org/10.13005/bbra/2413>
- Faber, M., Johnston, C., Schamhardt, H., van Weeren, R., Roepstorff, L. i Barneveld, A. (2001). Basic three-dimensional kinematics of the vertebral column of horses trotting on a treadmill. *American journal of veterinary research*, 62(5), 757–764.
- Fages, A., Hanghøj, K., Khan, N., Gaunitz, C., Seguin-Orlando, A., Leonardi, M., McCrory Constantz, C., Gamba, C., Al-Rasheid, K. A. S., Albizuri, S., Alfarhan, A. H., Allentoft, M. E., Alquraishi, S. A., Anthony, D. W., Baimukhanov, N., Barrett, J. H., Bayarsaikhan, J., Benecke, N., Bernáldez-Sánchez, E., ... Orlando,

- L. (2019). Tracking Five Millennia of Horse Management with Extensive Ancient Genome Time Series. *Cell*, 177(6), 1419-1435.e31. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2019.03.049>
- Faria, R. A. S., Vicente, A. P. A., Ospina, A. M. T. i Silva, J. A. I. V. (2021). Pedigree analysis of the racing line Quarter Horse: Genetic diversity and most influential ancestors. *Livestock Science*, 247, 104484.
- Felkel, S., Vogl, C., Rigler, D., Dobretberger, V., Chowdhary, B. P., Distl, O., Fries, R., Jagannathan, V., Janečka, J. E., Leeb, T., Lindgren, G., McCue, M., Metzger, J., Neuditschko, M., Rattei, T., Raudsepp, T., Rieder, S., Rubin, C. J., Schaefer, R., ... Wallner, B. (2019). The horse Y chromosome as an informative marker for tracing sire lines. *Scientific Reports*, 9(1), 1–12. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-42640-w>
- Ferres, K., Schloesser, T. i Gloor, P. A. (2022). Predicting dog emotions based on posture analysis using deeplabcut. *Future Internet*, 14(4), 97.
- Fischer, B., Grunstra, N. D., Zaffarini, E. i Mitteroecker, P. (2021). Sex differences in the pelvis did not evolve de novo in modern humans. *Nature Ecology & Evolution*, 5(5), 625–630.
- Fisher, S. N. (1952). Ottoman feudalism and its influence upon the Balkans. *The Historian*, 15(1), 3–22.
- Flori, L., Fritz, S., Jaffrézic, F., Boussaha, M., Gut, I., Heath, S., Foulley, J.-L. i Gautier, M. (2009). The genome response to artificial selection: A case study in dairy cattle. *PloS one*, 4(8), e6595.
- Fontanel, M., Todd, E. T., Drabbe, A., Ropka-Molik, K., Stefaniuk-Szmukier, M., Myćka, G. i Velie, B. D. (2020). Variation in the SLC16A1 and the ACOX1 Genes Is Associated with Gallop Racing Performance in Arabian Horses. *Journal of Equine Veterinary Science*, 93. <https://doi.org/10.1016/j.jevs.2020.103202>
- France, J. (2017). THE BATTLE OF HATTIN. *Medieval Warfare*, 7(4), 25–33.
- Franz, K. (2011). The Bedouin in history or Bedouin history? *Nomadic Peoples*, 15(1), 11–53.
- Fureix, C., Hausberger, M., Seneque, E., Morisset, S., Baylac, M., Cornette, R., Biquand, V. i Deleporte, P. (2011). Geometric morphometrics as a tool for improving the comparative study of behavioural postures. *Naturwissenschaften*, 98, 583–592.
- Gaunitz, C., Fages, A., Hanghøj, K., Albrechtsen, A., Khan, N., Schubert, M., Seguin-Orlando, A., Owens, I. J., Felkel, S., Bignon-Lau, O., Damgaard, P. de B., Mitnik, A., Mohaseb, A. F., Davoudi, H., Alquraishi, S. A., Alfarhan, A. H., Al-Rasheid, K. A. S., Crubézy, E., Benecke, N., ... Orlando, L. (2018). Ancient genomes revisit the ancestry of domestic and Przewalski's horses. *Science*, 360(6384), 111–114. <https://doi.org/10.1126/science.aao3297>
- Giontella, A., Pieramati, C., Silvestrelli, M. i Sarti, F. M. (2019). Analysis of founders and performance test effects on an autochthonous horse population through pedigree analysis: Structure, genetic variability and inbreeding. *Animal*, 13(1), 15–24. <https://doi.org/10.1017/S1751731118001180>
- Głazewska, I. (2019). *Hodowla koni arabskich w Polsce: Klacze stadne i ich przychowek 1992-2006*. Wydawnictwo Uniwersytetu Gdańskiego.
- Głazewska, I. (2022). *Hodowla koni arabskich w Polsce: Klacze stadne i ich przychowek 2007-2016*. Wydawnictwo Uniwersytetu Gdańskiego.
- Głazewska, I., Gralak, B., Naczka, A. M. i Prusak, B. (2018). Genetic diversity and population structure of Polish Arabian horses assessed through breeding and microsatellite data. *Animal Science Journal*, 89(5), 735–742.
- Głazewska, I. i Jezierski, T. (2004). Pedigree analysis of Polish Arabian horses based on founder contributions. *Livestock Production Science*, 90(2), 293–298. <https://doi.org/10.1016/j.livprodsci.2004.08.002>
- Głazewska, I., Wysocka, A., Gralak, B., Prus, R. i Sell, J. (2007). A new view on dam lines in Polish Arabian horses based on mtDNA analysis. *Genetics Selection Evolution*, 39(5), 609. <https://doi.org/10.1186/1297-9686-39-5-609>
- Gmel, A. I., Gmel, G., von Niederhäusern, R., Weishaupt, M. A. i Neuditschko, M. (2020). Should We Agree to Disagree? An Evaluation of the Inter-Rater Reliability of Gait Quality Traits in Franches-Montagnes Stallions. *Journal of Equine Veterinary Science*, 88. <https://doi.org/10.1016/j.jevs.2020.102932>
- Goiios, A., Prieto, L., Amorim, A. i Pereira, L. (2008). Specificity of mtDNA-directed PCR—influence of Nuclear MTDNA insertion (NUMT) contamination in routine samples and techniques. *International journal of legal medicine*, 122, 341–345.
- Gómez, M. D., Sánchez, M. J., Bartolomé, E., Cervantes, I., Poyato-Bonilla, J., Demyda-Peyrás, S. i Valera, M. (2020). Phenotypic and genetic analysis of reproductive traits in horse populations with different breeding purposes. *Animal*, 14(7), 1351–1361. <https://doi.org/10.1017/S1751731120000087>
- Gu, J., Orr, N., Park, S. D., Katz, L. M., Sulimova, G., MacHugh, D. E. i Hill, E. W. (2009). A genome scan for positive selection in thoroughbred horses. *PloS one*, 4(6), e5767.

- Gudbjartsson, D. F., Walters, G. B., Thorleifsson, G., Stefansson, H., Halldorsson, B. V., Zusmanovich, P., Sulem, P., Thorlacius, S., Gylfason, A. i Steinberg, S. (2008). Many sequence variants affecting diversity of adult human height. *Nature genetics*, 40(5), 609–615.
- Gündemir, O., Özkan, E., İnce, N. G., Pazvant, G., Demircioğlu, İ., Aydoğdu, S., Koçyiğit, A. i Dayan, O. (2020). Investigation of os coxae in horses using geometric morphometry method. *Harran Üniversitesi Veteriner Fakültesi Dergisi*, 9(2), 170–176.
- Gürbüz, İ. i Demiraslan, Y. (2023). Geometric morphometric investigation of incus in horse (*Equus ferus caballus*) and donkey (*Equus Asinus*). *Black Sea Journal of Agriculture*, 6(1), 26–31.
- Halperin, C. J. (2000). The Kipchak Connection: The Ilkhans, the Mamluks and Ayn Jalut. *Bulletin of the School of Oriental and African Studies, University of London*, 63(2), 229–245.
- Hanot, P., Bayarsaikhan, J., Guintard, C., Haruda, A., Mijiddorj, E., Schafberg, R. i Taylor, W. (2021). Cranial shape diversification in horses: Variation and covariation patterns under the impact of artificial selection. *BMC Ecology and Evolution*, 21, 1–19.
- Heck, L., Sanchez-Villagra, M. R. i Stange, M. (2019). Why the long face? Comparative shape analysis of miniature, pony, and other horse skulls reveals changes in ontogenetic growth. *PeerJ*, 2019(9), e7678. <https://doi.org/10.7717/peerj.7678>
- Heck, L., Wilson, L. A., Evin, A., Stange, M. i Sánchez-Villagra, M. R. (2018). Shape variation and modularity of skull and teeth in domesticated horses and wild equids. *Frontiers in Zoology*, 15, 1–17.
- Hedayat Evrigh, N., Omri, M., Boustan, A., Seyedsharifi, R. i Vahedi, V. (2018). Genetic Diversity and Structure of Iranian Horses' Population Based on Mitochondrial Markers. *Journal of Equine Veterinary Science*, 64, 107–111. <https://doi.org/10.1016/j.jevs.2018.02.011>
- Henderson, L. K., Craig, J. C., Willis, N. S., Tovey, D. i Webster, A. C. (2010). How to write a Cochrane systematic review. *Nephrology*, 15(6), 617–624.
- Hill, E. W., Fonseca, R. G., McGivney, B. A., Gu, J., MacHugh, D. E. i Katz, L. M. (2012). MSTN genotype (g.66493737C/T) association with speed indices in Thoroughbred racehorses. *Journal of Applied Physiology*, 112(1), 86–90. <https://doi.org/10.1152/jappphysiol.00793.2011>
- Hill, E. W., McGivney, B. A., Gu, J., Whiston, R. i MacHugh, D. E. (2010). A genome-wide SNP-association study confirms a sequence variant (g.66493737C>T) in the equine myostatin (MSTN) gene as the most powerful predictor of optimum racing distance for Thoroughbred racehorses. *BMC Genomics*, 11(1). <https://doi.org/10.1186/1471-2164-11-552>
- Hill, W. G. i Weir, B. S. (2011). Variation in actual relationship as a consequence of Mendelian sampling and linkage. *Genetics research*, 93(1), 47–64.
- Hoang, D. T., Chernomor, O., Von Haeseler, A., Minh, B. Q. i Vinh, L. S. (2018). UFBoot2: Improving the ultrafast bootstrap approximation. *Molecular biology and evolution*, 35(2), 518–522.
- Hoffmeier, J. K. i Kitchen, K. A. (2007). Reshep and Astarte in North Sinai: A recently discovered stela from Tell el-Borg. *Ägypten und Levante/Egypt and the Levant*, 17, 127–136.
- Hofmanová, B., Vostrý, L., Majzlík, I. i Vostrá-Vydrová, H. (2015). *Characterization of greying, melanoma, and vitiligo quantitative inheritance in Old Kladruber horses.*
- Holmstrom, M., Magnusson, L. E. i Philipsson, J. (1990). Variation in conformation of Swedish Warmblood horses and conformational characteristics of elite sport horses. *Equine Veterinary Journal*, 22(3), 186–193. <https://doi.org/10.1111/j.2042-3306.1990.tb04245.x>
- Hudson, W. (2017). Whole-loop mitochondrial DNA D-loop sequence variability in Egyptian Arabian equine matriline. *PLOS ONE*, 12(8), e0184309. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0184309>
- ISAG/FAO Standing Committee. (2004). *Secondary guidelines for development of national farm animal genetic resources management plans. Measurement of domestic animal diversity (MoDAD): Recommended Microsatellite markers.* Food and Agriculture Organization of the United Nations: Rome, Italy.
- Jasielczuk, I., Gurgul, A., Szmatoła, T., Semik-Gurgul, E., Pawlina-Tyszko, K., Stefaniuk-Szmukier, M., Polak, G., Tomczyk-Wrona, I. i Bugno-Poniewierska, M. (2020). Linkage disequilibrium, haplotype blocks and historical effective population size in Arabian horses and selected Polish native horse breeds. *Livestock Science*, 239, 104095.
- Johnston, C., GOTTLIEB-VEDI, M., Drevemo, S. i Roepstorff, L. (1999). The kinematics of loading and fatigue in the Standardbred trotter. *Equine Veterinary Journal*, 31(S30), 249–253.
- José Sánchez, M., Dolores Gómez, M., Peña, F., García Monterde, J., Luís Morales, J., Molina, A. i Valera, M. (2013). Relationship between conformation traits and gait characteristics in Pura Raza Español horses. *Archives Animal Breeding*, 56(1), 137–148. <https://doi.org/10.7482/0003-9438-56-013>
- Kalbfleisch, T. S., Rice, E. S., DePriest, M. S., Walenz, B. P., Hestand, M. S., Vermeesch, J. R., O'Connell, B. L., Fiddes, I. T., Vershina, A. O., Petersen, J. L., Finno, C. J., Bellone, R. R., McCue, M. E., Brooks,

- S. A., Bailey, E., Orlando, L., Green, R. E., Miller, D. C., Antczak, D. F. i MacLeod, J. N. (2018). *EquCab3, an Updated Reference Genome for the Domestic Horse* (s. 306928). bioRxiv. <https://doi.org/10.1101/306928>
- Kalyaanamoorthy, S., Minh, B. Q., Wong, T. K., Von Haeseler, A. i Jermiin, L. S. (2017). ModelFinder: Fast model selection for accurate phylogenetic estimates. *Nature methods*, 14(6), 587–589.
- Kamieniak, J. (2006). *Analiza stopnia pobudliwości nerwowej polskich koni czystej krwi arabskiej z uwzględnieniem dotychczasowych kojarzeń* [Rozprawa habilitacyjna]. Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie.
- Kasarda, R., Moravčíková, N., Kadlečík, O., Trakovická, A., Halo, M. i Candrák, J. (2019). Level of Inbreeding in Norik of Muran Horse: Pedigree vs. Genomic Data. *Acta Universitatis Agriculturae et Silviculturae Mendelianae Brunensis*, 67(6), 1457–1463. <https://doi.org/10.11118/actaun201967061457>
- Katoh, K., Asimenos, G. i Toh, H. (2009). Multiple alignment of DNA sequences with MAFFT. *Bioinformatics for DNA sequence analysis*, 39–64.
- Katoh, K., Misawa, K., Kuma, K. i Miyata, T. (2002). MAFFT: a novel method for rapid multiple sequence alignment based on fast Fourier transform. *Nucleic acids research*, 30(14), 3059–3066.
- Katoh, K., Rozewicki, J. i Yamada, K. D. (2019). MAFFT online service: Multiple sequence alignment, interactive sequence choice and visualization. *Briefings in bioinformatics*, 20(4), 1160–1166.
- Kavar, T., Habe, F., Brem, G. i Dovč, P. (1999). Mitochondrial D-loop sequence variation among the 16 maternal lines of the Lipizzan horse breed. *Animal Genetics*, 30(6), 423–430. <https://doi.org/10.1046/j.1365-2052.1999.00557.x>
- Khanshour, A. M., Conant, E., Juras, R. i Cothran, E. G. (2013). Microsatellite analysis of genetic diversity and population structure of Arabian horse populations. *Journal of Heredity*, 104(3), 386–398. <https://doi.org/10.1093/jhered/est003>
- Khanshour, A. M. i Cothran, E. (2013). Maternal phylogenetic relationships and genetic variation among Arabian horse populations using whole mitochondrial DNA D-loop sequencing. *BMC Genetics*, 14(1), 83. <https://doi.org/10.1186/1471-2156-14-83>
- Kiley-Worthington, M. (1976). The tail movements of ungulates, canids and felids with particular reference to their causation and function as displays. *Behaviour*, 56(1–2), 69–114.
- Kim, J.-J., Lee, H.-I., Park, T., Kim, K., Lee, J.-E., Cho, N. H., Shin, C., Cho, Y. S., Lee, J.-Y. i Han, B.-G. (2010). Identification of 15 loci influencing height in a Korean population. *Journal of human genetics*, 55(1), 27–31.
- Klecel, W., Drobik-Czwaro, W. i Martyniuk, E. (2022). Female Factor: The Influence of Dams on the Racing Performance of Purebred Arabians and Thoroughbreds. *Available at SSRN 4110914*.
- Klecel, W., Drobik-Czwaro, W. i Martyniuk, E. (2023). Judging the Arabian Beauty: What are the Relationships Between Different Scoring Categories? *Journal of Equine Veterinary Science*, 123, 104247. <https://doi.org/10.1016/j.jevs.2023.104247>
- Klecel, W., Kloch, M., Wojciechowska, M., Gajewska, M. i Martyniuk, E. (2024). Population structure and genetic diversity of Polish Arabian horses based on pedigree data. *animal*, 18(5), 101148.
- Kroekenstoel, A. M., Van Heel, M. C. V., Van Weeren, P. R. i Back, W. (2006). Developmental aspects of distal limb conformation in the horse: The potential consequences of uneven feet in foals. *Equine Veterinary Journal*, 38(7), 652–656. <https://doi.org/10.2746/042516406X159089>
- Lacy, R. C. (1989). Analysis of founder representation in pedigrees: Founder equivalents and founder genome equivalents. *Zoo Biology*, 8(2), 111–123. <https://doi.org/10.1002/zoo.1430080203>
- Landry, D. (2008). *Noble brutes: How eastern horses transformed English culture*. JHU Press.
- Lange, C. (2016). Purity, Nobility, Beauty and Performance: Past and Present Construction of Meaning for the Arabian Horse. W D. Davis & A. Maurstad (Red.), *The Meaning of Horses*. Routledge. <https://doi.org/10.4324/9781315690728>
- Lango Allen, H., Estrada, K., Lettre, G., Berndt, S. I., Weedon, M. N., Rivadeneira, F., Willer, C. J., Jackson, A. U., Vedantam, S. i Raychaudhuri, S. (2010). Hundreds of variants clustered in genomic loci and biological pathways affect human height. *Nature*, 467(7317), 832–838.
- Lankila, T. P. (2013). The saracen raid of Rome in 846: An example of maritime ghazw. *Studia Orientalia Electronica*, 114, 93–120.
- Larsson, A. (2014). AliView: A fast and lightweight alignment viewer and editor for large datasets. *Bioinformatics*, 30(22), 3276–3278.
- Laseca, N., Anaya, G., Peña, Z., Piroso, Y., Molina, A. i Demyda Peyrás, S. (2021). Impaired reproductive function in equines: From genetics to genomics. *Animals*, 11(2), 393.

- Le, V. A., Sterley, T.-L., Cheng, N., Bains, J. S. i Murari, K. (2024). Markerless Mouse Tracking for Social Experiments. *eneuro*, *11*(2), ENEURO.0154-22.2023. <https://doi.org/10.1523/ENEURO.0154-22.2023>
- Letunic, I. i Bork, P. (2024). Interactive Tree of Life (iTOL) v6: Recent updates to the phylogenetic tree display and annotation tool. *Nucleic Acids Research*, *gkae268*.
- Levanoni, A. (1990). The Mamluks' ascent to power in Egypt. *Studia Islamica*, *72*, 121–144.
- Li, X., Geng, T., Shen, W., Zhang, J. i Zhou, Y. (2021). Quantifying the influencing factors and multi-factor interactions affecting cadmium accumulation in limestone-derived agricultural soil using random forest (RF) approach. *Ecotoxicology and environmental safety*, *209*, 111773.
- Librado, P., Khan, N., Fages, A., Kusliy, M. A., Suchan, T., Tonasso-Calvière, L., Schiavinato, S., Alioglu, D., Fromentier, A., Perdereau, A., Aury, J. M., Gaunitz, C., Chauvey, L., Seguin-Orlando, A., Der Sarkissian, C., Southon, J., Shapiro, B., Tishkin, A. A., Kovalev, A. A., ... Orlando, L. (2021). The origins and spread of domestic horses from the Western Eurasian steppes. *Nature*, *598*(7882), 634–640. <https://doi.org/10.1038/s41586-021-04018-9>
- Librado, P., Tressières, G., Chauvey, L., Fages, A., Khan, N., Schiavinato, S., ... Orlando, L. (2024). Widespread horse-based mobility arose around 2200 BCE in Eurasia. *Nature*, *631*(8022), 819-825.
- Liu, X., Zhang, Y., Liu, W., Li, Y., Pan, J., Pu, Y., Han, J., Orlando, L., Ma, Y. i Jiang, L. (2022). A single-nucleotide mutation within the TBX3 enhancer increased body size in Chinese horses. *Current Biology*, *32*(2), 480-487.e6. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2021.11.052>
- López-Cortegano, E. (2022). purgeR: Inbreeding and purging in pedigreed populations. *Bioinformatics*, *38*(2), 564–565. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btab599>
- Lyons, M. C. i Jackson, D. E. P. (1984). *Saladin: The politics of the holy war* (T. 30). Cambridge University Press.
- MacCluer, J. W., Boyce, A. J., Dyke, B., Weitkamp, L. R., Pfenning, D. W. i Parsons, C. J. (1983). Inbreeding and pedigree structure in Standardbred horses. *Journal of Heredity*, *74*(6), 394–399. <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.jhered.a109824>
- MacCluer, J. W., VandeBerg, J. L., Read, B. i Ryder, O. A. (1986). Pedigree analysis by computer simulation. *Zoo Biology*, *5*(2), 147–160. <https://doi.org/10.1002/zoo.1430050209>
- Macdonald, M. (2009). Arabs, Arabias and arabic before late Antiquity. *Topoi. Orient-Occident*, *16*(1), 277–332.
- Machmoum, M., Badaoui, B., Petit, D., Germot, A., El Alaoui, M. A., Boujenane, I. i Piro, M. (2023). Genetic Diversity and Maternal Phylogenetic Relationships among Populations and Strains of Arabian Show Horses. *Animals*, *13*(12), 2021. <https://doi.org/10.3390/ani13122021>
- Mackowski, M., Mucha, S., Cholewinski, G. i Cieslak, J. (2015). Genetic diversity in Hucul and Polish primitive horse breeds. *Archives Animal Breeding*, *58*(1), 23–31. <https://doi.org/10.5194/aab-58-23-2015>
- Mahrous, K. F., Hassanane, M., Mordy, M. A., Shafey, H. I. i Hassan, N. (2011). Genetic variations in horse using microsatellite markers. *Journal of Genetic Engineering and Biotechnology*, *9*(2), 103–109.
- Maignel, L., Boichard, D. i Verrier, E. (1996). Genetic variability of French dairy breeds estimated from pedigree information. *INTERBULL bulletin*, *14*, 49–49.
- Makarewicz, C. A. (2020). The adoption of cattle pastoralism in the Arabian Peninsula: A reappraisal. *Arabian Archaeology and Epigraphy*, *31*(1), 168–177. <https://doi.org/10.1111/aae.12156>
- Makvandi-Nejad, S., Hoffman, G. E., Allen, J. J., Chu, E., Gu, E., Chandler, A. M., Lored, A. I., Bellone, R. R., Mezey, J. G., Brooks, S. A. i Sutter, N. B. (2012). Four Loci Explain 83% of Size Variation in the Horse. *PLOS ONE*, *7*(7), e39929. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0039929>
- Marín Navas, C., Delgado Bermejo, J. V., McLean, A. K., León Jurado, J. M., Rodríguez de la Borbolla y Ruiberriz de Torres, A. i Navas González, F. J. (2021). Discriminant canonical analysis of the contribution of Spanish and Arabian purebred horses to the genetic diversity and population structure of Hispano-Arabian horses. *Animals*, *11*(2), 269.
- Marschner, I. i Donoghoe, M. W. (2018). Package 'glm2'. *R Journal*.
- Mascagni, M. i Srinivasan, A. (2000). Algorithm 806: SPRNG: A scalable library for pseudorandom number generation. *ACM Transactions on Mathematical Software (TOMS)*, *26*(3), 436–461.
- Maško, M., Wierzbička, M., Zdrojkowski, Ł., Jasiński, T., Sikorska, U., Pawliński, B. i Domino, M. (2022). Comparison of Donkey, Pony, and Horse Dorsal Profiles and Head Shapes Using Geometric Morphometrics. *Animals*, *12*(7), Article 7. <https://doi.org/10.3390/ani12070931>
- Mathis, A., Mamidanna, P., Cury, K. M., Abe, T., Murthy, V. N., Mathis, M. W. i Bethge, M. (2018). DeepLabCut: Markerless pose estimation of user-defined body parts with deep learning. *Nature Neuroscience*, *21*(9), Article 9. <https://doi.org/10.1038/s41593-018-0209-y>
- Mathis, A. i Warren, R. (2018). On the inference speed and video-compression robustness of DeepLabCut. *BioRxiv*, 457242.

- Mathis, M. W. i Mathis, A. (2020). Deep learning tools for the measurement of animal behavior in neuroscience. *Current Opinion in Neurobiology*, *60*, 1–11. <https://doi.org/10.1016/j.conb.2019.10.008>
- McCue, M. E., Bannasch, D. L., Petersen, J. L., Gurr, J., Bailey, E., Binns, M. M., Distl, O., Guérin, G., Hasegawa, T., Hill, E. W., Leeb, T., Lindgren, G., Penedo, M. C. T., Røed, K. H., Ryder, O. A., Swinburne, J. E., Tozaki, T., Valberg, S. J., Vaudin, M., ... Mickelson, J. R. (2012). A High Density SNP Array for the Domestic Horse and Extant Perissodactyla: Utility for Association Mapping, Genetic Diversity, and Phylogeny Studies. *PLOS Genetics*, *8*(1), e1002451. <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1002451>
- Meirmans, P. G. i Hedrick, P. W. (2011). Assessing population structure: FST and related measures. *Molecular ecology resources*, *11*(1), 5–18.
- Metzger, J., Karwath, M., Tonda, R., Beltran, S., Águeda, L., Gut, M., Gut, I. G. i Distl, O. (2015). Runs of homozygosity reveal signatures of positive selection for reproduction traits in breed and non-breed horses. *BMC genomics*, *16*, 1–14.
- Metzger, J., Schrimpf, R., Philipp, U. i Distl, O. (2013). Expression Levels of LCORL Are Associated with Body Size in Horses. *PLOS ONE*, *8*(2), e56497. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0056497>
- Moher, D., Liberati, A., Tetzlaff, J., Altman, D. G. i Prisma Group. (2010). Preferred reporting items for systematic reviews and meta-analyses: The PRISMA statement. *International journal of surgery*, *8*(5), 336–341.
- Molina, A., Valera, M., Dos Santos, R. i Rodero, A. (1999). Genetic parameters of morphofunctional traits in Andalusian horse. *Livestock Production Science*, *60*(2–3), 295–303. [https://doi.org/10.1016/S0301-6226\(99\)00101-3](https://doi.org/10.1016/S0301-6226(99)00101-3)
- Moridi, M., Masoudi, A. A., Vaez Torshizi, R. i Hill, E. W. (2013). Mitochondrial DNA D-loop sequence variation in maternal lineages of Iranian native horses. *Animal Genetics*, *44*(2), 209–213. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2012.02389.x>
- Mueen Ahmed, K. i Dhubaib, B. E. A. (2011). Zotero: A bibliographic assistant to researcher. *Journal of Pharmacology and Pharmacotherapeutics*, *2*(4), 304–305.
- Muslu, C. Y. (2014). *The Ottomans and the Mamluks: Imperial diplomacy and warfare in the Islamic world*. Bloomsbury Publishing.
- Muybridge, J. (1882). The Horse in Motion. *Nature*, *25*(652), 605–605. <https://doi.org/10.1038/025605b0>
- Nachmias, A., Bar-Oz, G., Nadel, D., Petrosyan, I. i Gasparyan, B. (2021). A Monumental Horse Burial in the Armenian Highlands. *Archaeology, Ethnology & Anthropology of Eurasia*, *49*(3), 41–50.
- Natekin, A. i Knoll, A. (2013). Gradient boosting machines, a tutorial. *Frontiers in neurobotics*, *7*, 21.
- Nelson, S. R., Kathe, S. D., Hilzinger, T. S., Averill, A. M., Warshaw, D. M., Wallace, S. S. i Lee, A. J. (2019). Single molecule glycosylase studies with engineered 8-oxoguanine DNA damage sites show functional defects of a MUTYH polyposis variant. *Nucleic Acids Research*, *47*(6), 3058–3071.
- Nguyen, L.-T., Schmidt, H. A., Von Haeseler, A. i Minh, B. Q. (2015). IQ-TREE: A Fast and Effective Stochastic Algorithm for Estimating Maximum-Likelihood Phylogenies. *Molecular Biology and Evolution*, *32*(1), 268–274. <https://doi.org/10.1093/molbev/msu300>
- Novotna, A., Birovas, A., Vostra-Vydrova, H., Vesela, Z. i Vostry, L. (2022). Genetic Parameters of Performance and Conformation Traits of 3-Year-Old Warmblood Sport Horses in the Czech Republic. *Animals*, *12*(21). <https://doi.org/10.3390/ani12212957>
- O'Brien, R. M. (2007). A caution regarding rules of thumb for variance inflation factors. *Quality and Quantity*, *41*(5), 673–690. <https://doi.org/10.1007/s11135-006-9018-6>
- Oki, H., Sasaki, Y. i Willham, R. L. (1994). Genetics of racing performance in the Japanese Thoroughbred horse: II. Environmental variation of racing time on turf and dirt tracks and the influence of sex, age, and weight carried on racing time. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, *111*(1–6), 128–137. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0388.1994.tb00446.x>
- Olsen, S. L. (2006). Early Horse Domestication on the Eurasian Steppe. W M. A. Zeder, D. G. Bradley, E. Emshwiller i B. D. Smith (Red.), *Documenting Domestication: New Genetic and Archaeological Paradigms* (s. 245–269). University of California Press. <http://www.jstor.org/stable/10.1525/j.ctt1pnvs1.22>
- Olsen, S. L. i Culbertson, C. (2010). *A gift from the desert: The art, history, and culture of the Arabian horse*. International Museum of the Horse, Kentucky Horse Park.
- Othman, O. E., Mahrous, K. F. i Shafey, H. I. (2017). Mitochondrial DNA genetic variations among four horse populations in Egypt. *Journal of Genetic Engineering and Biotechnology*, *15*(2), 469–474. <https://doi.org/10.1016/j.jgeb.2017.06.004>

- Parés Casanova, P.-M. i Martínez, S. (2013). *Geometric morphometrics for the study of hemicoxae sexual dimorphism in a local domestic equine breed*.
- Pasing, S. i König von Borstel, U. (2012). Evidence of grade inflation in personality trait scores from stallion performance tests. *Proceedings of the 8th International Equitation Science Conference, Edinburgh, UK, July 18-20 2012*, 2012, 2022.
- Petersen, J. L., Mickelson, J. R., Rendahl, A. K., Valberg, S. J., Andersson, L. S., Axelsson, J., Bailey, E., Bannasch, D., Binns, M. M., Borges, A. S., Brama, P., da Câmara Machado, A., Capomaccio, S., Cappelli, K., Cothran, E. G., Distl, O., Fox-Clipsham, L., Graves, K. T., Guérin, G., ... McCue, M. E. (2013). Genome-Wide Analysis Reveals Selection for Important Traits in Domestic Horse Breeds. *PLoS Genetics*, 9(1). <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1003211>
- Petersen, J. L., Valberg, S. J., Mickelson, J. R. i McCue, M. E. (2014). Haplotype diversity in the equine myostatin gene with focus on variants associated with race distance propensity and muscle fiber type proportions. *Animal genetics*, 45(6), 827–835.
- Pinheiro, M., Kjällerström, H. i Oom, M. (2013). Genetic diversity and demographic structure of the endangered Sorraia horse breed assessed through pedigree analysis. *Livestock science*, 152(1), 1–10.
- Pjontek, J., Kadlečík, O., Kasarda, R. i Horný, M. (2012). Pedigree analysis in four Slovak endangered horse breeds. *Czech Journal of Animal Science*, 57(2), 54–64.
- Potdar, K., Pardawala, T. S. i Pai, C. D. (2017). A comparative study of categorical variable encoding techniques for neural network classifiers. *International journal of computer applications*, 175(4), 7–9.
- Pruski, W. (1980). *Wyścigi i hodowla koni pełnej krwi oraz czystej krwi arabskiej w Polsce w latach 1918-1939*. Ossolineum.
- Pruski, W. (1983). *Dwa wieki polskiej hodowli koni arabskich (1778-1978) i jej sukcesy na świecie*. PWRiL.
- Purzyc, H., Kobryńczuk, F. i Bojarski, J. (2011). Sexual dimorphism in Hucul horses using discriminant analysis. *animal*, 5(4), 506–511.
- Raulwing, P. i Clutton-Brock, J. (2009). The Buhen horse: Fifty years after its discovery (1958–2008). *Journal of Egyptian History*, 2(1), 1–106.
- Remer, V., Bozlak, E., Felkel, S., Radovic, L., Rigler, D., Grilz-Seger, G., Stefaniuk-Szmukier, M., Bugno-Poniewierska, M., Brooks, S., Miller, D. C., Antczak, D. F., Sadeghi, R., Cothran, G., Juras, R., Khanshour, A. M., Rieder, S., Penedo, M. C., Waiditschka, G., Kalinkova, L., ... Wallner, B. (2022). Y-Chromosomal Insights into Breeding History and Sire Line Genealogies of Arabian Horses. *Genes*, 13(2), 229. <https://doi.org/10.3390/genes13020229>
- Rhodin, M., Alvarez, C. G., Byström, A., Johnston, C., Van Weeren, P., Roepstorff, L. i Weishaupt, M. (2009). The effect of different head and neck positions on the caudal back and hindlimb kinematics in the elite dressage horse at trot. *Equine Veterinary Journal*, 41(3), 274–279.
- Ricard, A., Bruns, E. i Cunningham, E. P. (2000). Genetics of Performance Traits. W A. T. Bowling & A. Ruvinsky (Red.), *The Genetics of the Horse* (s. 411–438). CABI Pub. <https://doi.org/10.1079/9781845937560.0325>
- Rigatti, S. J. (2017). Random forest. *Journal of Insurance Medicine*, 47(1), 31–39.
- Robb, J. (2020). Art (pre) history: Ritual, narrative and visual culture in Neolithic and Bronze Age Europe. *Journal of archaeological method and theory*, 27(3), 454–480.
- Roche, D. (1978). *Le siècle des Lumières en province. Académies et académiciens provinciaux, 1680-1789* (1st wyd.). École des Hautes Études en Sciences Sociales.
- Rommelaere, C. (1991). *Les chevaux du Nouvel Empire égyptien: Origines, races, harnachement*. Connaissance de l'Égypte ancienne.
- Ropka-Molik, K., Stefaniuk-Szmukier, M., Musiał, A. D. i Velie, B. D. (2019). The Genetics of Racing Performance in Arabian Horses. *International Journal of Genomics*, 2019. <https://doi.org/10.1155/2019/9013239>
- Rosengren, M. K., Sigurðardóttir, H., Eriksson, S., Naboulsi, R., Jouni, A., Novoa-Bravo, M., Albertsdóttir, E., Kristjánsson, Þ., Rhodin, M., Viklund, Å., Velie, B. D., Negro, J. J., Solé, M. i Lindgren, G. (2021). A QTL for conformation of back and croup influences lateral gait quality in Icelandic horses. *BMC Genomics*, 22(1), 1–13. <https://doi.org/10.1186/s12864-021-07454-z>
- Ross, A., Willson, V. L., Ross, A. i Willson, V. L. (2017). Independent samples T-test. *Basic and advanced statistical tests: Writing results sections and creating tables and figures*, 13–16.
- Royo, L. J., Álvarez, I., Beja-Pereira, A., Molina, A., Fernández, I., Jordana, J., Gómez, E., Gutiérrez, J. P. i Goyache, F. (2005). The Origins of Iberian Horses Assessed via Mitochondrial DNA. *Journal of Heredity*, 96(6), 663–669. <https://doi.org/10.1093/jhered/esi116>

- Rubin, C.-J., Hodge, M., Naboulsi, R., Beckman, M., Bellone, R. R., Kallenberg, A., J'Usrey, S., Ohmura, H., Seki, K. i Furukawa, R. (2024). An intronic copy number variation in Syntaxin 17 determines speed of greying and melanoma incidence in Grey horses. *Nature Communications*, 15(1), 7510.
- Sadeghi, R., Moradi-Shahrbabak, M., Miraei Ashtiani, S. R., Schlamp, F., Cosgrove, E. J. i Antczak, D. F. (2019). Genetic Diversity of Persian Arabian Horses and Their Relationship to Other Native Iranian Horse Breeds. *Journal of Heredity*, 110(2), 173–182. <https://doi.org/10.1093/jhered/esy061>
- Salamanca-Carreño, A., Parés-Casanova, P. M., Monroy-Ochoa, N. I. i Vélez-Terranova, M. (2022). Would the Cephalic Development in the Purebred Arabian Horse and Its Crosses Indicate a Paedomorphic Process? *Animals*, 12(22), Article 22. <https://doi.org/10.3390/ani12223168>
- Salehinejad, H., Sankar, S., Barfett, J., Colak, E. i Valaee, S. (2017). Recent advances in recurrent neural networks. *arXiv preprint arXiv:1801.01078*.
- Sánchez, M. J., Azor, P. J., Molina, A., Parkin, T., Rivero, J. L. L. i Valera, M. (2017). Prevalence, risk factors and genetic parameters of cresty neck in Pura Raza Español horses. *Equine Veterinary Journal*, 49(2), 196–200. <https://doi.org/10.1111/evj.12569>
- Santos Alves, J., Da Silva Anjos, M., Silva Bastos, M., Sarmiento Martins De Oliveira, L., Pereira Pinto Oliveira, I., Batista Pinto, L. F., Albano De Araújo De Oliveira, C., Bernal Costa, R. i Miguel Ferreira De Camargo, G. (2021). Variability analyses of the maternal lineage of horses and donkeys. *Gene*, 769, 145231. <https://doi.org/10.1016/j.gene.2020.145231>
- Saslow, C. A. (2002). Understanding the perceptual world of horses. *Applied Animal Behaviour Science*, 78(2–4), 209–224.
- Schaefer, R. J., Schubert, M., Bailey, E., Bannasch, D. L., Barrey, E., Bar-Gal, G. K., Brem, G., Brooks, S. A., Distl, O., Fries, R., Finno, C. J., Gerber, V., Haase, B., Jagannathan, V., Kalbfleisch, T., Leeb, T., Lindgren, G., Lopes, M. S., Mach, N., ... McCue, M. E. (2017). Developing a 670k genotyping array to tag ~2M SNPs across 24 horse breeds. *BMC Genomics*, 18(1), 565. <https://doi.org/10.1186/s12864-017-3943-8>
- Schober, P. i Schwarte, L. A. (2018). Correlation coefficients: Appropriate use and interpretation. *Anesthesia and Analgesia*, 126(5), 1763–1768. <https://doi.org/10.1213/ANE.0000000000002864>
- Schrader, S. A., Smith, S. T., Olsen, S. i Buzon, M. (2018). Symbolic equids and Kushite state formation: A horse burial at Tombos. *Antiquity*, 92(362), 383–397. <https://doi.org/10.15184/aqy.2017.239>
- Schubertová, Z., Kadlečík, O., Candrák, J. i Kasarda, R. (2014). Pedigree analysis of Thoroughbred horses in Slovakia. *Acta Fytotechnica et Zootechnica*, 17(04), 122–126. <https://doi.org/10.15414/afz.2014.17.04.122-126>
- Schultz, A. H. (1949). Sex differences in the pelves of primates. *American Journal of Physical Anthropology*, 7(3), 401–424.
- Schweiger, R., Kaufman, S., Laaksonen, R., Kleber, M. E., März, W., Eskin, E., Rosset, S. i Halperin, E. (2016). Fast and accurate construction of confidence intervals for heritability. *The American Journal of Human Genetics*, 98(6), 1181–1192.
- Selesnick, I. W. i Burrus, C. S. (1998). Generalized digital Butterworth filter design. *IEEE Transactions on signal processing*, 46(6), 1688–1694.
- Serra Bragança, F. M., Broomé, S., Rhodin, M., Björnsdóttir, S., Gunnarsson, V., Voskamp, J. P., Persson-Sjodin, E., Back, W., Lindgren, G., Novoa-Bravo, M., Roepstorff, C., van der Zwaag, B. J., Van Weeren, P. R. i Hernlund, E. (2020). Improving gait classification in horses by using inertial measurement unit (IMU) generated data and machine learning. *Scientific Reports*, 10(1), 1–9. <https://doi.org/10.1038/s41598-020-73215-9>
- Sevinga, M., Vrijenhoek, T., Hesselink, J. W., Barkema, H. W. i Groen, A. F. (2004). Effect of inbreeding on the incidence of retained placenta in Friesian horses1. *Journal of Animal Science*, 82(4), 982–986. <https://doi.org/10.1093/ansci/82.4.982>
- Seyedabadi, H., Ahmadpanah, J., Javanrouh, A. i Baneh, H. (2023). Investigation of the genetic structure of Arabian horses using microsatellite markers. *Animal Production Research*, 12(1), 53–64.
- Shaw, R. G. i Mitchell-Olds, T. (1993). ANOVA for unbalanced data: An overview. *Ecology*, 74(6), 1638–1645.
- Sheikh, A. (2023). Mitochondrial DNA sequencing of Kehilan and Hamdani horses from Saudi Arabia. *Saudi Journal of Biological Sciences*, 30(9), 103741. <https://doi.org/10.1016/j.sjbs.2023.103741>
- Sheikh, A., Morsi Ahmed, M. M., Zainy Mutawakil, M. H., Singh Saini, K., Alsulaimany, F. A., EL Hanafy, A. A. i Sabir Sabir, J. M. (2019). SNP mapping and phylogenetic analysis of Saudi Arabian horse breeds based on mitochondrial genome sequencing. *Indian Journal of Experimental Biology*, 58(April), 225–230.

- Shi, N., Fan, L., Yao, Y., Peng, M. i Zhang, Y. (2014). Mitochondrial genomes of domestic animals need scrutiny. *Molecular Ecology*, 23(22), 5393–5397. <https://doi.org/10.1111/mec.12955>
- Signer-Hasler, H., Flury, C., Haase, B., Burger, D., Simianer, H., Leeb, T. i Rieder, S. (2012). A genome-wide association study reveals loci influencing height and other conformation traits in horses. *PLoS ONE*, 7(5). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0037282>
- Skorkowski, E. (1966). Wyścigi koni arabskich w Polsce. *Koń Polski. Hodowla, sport, eksport*, 1(3), 25–29.
- Sołtan-Abgarowicz, K. (1907). Cięższy kaliber. *Rolnik. Organ c. k. Galicyjskiego Towarzystwa Gospodarskiego*, 3–4.
- Somogyvari, E., Posta, J. i Mihok, S. (2018). Genetic analysis of the Hungarian population of endangered Hucul horses. *Czech Journal of Animal Science*, 63(6), 237–246.
- Spoormakers, T. J. P., Veraa, S., Graat, E. A. M., van Weeren, P. R. i Brommer, H. (2021). A comparative study of breed differences in the anatomical configuration of the equine vertebral column. *Journal of anatomy*, 239(4), 829–838.
- Stantis, C., Kharobi, A., Maaranen, N., Nowell, G. M., Bietak, M., Prell, S. i Schutkowski, H. (2020). Who were the Hyksos? Challenging traditional narratives using strontium isotope ($^{87}\text{Sr}/^{86}\text{Sr}$) analysis of human remains from ancient Egypt. *Plos one*, 15(7), e0235414.
- Stecher, R. M. (1962). Anatomical variations of the spine in the horse. *Journal of Mammalogy*, 43(2), 205–219.
- Suontama, M., Saastamoinen, M. T. i Ojala, M. (2009). Estimates of non-genetic effects and genetic parameters for body measures and subjectively scored traits in Finnhorse trotters. *Livestock Science*, 124(1–3), 205–209. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2009.01.017>
- Tague, R. G. (2003). Pelvic sexual dimorphism in a metatherian, *Didelphis virginiana*: Implications for eutherians. *Journal of Mammalogy*, 84(4), 1464–1473.
- Taveira, R. Z., Mota, M. D. S. i Oliveira, H. N. (2004). Population parameters in Brazilian Thoroughbred. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 121(6), 384–391. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0388.2004.00472.x>
- Taylor, B., Tipton, C. M., Adrian, M. i Karpovich, P. (1966). *Action of certain joints in the legs of the horse recorded electrogoniometrically*.
- Thiruvenkadan, A. K., Kandasamy, N. i Panneerselvam, S. (2009). Inheritance of racing performance of Thoroughbred horses. *Livestock Science*, 121(2–3), 308–326. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2008.07.009>
- Tseng, S.-P., Hsu, S.-E., Wang, J.-F. i Jen, I.-F. (2024). An Integrated Framework with ADD-LSTM and DeepLabCut for Dolphin Behavior Classification. *Journal of Marine Science and Engineering*, 12(4), 540.
- Ulrich, B. (2008). *The Azd migrations reconsidered: Narratives of 'Amr Muzayqiya and Mālik b. Fahm in historiographic context*. 311–318.
- Unt, V., Evans, J., Reed, S., Pfau, T. i Weller, R. (2010). Variation in frontal plane joint angles in horses. *Equine Veterinary Journal*, 42, 444–450.
- Upton, P. (2018). *ECAHO Judges' Training Manual*. European Conference of Arabian Horse Organization.
- Van de Pol, C. i van Oldruitenborgh-Oosterbaan, M. S. (2007). Measuring the height of ponies at the withers: Influence of time of day, water and feed withdrawal, weight-carrying, exercise and sedation. *The Veterinary Journal*, 174(1), 69–76.
- Vicente, A. A., Carolino, N. i Gama, L. T. (2012). Genetic diversity in the Lusitano horse breed assessed by pedigree analysis. *Livestock Science*, 148(1), 16–25. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2012.05.002>
- Vinutha, H., Poornima, B. i Sagar, B. (2018). *Detection of outliers using interquartile range technique from intrusion dataset*. 511–518.
- Vo, D. D. i Butler, R. (2022). *A Review of Deep Learning Techniques for Markerless Human Motion on Synthetic Datasets* (Wersja 1). arXiv. <https://doi.org/10.48550/ARXIV.2201.02503>
- Vostrá-Vydrová, H., Vostrý, L., Hofmanová, B., Krupa, E. i Zavadilová, L. (2016). Pedigree analysis of the endangered Old Kladruber horse population. *Livestock Science*, 185, 17–23. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2016.01.001>
- Vostrý, L., Čapková, Z., Přibyl, J. i Mach, K. (2011). Analysis of Czech cold-blooded horses: Genetic parameters, breeding value and the influence of inbreeding depression on linear description of conformation and type characters. *Czech Journal of Animal Science*, 56(5), 217–230.
- Wallin, L., Strandberg, E., Philipsson, J. i Dalin, G. (2000). Estimates of longevity and causes of culling and death in Swedish warmblood and coldblood horses. *Livestock production science*, 63(3), 275–289.

- Wallner, B., Brem, G., Müller, M. i Achmann, R. (2003). Fixed nucleotide differences on the Y chromosome indicate clear divergence between *Equus przewalskii* and *Equus caballus*. *Animal Genetics*, 34(6), 453–456. <https://doi.org/10.1046/j.0268-9146.2003.01044.x>
- Wallner, B., Palmieri, N., Vogl, C., Rigler, D., Bozlak, E., Druml, T., Jagannathan, V., Leeb, T., Fries, R., Tetens, J., Thaller, G., Metzger, J., Distl, O., Lindgren, G., Rubin, C. J., Andersson, L., Schaefer, R. J., McCue, M. E., Neuditschko, M., ... Brem, G. (2017). Y Chromosome Uncovers the Recent Oriental Origin of Modern Stallions. *Current Biology*, 27(13), 2029–2035.e5. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2017.05.086>
- Wang, X.-D., Liu, J.-X., Xu, Y. i Zhang, J. (2015). *A survey of multiple sequence alignment techniques*. 529–538.
- Warriach, H., Memon, M., Ahmad, N., Norman, S. T., Ghafar, A. i Arif, M. (2014). Reproductive performance of Arabian and Thoroughbred mares under subtropical conditions of Pakistan. *Asian-Australasian journal of animal sciences*, 27(7), 932.
- Weisgerber, J. N., Medill, S. A. i McLoughlin, P. D. (2015). Parallel-laser photogrammetry to estimate body size in free-ranging mammals. *Wildlife Society Bulletin*, 39(2), 422–428. <https://doi.org/10.1002/wsb.541>
- Weishaupt, M. A., Wiestner, T., Hogg, H. P., Jordan, P. i Auer, J. A. (2006). Compensatory load redistribution of horses with induced weight-bearing forelimb lameness trotting on a treadmill. *The Veterinary Journal*, 171(1), 135–146.
- Weller, R., Pfau, T., Babbage, D., Brittin, E., May, S. A. i Wilson, A. M. (2006). Reliability of conformational measurements in the horse using a three-dimensional motion analysis system. *Equine Veterinary Journal*, 38(7), 610–615. <https://doi.org/10.2746/042516406X150367>
- Wellmann, R. i Wellmann, M. R. (2018). *Package 'optiSel'*. Cran R-Project. <https://cran.r-project.org/web/packages/optiSel/index.html>
- Whyte, J. C. (1840). *History of the British turf, from the earliest period to the modern day* (T. 1). Henry Colburn Publisher.
- Wiltshire, C., Lewis-Cheetham, J., Komedová, V., Matsuzawa, T., Graham, K. E. i Hobaiter, C. (2023). DeepWild: Application of the pose estimation tool DeepLabCut for behaviour tracking in wild chimpanzees and bonobos. *Journal of Animal Ecology*, 92(8), 1560–1574. <https://doi.org/10.1111/1365-2656.13932>
- Witte, T. H., Knill, K. i Wilson, A. M. (2004). Determination of peak vertical ground reaction force from duty factor in the horse (*Equus caballus*). *Journal of Experimental Biology*, 207(21), 3639–3648. <https://doi.org/10.1242/jeb.01182>
- Witte, T., Knill, K. i Wilson, A. (2004). Determination of peak vertical ground reaction force from duty factor in the horse (*Equus caballus*). *Journal of Experimental Biology*, 207(21), 3639–3648.
- Wolak, M. E. (2012). nadv: An R package to create relatedness matrices for estimating non-additive genetic variances in animal models. *Methods in Ecology and Evolution*, 3, 792–796.
- Xiufeng, X. i Árnason, Ú. (1994). The complete mitochondrial DNA sequence of the horse, *Equus caballus*: Extensive heteroplasmy of the control region. *Gene*, 148(2), 357–362. [https://doi.org/10.1016/0378-1119\(94\)90713-7](https://doi.org/10.1016/0378-1119(94)90713-7)
- Yıldırım, İ. G. i Erden, H. (2023). Conformational characteristics in Arabian and Thoroughbred horses. *Animal Health Production and Hygiene*, 12(2), 27–35.
- Zebisch, A., May, A., Reese, S. i Gehlen, H. (2014). Effect of different head–neck positions on physical and psychological stress parameters in the ridden horse. *Journal of animal physiology and animal nutrition*, 98(5), 901–907.
- Zechner, P., Sölkner, J., Bodo, I., Druml, T., Baumung, R., Achmann, R., Marti, E., Habe, F. i Brem, G. (2002). Analysis of diversity and population structure in the Lipizzan horse breed based on pedigree information. *Livestock Production Science*, 77(2–3), 137–146. [https://doi.org/10.1016/S0301-6226\(02\)00079-9](https://doi.org/10.1016/S0301-6226(02)00079-9)
- Ziętarski, B. (1922). O potrzebie założenia księgi stadnej koni arabskich i wyścigów. *Jeździec i Hodowca*, 41, 444–445.

Aneks

Wykaz skrótów

aDNA – DNA kopalne (*Ancient DNA*)

AIC – Kryterium informacyjne Akaike (*Akaike Information Criterion*)

ANC – Przodkowie (*Ancestors*)

ANOVA – Analiza wariancji (*Analysis of Variance*)

ASIP – Gen kodujący białko sygnalizujące agouti (*Agouti Signalling Protein*)

AWS – Amazon Web Services

BIC – Bayesowskie kryterium informacyjne (*Bayesian Information Criterion*)

CA – Abiotrofia mózdkowa (*Cerebellar Abiotrophy*)

CG – Średnia liczba pełnych pokoleń (*Complete Generations*)

CPU – Centralna jednostka obliczeniowa (*Central Processing Unit*)

CSV – Plik wartości oddzielonych przecinkami (*Comma-delimited Values*)

DF – Współczynnik obciążenia (*Duty Factor*)

DLC – DeepLabCut

DMRT3 – Gen kodujący obupłciowy czynnik transkrypcyjny 3 związany z Mab-3 (*Doublesex And Mab-3 Related Transcription Factor 3*)

EAHSC – Europejska Komisja Pokazowa Konia Arabskiego (*European Arabian Horse Show Commission*)

ECAHO – Europejska Konferencja Organizacji Konia Arabskiego (*European Conference of Arab Horse Organizations*)

EG – Liczba ekwiwalentów pełnych pokoleń (*Equivalent Generations*)

f_a – Efektywna liczba przodków (*Effective Number of Ancestors*)

f_e – Efektywna liczba założycieli (*Effective Number of Founders*)

F – Współczynnik zimbredowania (*Inbreeding Coefficient*)

f_{ge} – Równoważniki genomów założycieli (*Founder Genome Equivalents*)

FST – Zróżnicowanie genetyczne między populacjami (*Fixation Index*)

GAM – Uogólnione modele addytywne (*Generalized Additive Models*)

GI – Odstęp międzypokoleniowy (*Generation Interval*)

GRE – Siła reakcji podłoża (*Ground Reaction Force*)

GWAS – Badania asocjacyjne całego genomu (*Genome-Wide Association Studies*)

h^2 – Odziedziczalność (*Heritability*)

IMU – Inercyjne Jednostki Pomiarowe (*Inertial Measurement Units*)

JF – Klacze młodsze (*Junior Females*)

JIE – Młodzieńcza padaczka idiopatyczna (*Juvenile Idiopathic Epilepsy*)

JM – Ogiery młodsze (*Junior Males*)

LCORL – Gen kodujący zależny od ligandu receptor jądrowy podobny do korepresora (*Ligand Dependent Nuclear Receptor Corepressor Like*)

LFS – Syndrom lawendowego źrebięcia (*Lavender Foal Syndrome*)

LITAFD – Gen kodujący domenę czynnika TNF-alfa martwicy nowotworów indukowanego lipopolisacharydem (*Lipopolysaccharide Induced TNF Factor Domain*)

MC1R – Gen kodujący receptor melanokortyny 1 (*Melanocortin 1 Receptor*)

MG – Maksymalna liczba prześlędzonych pokoleń (*Maximum Generations*)

MSE – Średni błąd kwadratowy (*Mean Squared Error*)

MSTN – Gen kodujący miostatynę (*Myostatin*)

mtDNA – DNA mitochondrialne (*Mitochondrial DNA*)

ND2 – Gen mitochondrialny kodujący podjednostkę rdzeniową 2 oksydoreduktazy NADH-ubichinon (*Mitochondrially Encoded NADH:Ubiquinone Oxidoreductase Core Subunit 2*)

N_e – Efektywna wielkość populacji (*Effective Population Size*)

NGS – Sekwencjonowanie następnej generacji (*Next Generation Sequencing*)

NSD – Dane sekwencji nukleotydów (*Nucleotide Sequence Data*)

NUMTs – Sekwencje pochodzenia jądrowego przypominające sekwencje mitochondrialne (*Nuclear Mitochondrial Sequences*)

OAAM1 – Malformacja szczytowo-potyliczna typu 1 (*Occipitoatlantoaxial Malformation 1*)

OLS – Zwyczajna regresja najmniejszych kwadratów (*Ordinary Least Squares*)

PCA – Analiza głównych składowych (*Principal Component Analysis*)

PC1, PC2, PC3 – Pierwsza, druga, trzecia główna składowa (*Principal Component*)

PCI – Indeks kompletności rodowodu (*Pedigree Completeness Index*)

PCL – Poziom kompletności rodowodu (*Pedigree Completeness Level*)

PRE – Pura Raza Español

PTP4A1 – Gen kodujący białkową fosfatazę tyrozynową 4A1 (*Protein Tyrosine Phosphatase 4A1*)

RCBTB1 – Gen kodujący RCC1 i białko zawierające domenę BTB 1 (*RCC1 And BTB Domain Containing Protein 1*)

RIA – Odsetek zimbredowanych przodków (*Rate of Inbred Ancestors*)

RP – Populacja referencyjna (*Reference Population*)

R² – Współczynnik determinacji (*Coefficient of Determination*)

SCID – Ciężki złożony niedobór odporności (*Severe Combined Immunodeficiency*)

SD – Odchylenie standardowe (*Standard Deviation*)

SF – Klacze starsze (*Senior Females*)

SM – Ogiery starsze (*Senior Males*)

SNP – Polimorfizmy pojedynczych nukleotydów (*Single Nucleotide Polymorphisms*)

STX17 – Gen kodujący syntaksynę 17 (*Syntaxin 17*)

TP – Całkowita populacja (*Total Population*)

VIF – Współczynnik inflacji wariancji (*Variance Inflation Factor*)

WGS – Sekwencjonowanie całego genomu (*Whole Genome Sequencing*)

YF – Klaczki roczne (*Yearling Females*)

YM – Ogiery roczne (*Yearling Males*)

Wykaz rycin

Ryc. 1: Szkielet konia ze stanowiska Heboua (północny Synaj), datowany na Drugi Okres Przejściowy. Widoczna masywna czaszka i mocne, proporcjonalnie krótkie kości ramienne i promieniowe. Fot. Louis Chaix.....	20
Ryc. 2: Przedstawienie koni z grobowca TT89. Szkic własny (z częściową rekonstrukcją) na podstawie Daviesa i Davies (1941).	21
Ryc. 3: Ludwig Elsholtz (1805–1850): Napoleon I i jego generałowie (Wikipedia Commons/domena publiczna). Przedstawione konie mają charakterystyczne dla konia arabskiego cechy pokroju: krótkie głowy, wygięte szyje i smukłą sylwetkę.	27
Ryc. 4: Carl Adolph Heinrich Hess: <i>Jeźdźcy orientalni przygotowujący się do bitwy</i> (1831).	30
Ryc. 5: Ogier Ilderim or. ar. 1894, zakupiony w Stambule w 1900 r. do stadniny w Sławucie.....	31
Ryc. 6: Położenie historycznych stadnin magnackich w odniesieniu do obecnych granic państwowych.	35
Ryc. 7: Liczba źrebiąt zarejestrowanych według raportów krajów członkowskich WAHO. Źródło: waho.org ..	40
Ryc. 8: Kraje pochodzenia (rejestracji) członków ECAHO.	42
Ryc. 9: Ogier Mustafa Pasza ze stadniny w Sławucie prezentowany na wystawie zwierząt gospodarskich w Jarosławiu, wrzesień 1908 r. Autor nieznany/domena publiczna.....	43
Ryc. 10: Zdjęcia promocyjne uznanych reproduktorów czystej krwi arabskiej: ojca Czempiona Świata Ogierów Starszych 2023 (A) i ojca zwycięzcy prestiżowej gonitwy Qatar Arabian World Cup 2023 (B). Fot. A – Ajman Stud; B – Al Shahania Stud	46
Ryc. 11: Osobnik z wyraźnie zaznaczonym bielactwem w okolicach nozdrzy i powiek. Wikipedia Commons/domena publiczna.....	52
Ryc. 12: Sieć HT MSY zbudowana ze 118 sekwencji WGS i 39 sekwencji celowanych (TES), oparta na 1639 wariantach (281 w koronie i 1358 poza nią). Krzyżykiem oznaczono najbliższego wspólnego przodka (MRCA) dla HT MSY w koronie. Na podstawie dystansów genetycznych wydzielono 14 haplogrup (HG MSY), których symbole literowe umieszczono na obrzeżach sieci. HT oznaczone kolorem ciemnoniebieskim zostały zidentyfikowane u koni arabskich czystej krwi, a jasnoniebieskim – u koni, których założycielem linii męskiej był ogier arabski czystej krwi. Dodatkowo kolorem czerwonym zaznaczono wszystkie sublinie introdukowane przez trzy ogiery – założycieli rasy pełnej krwi angielskiej (Remer i in., 2022).	67
Ryc. 13: Sieć HT MSY arabskich rodów męskich. Na obrzeżach sieci umieszczono imiona założycieli rodów reprezentowanych przez poszczególne haplotypy. Czerwonymi krzyżykami zaznaczono początek genealogii założycieli rasy pełnej krwi angielskiej (Remer i in., 2022).	67
Ryc. 14: Podział oddziału wierzchowego na Wszechrosyjskiej Wystawie Koni w Petersburgu. <i>Jeździec i Myśliwy</i> , nr 7/1898, s. 3.	71
Ryc. 15: Hierarchia pokazów afiliowanych przez ECAHO. Na podstawie ECAHO <i>Blue Book</i> 2024 (s.2).....	72
Ryc. 16: Podział systemów sędziowania. System szwedzki (ocena punktowa bezpośrednio przekładająca się na medale) nie jest już w użyciu (Upton, 2018, s. 102–105).	78
Ryc. 17: Karta oceny punktowej konia na pokazach ECAHO.	80
Ryc. 18: Klacz prezentowana podczas pokazu w Scottsdale w trakcie charakterystycznej pozycji stojącej. Fot. Montanabw/Wikipedia Commons (domena publiczna).	81
Ryc. 19: Obrys profilu głowy z zastosowaniem półpunktów morfometrycznych (Alhaddad i in., 2024).	84

Ryc. 20: Obrysy profilu głowy po standaryzacji za pomocą uogólnionej analizy Prokrusta (GPA) (Alhaddad i in., 2024).....	84
Ryc. 21: Schematy <i>De motu animalium</i> Giovanniego Alphonso Borellego (1608–1679). Z lewej (<i>tabula undecima</i>): „Badanie siły mięśni rozciągających kość piszczelową” (<i>Vires musculorum tibiam extendentium inquiruntur</i>). Z prawej: „Coraz większy wzrost siły potrzebny jest do utrzymania tej samej masy” (<i>De maiori incremento potentiae, quae requiritur ad idem pondus sustinendum</i>). Zestawienie rysunków i opisów własne ze zdigitalizowanych oryginałów (Borelli, 1680, domena publiczna).....	86
Ryc. 22: Kinogram galopu opracowany przez Goiffona i Vincenta (1779). Składają się na niego cztery elementy: schemat ruchu kończyn (A), skali z zaznaczonymi momentami fazy lotu i podparcia (kontaktu z podłożem) (B), tabeli z kolejnością faz ruchu oznaczonych na schemacie A oraz z wartościami kątów w stawach w każdej fazie; na dole tor reprezentujący podłoże z zaznaczonym położeniem kopyt (D).....	87
Ryc. 23: A – Liczba osobników (z podziałem na płeć) w zależności od roku urodzenia w całkowitej populacji (TP); B – liczba osobników (z podziałem na płeć) w zależności od roku urodzenia w okresie 1980–2013, C – zmiana stosunku klacze: ogierzy w okresie 1980–2013.....	99
Ryc. 24: A – rozkład maksymalnej prześledzonej liczby pokoleń (MG), B – rozkład średniej liczby pełnych pokoleń (CG), C – rozkład liczby średniego ekwiwalentu liczby pełnych pokoleń (EG).	100
Ryc. 25: Poziom kompletności rodowodu (PCL) w zależności od maksymalnej liczby prześledzonych pokoleń (MG) dla przodków (ANC) i populacji referencyjnej (RP).	101
Ryc. 26: Średnie wartości odstepu międzypokoleniowego (GI) dla każdej z czterech ścieżek od 1900 roku do współczesności. Linie trendu (wraz z przedziałami ufności) wyznaczono za pomocą uogólnionych modeli addytywnych (<i>Generalized Additive Models – GAMs</i>).	102
Ryc. 27: Średni współczynnik A – zimbredowania (F) oraz B – odsetka zimbredowanych przodków (<i>Rate of Inbred Ancestors – RIA</i>) według roku urodzenia. Linie trendu wyznaczono za pomocą uogólnionego modelu addytywnego (GAM). Między parametrami zanotowano silną korelację ($r = 0,819$).	103
Ryc. 28: A – współczynniki zimbredowania (F) w populacji referencyjnej (RP) w zależności od płci i roku urodzenia oraz B – rozkład wartości współczynnika zimbredowania w RP w zależności od płci.	104
Ryc. 29: A – Liczba założycieli w zależności od ich roku urodzenia i B – ich wkład genetyczny do populacji referencyjnej (RP).	105
Ryc. 30: Niezakorzenione drzewo konsensusowe z widocznymi długimi gałęziami dla sekwencji cytochromu B, wybranych sekwencji NADH2 oraz wybranych sekwencji regionu kontrolnego D-loop.	107
Ryc. 31: Niezakorzenione drzewo konsensusowe po ukryciu gałęzi o długości $< 0,1$	107
Ryc. 32: Pozycje sekwencji o najdłuższych gałęziach na drzewie zakorzenionym w sekwencji referencyjnej EquCab 3.0. Długości gałęzi są ignorowane, numery sekwencji o gałęziach krótszych niż 0,1 zostały ukryte.	108
Ryc. 33: Drzewo konsensusowe regionów kontrolnych D-loop z uwzględnionym bootstrapem $> 25\%$. A – długości gałęzi ignorowane; B – długości gałęzi uwzględnione.....	110
Ryc. 34: Struktura zmiennych uwzględnianych w modelach predykcyjnych. Zmienne niezależne (predyktory) wyróżniono pogrubieniem.....	118
Ryc. 35: Rozkład ocen w poszczególnych kategoriach z podziałem na klasy. Pionowe linie przerywane wskazują średnią dla każdej z klas. Skróty: yf – klaczki roczne, ym – ogierki roczne, jf – klacze młodsze, jm – ogierzy młodsze, sf – klacze starsze, sm – ogierzy starsze.	121

Ryc. 36: Macierz korelacji między oceną łączną a ocenami w 5 kategoriach cząstkowych. Wszystkie współczynniki korelacji były wysoko istotne ($p < 0.001$). Skróty: total – cała próba, yf – klaczkę roczne, ym – ogierki roczne, jf – klacze młodsze, jm – ogiery młodsze, sf – klacze starsze, sm – ogiery starsze.....	123
Ryc. 37: Ocena za typ w zależności od oceny w czterech kategoriach pokroju.....	124
Ryc. 38: Korelacje w poszczególnych kategoriach dla całej próby.	125
Ryc. 39: Korelacje między poszczególnymi kategoriami w klasach płęć-wiek.	126
Ryc. 40: Rozkład ocen w poszczególnych kategoriach wśród koni starszych w różnym wieku.	129
Ryc. 41: Średnie oceny w poszczególnych kategoriach w zależności od maści. Skróty: kaszt. – kasztanowata, gn. – gniada, s. – siwa, k. – kara.	130
Ryc. 42: Rozkład średnich ocen w poszczególnych kategoriach oraz oceny łącznej w zależności od kraju pochodzenia hodowcy. Na wykresach ujęto tylko kraje reprezentowane na pokazach przez minimum trzy konie.	132
Ryc. 43: Rozkład średnich ocen w poszczególnych kategoriach oraz oceny łącznej w zależności od kraju reprezentowanego przez konia (kraju właściciela). Na wykresach uwzględniono tylko kraje reprezentowane przez co najmniej trzy konie.	133
Ryc. 44: Rozkład ocen w poszczególnych kategoriach i oceny łącznej przyznawanej przez sędziów afiliowanych w różnych krajach.	135
Ryc. 45: Odchylenia standardowe od średniej oceny w zależności od afiliacji sędziego. a – lista A, b – lista B, nat – lista krajowa, guest – sędzia z kraju niebędącego członkiem ECAHO.	137
Ryc. 46: Średnie wagi czynników uwzględnianych jako predyktory w modelu Random Forest przewidującym oceny w poszczególnych kategoriach.....	139
Ryc. 47: Położenie 22 punktów morfometrycznych uwzględnianych w trenowanym modelu. Wyjaśnienie anatomicznego położenia każdego z punktów zamieszczono w Aneksie. Opracowanie własne.....	145
Ryc. 48: Odległości między punktami morfometrycznymi i ich symboliczne oznaczenia (L1–L36). Opracowanie własne.	149
Ryc. 49: Kąty między stawami uwzględniane w badaniach, A1–A15. Dla strony oznaczonej łukiem przyjęto wartości kątów $< 180^\circ$. Opracowanie własne.....	151
Ryc. 50: Przykładowy wykres trajektorii ruchu stawu skokowego użytej do wykrywania poszczególnych faz ruchu. Footstrikes – uderzenie kopyta o podłoże, toecoff – uniesienie kończyny w powietrze. Opracowanie własne.	152
Ryc. 51: Punkty morfometryczne oznaczone manualnie (koła) i automatycznie przez model (plusy).....	153
Ryc. 52: Rozkłady średnich, środkowych, minimalnych i maksymalnych wartości odległości między poszczególnymi punktami anatomicznymi zeskalowanymi do długości kości ramiennej ($L23 = 1$).	155
Ryc. 53: Macierz korelacji między średnimi wartościami analizowanych długości (uszeregowanymi według średnich wartości).	157
Ryc. 54: Rozkłady zmienności odcinków w zależności od kategorii wiek-płęć. Skróty: yf – klacze roczne, ym – ogierki roczne, jf – klacze młodsze, jm – ogiery młodsze, sf – klacze starsze, sm – ogiery starsze.....	158
Ryc. 55: Procent wyjaśnionej wariancji przez kolejne główne składowe modelu.	159
Ryc. 56: Wykresy głównych składowych długości. Wartość drugiego komponentu (PC2) dzieli zbiór na dwa główne podzbiory. Wartość komponentu PC3 pozwala wyróżnić cztery pomiary kończyny miednicznej.....	160

Ryc. 57: Rozkłady średnich, median oraz minimalnych i maksymalnych wartości analizowanych kątów.	161
Ryc. 58: Macierz wartości korelacji między średnimi skątowaniami w poszczególnych stawach.....	163
Ryc. 59: Rozkłady wartości w średnim skątowaniu poszczególnych stawów w zależności od klas wiek–płeć.	164
Ryc. 60: Stawy z zakresem ruchu, w których stwierdzono istotne różnice między grupami wiek–płeć.....	165
Ryc. 61: Procent wariacji wartości skątowania stawów wyjaśniony przez kolejne główne składowe PCA. ...	165
Ryc. 62: Zestawienie pierwszej i drugiej składowej (A) oraz drugiej i trzeciej składowej (B) w analizie PCA średniego skątowania stawów.	166
Ryc. 63: Wariancja zakresu ruchu w poszczególnych stawach wyjaśniana przez poszczególne główne składowe PCA.	166
Ryc. 64: Wektory trzech pierwszych głównych składowych dla analizowanych kątów.....	167
Ryc. 65: Rozkłady dwóch analizowanych parametrów kinematycznych: czasu trwania jednego cyklu ruchu (A) oraz współczynnika obciążenia (B).....	168
Ryc. 66: Długość kroku w sekundach (A) i współczynnik obciążenia (B) w zależności od klasy wiek–płeć....	168
Ryc. 67: Dwanaście najsilniejszych zależności między długościami partii ciała a kątami w stawach. W tytułach podano wartość współczynników korelacji.....	170

Informacje uzupełniające do części „Struktura populacji”

Tabela S1 przedstawia pakiety R i funkcje używane do obliczania każdego parametru populacyjnego. Funkcje napisane pierwotnie na potrzeby tej analizy są określane jako „funkcje własne”.

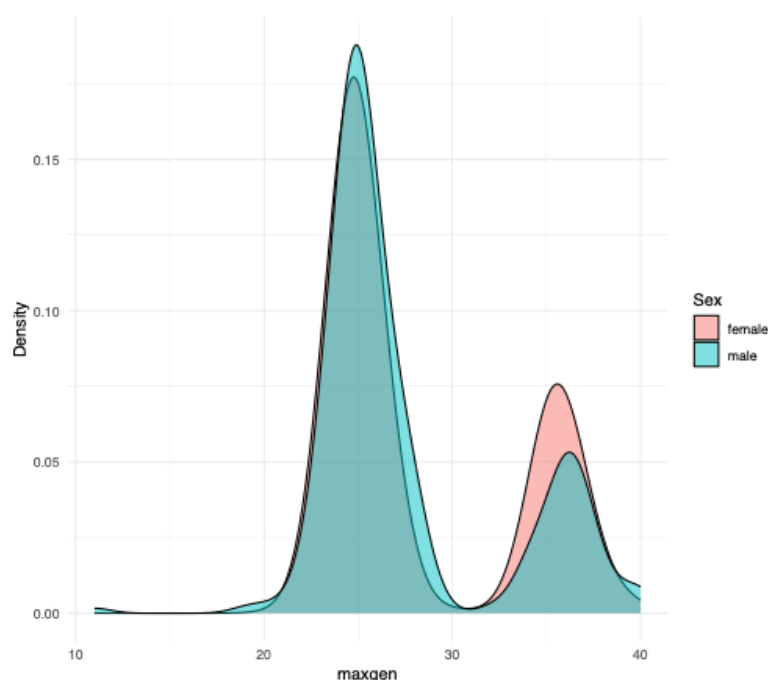
Tabela S1: Pakiety i funkcje R używane do obliczeń różnych parametrów w analizie rodowodowej.

Nazwa	Skrót	Pakiet	Funkcja
Maksymalna liczba prześlędzonych generacji	MG	optiSel	summary.Pedig
		nadiv	genAssign
Średnia liczba pełnych pokoleń	CG	optiSel	summary.Pedig
Ekwiwalent pełnych pokoleń	EG	rodowód	countGen
		purgeR	pop_t
		optiSel	summary.Pedig
Poziom kompletności rodowodu	PCL	optiSel	kompletność
Indeks kompletności rodowodu	PCI	optiSel	summary.Pedig
Odstęp międzypokoleniowy	GI	funkcja własna	
Współczynnik zimbredowania Wrighta	F	rodowód	calcInbreeding
		purgeR	io_F
Oczekiwany współczynnik inbredu Wrighta	F _{exp}	purgeR	exp_F
Efektywna liczba założycieli	f _e		
Efektywna liczba przodków	f _a	purgeR	pop_Nancestors
Odpowiedniki genomu założyciela	f _{ge}		
Efektywna wielkość populacji	N _e	purgeR	pop_Ne
Odchylenie od równowagi Hardy’ego-Weinberga	HWD	purgeR	pop_hwd
Liczba wnuków	-	purgeR	w_grandoffspring
Liczba potomstwa	-	purgeR	w_offspring
Genetyczny wkład w następne pokolenia		optiSel	genecont
Przypisanie do linii syreny/damskiej	-	nadiv	founderLine
Najstarszy przodek	-	funkcja własna	

Podczas analiz rodowodowych zidentyfikowano grupę przodków opisanych jako należący do innych ras. W szczególności, część rodowodów pochodziła od koni uwzględnionych w pierwszym tomie angielskiej Księgi Stadnej Koni Pełnej Krwi, w tym wszystkich trzech ogierów-założycieli tej rasy (Godolphin Arabian, Byerley Turk i Darley Arabian), a także wielu klaczy o nieznanym pochodzeniu. Aby zidentyfikować moment wprowadzenia tych osobników do polskiej populacji, stworzono algorytm, który identyfikuje najstarszego przodka (założyciela) w rodowodzie, bez względu na linię matki lub ojca. Wyniki wykazały, że przodkowie koni pełnej krwi angielskiej zostali wprowadzeni do polskiej populacji głównie

poprzez import ze stadniny Bábolna na Węgrzech. W XIX w. część potomków klaczy importowanych z Wielkiej Brytanii na Węgry w celu użycia w programie hodowlanym Shagya Arabian została wpisana do ksiąg stadnych jako konie czystej krwi arabskiej.

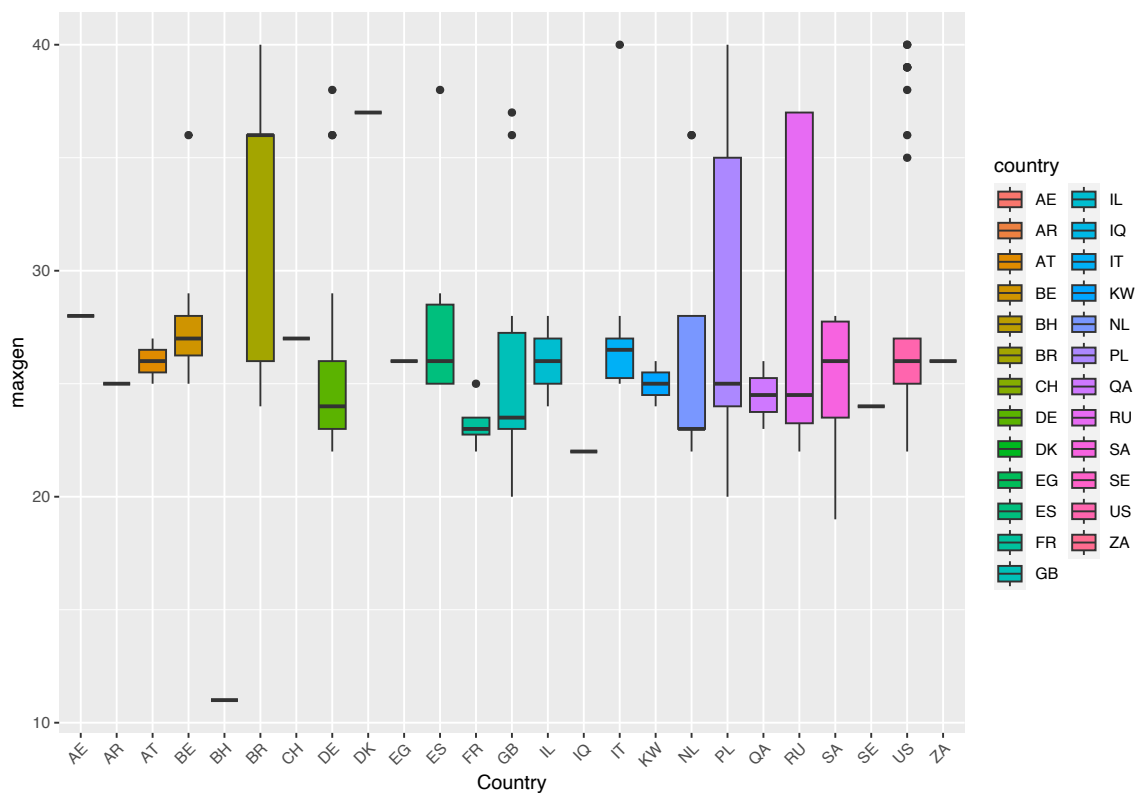
Analiza wykazała, że polską populację można podzielić na dwie grupy w oparciu o maksymalną liczbę ślędzonych pokoleń (MG). Aby wyjaśnić to zjawisko, przeanalizowano różne czynniki, które mogą na to wpływać: kraj urodzenia, płeć oraz linie ojcowskie i mateczne.



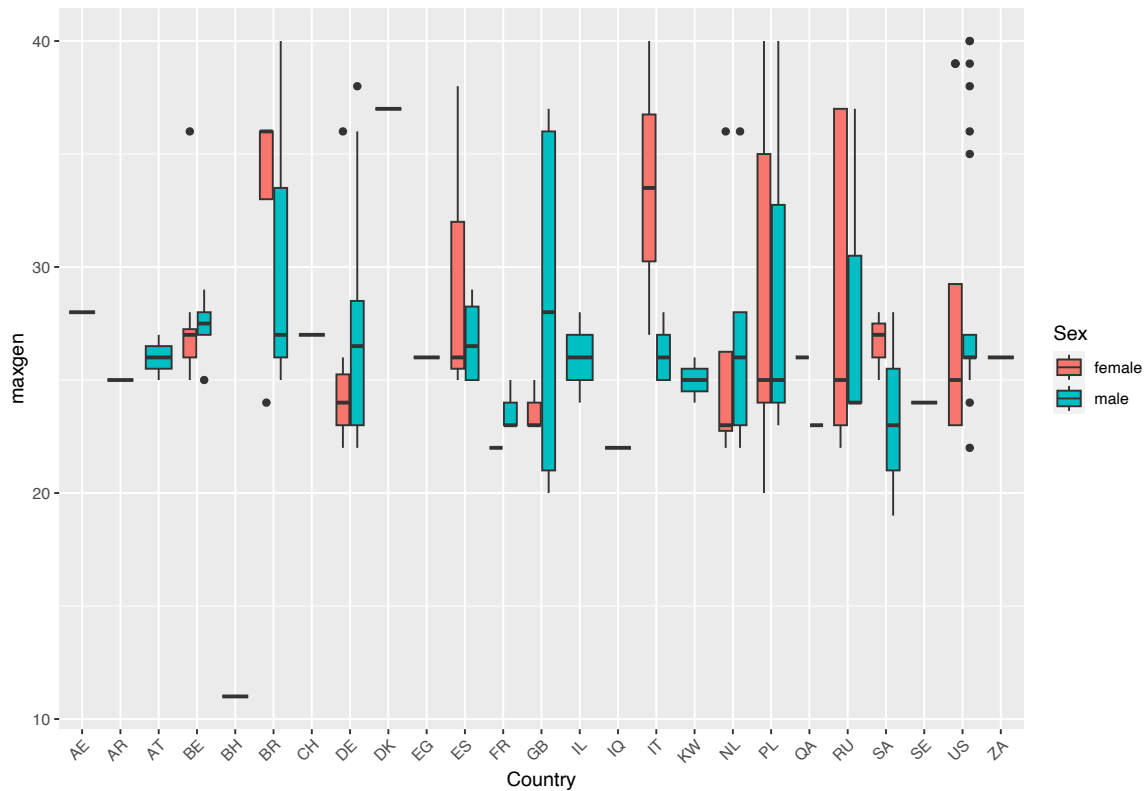
Ryc. S1: Rozkład maksymalnych ślędzonych pokoleń (MG) dla ogierów i klaczy.

Nie odnotowano znaczącej różnicy między płciami, chociaż wyższy odsetek koni z $MG > 30$ stanowiły klacze.

Analiza krajów pochodzenia wykazała, że najwyższy MG odnotowano w trzech krajach: Brazylii, Polsce i Rosji (Ryc. S2). Dalszy podział na płeć ujawnił następnie wysoki MG u klaczy pochodzenia hiszpańskiego i włoskiego (Ryc. S3).

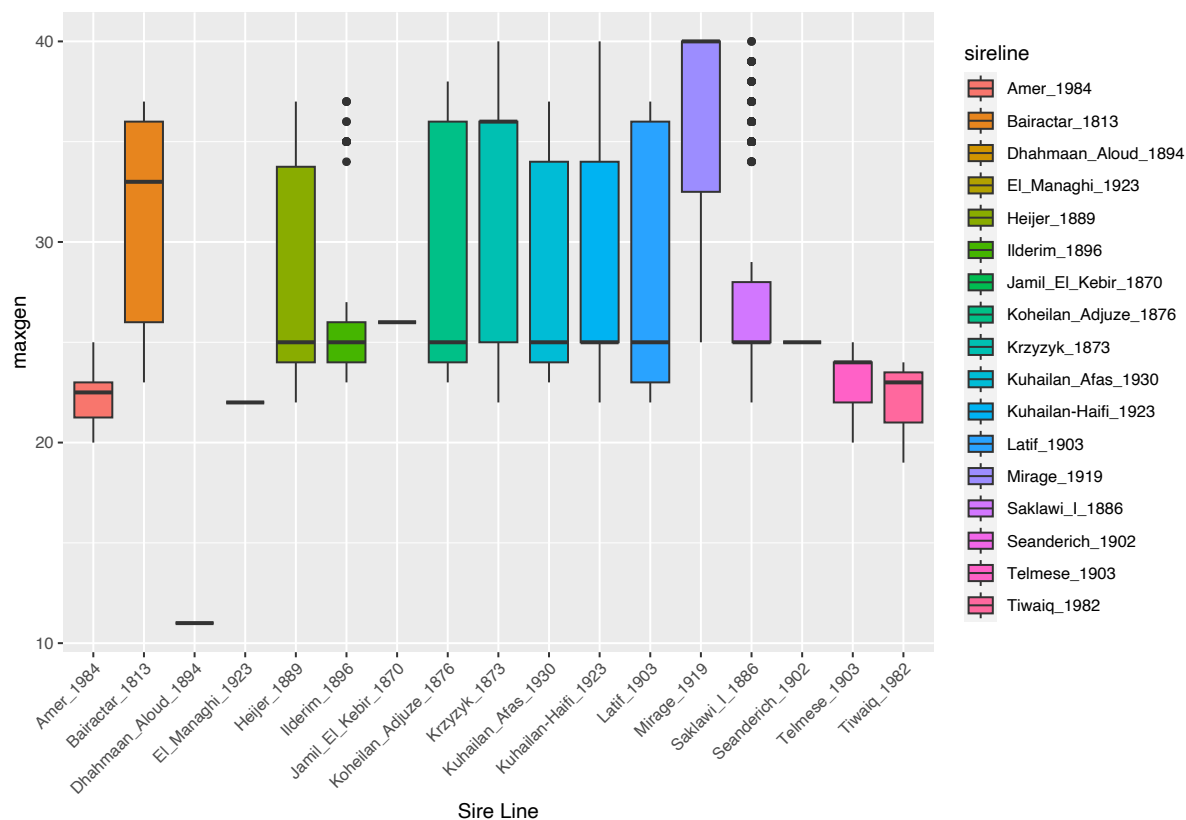


Ryc. S2: Wartości maksymalnych ślędzonych pokoleń (MG) w rodowodach koni w zależności od ich kraju pochodzenia.



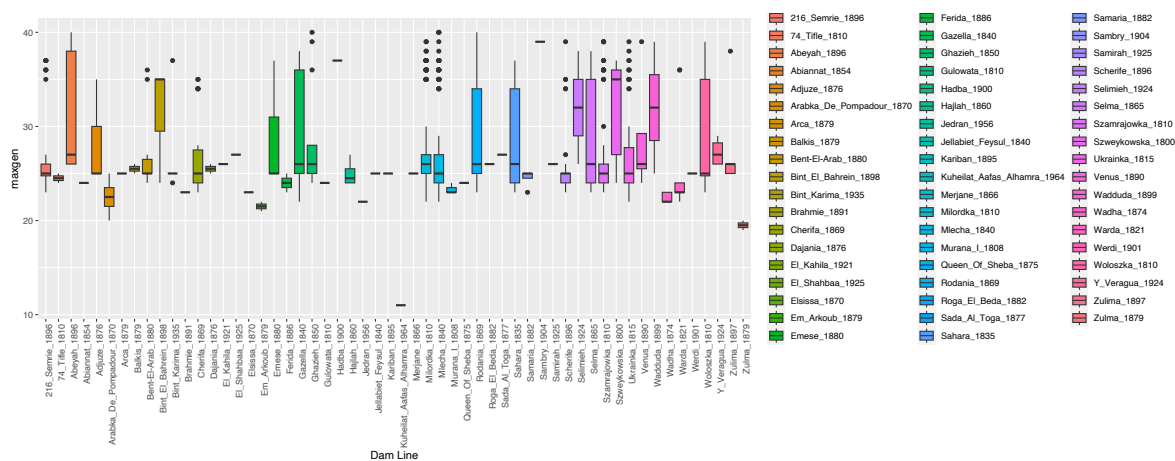
Ryc. S3: Wartości maksymalnych ślędzonych pokoleń (MG) w rodowodach koni pochodzących z różnych krajów z podziałem na płeć.

Analiza linii ojcowskich wykazała, że $MG > 30$ odnotowano w 8 z 15 aktywnych linii, przy czym największą wartość odnotowano w linii Mirage 1919 (Ryc. S4).

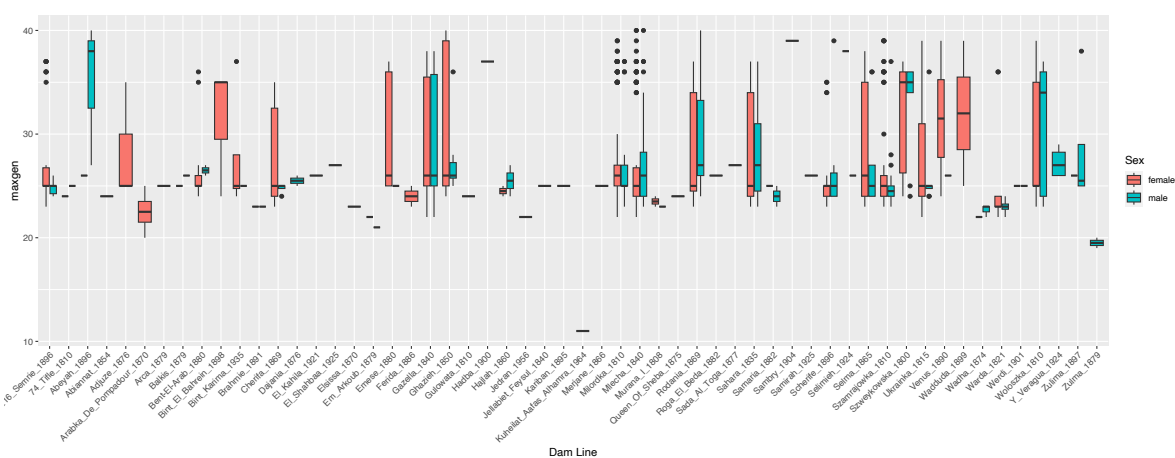


Ryc. S4: Maksymalne prześlędzone pokolenia (MG) w różnych liniach męskich.

Jeśli chodzi o linie żeńskie, $MG > 30$ był stwierdzony u przedstawicieli Abeyah 1896, Adjuze 1876, Bint El Bahrein 1898, Emese 1880, Rodania 1869, Sahara 1835, Selimieh 1924, Selma 1865, Szweykowska 1800, Wadduda 1899 i Wołoszka 1810 (Ryc. S5-S6).



Ryc. S5: Maksymalna liczba śledzonych pokoleń (MG) w różnych liniach żeńskich.



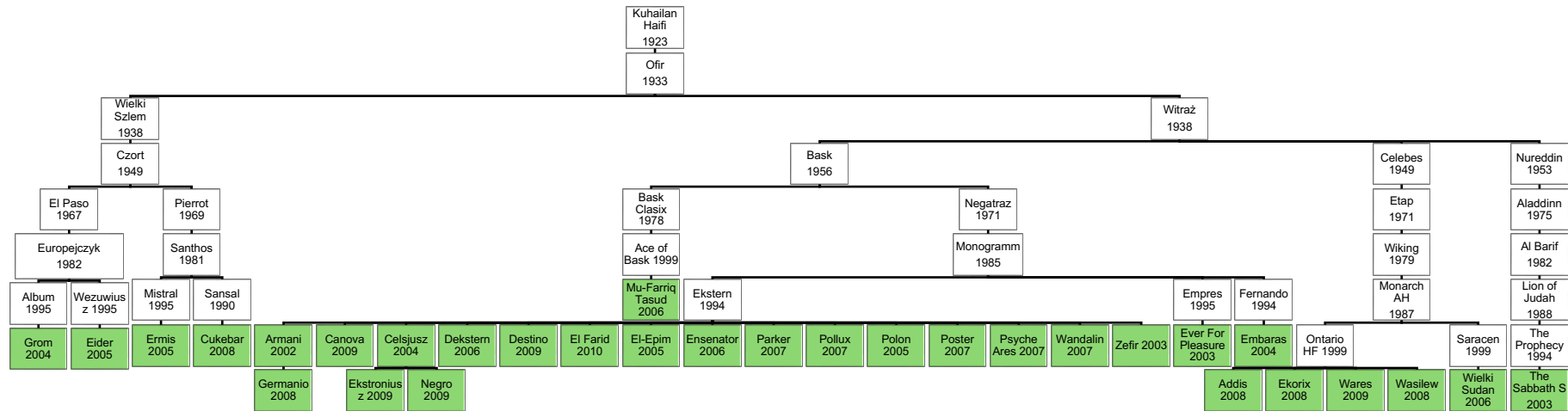
Ryc. S6: Maksymalna liczba prześlanych pokoleń (MG) w różnych liniach żeńskich z podziałem na płeć.

Za pomocą analizy regresji zidentyfikowano linie, których MG znacząco różni się od pozostałych (Tabela S2). Tylko jedna linia męska miała istotnie niższą wartość MG niż pozostałe – Kariban 1895; wszystkie inne linie, u których odnotowano istotnie różną wartość MG miały tę wartość istotnie wyższą.

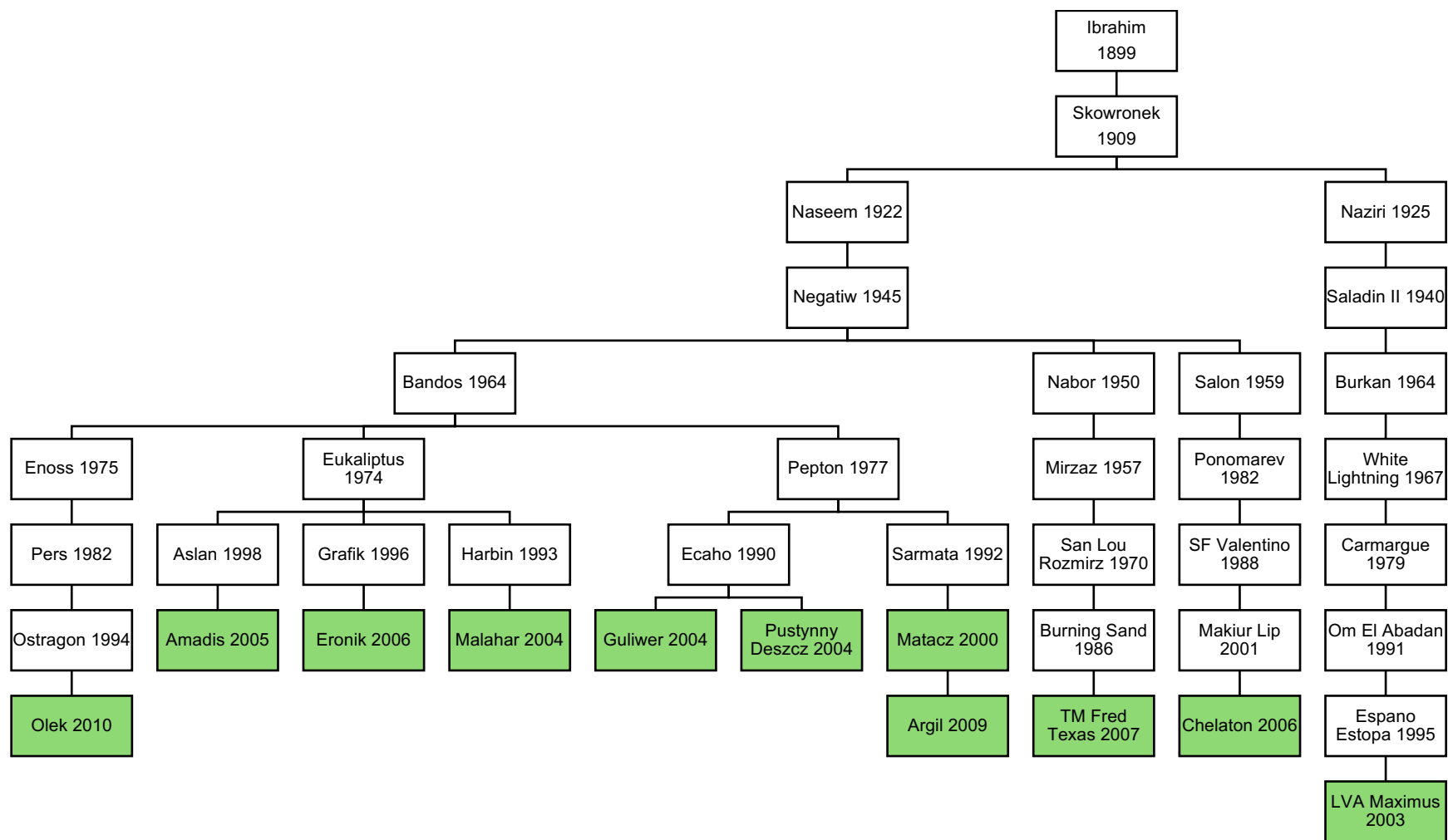
Tabela S2: Linie żeńskie i linie żeńskie z istotnie różną średnią maksymalną liczbą prześlanych pokoleń (MG) – wyniki analizy regresji.

	Linia	Współczynnik	p-value
Linie żeńskie	Abeyah 1896	5,1508	0,028
	Gazella 1840	2,7373	0,005
	Hadba 1900	10,4191	0,050
	Kariban 1895	-12,0822	0,030
	Sambry 1904	12,5088	0,020
	Selma 1865	2,0017	0,035
	Szwejkowska 1800	5,4898	< 0,001
	Wołoszka 1810	1,7577	0,043
Linie męskie	Bairactar 1813	7,7223	0,014
	Krzyżyk 1873	9,0165	0,004
	Latif 1903	7,2469	0,024
	Mirage 1919	15,5576	< 0,001

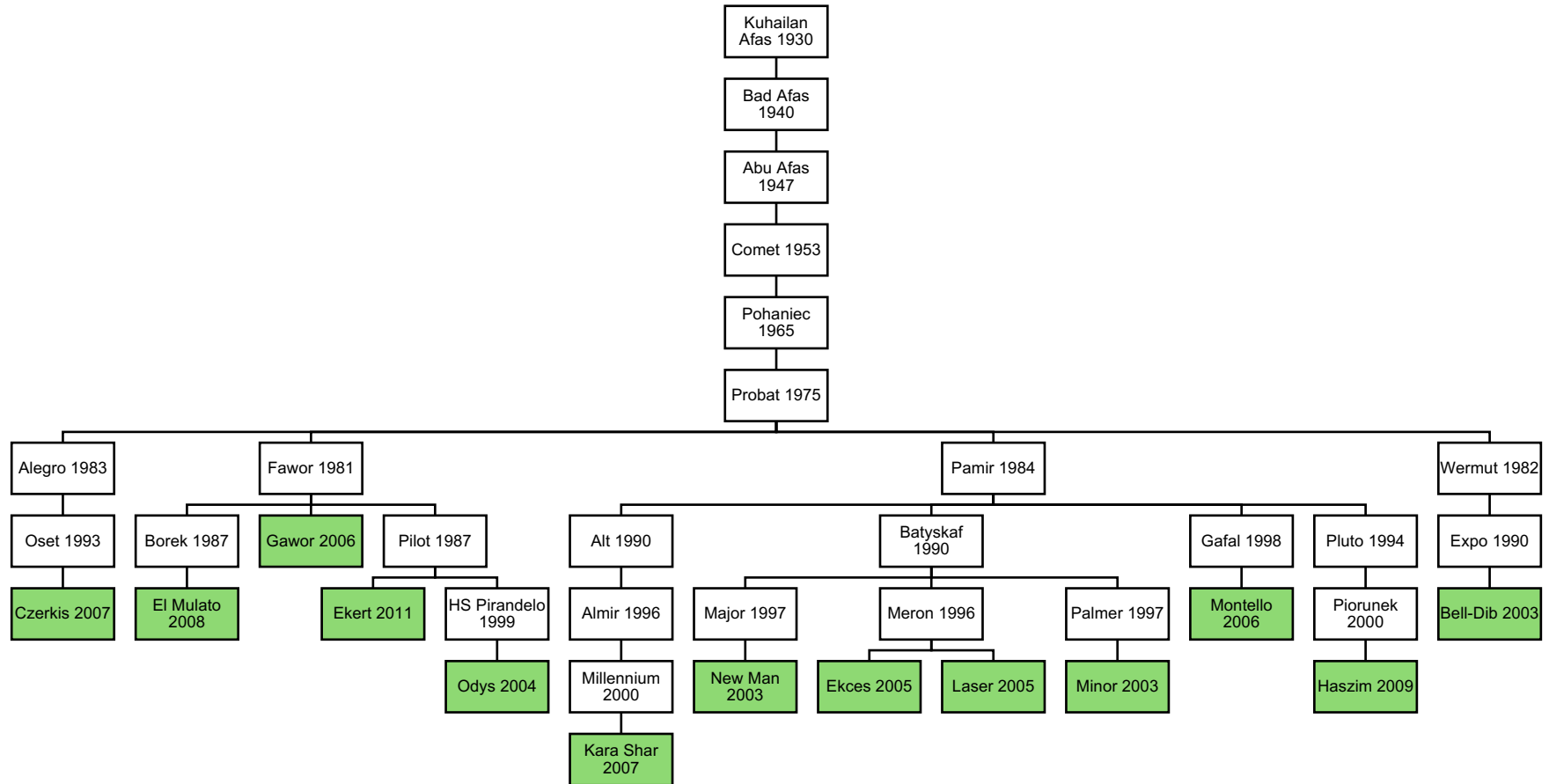
Ryc. S7–S13 przedstawiają ścieżki od założycieli linii wymienionych w polskim programie hodowlanym do wszystkich ich męskich potomków należących do RP (linia Saklawi I nie została uwzględniona ze względu na nieczytelność rysunku). Wykresy wyraźnie pokazują, że wartość genetyczna każdego z męskich założycieli jest w pewnym momencie przekazywana tylko przez jednego z jego potomków. Co więcej, reprezentacja danej linii w bieżącym pokoleniu jest przez de facto definiowana przez jednego z nowszych, wyjątkowych ogierów. Na przykład linia Kuhailan Haifi ma największy zarówno średni, jak i sumaryczny wkład genetyczny w RP. Jednak na to pokolenie najprawdopodobniej ma wpływ 15 synów Eksterna użytych w hodowli. Tabele S3–S4 pokazują odpowiednio średni i sumaryczny wkład genetyczny różnych linii męskich i żeńskich.



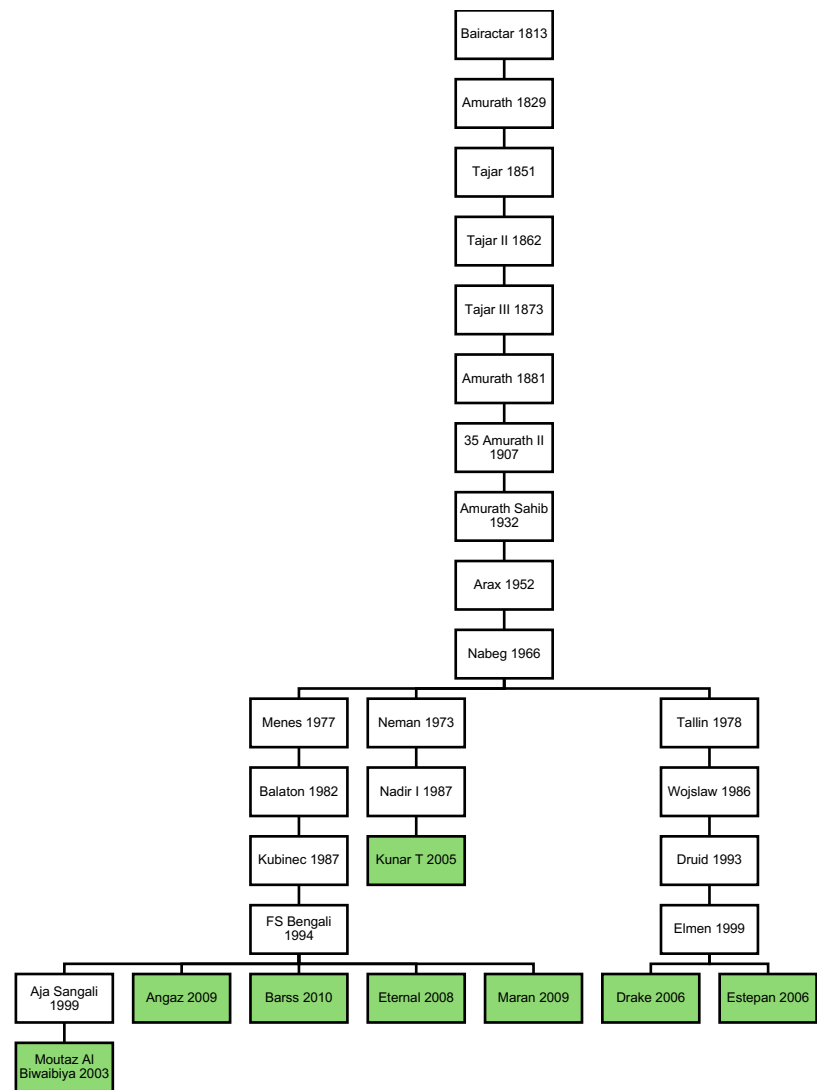
Ryc. S7: Ogiery należące do rodu Kuhailan Haifi 1923 w populacji całkowitej (TP). Osobniki należące do populacji referencyjnej (RP) zaznaczono na zielono.



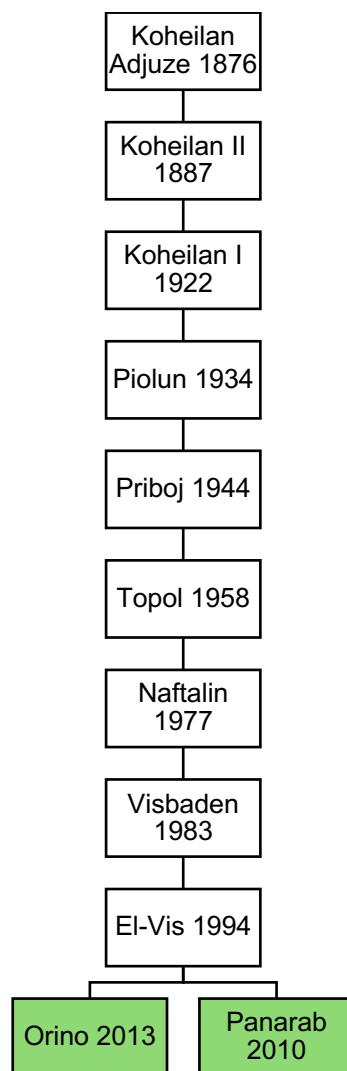
Ryc. S8: Ogiery należące do rodu Ibrahima 1899 w populacji całkowitej (TP). Osobniki należące do populacji referencyjnej (RP) zaznaczono na zielono.



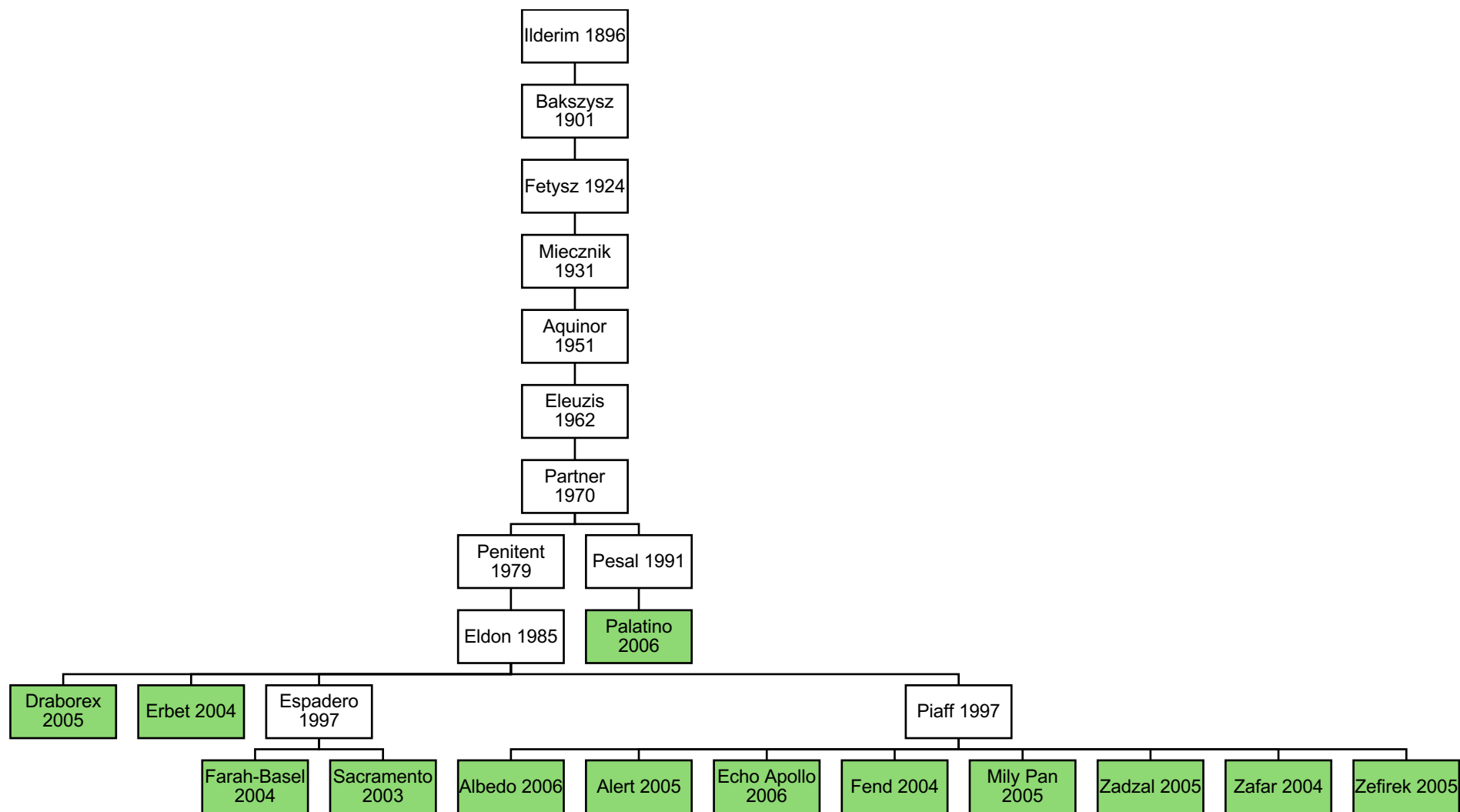
Ryc. S9: Ogiery należące do rodu Kuhailan Afas 1930 w populacji całkowitej (TP). Osobniki należące do populacji referencyjnej (RP) zaznaczono na zielono.



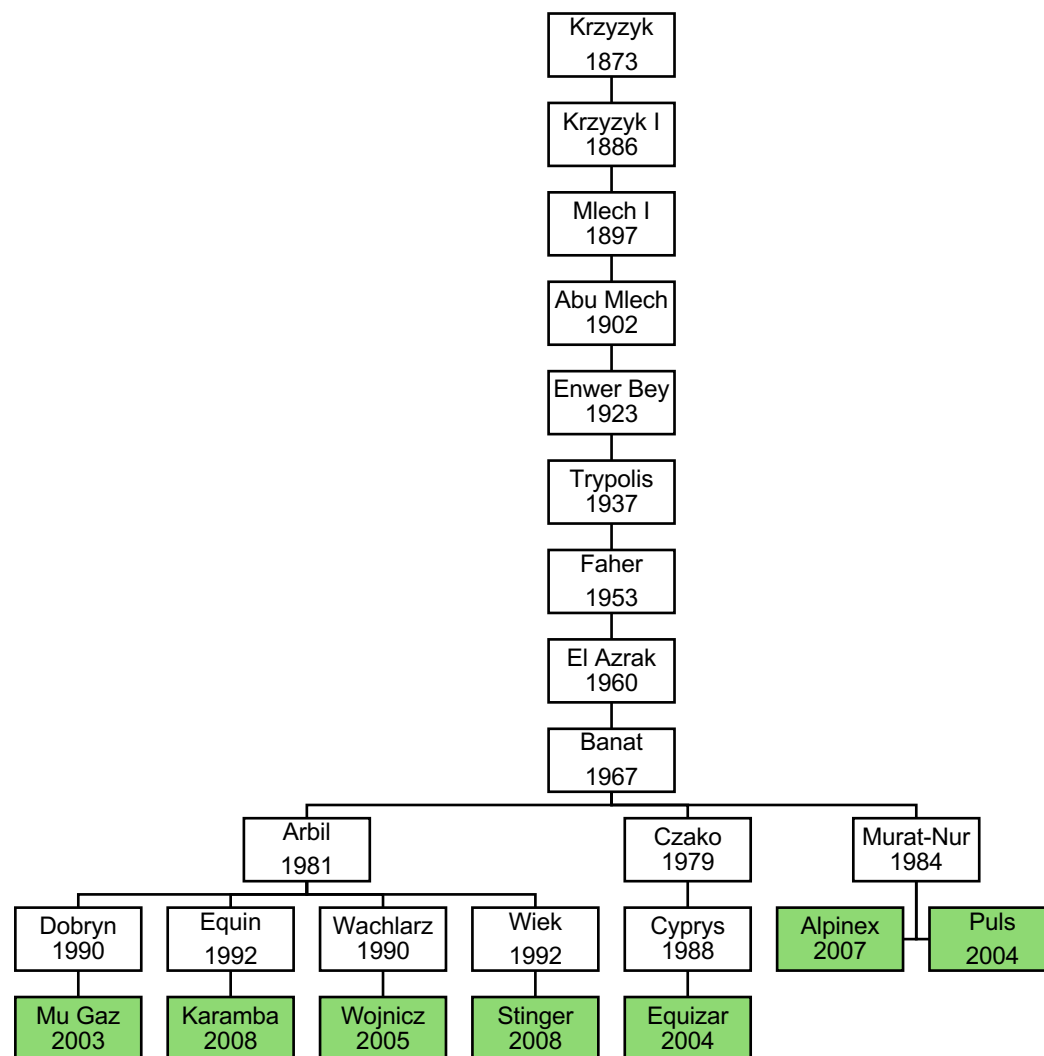
Ryc. S10: Ogiery należące do rodu Bairactar 1813 w populacji całkowitej (TP). Osobniki należące do populacji referencyjnej (RP) zaznaczono na zielono.



Ryc. S11: Ogiery należące do rodu Koheilan Adjuze 1876 w populacji całkowitej (TP). Osobniki należące do populacji referencyjnej (RP) zaznaczono na zielono.



Ryc. S12: Ogiery należące do rodu Ilderim 1896 w populacji całkowitej (TP). Osobniki należące do populacji referencyjnej (RP) zaznaczono na zielono.



Ryc. S13: Ogiery należące do rodu Krzyzyk 1876 w populacji całkowitej (TP). Osobniki należące do populacji referencyjnej (RP) zaznaczono na zielono.

Tabela S3: Liczba przedstawicieli w populacji referencyjnej (RP), średni wkład genetyczny do RP (AGC) i sumaryczny wkład genetyczny do RP (SGC) różnych linii męskich.

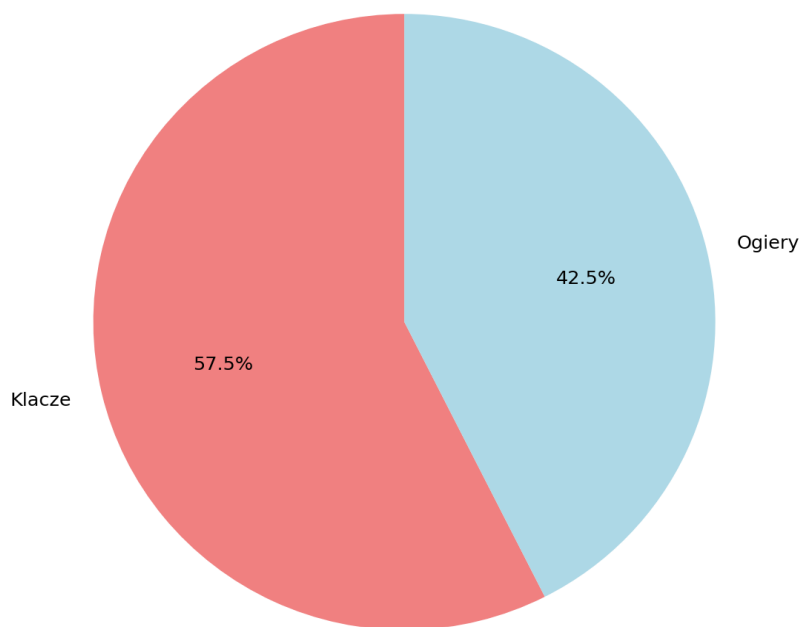
Założyciel rodu	N (RP)			AGC	SGC
	łącznie	M	F		
Saklawi I 1886*	648	158	490	0,03035338	45,4693584
Kuhailan Haifi 1923*	308	37	271	0,05112055	76,5785828
Latif 1903	55	21	34	0,00781432	11,7058563
Kuhailan Afas 1930*	86	13	73	0,01016125	15,2215576
Ilderim 1896*	100	13	87	0,0284524	42,6216888
Ibrahim 1899*	106	10	96	0,01315018	19,6989708
Bairactar 1813*	86	8	78	0,00863284	12,9319912
Krzyżyk 1873*	70	7	63	0,01340047	20,0739024
Amer 1984	6	3	3	0,001502	2,25
Tiwaiq 1982	3	3	0	0,00100134	1,5
Mirage 1919	3	3	0	0,0006099	0,91363525
Koheilan Adjuz 1876*	17	2	15	0,01081016	16,1936188
Seanderich 1902	2	1	1	0,0016032	2,40159607
Felhaan Alshawaf 1904	1	1	0	n/d	n/d
Jamil El Kebir 1870	1	1	0	0,00604302	9,05244827

Tabela S4: Liczba przedstawicieli w populacji referencyjnej (RP), średni wkład genetyczny do RP (AGC) i sumaryczny wkład genetyczny do RP (SGC) różnych linii żeńskich.

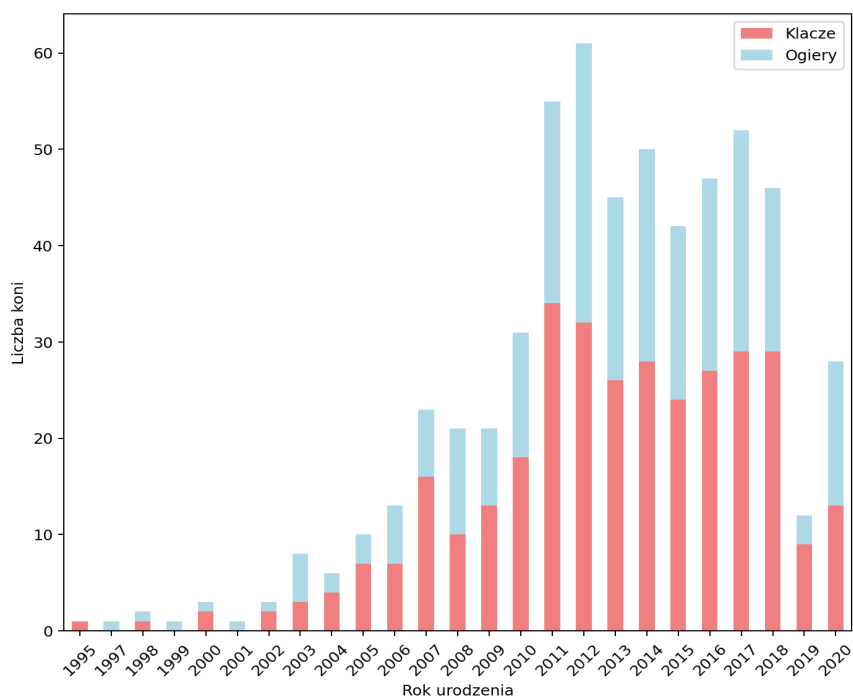
Linia żeńska	N (RP)			AGC	SGC
	łącznie	M	F		
Gazella 1840*	249	38	211	0,010137097	15,17523456
Milordka 1810*	238	39	199	0,000453446	0,678808484
Mlecha 1840*	162	24	138	0,005487988	8,215518003
Wołoszka 1810*	112	15	97	0,000345235	0,516817308
Sahara 1835*	108	23	85	0,007065013	10,57632469
Szamrajówka 1810*	104	18	86	6,4102x10 ⁻⁶	0,009596068
Szweykowska 1800*	89	11	78	0,00056206	0,841404284
Selma 1865*	66	9	57	0,004165308	6,235465552
Rodania 1869*	61	18	43	0,00637149	9,538120287
Ukrajka 1815*	56	8	48	2,96476x10 ⁻⁵	0,044382507
Scherife 1896*	49	8	41	0,008892266	13,31172184
Semrie 1896*	40	6	34	0,00175947	2,633925875
Cherifa 1869*	26	4	22	0,000265686	0397732275
Bent-El-Arab 1880*	19	2	17	2,34229x10 ⁻⁵	0,035064072
Ghazieh 1850*	13	8	5	0,017376687	26,01289976
Warda 1821	13	4	9	9,2321x10 ⁻⁵	0,138204548
Emese 1880	7	2	5	0,000760412	1,138336041
Bint Karima 1935	5	1	4	2,21798x10 ⁻⁵	0,033203125
Abeyah 1896	5	3	2	9,85934x10 ⁻⁵	0,147594385
Zulima 1897	5	4	1	0,000182066	0,272553392
Wadha 1874	5	3	2	3,45234x10 ⁻⁵	0,051681527
Venus 1890	4	2	2	0,001475481	2,2087955
Arabka De Pompadour 1870	4		4	3,03015x10 ⁻⁵	0,04536133
Samaria 1882	4	2	2	3,00078x10 ⁻⁵	0,044921733
Hajlah 1860	4	2	2	0,007030998	10,5254033
Y Veragua 1924	4	4		0,000796923	1,192993188
Bint El Bahrein 1898	3		3	0,000443254	0,663551267
Adjuze 1876	3		3	0,001357762	2,032569138
Murana I 1808	3	1	2	0,00026913	0,402887291
Selimieh 1924	2	1	1	5,27585x10 ⁻⁵	0,078979498
Zulma 1879	2	2		0,000248051	0,371331807
Wadduda 1899	2		2	0,000498316	0,745979304
Em Arkoub 1879	2	1	1	4,31255x10 ⁻⁵	0,06455892
Brahmie 1891	2	1	1	7,21656x10 ⁻⁶	0,010803191
Dajania 1876	2	2		0,010001165	14,97174456
Balkis 1879	2	1	1	1,73683x10 ⁻⁵	0,026000317
Ferida 1886	2		2	0,00148885	2,228809177
74 Tifle 1810	2	1	1	0,000215966	0,323301738

Werdi 1901	2	1	1	$2,85502 \times 10^{-5}$	0,042739689
El Shahbaa 1925	1	1	-	0,000385129	0,57653817
Elsissa 1870	1	-	1	0,001147416	1,717681687
El Kahila 1921	1	-	1	$1,6064 \times 10^{-5}$	0,024047849
Roga El Beda 1882	1	-	1	0,00278998	4,17659951
Hadba 1900	1	1	-	$4,51141 \times 10^{-5}$	0,067535798
Merjane 1866	1	1	-	$1,44128 \times 10^{-5}$	0,021576028
Jedran 1956	1	1	-	$2,0875 \times 10^{-5}$	0,03125
Sada Al Toga 1877	1	1	-	$8,06406 \times 10^{-5}$	0,120719014
Jellabiet Feysul 1840	1	1	-	0,000682514	1,021872434
Abiannat 1854	1	1	-	$8,80309 \times 10^{-6}$	0,013178231
Gulowata 1810	1	-	1	$7,59275 \times 10^{-5}$	0,113663513
Sambry 1904	1	1	-	0,000128951	0,193039084
Kuheilat Aafas Alhamra 1964	1	1	-	$8,35003 \times 10^{-5}$	0,125
Samirah 1925	1	1	-	$1,15791 \times 10^{-5}$	0,01733398
Arca 1879	1		1	0,000363097	0,543556218
Queen Of Sheba 1875	1	1	-	0,013368325	20,01238206
Kariban 1895	1	1	-	$9,98613 \times 10^{-7}$	0,001494923

Informacje uzupełniające do części „Zależności między ocenami na pokazach i wpływ czynników środowiskowych na ocenę”



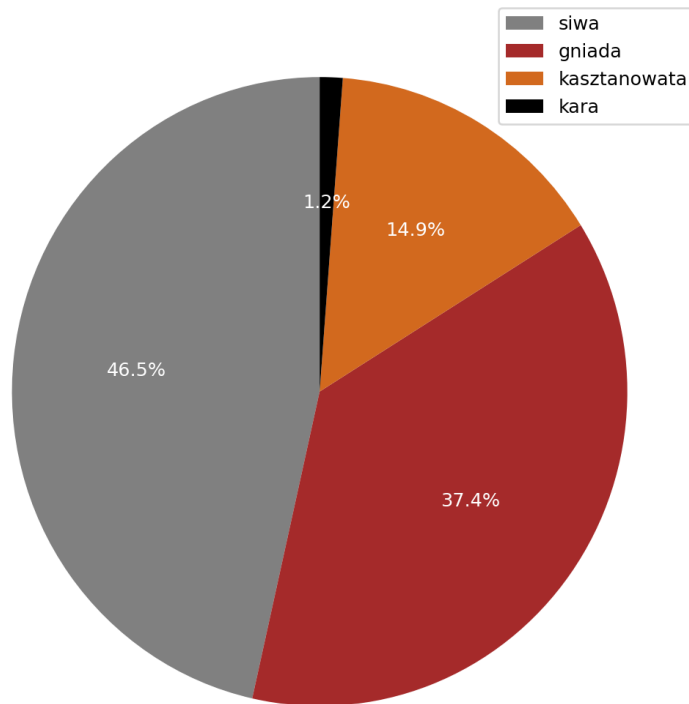
Ryc. S14: Struktura płci w próbie.



Ryc. S15: Struktura wiekowa w próbie.

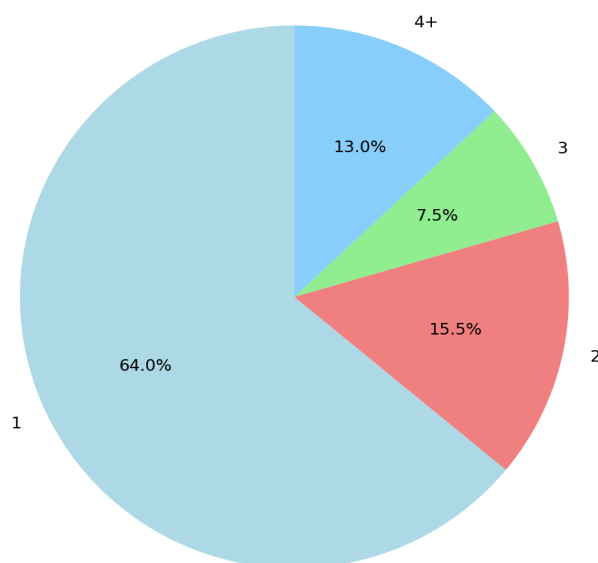
Spośród 583 unikalnych osobników ujętych w próbie nieznaczna większość stanowiły klacze (n = 335) w porównaniu do ogierów (n = 248).

Większość koni (90%) objętych badaniami urodziła się pomiędzy 2005 a 2018 rokiem.



Ryc. S16: Frekwencje obserwowanych maści w próbie analizowanych koni.

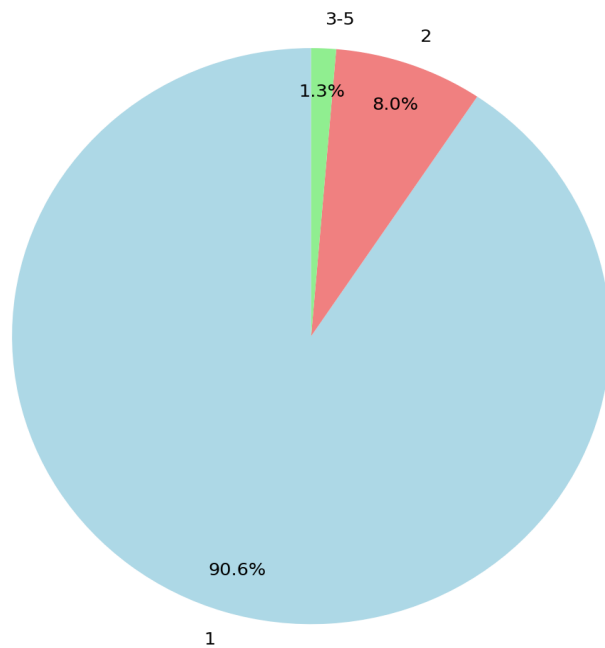
Frekwencje alleli oszacowane na podstawie fenotypów wyniosły dla *STX17*: $p = 0,681$, $q = 0,319$; dla *ASIP1*: $p = 0,824$, $q = 0,176$; dla *MC1R*: $p = 0,614$, $q = 0,386$.



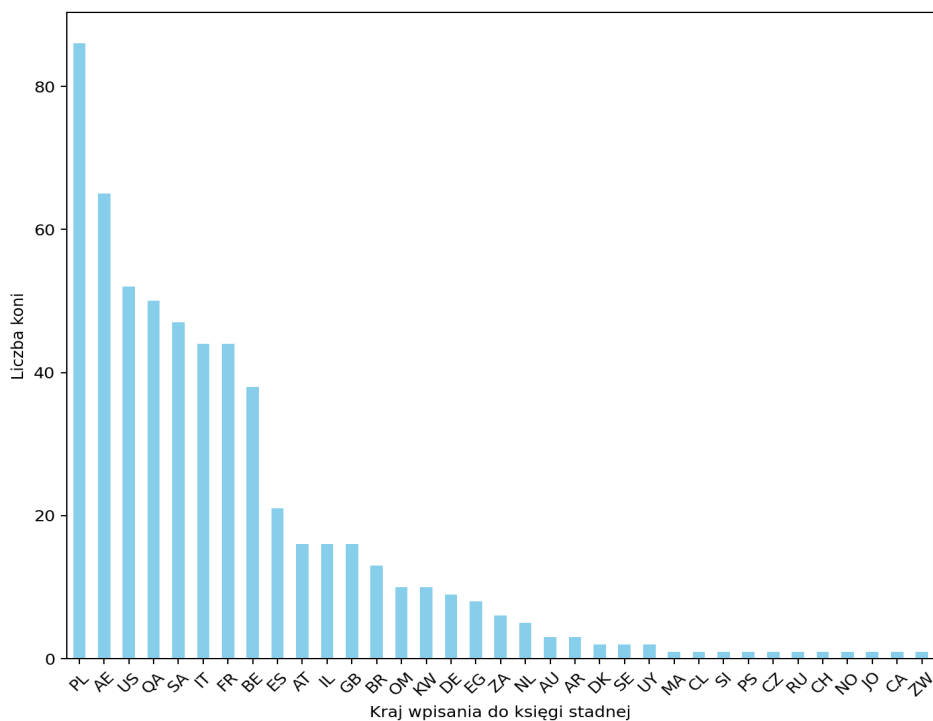
Ryc. S17: Podział ogierów w zależności od liczby ich potomstwa w analizowanej próbie.

Tabela S5: Zestawienie 15 ogierów z największą liczbą potomstwa w próbie. Aż 291 z 583 analizowanych osobników pochodziło tylko po 15 spokrewnionych ze sobą ogierach. RFI Farid jest wśród nich jedynym ogierem, który nie jest spokrewniony z pozostałymi przez trzy ostatnie pokolenia.

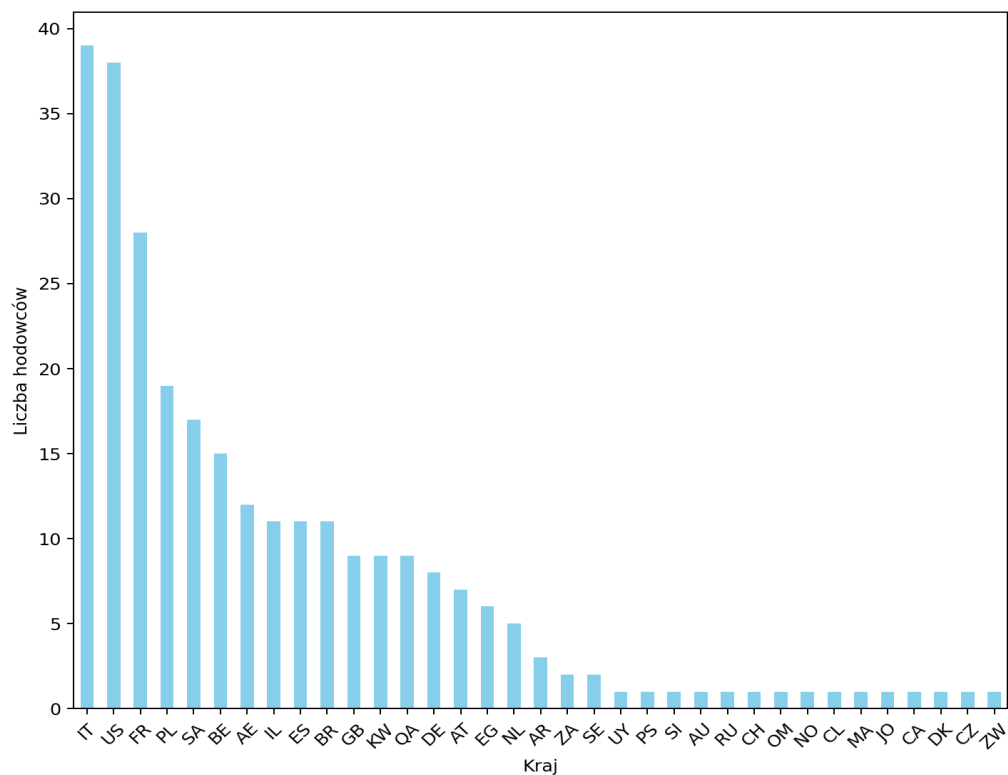
Nazwa ogiera	Liczba potomstwa w próbie
WH JUSTICE (Magnum Psyche – Vona Sher Renea/El Sher-Mann)	38
AJMAN MONISCIONE (WH Justice – Anthea Moniscione/Padrons Ghibli)	30
FA EL RASHEEM (FA El Shawan – Virtosa MLR/Versace)	29
SHANGHAI EA (WH Justice – Salymah EA/Khidar)	24
MARWAN AL SHAQAB (Gazal Al Shaqab – Little Liza Fame/Fame VF)	23
KAHIL AL SHAQAB (Marwan Al Shaqab – OFW Mishaahl/Mishaah)	23
QR MARC (Marwan Al Shaqab – Swete Dreams/Magic Dream CAHR)	22
EKS ALIHANDRO (Marwan Al Shaqab – OFW Psylhouette/Padrons Psyche)	20
EXCALIBUR EA (Shanghai EA – Essence of Marwan EA/Marwan Al Shaqab)	16
RFI FARID (RFI Maktub – RFI Fayra El Shiraz/Shiraz El Jamaal)	14
EMERALD J (QR Marc – Emandoria/Gazal Al Shaqab)	14
MARAJJ (Marwan Al Shaqab – RGA Kouress/Kouvay Bey)	11
SMA MAGIC ONE (Psytadel – Majidah Bint Pacha/AS Sinans Pacha)	11
EKSTERN (Monogramm – Ernestyna/Piechur)	9
ASCOT DD (Glorious Apal – Lady Nina DD/Psyttadel)	7



Ryc. S18: Struktura klaczy pod względem liczby potomstwa w próbie. W grupie posiadającej 3+ potomstwa znalazło się tylko siedem klaczy: FT Shaella, Ladi Veronika, Remal Al Nasser, OFW Mishaahl, Delight's Divah RB, El Medisa oraz Elle Flamenca.

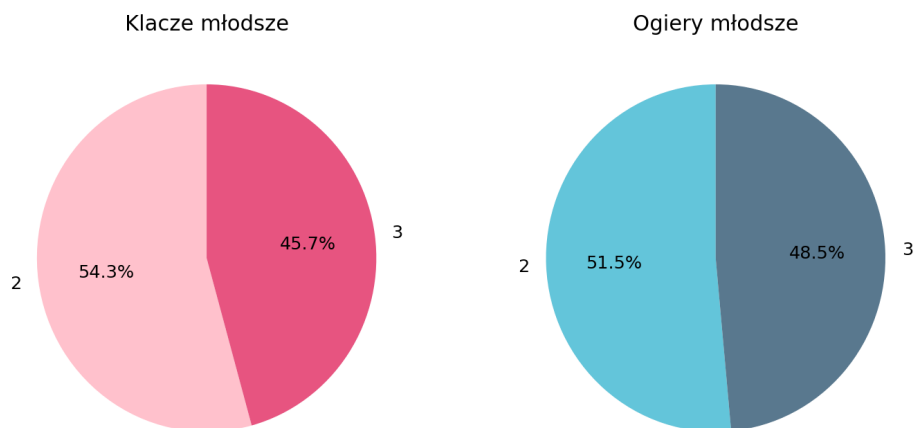


Ryc. S19: Struktura próby pod względem kraju pochodzenia. Najliczniejszą grupę w próbie stanowiły konie wpisane do polskiej księgi stadnej. Liczne grupy stanowiły również konie pochodzące ze Zjednoczonych Emiratów Arabskich, Stanów Zjednoczonych Ameryki, Kataru, Arabii Saudyjskiej, Włoch, Francji oraz Belgii.

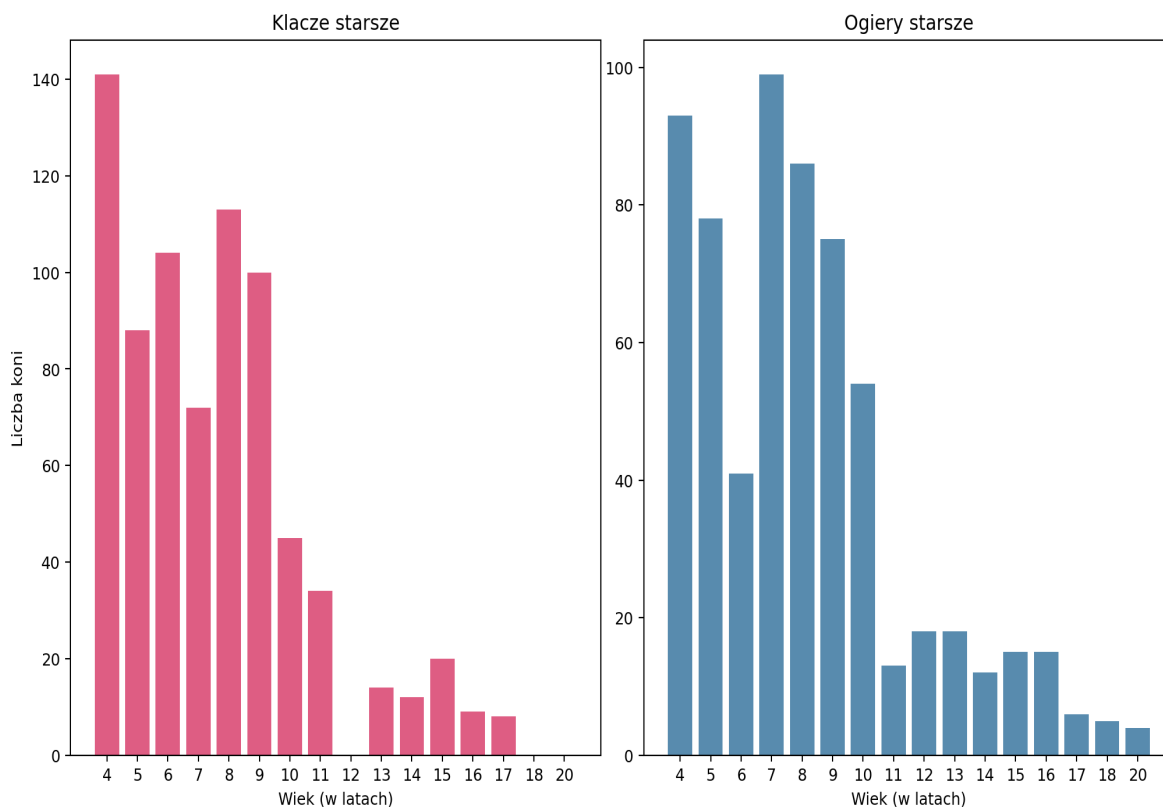


Ryc. S20: Liczba hodowców, których konie obejmowała próba, w zależności od kraju pochodzenia.

Duża liczba hodowców we Włoszech miała przełożenie na jedynie 1,13 konia na hodowcę w próbie. Wyłączając Oman, gdzie odnotowano tylko jednego hodowcę wystawiającego dziesięć koni, największą średnią liczbę koni w przeliczeniu na jednego hodowcę zaobserwowano w przypadku Kataru (5,55), Zjednoczonych Emiratów Arabskich (5,41) i Polski (4,53).

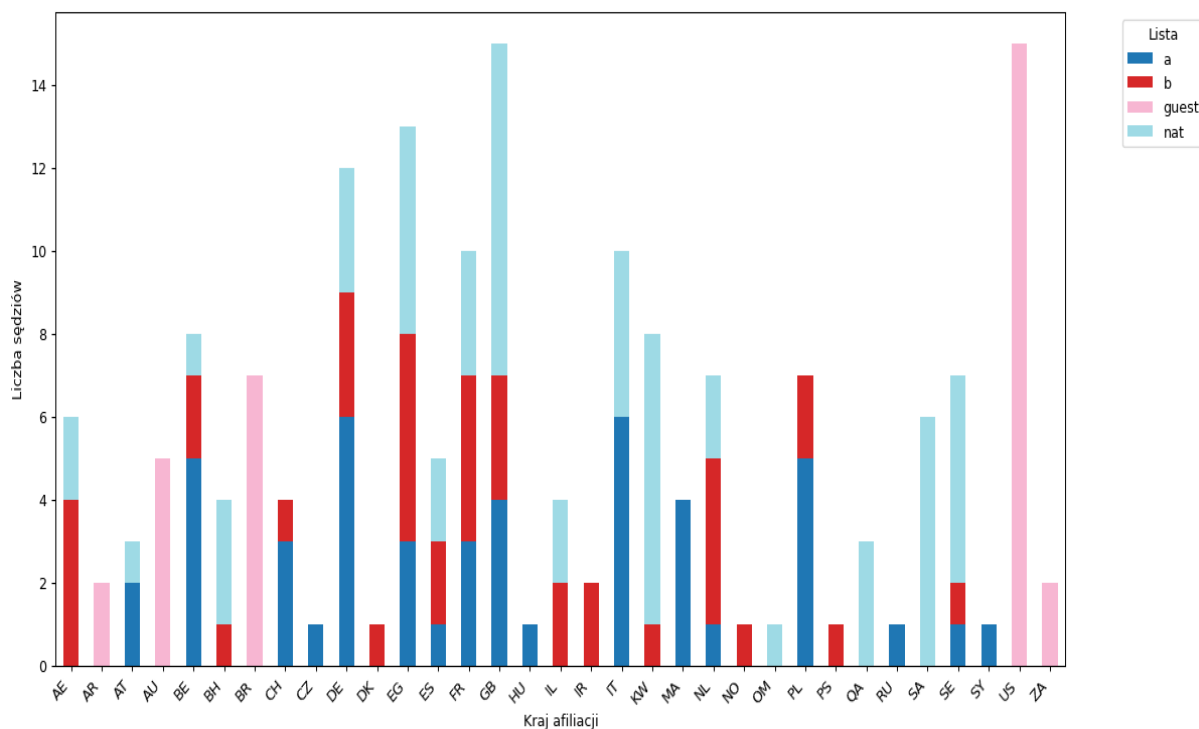


Ryc. S21: Struktura wiekowa w grupach koni młodszych. W klasach juniorskich u obu płci udział osobników dwu- i trzyletnich był statystycznie jednakowy, z nieznaczną przewagą osobników dwuletnich.



Ryc. S22: Struktura wiekowa koni 4 letnich i starszych.

Wśród klas klaczy i ogierów starszych dominowały osobniki czteroletnie. Obserwowano znaczący trend spadkowy wraz z wiekiem, zwłaszcza u osobników ponad 10-letnich.



Ryc. S23: Liczba sędziów w zależności od kraju afiliacji oraz listy (nat – sędziowie wpisani na listę krajową ECAHO, guest – sędziowie spoza krajów ECAHO).

Informacje uzupełniające do części „System fenotypowania ruchu i pokroju z użyciem głębokiego uczenia”

Struktura danych wejściowych

Surowe dane wyjściowe funkcji “analyze_videos” DeepLabCut to seria plików CSV, dostarczanych dla każdego filmu osobno. Każdy plik ma trzywierszowy nagłówek, składający się z “scorer” (nazwa typu sieci używanej do przypisywania współrzędnych), “bodyparts” – punktów zainteresowania używanych do trenowania modelu oraz “coords” – wartości współrzędnych x i y danego punktu dla każdej klatki, wraz z prawdopodobieństwem ich przypisania (Ryc. S1).

scorer	DLC_resnet50	DLC_resnet50	DLC_resnet50	DLC_resnet50	DLC_resnet50	DLC_resnet50	DLC_resnet50	DLC_resnet50	DLC_resnet50
bodyparts	rightFhoof	rightFhoof	rightFhoof	rightHhoof	rightHhoof	rightHhoof	rightHhoof	righthock	righthock
coords	x	y	likelihood	x	y	likelihood	x	y	likelihood
0	266.6721802	673.928162	0.00693955	264.08844	674.671143	0.7857424	229.280029	517.62085	0.99267876
1	360.1306458	622.270874	0.00957763	227.987289	344.49176	0.041	218.705215	504.048828	0.99264914
2	637.5255127	675.838867	0.01279054	415.062134	634.309875	0.19006625	218.566895	491.138916	0.93383241
3	807.9636841	648.308533	0.04213369	457.318909	665.063843	0.67395157	217.833923	487.652985	0.9739455
4	821.6611328	646.693481	0.50270486	479.989624	675.533081	0.56672907	215.211838	469.268311	0.97039932
5	865.2945557	678.270447	0.32588431	191.287872	639.192383	0.44429275	210.931458	455.877899	0.98662609
6	389.2098999	674.884521	0.03457358	226.113937	633.93866	0.88790447	209.800034	454.384674	0.97686851
7	761.8065796	688.849182	0.68680316	336.974304	675.220581	0.67735273	216.306137	455.420441	0.98772174
8	731.6014404	683.732605	0.11413097	729.563843	685.124695	0.95255542	235.769867	457.13736	0.70770317

Ryc. S24: Nagłówek i początkowe wiersze danych z surowych danych wyjściowych funkcji deeplabcut.analyze_videos. Pierwszy wiersz, “scorer”, wskazuje model użyty do przypisania współrzędnych (w tym przypadku resnet50). Drugi wiersz, “bodyparts”, zawiera nazwy punktów zainteresowania przypisanych przez użytkownika podczas szkolenia modelu. Trzeci wiersz, “coords”, wskazuje, czy kolumna zawiera wartości współrzędnych x (pierwsza kolumna), współrzędnych y (druga kolumna) lub prawdopodobieństwo ich przypisania (trzecia kolumna) dla danego punktu zainteresowania. Kolejne wiersze zawierają dane liczbowe dla każdej zmiennej. Liczba ramek, dla których przypisano współrzędne, jest wskazana w pierwszej kolumnie.

Czyszczenie danych

Odwrócenie współrzędnych y

Problem

W systemach przetwarzania obrazu wartości współrzędnych y zazwyczaj zmniejszają się wzdłuż osi y.

Rozwiązanie

Pierwszym krokiem czyszczenia danych było odwrócenie wartości współrzędnych y, aby upewnić się, że późniejsze wykreślenie trajektorii odpowiada rzeczywistemu ruchowi punktów orientacyjnych.

Surowe pliki CSV zawierające dane wyjściowe funkcji DeepLabCut “*analize_videos*” zostały zebrane w wyznaczonym katalogu wejściowym. Każdy plik był zgodny z predefiniowaną strukturą, z kodowaniem w systemie UTF-8. Do iteracji wszystkich plików CSV w katalogu wejściowym zastosowano algorytm skryptowy. W każdym przetwarzanym pliku kolumny były dynamicznie identyfikowane do inwersji na podstawie obecności znaku „y” w etykietach trzeciego wiersza. Aby uniknąć zmiany etykiet kolumn lub jednostek, zidentyfikowane wartości współrzędnych y pomnożono przez -1 .

Po zakończeniu przetwarzania zmodyfikowane dane zostały zapisane w nowym pliku CSV w określonym katalogu wyjściowym. Konwencja nazewnictwa plików wyjściowych odzwierciedlała konwencję plików wejściowych. Cały proces został zautomatyzowany w celu potokowej obsługi wielu plików, zapewniając wydajność i spójność całego zbioru danych. Skrypt został wykonany zgodnie z predefiniowanym katalogiem wejściowym i wyjściowym, przetwarzając wszystkie kwalifikujące się pliki CSV w sposób wsadowy.

Usuwanie zerowych wierszy

Problem

Czasami, podczas analizowania filmów, DeepLabCut traci możliwość kodowania klatek z niektórych punktów filmu. Problem ten został opisany tutaj: <https://github.com/DeepLabCut/DeepLabCut/issues/2486> i nie został jeszcze rozwiązany przez zespół deweloperski DeepLabCut. Wartości dla tych niezakodowanych klatek są wyświetlane w wyjściowych plikach CSV jako jednolicie zerowe wiersze, co obniża

dokładność dalszej analizy, w szczególności związanej z obliczaniem statystyk opisowych.

Rozwiązanie

Opierając się na początkowych krokach wstępnego przetwarzania danych opisanych wyżej, ten krok wstępnego przetwarzania poświęcony został identyfikacji i usuwaniu wszelkich przypadków danych nieinformatywnych – wierszy, w których wartości wynosiły jednolicie zero.

Wykorzystując dane wyjściowe z początkowego procesu inwersji współrzędnych y, algorytm zidentyfikował listę wszystkich plików CSV w wyznaczonym katalogu źródłowym. Pliki te, już przetworzone w celu odwrócenia wartości osi y, posłużyły jako dane wejściowe dla tej fazy oczyszczania.

Dla dla każdego pliku algorytm załadował zawartość CSV do ustrukturyzowanego formatu. Na tym etapie głównym celem było upewnienie się, że wszystkie dane, pierwotnie w różnych formatach, potraktowane zostaną jako numeryczne. Konwersja ta miała kluczowe znaczenie dla późniejszych kontroli integralności danych, umożliwiając algorytmowi dokładną identyfikację nieinformatywnych wierszy. Wpisy, których nie można było przekonwertować na wartości liczbowe, zostały oznaczone jako brakujące (NaN).

Algorytm przystąpił następnie do oceny każdego wiersza, z wyłączeniem pierwszych trzech kolumn w celu zachowania metadanych. Wiersz zostawał oznaczony jako nieinformatywny, jeśli wszystkie jego wartości współrzędnych (z wyjątkiem pierwszej kolumny metadanych) wynosiły zero. Ten warunek wskazywał na brak znaczących danych przestrzennych, czyniąc wiersz nieistotnym dla dalszych badań analitycznych.

Wiersze zidentyfikowane jako nieinformatywne były systematycznie wykluczane ze zbioru danych, w wyniku czego nastąpiło jego oczyszczenie.

Oczyszczony zestaw danych został następnie zapisany z powrotem w formacie CSV, zachowując oryginalną konwencję nazewnictwa plików w celu zapewnienia spójności i identyfikowalności. Każdy oczyszczony plik był przechowywany w wyznaczonym katalogu docelowym, co oznaczało jego gotowość do kolejnych faz analitycznych.

Usuwanie punktów zainteresowania nieistotnych dla analizy danych

Problem

Aby zoptymalizować poziom błędów wytrenowanego modelu, użytkownik może wprowadzić punkty pomocnicze, które pomogą głębokim sieciom neuronowym poprawnie przypisać współrzędne odpowiednich punktów anatomicznych. Na przykład, jeden z pierwszych modeli mających na celu etykietowanie koni kłusujących „w ręku” często mylił kończyny konia z nogami prezentera. Problem ten został złagodzony poprzez wprowadzenie czterech dodatkowych etykiet na nogach prezentera. Punkty te były jednak nieistotne dla naszej głównej analizy danych. Usunięcie ich na tym etapie miało na celu optymalizację wydajności obliczeniowej na późniejszych etapach analizy, a także złagodzenie potencjalnych problemów związanych z odrzucaniem plików z wysokim odsetkiem utraconych klatek (patrz punkt 2.5).

Rozwiązanie

Trzeci krok miał na celu usunięcie kolumn z wartościami dla określonych, wcześniej zdefiniowanych punktów zainteresowania oznaczonych jako nieistotne – w tym przypadku punkty oznaczone na nogach prezentera. Import danych wyjściowych i identyfikacja ich struktury przebiegały tak samo jak w poprzednim kroku. Identyfikacja punktów niepoddawanych analizie następowała za pomocą bezpośredniego definiowania ich etykiety w skrypcie. Po zidentyfikowaniu nieistotnych etykiet odpowiednie kolumny zostały wykluczone ze zbioru danych, a pliki z oczyszczonymi danymi zapisywane pod oryginalną nazwą w nowym katalogu.

Filtrowanie danych

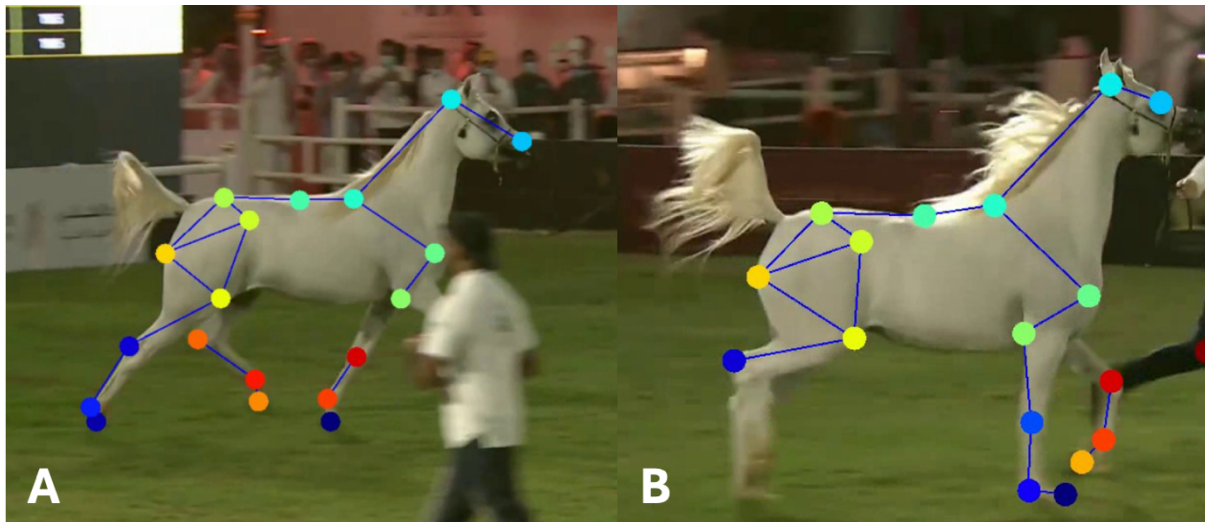
Po procesie oczyszczania arkusza danych skupiono się na filtrowaniu punktów danych w oparciu o wcześniej zdefiniowane kryteria: próg prawdopodobieństwa i odległości euklidesowe między sąsiednimi ramkami. Faza ta miała na celu zachowanie tylko poprawnie przypisanych punktów. Metodologia zastosowana w tej fazie została szczegółowo opisana poniżej.

Filtr progowy prawdopodobieństwa

Problem

Modele DeepLabCut, podobnie jak inne modele estymacji pozy, są zaprojektowane do przypisywania współrzędnych dla każdego punktu zainteresowania w każdej klatce. Dlatego w sporadycznych przypadkach, gdy obiekt zewnętrzny blokuje pełny widok

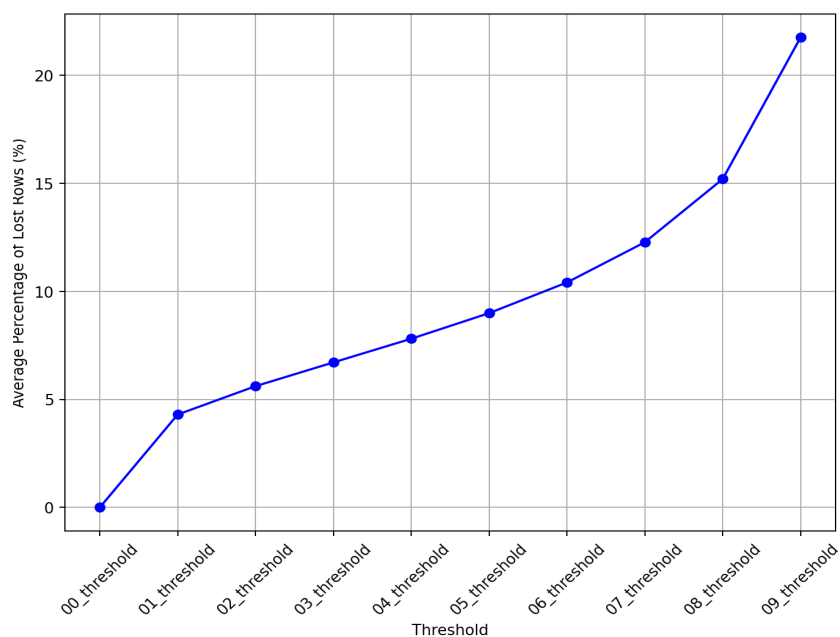
analizowanego zwierzęcia (Ryc. S24A) lub niektóre części ciała są blokowane przez inne podczas zmiany pozy (Ryc. S24B), prawdopodobieństwo przypisania współrzędnych dla niektórych punktów jest bardzo niskie, ale wartości współrzędnych x i y są nadal uwzględniane w arkuszu danych.



Ryc. S25: Przykłady blokowania widoku konia przez obiekt zewnętrzny. A – cała prawa kończyna przednia jest blokowana przez osobę przechodzącą przed koniem; B – prawa kończyna tylna blokuje widok lewej kończyny tylnej z punktu widzenia obserwatora (kamery). Oba zdarzenia powodują niskie prawdopodobieństwo przypisania współrzędnych dla etykiet tych kończyn, ale współrzędne są nadal zawarte w wyjściowym pliku CSV.

Rozwiązanie

Aby odfiltrować najbardziej prawdopodobne, nieprawidłowo oznaczone punkty, najpierw trzeba było określić odpowiedni próg prawdopodobieństwa. Próg został ustalony na poziomie 0,25, w oparciu o rozkład liczby klatek utraconych przez ten filtr (Ryc. S25).



Ryc. S26: Średni procent utraconych klatek przy różnych poziomach progu prawdopodobieństwa w całej próbie.

Krok ten obejmował iterację przez każdy punkt anatomiczny w zbiorze danych i ocenę powiązanej z nim wartości prawdopodobieństwa względem wcześniej zdefiniowanego progu. Punkty danych z wartościami prawdopodobieństwa poniżej tego progu zostały uznane za niewiarygodne i w konsekwencji zostały zamaskowane za pomocą „NaN” skutecznie odfiltrowując mniej wiarygodne pomiary ze zbioru danych.

Każdy przefiltrowany arkusz danych został zapisany w nowym pliku CSV w katalogu docelowym, z zachowaniem oryginalnej konwencji nazewnictwa plików w celu zapewnienia spójności i identyfikowalności.

Technika filtrowania oparta na progach prawdopodobieństwa znacząco przyczyniła się do udoskonalenia zbioru danych współrzędnych przestrzennych. Poprzez systematyczne wykluczanie punktów danych poniżej pewnego progu wiarygodności, poziom prawdopodobieństwa prawidłowego oznaczenia wzrósł znacząco. Należało jednak rozwiązać problem wartości/danych/rekordów? usuniętych podczas przefiltrowania.

Interpolacja liniowa przefiltrowanych danych

Problem

Po zastosowaniu filtra opartego na progu prawdopodobieństwa, w zbiorze pozostała pewna liczba brakujących wartości.

Rozwiązanie

Aby zmniejszyć ilość brakujących danych po filtrowaniu opartym na progu wiarygodności, przeprowadzono liniową interpolację wartości NaN. Główną ideą było to, aby nie zniekształcać kształtu funkcji zmiany wartości współrzędnych, jednocześnie odzyskując jak najwięcej utraconych wartości. Dlatego przyjęto, że jeśli w więcej niż trzech kolejnych klatkach brakuje danych, zostaną zachowane wartości NaN. Jeśli liczba kolejnych klatek, w których brakuje danych, wynosi 3 lub mniej, dokonana zostanie interpolacja na podstawie sąsiednich klatek. Trzy klatki przy standardowej częstotliwości wideo w zbiorze danych = 25,0 fps, czyli około 0,12 s.

Filtr odległości euklidesowej

Problem

Po przefiltrowaniu danych w oparciu o założone prawdopodobieństwo, zweryfikowana została poprawność danych zachowanych w arkuszu danych po interpolacji, przechodząc przez 30 losowo wybranych filmów, opatrzonych adnotacjami za pomocą funkcji `deeplabcut.label_videos`, klatka po klatce i porównując umieszczone przez program etykiety z prawdopodobieństwem przypisanym w zestawie danych współrzędnych przestrzennych. W ten sposób zostało zidentyfikowanych wiele nieprawidłowo umieszczonych etykiet z przypisanym prawdopodobieństwem sięgającym 0,9.

Rozwiązanie

Aby odfiltrować opisane powyżej przypadki bez utraty większości poprawnie oznaczonych danych, zdecydowano się na wprowadzenie drugiego filtra, opartego na odległościach euklidesowych dla każdego wyznaczonego punktu między sąsiednimi klatkami. Przyjęto założenie, że jeśli punkt anatomiczny zmieni swoje położenie o odległość przekraczającą fizycznie możliwą wartość, jest to wynik nieprawidłowo umieszczonej etykiety. Ponieważ odległość między kamerą a koniem nie była stała, jako punktu odniesienia nie można było użyć rzeczywistej odległości. Zamiast tego zdecydowano się więc usunąć 5% najwyższych odległości dla każdego punktu orientacyjnego dla każdego filmu.

Interpolacja filtrowanych danych

Problem

Podobnie jak po filtrowaniu opartym na progu prawdopodobieństwa, pozostała pewna liczba wartości NaN.

Rozwiązanie

Przeprowadzono ponowną interpolację,

Usuwanie plików z brakującymi danymi

W końcowej fazie procesu udoskonalania danych procedura jest oparta na ocenie i filtrowaniu zbiorów danych w oparciu o ich poziom kompletności, w szczególności koncentrując się na zakresie brakujących danych. Faza ta odgrywa kluczową rolę w upewnieniu się, że zbiory danych wykorzystywanych do kolejnych zadań analitycznych mają wysoki stopień integralności.

Zbiory danych, które wykazują odsetek brakujących danych poniżej określonego a priori progu były identyfikowane jako nadające się do dalszej analizy i w konsekwencji były przesyłane do katalogu docelowego. To selektywne podejście zapewnia, że tylko zbiory danych spełniające określone kryteria integralności danych są zawarte w ostatecznym zbiorze, wykorzystanym do analiz. Zbiory danych, które przekroczyły predefiniowany próg brakujących klatek zostały wykluczone z dalszej analizy. W Tabeli S6 zamieszczono wielkość analizowanych zbiorów w zależności od przyjętego progu wykluczenia.

Tabela S6: Liczba zachowanych i odrzuconych plików w zależności od przyjętego procentowego progu brakujących klatek.

Próg % brakujących klatek	Zachowane materiały wideo	Odrzucone filmy wideo
50	524	0
25	524	0
12,5	500	24
5	388	13