

Debreceni Egyetem
Mezőgazdaság-, Élelmiszertudományi- és Környezetgazdálkodási Kar

Állattudományi, Biotechnológiai és
Természetvédelmi Intézet
Állattenyésztési Tanszék
Tanszékvezető: Prof. Dr. Czeglédi Levente,
egyetemi tanár

A magyar hidegvérű állomány pedigréanalízise

Barsi Brigitta
állattenyésztő mérnöki MSc
Konzulensek:
Dr. Posta János
egyetemi docens
Dr. Oláh János
tudományos főmunkatárs

Debrecen

2024.

Tartalomjegyzék

Bevezetés.....	4
1. Témafelvetés	5
2. Szakirodalmi áttekintés	6
2.1 A magyar hidegvérű lófajta	6
2.2. Pedigrételjesség	8
2.3. Nemzedékköz	10
2.4. Alapító ősök effektív száma	11
2.5. Nem alapító ősök effektív száma.....	11
2.6. Nem alapító ősök effektív számának (f_a) és az alapító ősök effektív számának (f_e) aránya	12
2.7. Beltenyésztési együttható	13
2.8. Átlagos rokonsági fok.....	13
2.9. Génmegőrzési index	14
3. Anyag és módszer	15
3.1. Felhasznált adatbázis	15
3.2. Vizsgálati módszerek.....	15
3.2.1. Pedigrételjesség.....	15
3.2.2. Nemzedékköz.....	16
3.2.3. Alapító ősök száma	16
3.2.4. Nem alapító ősök száma	16
3.2.5. Alapító ősök effektív száma.....	16
3.2.6. Nem alapító ősök effektív száma	17
3.2.7. Nem alapító ősök effektív létszámának és az alapító ősök effektív létszámának aránya	17
3.2.8. Beltenyésztési együttható.....	17
3.2.9. Átlagos rokonsági fok	19
3.2.10. Génmegőrzési index.....	20

3.3. Használt programok.....	20
4. Eredmények és értékelésük	21
4.1. Pedigrételjesség	21
4.2. Nemzedékköz	23
4.3. Az ősök genetikai változékonyságának vizsgálata	24
4.4. Genetikai variabilitás	25
4.5. Beltenyésztettség és átlagos rokonsági fok	31
4.6. Génmegőrzési index	35
5. Következtetések és javaslatok	37
Összefoglalás.....	39
Irodalomjegyzék.....	42

Bevezetés

Az állattenyésztésnek a feladata, hogy az emberek állatokra alapozott igényeit és szükségleteit kielégítse, ezért szükséges, hogy nagy genetikai értékű állományokat hozzon létre és fenntartsa (BODÓ, 2011). A különböző lófajták kialakulását is más-más emberi igények indokolták. Az 1900-as évek első harmadáig a lófajták a hadviselést szolgálták, kevés fajta volt, ami más igény miatt jött létre (MIHÓK, 2014).

Mára a ló megközelítése és használata megváltozott, nem lát el hadászati feladatokat, használatát a gépesítés kiszorította a mezőgazdaságból, valamint a személy- és áruszállításból. Gazdasági haszonállattól társállattá vált a szabadidő sportban (BODÓ – HECKER, 2013).

A magyar hidegvérű bár a XX. század közepén vált elismert fajtává, a parasztság gazdasági lova volt. A dunántúli parasztemberek használata alakította a mai fajta őseit. Nyugodt vérmérséklete, könnyű kezelhetősége és igénytelensége kedvelt volt a munkában. Ezen értékmérő tulajdonságai miatt a mostani hobbi lovaglás, lótarás remek lovává válhat. A fajtának új célközönsége is lenne ezzel.

A 32/2004. (IV. 19.) országgyűlési határozat – a védett őshonos vagy veszélyeztetett, magas genetikai értéket képviselő tenyésztett magyar állatfajták nemzeti kincsé nyilvánításáról – több őshonos fajta mellett a magyar hidegvérű lófajtát is nemzeti kincsé nyilvánította.

A magyar hidegvérű 1954-ben vált elismert fajtává. Jelenleg, az 1989-ben alapult Magyar Hidegvérű Lótenyésztő Országos Egyesület keretében folytatják a fajtafenntartó, nemesítő munkát. 2023-ban 217 mén rendelkezett tenyésztési engedéllyel. Az utóbbi években az alapító genealógiai vonalakhoz tartozó fedezőmének száma nőtt, a pár éve még veszélybe lévő Belga-22-es vonalban 8 egyed van, a Péterhida ménvonalban 5. A genetikai sokféleség megtartása miatt egyik ménvonalat se lehet hagyni eltűnni. Génmegőrzési szempontból fontos a különböző vonalak közel azonos arányú használata, mert egy-egy vonal előtérbe kerülése a genetikai variancia csökkenését, hosszabb távon a beltenyésztés növekedését is magával hozza. Ebben az esetben akár az identitásvesztés ténye is fennáll. Magyarország őshonos lófajtái kis létszámú állományok, ezért a beltenyésztettség és a fajták minőségi romlása fokozottan fenyegeti őket. A kancaállomány nem volt ezidáig kancacsaládokba sorolva, ez a feladat is megoldódni látszik (OLÁH et al., 2024).

1. Témafelvetés

„A sok ismeretlen dunántúli parasztember emlékének, akik fél évszázadon át csendes harcot vívtak a gazdasági ló terjedéséért. Küzdelmük eredménye, hogy pár évtizede a hidegvérű ló tenyésztése általános tenyésztési szabadságot kapott (MIHÓK, 2017, p.2).”

A magyar hidegvérű szerepe a nyugati országrész lótenyésztésében a XIX. század végétől meghatározó volt. A fuvarosok nóri és pinzgaui lovakat hoztak be vagy a melegvérű kancáikat nehezebb típusú ménekkel fedeztették. 1913-ban elsőként Vas megyében engedélyezték a hidegvérű lovak tenyésztését. Több nagybirtoknak is volt hidegvérű ménese, biztosítva maguknak az igaerőt. Tenyészkörzeti kötöttségek nem vonatkoztak ezekre a birtokokra. 1925-től tenyésztő egyesületek alakultak, ahol helyi jellegű hidegvérű lovat tenyésztettek. A fajta nagy igaereje miatt kedvelt volt a II. világháború után és a mezőgazdaságban is. Mára a szerepe megváltozott, az egyedek száma csökkent. Sajnos a törzskönyvek sok helyről elvesztek, illetve volt idő mikor nem a tudatos tenyésztés volt a fő cél. A 2000-es évek elején elmondható volt, hogy az országos köztenyésztésben minden 4. kancát hidegvérű ménnel fedeztettek (MIHÓK–PATAKI, 2003). Ez a fajta tenyésztésének és génmegőrzésének nem használt.

A génmegőrzés mellett számos kulturális és szakmai érv áll. Igaz, őshonos lófajtáink között egyik legnagyobb egyedszámú és kancaszámú populáció, de a magyar parasztság „alkotta”, a történelmünk része. Esztétikai és néprajzi értékeket hordoznak, a ménesek a lovasturizmus részei. Szakmai érvekhez felsorolható, hogy előre nem látható, hogy az adott fajta mely értékei, tulajdonságai lesznek hasznosak. A betegségeknek jobban ellenálló fajta, lehetséges génforrás.

A kutatás célkitűzései:

- A magyar hidegvérű lófajta populációgenetikai vizsgálata a pedigréelemzés módszereivel.
- Az genetikai diverzitásának meghatározása. A mai populációra legnagyobb hatást gyakorló egyedek és a genetikai variabilitáshoz való hozzájárulásuk arányának megállapítása.
- A beltenyésztettség felmérése állomány szinten különféle számítási módú beltenyésztési együtthatókkal.

2. Szakirodalmi áttekintés

2.1 A magyar hidegvérű lófajta

Nyugatról származó, nehezebb típusú lovak valószínűleg az Árpád-ház idején és később is kerülhettek hazánkba az egyes hadjáratok, illetve királyi küldöttségek kísérőiként, de jelentősebb mérvű elterjedésük az 1880-as évekre tehető (BODÓ, 1992). A német kaltblüter kifejezés tükörfordításával hidegvérűnek nevezték el, a típus vérmérsékletére utalva (PATAKI, 2001).

Zala, Vas és Sopron megyékből a meginduló szekerező kereskedelem Bécs és a közeli osztrák tartományokat érintette. Ehhez erős, igénytelen és könnyen kezelhető lovakra volt szükség. A nyugat-magyarországi fuvarosok szívesen hozták be a nóri és pinzgauai lovakat vagy a melegvérű kancáikat nehezebb típusú ménekkel fedeztették. A katonai ellenállások ellenére a gazdák elérték, hogy 1868-ban Vas és Zala megye méntelepeire hidegvérű ménnek lettek felállítva. Az 1800-as évek végén a határon két tájfajta alakult ki: nyugatra a nagyobb, tömegesebb pinkafői, míg a Horvátország melletti területeken az alacsonyabb és mozgékonyabb muraközi (MHLOE, 2022). Baranya megyében a németajkú lakosság letelepedésével a nehezebb, ardenni jellegű hidegvérűek terjedtek el, Somogy megyében pedig olyan gazdasági ló előállítás volt a cél, amely a státusz és a gazdasági igényeknek megfelelt, emellett erős, kitartó gazdasági fogatló is volt. A különböző fajták, típusok rendszertelen felhasználása és esetleges keresztezése miatt az állomány meglehetősen vegyes, heterogén képet mutatott (PATAKI, 2001).

A népies tenyésztés kialakulása mellett több nagybirtok is hidegvérű ménest alapított, az igásló szükségletük biztosítására. Ezekre a tenyészkörzeti kötöttségek nem vonatkoztak, az ökörfogatok kiváltására hidegvérű lovakat is tenyésztettek. A magánbirtokok mellett kimondottan gazdasági ló tenyészcéllal a Kisbéri Magyar Királyi Állami Ménesbirtok 1859-ben hidegvérű ménest alapított, 1866-tól 80 hidegvérű jellegű kancával igásló tenyésztést folytatott. Clydesdale-i, majd norfolki méneket hoztak, végül az ardenni fajtájú Bottom és Philipp nevű ménnek hozták meg a sikert. Kisbér mellett a Bábolnai Állami Ménesbirtoknak is volt hidegvérű tenyészete (KASSANIN et al., 2017). Kisbér 1881-ben, 1896-ban és 1897-ben ardenni kancákat és méneket importált, ezzel egy 60-70- es egyedszámú ménesnek az alapját vetette meg (BODÓ, 1992).

Vas megyében 1913-ban engedélyezték a hidegvérű ló tenyésztését. Használtak nóri, clydesdale és belga-ardenni méneket. Végül a nóri, Salzburg környéken tenyésztett egyedeit

használták. Sopron megyét 1912-13-ban belga import egyedek gazdagították. Az angliai shire lovak is bekerültek, de sem ezeket, sem pedig ivadékaikat nem kedvelték (PATAKI, 2001). 1922-ben megkezdtek a hidegvérű lovak törzskönyvezését, az 1930-as években folytatódott a belga importok, kezdett kialakulni a belga-ardenni jellegű magyar hidegvérű, főként Baranya megyében (BODÓ, 1992).

1948-1949 között 59 belga-ardenni mént Belgiumból és 17 francia-ardenni hidegvérű mént Franciaországból hoztak be és helyezték ki mesterséges termékenyítő-, és a jelentősebb természetes fedeztetési állomásokra. Ezekkel tervszerű fajtaátalakító keresztezéseket végeztek (GULYÁS et al., 2017). Ekkor alapították meg a Szentegáti Kísérleti Gazdaság hidegvérű törzstenyészetét, 1950-ben pedig a Bóly-békáspusztai méncsikó nevelő telepet és hidegvérű méntelepet. Az 1950-es években elsősorban a magántenyésztőktől vásárolt főleg kancák kerültek az állami gazdaságokhoz. A biztonságos ménutánpótlás miatt állami gazdasági törzstenyészeteket hoztak létre. Jelentősebb hidegvérű törzstenyészetek Szentegát, Görösgal, Csobokapuszta, Bikal, Pakod, Bak és Andrásida gazdaságaiban voltak (MHLOE, 2022).

A magyar hidegvérű lóállomány genotípusában és fenotípusában is megváltozott az import mének hatására, ezzel egy önálló, új fajta jött létre, ezt az átalakult fajtát 1954 óta magyar hidegvérű néven tartjuk nyilván (PATAKI, 2001).

1968-tól kezdve több termelőszövetkezet állománya is olyan színvonalas lett, ami miatt törzstenyészeti címet és rangot kapott. Ezek közül a legjelentősebbek a göllei, a karádi, a rózsafai, a szentgáloskéri és a somogyisili termelőszövetkezeti állományok voltak, melyekből számos nagyszerű mén került a köztenyésztésbe. Az 1980-as évekre fontos lett még a Tordasgyúrói, a bogyoszlói, a bocföldei és a Kaposvár-toponári mezőgazdasági termelőszövetkezetek tenyésztői. 1990-ben megalakult a Kaposvár „PATE” Tangazdaság hidegvérű tenyésztete (MHLOE, 2022).

A mezőgazdaság fejlődése a hidegvérű ló haszonvételének sorrendjét is megváltoztatta az 1980-as években. Több francia percheron, és belga import került a tenyésztésbe, hogy az állomány testtömege növekedjen. Ez sajnos a fajta genetikai szerkezetére is hatással volt (PATAKI, 2001). A hagyományos, eredeti genealógiai vonalak száma lecsökkent, a 73 vonalapítóból jelenleg a Belga-3, Belga-6, Belga-13, Belga-22, Belga-25, Belga-26, Belga-28, Belga-36 ménvonal él, közben új vonalak alakultak. Az állomány marmagassága nagyobb lett, de csökkent az egyedek szervezeti szilárdsága (MHLOE, 2022).

2.2. Pedigrételjesség

A pedigrételjességet általában háromféle módon értelmezik. Az 1. táblázat a feldolgozott szakirodalmakban közölt teljes ismert ősi sorok számát mutatja. A pedigré minőségét elsődlegesen meghatározó mutató értékénél a legalacsonyabb 0,49 generációnyi értéket pantanerio fajtára (MCMANUS et al., 2013) a legmagasabb 6,9 generációt arab telivér lovakra vonatkozóan közölték (KLECEL et al., 2024).

1. táblázat: **Teljes ismert ősi sorok száma mutatóra közölt értékek a szakirodalomban**

Érték (generáció)	Lófajta	Szerző
0,49	pantanerio	MCMANUS et al. (2013)
1,66	posavina	IVANKOVIĆ et al. (2021)
1,86	trakehneni	TEEGEN et al. (2009)
4,95	furioso-north star	KLEIN et al. (2022)
4,95	nóniusz	KLEIN et al. (2022)
5,58	shagya arab	PJONTEK et al. (2012)
5,90	lipicai	PJONTEK et al. (2012)
6,10	gidrán	KLEIN et al. (2022)
6,69	angol telivér	BOKOR et al. (2013)
6,90	arab telivér	KLECEL et al. (2024)

Forrás: saját gyűjtés

A maximálisan ismert nemzedékek számát generációban fejezzük ki. A felhasznált szakirodalmi forrásokban található értékeket a 2. táblázat foglalja össze. Az átlagosan legrövidebb ősi sorok MCMANUS et al. (2013) munkájában található, 0,95 generációs érték a pantanerio lovaknál. Ez a generációs érték jelentősen elmarad KLEIN et al. (2022) által közölt 36,56 generációs értéktől, melyet furioso-north star lovaknál számolt.

2. táblázat: **Maximálisan ismert nemzedékek száma mutatóra közölt értékek a szakirodalomban**

Érték (generáció)	Lófajta	Szerző
0,95	pantenerio	MCMANUS et al. (2013)
3,83	posavina	IVANKOVIĆ et al. (2021)
4,55	trakehneni	TEEGEN et al. (2009)
24,56	lipicai	PJONTEK et al. (2012)
28,1	arab telivér	KLECEL et al. (2024)
ref. 31,42; telj. 26,76	quarter horse	FARIA et al. (2018)
34,82	shagya arab	PJONTEK et al. (2012)
36	cleveland bay	DELL et al. (2020)
36,32	gidrán	KLEIN et al. (2022)
36,53	nóniusz	KLEIN et al. (2022)
36,56	furioso- north star	KLEIN et al. (2022)

Forrás: saját gyűjtés

A teljes generációs ekvivalens mutatónál a pantenerio fajtánál található a legalacsonyabb érték (MCMANUS et al., 2013). A 0,67 generációs érték jelentősen elmarad POLAK (2019) számításaitól a sokólski és sztumski fajtáknál (45,49 és 51,10). A szakirodalmi forrásokból gyűjtött további teljes generációs ekvivalens értékeket a 3. táblázat mutatja be.

3. táblázat: **A teljes generációs ekvivalens mutatóra közölt értékek a szakirodalomban**

Érték (generáció)	Lófajta	Szerző
0,67	pantenerio	MCMANUS et al. (2013)
2,43	posavina	IVANKOVIĆ et al. (2021)
2,87	trakehneni	TEEGEN et al. (2009)
2,98	campolina	BUSSIMAN et al. (2018)
3,25	olasz hidegvérű	MANCIN et al. (2020)
ref. 4,88; telj. 2,75	mangalarga	MACIEL et al. (2024)
ref. 6,24; telj. 5,09	quarter horse	FARIA et al. (2018)
9,56	shagya arab	PJONTEK et al. (2012)
10,25	lipicai	PJONTEK et al. (2012)
11,85	arab telivér	KLECEL et al. (2024)

Érték (generáció)	Lófajta	Szerző
12,28	nóri	DRUML et al. (2009)
12,64	nóniusz	KLEIN et al. (2022)
15,18	furioso- north star	KLEIN et al. (2022)
16,45	gidrán	KLEIN et al. (2022)
45,49	sokólski	POLAK (2019)
51,10	sztumski	POLAK (2019)

Forrás: saját gyűjtés

2.3. Nemzedékköz

A legalacsonyabb nemzedékköz értéket (7,24 év) a sokólski fajtánál írtak le (POLAK, 2019). A leghosszabb, 12,27 évnyi nemzedékközt a shagya arab fajtára PJONTEK et al. (2012) írta le. A kigyűjtött nemzedékköz értékeket mutatja be a 4. táblázat.

4. táblázat: Nemzedékköz értékek a szakirodalomban

Érték (év)	Lófajta	Szerző
7,24	sokólski	POLAK (2019)
7,46	sztumski	POLAK (2019)
7,9	nóri	DRUML et al. (2009)
8,2	posavina	IVANKOVIĆ et al. (2021)
8,56	cseh-morva belga	VOSTRÝ et al. (2011)
8,9	freibergi	HASLER et al. (2011)
9	campolina	BUSSIMAN et al. (2018)
9,20	magyar hidegvérű	POSTA et al. (2019)
9,6	cleveland bay	DELL et al. (2020)
ref. 10,93; telj. 9,37	mangalarga	MACIEL et al. (2024)
11,78	furioso- north star	KLEIN et al. (2022)
ref. 11,89; telj. 10,87	spanyol sportló	BARTOLOMÉ et al. (2022)
11,93	gidrán	KLEIN et al. (2022)
12,27	shagya arab	PJONTEK et al. (2012)

Forrás: saját gyűjtés

2.4. Alapító ősök effektív száma

Az 5. táblázatban különböző szerzők által számolt alapító ősök effektív számára vonatkozó értékek találhatók. A közölt ősök száma nagy intervallumot fed le. A legkevesebb effektív alapító ős a mangalarga fajtánál (36 – MACIEL et al., 2024), míg a legtöbb effektív ős a braziliai teljes quarter horse állományánál számlálható (1045 – FARIA et al., 2018).

5. táblázat: Alapító ősök effektív száma értékek a szakirodalomban

Érték (egyed)	Lófajta	Szerző
36	mangalarga	MACIEL et al. (2024)
40	cleveland bay	DELL et al. (2020)
56	olasz hidegvérű	MANCIN et al. (2020)
73	arab telivér	KLECEL et al. (2024)
79,11	nóri	VOSTRÝ et al. (2011)
83,13	campolina	BUSSIMAN et al. (2018)
92,69	kladubi	VOSTRÁ-VYDROVÁ et al. (2016)
95	nóniusz	KLEIN et al. (2022)
99	foriuso- north star	KLEIN et al. (2022)
117,2	nóri	DRUML et al. (2009)
138	posavina	IVANKOVIĆ et al. (2021)
156,9	sztumski	POLAK (2019)
160	shagya arab	PJONTEK et al. (2012)
312	pantenerio	MCMANUS et al. (2013)
ref. 811; telj. 1045	quarter horse	FARIA et al. (2018)

Forrás: saját gyűjtés

2.5. Nem alapító ősök effektív száma

Az irodalmi forrásokból gyűjtött nem alapító ősök effektív számára vonatkozó értékeket a 6. táblázat tartalmazza. A legalacsonyabb nem alapító ősök effektív száma értékkel (9) a cleveland bay rendelkezett (DELL et al., 2020). A legnagyobb adatot (297) a brazil pantanerio fajtánál számolta MCMANUS et al. (2013).

6. táblázat: A nem alapító ősök effektív száma értékek a szakirodalomban

Érték (egyed)	Lófajta	Szerző
9	cleveland bay	DELL et al. (2020)
17,16	kladrobi	VOSTRÁ-VYDROVÁ et al. (2016)
18	mangalarga	MACIEL et al. (2024)
18,9–20,1	freibergeri	PONCET et al. (2006)
24	foriuso- north star	KLEIN et al. (2022)
29,3	nóri	DRUML et al. (2009)
32	lipicai	PJONTEK et al. (2012)
43	gidrán	KLEIN et al. (2022)
51	olasz hidegvérű	MANCIN et al. (2020)
ref. 113; telj. 156	quarter horse	FARIA et al. (2018)
138	posavina	IVANKOVIĆ et al. (2021)
297	pantanerio	MCMANUS et al. (2013)

Forrás: saját gyűjtés

2.6. Nem alapító ősök effektív számának (f_a) és az alapító ősök effektív számának (f_e) aránya

7. táblázat: A nem alapító ősök effektív számának és az alapító ősök effektív számának aránya (f_a/f_e) mutató értékei a szakirodalomban

Érték	Lófajta	Szerző
0,23	nóniusz	KLEIN et al. (2022)
0,24	gidrán	KLEIN et al. (2022)
0,43	foriuso- north star	KLEIN et al. (2022)
ref. 0,696; telj. 0,869	hucul	SOMOGYVÁRI et al. (2018)
0,91	olasz hidegvérű	MANCIN et al. (2020)
2,74	angol telivér	BOKOR et al. (2013)

Forrás: saját gyűjtés

Az előzőekben leírt mutatók arányát különböző szakirodalomokban a 7. táblázat mutatja be. A két számot egymáshoz viszonyítva f_a/f_e és f_e/f_a alakban is használják a genetikai beszűkülés kifejezésére. A dolgozatban mi az f_a/f_e alakot használtuk. A minimum értéket (0,23) a nóniusz

fajta esetén KLEIN et al. (2022) közölték. A maximum értéket (2,74) a magyarországi angol telivér (BOKOR et al., 2013) populációra számolták.

2.7. Beltenyésztési együttható

A Wright-féle beltenyésztési együttható szakirodalmi forrásokból gyűjtött értékeit mutatja a 8. táblázat. A legalacsonyabb értéket (0,04%) MCMANUS et al. (2013) írta le pantanerio fajtánál. A legmagasabb értéket (13%) VOSTRÁ-VYDROVÁ et al. (2016) számították kladrubi lovakra.

8. táblázat: **Wright-féle beltenyésztési együttható értékek a szakirodalomban**

Érték (%)	Lófajta	Szerző
0,04	pantanerio	MCMANUS et al. (2013)
0,85	posavina	IVANKOVIĆ et al. (2021)
1,56	sokólski	POLAK (2019)
1,80	magyar hidegvérű	POSTA et al. (2019)
ref. 2,28; telj. 1,39	olasz hidegvérű	MANCIN et al. (2020)
2,45	campolina	BUSSIMAN et al. (2018)
3,23	silesian noriker	VOSTRÝ et al. (2011)
3,95	shagya arab	PJONTEK et al. (2012)
4,95	gidrán	KLEIN et al. (2022)
5	nóri	DRUML et al. (2009)
5,37	mangalarga	MACIEL et al. (2024)
5,59	nóniusz	KLEIN et al. (2022)
5,8	arab telivér	KLECEL et al. (2024)
ref. 7,18; telj. 5,57	hucul	SOMOGYVÁRI et al. (2018)
13	kladrubi	VOSTRÁ-VYDROVÁ et al. (2016)

Forrás: saját gyűjtés

2.8. Átlagos rokonsági fok

Az átlagos rokonsági fok értékeit a különböző forrásokból a 9. táblázat mutatja. A mutató értékei 0,13% és 21% között vannak. A legalacsonyabbat pantanerio lófajta kapcsán MCMANUS et al. (2013), a legmagasabbat kladrubi lovakra VOSTRÁ-VYDROVÁ et al. (2016) számították.

9. táblázat: Az átlagos rokonsági fok értékei szakirodalmi forrásokban

Érték (%)	Lófajta	Szerző
0,13	pantenerio	MCMANUS et al. (2013)
ref. 0,19; telj. 0,09	spanyol sportló	BARTOLOMÉ et al. (2022)
ref. 1,61; telj. 1,39	olasz hidegvérű	MANCIN et al. (2020)
1,08	posavina	IVANKOVIĆ et al. (2021)
2,0	campolina	BUSSIMAN et al. (2018)
3,08	shagya-arab	PJONTEK et al. (2012)
3,88	gidrán	KLEIN et al. (2022)
4,10	mangalarga	MACIEL et al. (2024)
8,3	cleveland bay	DELL et al. (2020)
19,19	angol telivér	BOKOR et al. (2013)
21	kladrubi	VOSTRÁ-VYDROVÁ et al. (2016)

Forrás: saját gyűjtés

2.9. Génmegőrzési index

A 10. táblázatban a szakirodalmakban közölt értékek találhatóak a genetic conservation indexre (GCI). A legkisebb értéket MCMANUS et al. (2013) számolta ki pantenerio fajtában. Az 1,33 GCI érték jócskán elmarad FARIA et al. (2018) által leírt 21,83 GCI értéktől, amit a brazil quarter horse referencia állományánál mért.

10. táblázat: Génmegőrzési index értékek a szakirodalomban

Érték	Lófajta	Szerző
1,33	pantenerio	MCMANUS et al. (2013)
4,46	posavina	IVANKOVIĆ et al. (2021)
ref. 9,38; telj. 9,11	hispan arab	MARÍN NAVAS et al. (2021)
ref. 9,74; telj. 9,34	PRE	MARÍN NAVAS et al. (2021)
ref. 11,50; telj. 9,56	purebreed arabian	MARÍN NAVAS et al. (2021)
ref. 21,83; telj. 14,83	quarter horse	FARIA et al. (2018)

Forrás: saját gyűjtés

3. Anyag és módszer

3.1. Felhasznált adatbázis

A dolgozat alapját adó származási adatokat a Magyar Hidegvérű Lótenyésztő Országos Egyesület adatbázisa szolgáltatta. A származásokat a 19. század elejétől 2023-ig bezárólag dolgoztam fel. A felhasznált pedigre adatbázis 21699 egyed származási adatai alkották. A genetikai szerkezet értékelésére referenciaállományként a 2023-ban törzskönyvi ellenőrzésben lévő ménnek és kancák adatai szolgáltak, így a referencia populációban 1123 ló volt. Referencia populáció a teljes populációnak egy adott időtartamban megszületett egyedei (NAGY, 2016).

3.2. Vizsgálati módszerek

3.2.1. Pedigrételjesség

Elsősorban a pedigrételjesség határozza meg a pedigre minőségét és használhatóságát. A pedigrételjesség kifejezi, hogy az egyedek származása hány teljes generációra vonatkozóan ismert. A pedigreanalízis számításakor legalább 3-4 generáció teljes ismerete szükséges a megalapozott eredmények eléréséhez (VÍGH et al, 2008). A pedigre teljessége jelentősen befolyásolja a becsült beltenyésztési együtthatót (SIGURDSON – JONMUDSON, 1995), minél több az ismeretlen ős, annál inkább alulbecsült az együttható (BOICHARD et al., 1997).

A pedigrételjesség több módon is értelmezhető:

- Teljes ismert ősi sorok száma: Kifejezi, hogy adott egyed származása hány teljes generációra nézve ismert (MAIGNEL et al., 1996), a legtávolabbi generáció az lesz, amely generációban az összes ős ismert.
- Maximálisan ismert nemzedékek száma: Az egyedtől legtávolabbi generációban lévő ősének száma. Azoknak a generációknak a száma, amelyek az egyedet elválasztják a legtávolabbi ősétől.
- Teljes generációs ekvivalens: Megadja, hogy átlagosan mennyi generációnyi információ áll rendelkezésre az egyedről az adatbázisban (FARIA et al., 2018). Az egyed összes ismert ősének figyelembevételével számítható ki, az $(1/2)^n$ részértékek összegzésével, ahol az n az egyedet az ismert őstől elválasztó nemzedékek száma (MAIGNEL et al., 1996).

3.2.2. Nemzedékköz

A szakirodalomban ezt a mutató generációs intervallumnak is nevezik. A nemzedékköz értéke megmutatja a szülők átlagos életkorát ivadékaik születésekor, melyek a következő generáció létrehozásában részt vesznek (JAMES, 1977). Négy leszármazási útvonalon lehetséges a mutató meghatározása: ménelőállító mén, kancaelőállító mén, ménelőállító kanca, kancaelőállító kanca (VALERA et al., 2005). A nemzedékköz az apai és az anyai leszármazási utakban eltérő, és befolyásolja a termékenyítési mód is.

A leszármazási utak nemzedékköz értékeit kétmintás t-próbával hasonlítottuk össze. A megbízhatósági szint minden esetben 95% ($p < 0,05$) volt.

3.2.3. Alapító ősök száma

Azokat az egyedek, amelyeknek már mindkét szülője ismeretlen a származásban, azokat alapítóknak tekintjük (POSTA et al., 2016). Ezek az ismert alapító ősök (BOKOR et al., 2010). Az alapító ősökig a populáció minden tagja visszavezethető, melyek eltérő arányban járulnak hozzá az állomány genetikai diverzitásához (VÍGH et al., 2008). Az alapító ősök számát meghatározza a pedigreljesség, a beltenyésztettség együttható nagysága és a vizsgált egyedek száma is (BOKOR et al., 2010). Az alapító ősök száma exponenciális mértékben emelkedik az ismert generációk számának növekedésével egyidőben (LACY, 1989).

3.2.4. Nem alapító ősök száma

Azon legkevesebb ősök száma, amelyek az elemzett populáció teljes génkészletéért felelősek (BOKOR et al., 2010). A mutató figyelembe veszi az alapító ősök számának potenciális csökkentő faktorait és képes ezeket javítani (BOICHARD et al., 1997).

3.2.5. Alapító ősök effektív száma

Az alapító ősök effektív száma, az alapító ősök azon legkisebb száma, amelyek ugyanazt a genetikai változatosságot okoznák a referencia populációban, mint amit az alapító ősök okoztak, úgy, hogy minden egyed egyforma mértékben befolyásolja a vizsgált populáció génkészletét (LACY, 1989). A számítás metodikájának értelmében az alapító ősök effektív létszáma kisebb, mint az alapító ősök száma (NAGY, 2016).

3.2.6. Nem alapító ősök effektív száma

Nem alapító ősök effektív létszáma azon a legkevesebb nem alapító ősök száma, amelyek ugyanazt a genetikai diverzitást okoznák a referencia populációra nézve, mint amit a nem alapítók okoztak úgy, hogy a populáció génkészletét azonos mértékben befolyásolják. Tehát azon ősök minimális létszáma, amellyel magyarázható a populáció genetikai variabilitása. A nem alapító ősök létszáma alacsonyabb az alapító ősök effektív létszámánál (VÍGH et al., 2008).

3.2.7. Nem alapító ősök effektív létszámának és az alapító ősök effektív létszámának aránya

A két szám aránya megmutatja, hogy a vizsgált populációra a palacknyak-hatás mennyire volt jellemző. Ha az effektív szám nagyban eltér az eredeti számtól, akkor a fajta nagymértékű génvesztéseget szenvedett el, tehát nagyban érintette a palacknyak-hatás (NEI et al., 1975). Ha f_e nagyobb, mint f_a , akkor a palacknyak effektus szerepet játszott a populáció fennállása folyamán (Maignel et al., 1996). A következő generációk létszámukban hiába gyarapodnak, ezt a beszűkült genetikai szerkezetet viszik tovább. A palacknyak-hatás után a megmaradt egyedek ugyanarra a néhány alapítóra és ennél is kevesebb effektív alapítóra vezethetők vissza. A genetikai variabilitás elvesztésének mértéke függ a „palacknyak” szűkülésének a mértékétől (MIHÓK – ERNST, 2015).

3.2.8. Beltenyésztési együtttható

Beltenyésztésről rokon egyedek egymással való párosításánál beszélünk. Ha egy populációt genetikai értelemben zártan tenyésztünk – és nem alkalmazunk génmigrációt – akkor beltenyésztést végzünk. Következésképpen generációról generációra csökken a heterozigóta állélpárok száma. Az utódok nagyobb valószínűséggel lesznek homozigóták, mint véletlenszerű párosítás esetén. Ezt követően mikor az egyedek már nagymértékben rendelkeznek származásilag azonos génekkel, akkor rokontenyésztés áll már fenn. A beltenyésztés tehát nem okvetlenül jelent rokonpárosítást, de nem is zárja ki azt. Rokontenyésztettnek tekintjük azt az állatot, mely szülőivadék, féltestvérek, vagy hasonlóképpen szoros rokonpárosításokból, vagy azok halmozásából származik (DOHY, 1999).

A beltenyésztési együtttható annak a valószínűsége, hogy egy adott génhely két allélja származásilag megegyező. Egy egyednek két származásilag azonos allélja akkor lehet, ha

legalább egy közös felmenőjük azonos (SZABÓ et al., 2011). Idővel dinamikusan változik a populáció beltenyésztési együtthatója (DOEKES et al., 2020). Az együttható pontossága függ a származások teljességétől és hosszától (BOICHARD et al., 1997). A rövid származási adatoknál a beltenyésztési együttható nagysága torzul. Minél teljesebb és minél több nemzedékre visszavezethető a származás, annál pontosabb és megbízhatóbb az együttható értéke. A beltenyésztési együttható értékének értelmezéséhez éppen ezért, a számításhoz felhasznált származás hosszára és teljességére vonatkozó adatokat is közölni kell (NAGY et al., 2010).

A beltenyésztettség mérőszáma 0-1 közötti abszolút szám, amikor is 0 a beltenyésztési koefficiens, ha az adott egyed nem rokon szülők párosításából született. Értéke %-os formában is értelmezhető. A mindennapi állattenyésztési gyakorlatban a 0,30 feletti beltenyésztési koefficiens már nagyon erőteljes rokontenyésztésre utal, ennek velejárója a csökkent alkalmazkodó képesség. Ekkor beszélhetünk beltenyésztési leromlásról. Emiatt is fontos lenne a populációt leginkább kitevő nőivarú állomány nagymértékű diverzitásának fenntartása (WRIGHT, 1921).

A beltenyésztés alkalmazásával nem csak a kedvező, hanem a kedvezőtlen géneket is felhalmozhatjuk, és homozigóta állapotban rögzíthetjük a populációban (SZABÓ, 2004). A beltenyésztés negatív hatásai évszázadok óta ismeretesek. A beltenyésztéses leromlást egyaránt okozhatja a homozigotizáció növekedése vagy a heterozigotizáció csökkenése is (CROW, 1948). A kérdéskörrel kapcsolatos fokozott figyelmet a génmegőrzés önálló tudománnyá válása és növekvő jelentősége magyarázza (SZALAY – BODÓ, 2007).

A fajtatiszta lótenyésztésben is alkalmazott nemesítési eljárás beltenyésztés és a vonaltenyésztés. A vonaltenyésztésnél általában egy vonalalapító ősről, valamint hím- és nőivarú utódaik gyakori felhasználására alapoznak (ZÖLDÁG, 2022).

A beltenyésztettség koefficiens (F) a populáció szintjén adja meg annak valószínűségét, hogy egy lokusz két allélja azonos őstől származik. Azonos létszámú beltenyésztett és nem beltenyésztett populációk közül genetikai értelemben a beltenyésztett kisebb, mivel a beltenyésztés a heterozigóta allélpárok számát, vagyis a fajtafenntartáshoz és szelekcióhoz szükséges allélváltozatok számát csökkenti. A Wright-féle koefficiens alkalmazásának hibája, hogy csupán egy statisztikai átlag valószínűségét tükrözi, az egyes állatok valóságos rokontenyésztettsége ettől lényegesen eltérhet (SZALAY–KOPPÁNY, 2017).

- Eredeti és új Kalinowski-féle beltenyésztési együttható

Újabb értelmezését adta meg a beltenyésztési együtthatónak KALINOWSKI et al. (2000), amely részben eltérő a Ballou-féle számítástól. A hagyományos Wright-féle beltenyésztési együtthatót két részre szedték. Az eredeti Kalinowski-féle beltenyésztettség, ahol a származásilag azonos allélek egy része a múltban már átesett beltenyésztésen. Az új Kalinowski-féle beltenyésztettség, ahol az allélek másik része először került származásilag azonos állapotba. Kalinowski-féle beltenyésztési együttható annak a valószínűsége, hogy a jelenleg származásilag azonos allélek már legalább egyszer voltak ilyen állapotban a korábbi generációk során (BAUMUNG et al., 2015). Amennyiben a Wright-féle beltenyésztettségi együttható értéke 0, úgy a Kalinowski-féle együtthatóé is.

- Ballou-féle beltenyésztési együttható

Az őseket ért beltenyésztés hatással van a vizsgált egyedre nézve (BALLOU, 1997). Ennek a kifejezésére vezették be a Ballou-féle beltenyésztési együtthatót, amely az egyed genomjának az a kumulatív hányada, mely beltenyésztési hatásoknak volt kitéve az egyed őseiben. Másként megfogalmazva a Ballou-féle beltenyésztési együttható annak a valószínűsége, hogy bármely allél a korábbi generációk során legalább egyszer származásilag homozigóta állapotban volt (SUWANLEE et al, 2007).

- Ancestral History Coefficient (A_{HC})

Értéke számszerűsíti, hogy egy véletlenszerűen kiválasztott allél milyen gyakorisággal került potenciálisan származásilag azonos állapotba a múltban. Azok az allélek, amelyek gyakrabban kerültek beltenyésztésbe a múltban kevésbé valószínű, hogy károsak, mint azok, amelyek származásuk alapján ritkábban kerültek azonos állapotba (BAUMUNG et al., 2015).

3.2.9. Átlagos rokonsági fok

Az átlagos rokonsági fok annak valószínűségét mutatja meg, hogy a teljes populációból véletlenszerűen kiválasztott allél az egyedhez tartozik.

Az átlagos rokonsági fok meghatározására COLLEAU (2002) képletét alkalmaztuk, mivel az ENDOG program is ezt használja.

3.2.10. Génmegőrzési index

Szakirodalmakban genetic conservation index (GCI) kifejezésként találtam. ALDERSON (1992) indexe azon a feltételezésen alapul, hogy a génmegőrzés célja az alappopuláció által birtokolt allélek mindegyikének megtartása. A mutató értéke az alapító ősök átlagos száma az adott állat törzskönyvében. Így az ideális egyed egyenlő hozzájárulást kapna a populáció összes alapító ősétől, és ennek következtében minél magasabb a GCI-érték, annál magasabb a génmegőrzési értéke az állatnak. Ez az index megbízható előrejelzést ad a következő generációk homozigótaságáról (ALDERSON, 1992).

3.3. Használt programok

A kutatás során a Microsoft Access 2016 programban adatbázist építettem, amely tartalmazta az egyes egyedek nevét, azonosítóját, apja nevét és azonosítóját, anyja nevét és azonosítóját, ivarát és az egyed születési idejét. A pedigréelemzés során alkalmazott mutatók kiszámítása az ENDOG 4.8 (GUTIÉRREZ – GOYACHE, 2005) szoftverrel történt. A különféle módokon meghatározott beltenyésztési együtthatókat a GRain 2.2. szoftverrel (DOEKES et al., 2020) becsültem. Az évenkénti pedigrételjesség vizsgálathoz a PopRep (GROENEVELD et al., 2009) alkalmazást használtam.

4. Eredmények és értékelésük

4.1. Pedigrételjesség

A 11. táblázat mutatja be a magyar hidegvérű állomány pedigrételjességének értékeit.

A teljes ősi sorok száma átlagosan 2,80 generáció a teljes állományban. Legalább 5 teljesen ismert ősi sorra visszanyúló származása 5388 lónak van, ez a teljes állomány 24,83%-a. A teljes populáció teljes generációs ekvivalens értéke 4,64 átlagosan. A legmagasabb érték 10,16, amivel Anikó (HUN K HV151160000) nevű kanca rendelkezik.

A teljes populációban a maximálisan ismert nemzedékek száma 7,90 átlagosan. 10411 egyednek 10 vagy több nemzedékig vezethető vissza a származása a 21699 állatból. A legmélyebb származás 27 nemzedékig nyúlik vissza, Linda (HUN K PT070530000). A maximálisan ismert generációk száma a teljes populációban jócskán elmarad a szakirodalmakból gyűjtött adatoktól.

A teljes generációs ekvivalens értéke 7,72 átlagosan a teljes állománynál. Ez az érték FARIA et al. (2018) közléséhez áll legközelebb (5,09), amit a brazil quater horse teljes állományra számolt.

A teljes ismert ősi sorok száma a referencia populációban átlagosan 4,60. Az állomány 56,19%-ának legalább 5 teljesen ismert ősi sorra visszanyúló származása van. 5 egyednél 7 generációig ismert teljesen a pedigré. A 4,60 generációs érték KLEIN et al. (2022) által vizsgált furioso-north star és nóniusz fajták eredményétől (4,95) kisebb.

A referencia állományban a maximálisan ismert nemzedékek száma átlagosan 13,06. 1123 egyed közül 812 állatnak vezethető vissza 13 vagy több nemzedékig a származása. A legmélyebb négy származásban 16 nemzedékig ismertek az ősök. A négy ló a következő: Rózsafa Csókos (HUN K HV171100000), Cédrus (HUN K HV180720000), Szende (HUN K HV182320000), Bogár (HUN K HV192750000). PJONTEK et al. (2012) által vizsgált lipicai lovak maximálisan ismert nemzedékek száma 24,56 volt a referencia populációban.

A teljes generációs ekvivalens értéke 7,72 átlagosan a referencia állománynál. Ez az érték legközelebb FARIA et al. (2018) által vizsgált quater horse fajta értékéhez (6,24) áll. A legmagasabb értékkel- 9,71 - Orgona (HUN K HV181460000) nevű kanca rendelkezik.

A teljes állomány értékeihez képest a referencia állomány értékei közel kétszeresek. Ez azt jelenti, hogy a 2023-as referencia populáció származásai hosszabbak, jobban ismertek. Ebben nincs semmi különleges, ez az elvárt a tudatos tenyésztésnél, de ezek a számok jó visszaellenőrzések. A tenyésztési programban is meghatározott, hogy milyen egyedek

fogadhatók el nukleuszként. A magyar hidegvérű lovak származásában a 4. ősi sorban maximum 5 az idők folyamán cseppvérkeresztezésre használt ős szerepel. A 4. ősi sorban legfeljebb 2 ismeretlen származású felmenő elfogadott. Fenti 2 szabályt figyelembe véve a magyar hidegvérű nukleusz egyed 4. ősi sorában cseppvérkeresztezésre használt és/vagy ismeretlen ős aránya nem haladhatja meg a 31,25 %-ot. A melegvérű ős kizárt. A szélső apai ágon elfogadott az összes fajtaalapító belga és francia mén (MHLOE, 2022).

11. táblázat: **A magyar hidegvérű állomány pedigrteljesség értékei**

Mutató	Teljes állomány	Referencia állomány
Maximálisan ismert nemzedékek száma	7,90	13,06
Teljes ismert ősi sorok száma	2,80	4,60
Teljes generációs ekvivalens	4,64	7,72

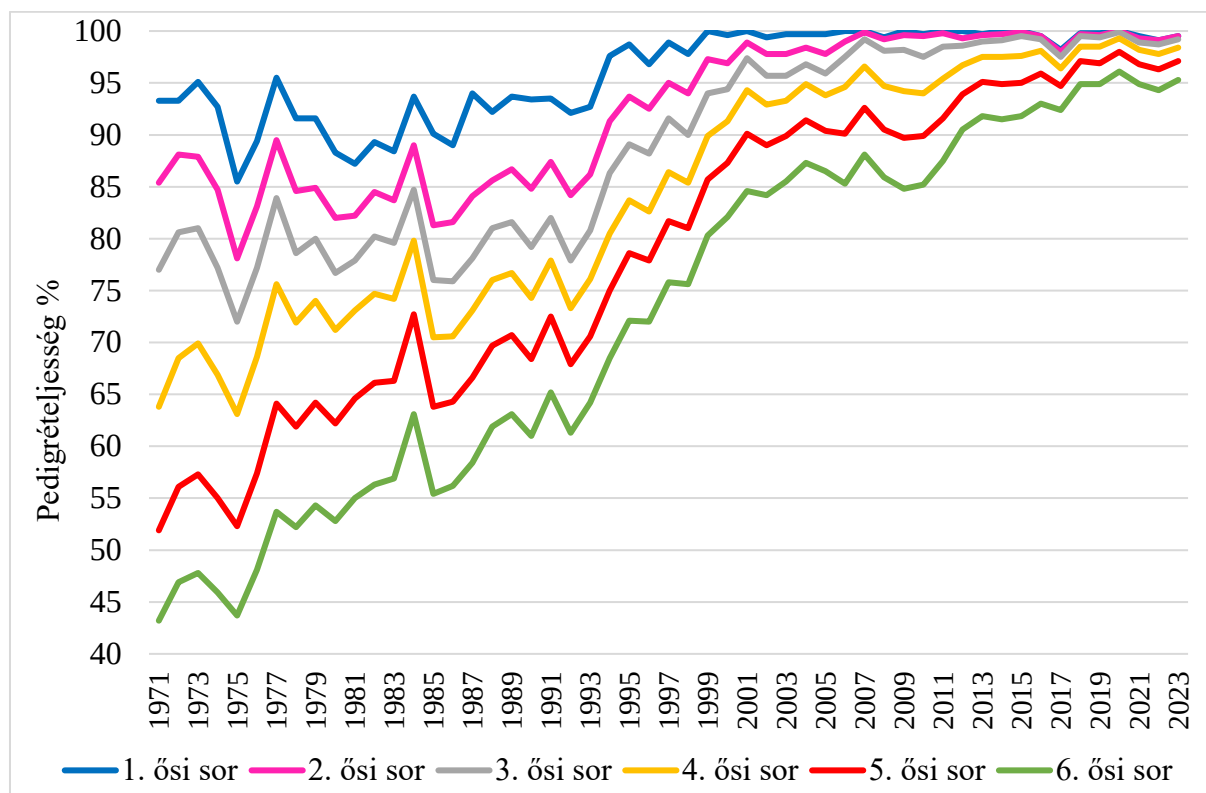
Forrás: saját kutatás

Az 1970-es évek elején már csak Hajdú-Bihar, Szabolcs-Szatmár és Szolnok megyében nem fedezett hidegvérű mén, az évtized végére a tenyésztői igények hatására ezekben a megyékben is megjelentek. 1985-ben már nem volt olyan megye, ahol ne fedezett volna hidegvérű mén (KASSANIN et al., 2017)

Az 1970-es évektől a gépesítés hatására a termelőszövetkezetek lófogatszükséglete fokozatosan csökkent, ez az ország lóállományának nagyarányú csökkenését eredményezte. A hidegvérű állomány is egyre kevesebb lett, de aránya az ország lóállományán belül továbbra is 20-22% között maradt. A létszám mennyiségi csökkenésével a genetikai veszteség is számottevő lett, de a kárt leginkább az okozta, hogy a megmaradó tenyészetek felépítését előről kellett kezdeni. Az 1970-es években a tenyésztők a közepes típusú magyar hidegvérű testtömegének növelése céljából az importok szükségességét fogalmazták meg. A lótenyésztés központi szervezete a először Belgiumból 2 ardenni mént, majd Franciaországból 4 perseron mént vásárolt. Ezekkel a ménekkel történő cseppvérkeresztezés átütő eredményt nem hozott. 1985-ben újabb négy mén behozatalára került sor Franciaországból (GULYÁS et al., 2017).

A teljes populáció pedigrteljességének évenkénti alakulását 1971-től az 1. ábra mutatja be. Az 1975-ös évnél látható egy mélypont, az 1., 2., 3. és 4. ősi sorok teljessége ekkor volt a legalacsonyabb. A legmagasabb pedigrteljesség mind a 6 ősi sorban a 2020-as évben volt. Az elmúlt 10 évben született egyedek pedigrteljesége az 1. ősi sorban 99,5%, a 2. ősi sorban

99,4%, a 3. ősi sorban 99,1%, a 4. ősi sorban 98%, az 5. ősi sorban 96,3% és a 6. ősi sorban 94%. 2012 óta a pedigrételjesség mind a 6 ősi sorban 90% feletti.



1. ábra: A magyar hidegvérű pedigrételjességének évenkénti alakulása

Forrás: saját kutatás

4.2. Nemzedékköz

A nemzedékköz értékeit négy leszármazási úton határoztam meg. A közöttük lévő eltéréseket kétmintás t-próbával ellenőriztem. A négy leszármazási út között szignifikáns különbség van ($P < 0,05$). A leghosszabb nemzedékköz 10,14 év a ménelőállító mén leszármazási útvonalon. A generációk közötti legrövidebb idő 8,49 év a kancanevelő kanca kapcsolatban. A számítások szerint a ménnek az ivadékok születésekor idősebbek a kancáktól. Ebből arra lehet következtetni, hogy a tenyésztők megfontoltabbak a fedezőménnek kijelölésekor, mint a kancaivadék tenyészállattá minősítésekor. A nemzedékköz átlagos értéke 9,17 év. Ez csak kissé haladja meg a BUSSIMAN et al. (2018) által a campolina állományra közölt 9 éves értéket. A 12. táblázatban a magyar hidegvérű referencia állományának nemzedékköz értékei találhatók a négy leszármazási útvonalon.

Nyújtott generációs intervallumok használata gyakori a kislétszámú állományoknál, így időben kitolják a genetikai beszűkülést. Generációváltásoknál genetikai sodródás léphet fel, a

generációváltások számát ezért minimalizálják a kis populációknál. A gyakorlatban a méneket és kancákat lehetőleg hosszú időre hagyják a tenyésztésben, és az ivadékok tenyésztésbe állítására is hosszabb időt hagynak. Tovább tenyésztésben csak a sokadik csikót hagyják. Így az adott időintervallumban nincs számottevő genetikai sokféleség csökkenés. Ez csak fenntartás, az egymást követő generációk populációszerkezetét nem befolyásolja.

A másik oka a magas nemzedékköz értékeknek a tenyésztői ízlés lehet. A tenyésztők preferenciája miatt a perifériára szorult mének szinte nincsenek használva. Idősebb korukban ezeket a magántenyésztőknél lévő kevésbé használt méneket elviszik a fajta főménésehez, hogy a vonala fennmaradjon.

12. táblázat: **A magyar hidegvérű referencia állomány nemzedékköz értékei a négyféle szülő-ivadék származási út alapján**

Szülő-ivadék leszármazási utak	Elemszám	Nemzedékköz (év)	Szórás
Ménelőállító mén	1715	10,14 ^a	4,81
Kancaelőállító mén	5562	9,51 ^b	4,45
Ménnevelő kanca	1455	8,93 ^c	3,82
Kancanevelő kanca	4719	8,49 ^d	3,90
Átlagosan	13451	9,17	4,29

^{a,b,c,d}: A különböző betűk statisztikailag igazolható ($P < 0,05$) eltérést jelentenek

Forrás: saját kutatás

4.3. Az ősök genetikai változékonyságának vizsgálata

A magyar hidegvérű állomány őseire vonatkozó információkat a 13. táblázat tartalmazza.

Az alapító ősök száma a teljes állomány esetében 3996, míg a referencia populációnál 1501. A nem alapító ősök száma a teljes állománynál 3169, a referencia populációnál 415 az érték. Az alapító ősök effektív száma 278 és 183. A két érték PJONTEK et al. (2012) és MCMANUS et al. (2013) által kutatott shagya arab (160), illetve pantanerio (312) fajták értékei között van. A teljes populációnál 95, a referencia populációnál 49 a nem alapító ősök effektív száma. A referencia populáció értéke alig kisebb MANCIN et al. (2020) által vizsgált olasz hidegvérű 51- es értéktől.

Nem alapító ősök effektív számának és az alapító ősök effektív számának aránya a teljes populációnál 0,342, a referencia állománynál 0,268. A két érték KLEIN et al. (2022) által

vizsgált gidrán (0,24) és furioso-north star (0,43) fajták értékei között helyezkedik el. A nem alapító ősök effektív számának és az alapító ősök effektív számának aránya (f_a/f_e) kisebb, mint 1, tehát a palacknyak hatás megfigyelhető. Megfigyelhető, hogy a referencia állománynál az aránypár értéke alacsonyabb, ennél az állománynál a palacknyak hatás erősebb már. A fajtát érintő palacknyak hatása a genetikai variabilitást csökkenti.

Az effektív és a valós számok közötti különbség miatt a genetikai variabilitás csökkenésére következtethetünk. A referencia állományban ugyanaz a genetikai diverzitás, amelyet 1501 alapító ős fed le, leírható mindössze 183 effektív alapítóval. A nem alapító ősök tényleges és effektív száma között szintén markáns különbség rajzolódik ki. A 415 nem alapító ős csupán 49 effektív nem alapító egyeddel is lefedhető. A teljes populációban a mutatók értékei közötti különbség még jelentősebb.

13. táblázat: Az ősök változékonyságát leíró mutatók a magyar hidegvérű állományban

Mutató	Teljes állomány	Referencia állomány
Alapító ősök száma (N_f)	3996	1501
Nem alapító ősök száma (N_a)	3169	415
Alapító ősök effektív száma (f_e)	278	183
Nem alapító ősök effektív száma (f_a)	95	49
Nem alapító ősök effektív számának és az alapító ősök effektív számának aránya (f_a/f_e)	0,342	0,268

Forrás: saját kutatás

4.4. Genetikai variabilitás

Egy fajta genetikai variabilitása jellemezhető a diverzitásért felelős egyedek számával. A 14. táblázat a teljes állomány, illetve a referencia állomány genetikai variabilitásához hozzájáruló egyedek számát mutatja.

Azonos genetikai változatosság arányokhoz tartozó teljes és referencia populáció értékek között a különbségek jelentősek, leginkább a 80%, 90% és 100%-os értéknél. Ez génvesztésre utal, mivel a genetikai lefedettség kevesebb össel jellemezhető. A magyarázat egy része lehet a több évtizedes szelekciós munka, de sokkal inkább a kiindulási mérvonalak elvesztése, illetve a még tenyésztésben állók gyakran aránytalan szerepeltetése a tenyésztésben a valódi indok.

A teljes állománynál 43, a referenciaállomány esetében 16 ős felelős a genetikai diverzitás 50%-át. 60%-os lefedettségénél a teljes állománynál 82, a referencia állománynál 26 egyed van jelen.

A genetikai diverzitás 70%-át a teljes állományból 167, a referencia állományból 41 egyed fedeti le, ezek a számok 80%-nál 413 és 71 egyed. A genetikai diverzitás 90%-os lefedettségénél a teljes állomány 1160 egyede felelős, ez majdnem 9-szerese a referencia populáció genetikai diverzitását jellemző 131 egyednek, ez a legmagasabb arányszám. A teljes állomány 21699 állatot foglal magában, a 100%-os genetikai változatosságot 3166 ló fedeti le. A referencia állományban 1123 ló van, amiknek a 100%-os genetikai diverzitásukért 410 egyed felelős. Ez a teljes lefedettség értékében 7,72-szeres különbség az egyedszámok között.

A különbség a teljes és a referencia állomány között minden esetben kisebb, mint 9-szeres.

14. táblázat: **Az állományok genetikai szerkezetének változatosságáért felelős egyedek száma**

Genetikai változatosság aránya	Teljes állomány	Referencia állomány
50%	43	16
60%	82	26
70%	167	41
80%	413	71
90%	1160	131
100%	3166	410

Forrás: saját kutatás

A 15. táblázat a legmeghatározóbb ősök genetikai variabilitáshoz való hozzájárulását és ezek összesített értékét mutatja be a teljes és referencia állományokban. Az első 3 egyed értéke összesen 12,41 a teljes állományban, a referenciában 16,07, ez majdnem 4%-os koncentráció, Az első 10 egyed összesített értéke a teljes állományban a 26,71%, míg a referenciaállományban 37,84%-ot, itt már több, mint 11%-os a szűkülés.

15. táblázat: **A legmeghatározóbb egyedek hozzájárulásának mértéke (%)**

Ősök	Teljes állomány	Referencia állomány
első ős	4,59	5,68
második ős	4,07	5,22
harmadik ős	3,75	5,17

Ősök	Teljes állomány	Referencia állomány
első 3 ős összesen	12,41	16,07
első 10 ős összesen	26,71	37,84

Forrás: saját kutatás

A 16. táblázat a magyar hidegvérű teljes állományára mutatja be a genetikai variabilitásához legnagyobb arányban hozzájáruló 10 őst. A táblázatban szereplő összes egyed mindegyike mén. A teljes populációban az 1. helyen Belga-23 áll (4,59%), a Belga-23-as vonal azonban már nincs a tenyésztésben. A 2. helyen Belga-6 (4,07%), Belga-6 vonalapító van. Belga-23 és Belga-6 féltestvérek, ez már rögtön csökkentette a kiinduló állomány genetikai variabilitását. A féltestvérek hatása a teljes állományra minden más egyedet többszörösen múlja felül.

A 3. helyen 3,75%-os hozzájárulással a Perseron-201 vonal alapító ménje, Perseron-201 Bizsu található. A teljes állományban Nágocs-110 a 4. a genetikai variabilitáshoz hozzájáruló értéke 2,92%. Az 5. helyen Tormás-61 áll, a mén 4. ősi sorában Belga-23 megtalálható. A 6. egyed Bikal-3, a variabilitáshoz való hozzájárulása 2,25%. Az állomány 8. helyén Görösgal-17 (Tizes I.tm.) 1,88%-kal. A 9. helyen Andráshida-12 található, 1,57%-os hozzájárulással. Az állomány 10. egyede Szentgáloskér-2, 1,43% a hozzájárulása. A teljes állomány genetikai variabilitásához legnagyobb mértékben hozzájáruló 10 egyed közül 3 perseron vonalba tartozik, összesen 8% a 3 mén értéke.

16. táblázat: **A teljes állomány genetikai variabilitásához legnagyobb mértékben hozzájáruló tíz egyed**

Egyed	Ménvonal	Születési év	Ivar	pozíció	érték (%)
Belga-23 HUN M IM46000Bg23	Belga-23	1946	mén	1.	4,59
Belga-6 HUN M IM47000Bg06	Belga-6	1947	mén	2.	4,07
Perseron-201 Bizsu HUN M SY892010000	Perseron-201	1989	mén	3.	3,75
Nágocs-110 HUN M SY801100000	Belga-13	1980	mén	4.	2,92

Egyed	Ménvonal	Születési év	Ivar	pozíció	érték (%)
Tormás-61 HUN M BA870610000	Perseron-1	1987	mén	5.	2,33
Bikal-3 HUN M BA555770000	Belga-55	1955	mén	6.	2,25
Gölle-9 HUN M GE830090000	Perseron-4	1983	mén	7.	1,92
Görösgal-17 (Tizes I.tm.) HUN M GL660170000	Belga-10	1966	mén	8.	1,88
Andráshida-12 HUN M A 650120000	Belga-28	1965	mén	9.	1,57
Szentgálóskér-2 HUN M SN750020000	Belga-36	1975	mén	10.	1,43

Forrás: saját kutatás

A 17. táblázat a magyar hidegvérű referencia állományára mutatja be a genetikai variabilitásához legnagyobb arányban hozzájáruló 10 őst. A táblázatban csak mének szerepelnek.

17. táblázat: A referencia állomány genetikai variabilitásához legnagyobb mértékben hozzájáruló tíz egyed

Egyed	Ménvonal	Születési év	Ivar	pozíció	érték (%)
Nágocs-110 HUN M SY801100000	Belga-13	1980	mén	1.	5,68
Tormás-61 HUN M BA870610000	Perseron-1	1987	mén	2.	5,22
Perseron-201 Bizsu HUN M SY892010000	Perseron- 201	1989	mén	3.	5,17

Egyed	Ménvonal	Születési év	Ivar	pozíció	érték (%)
Belga-6 HUN M IM47000Bg06	Belga-6	1947	mén	4.	4,17
Belga-23 HUN M IM46000Bg23	Belga-23	1946	mén	5.	4,06
Karád-17 Rigó HUN M HV980170000	Perseron-1	1998	mén	6.	3,22
Gölle-9 HUN M GE830090000	Perseron-4	1983	mén	7.	2,96
Bikal-3 HUN M BA555770000	Belga-55	1955	mén	8.	2,83
Gölle-2 HUN M GE740020000	Belga-10	1974	mén	9.	2,28
Szentegát-3 HUN M SG820030000	Belga-26	1982	mén	10.	2,27

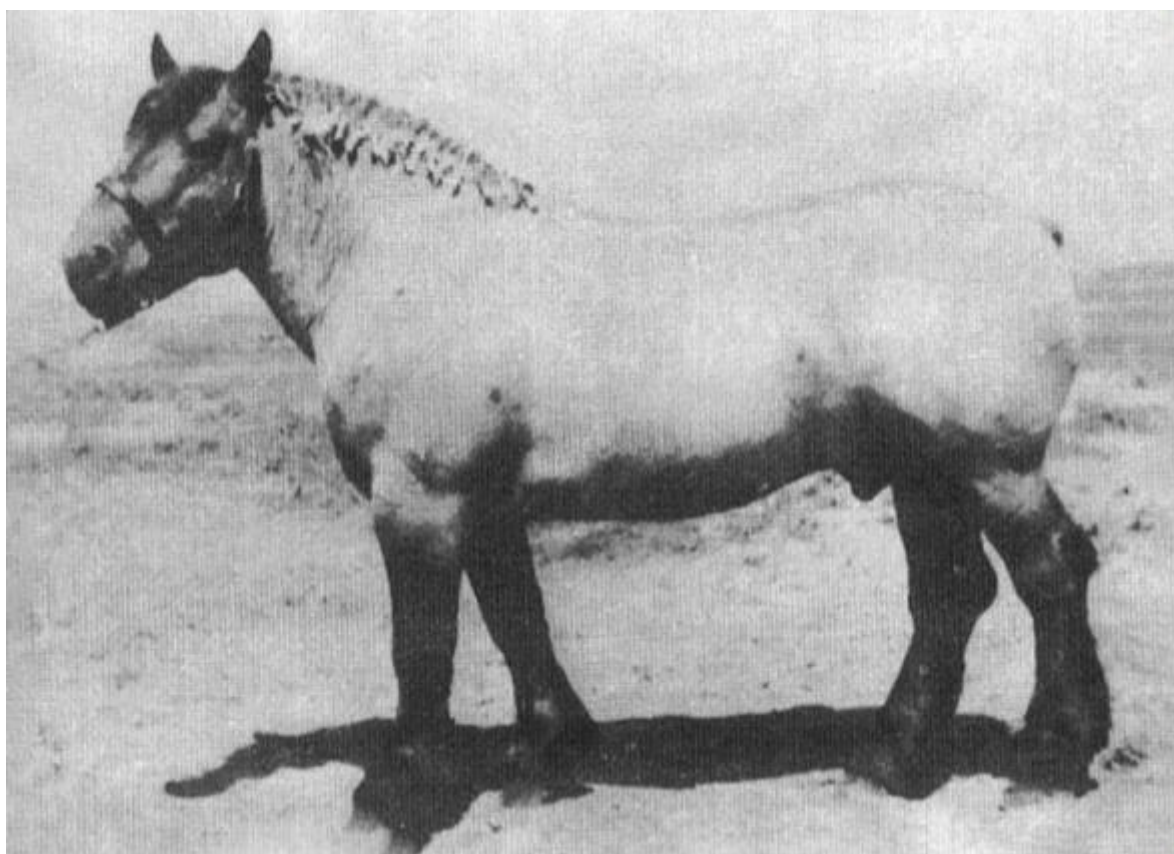
Forrás: saját kutatás

Az 1. egyed Nágocs-110, a variabilitáshoz való hozzájárulásának az értéke 5,68%. A 2. helyen Tormás-61 5,22%-os hozzájárulási értékkel áll. A 3. legnagyobb értékkel (5,17%) rendelkező mén Perseron-201 Bizsu. A 4. helyen Belga-6 4,17%-kal, az 5. helyen Belga-23 4,06%-kal áll. A referencia állományban a 6. helyen a nagy tenyészhatast kifejtő Karád-17 Rigó, származásában Tormás-61, Gölle-2, Andrásida-12, Görösgal-17 (Tizes I.tm.) kétszer és Bikal-3 megtalálható. A genetikai variabilitáshoz hozzájáruló értéke 3,22%. A 7. egyed Gölle-9, hozzájárulási értéke 2,96%. A genetikai variabilitáshoz hozzájáruló értéke 2,83% a 8. ménnek, Bikal-3-nak. Az állomány 9. lova Gölle-2 (2,28%), apja Görösgal-17 (Tizes I.tm.), valamint a 3. ősi sorban megtalálható Belga-23 és Belga-6. A 10. helyén Szentegát-3 (2,27%), származásának 5. ősi sorában megtalálható Belga-23 és kétszer a Belga-6 is.

A referencia állomány genetikai variabilitásához legnagyobb mértékben hozzájáruló 10 egyed közül 4 perseron vonalba tartozik, összesen 16,57% a 4 mén értéke.

A két állományban 2 ló áll azonos helyen a sorban. Perseron-201 Bizsu nevű mén áll azonosan a 3.helyen, ez a ló a Perseron-201 vonalalapító, 2023-ban 3 fedezőmén tartozott ehhez a vonalhoz. Azonban a mén több élő kanca származásában is megtalálható. A teljes állományban 3,75%, míg a referencia állományban már 5,17% a genetikai variabilitáshoz való hozzájárulása. Gölle-9 mindkét állomány estében a 7. helyen áll, a teljes állományban 1,92%, a referencia állományban 2,96% a genetikai variabilitáshoz való hozzájárulása. Mára azonban a vonalat csak a 21 éves Hobol-171 Donát képviseli, szerencsére a mén egy nagy kancalétszámú ménesnél van felállítva.

Az 2. ábrán a Belga-6 mén látható. 2023-ban a Belga-6 vonalat 13 fedezőmén képviselte. A fedezőméneknek összesen 340 ivadékuk van.



2. ábra: 2264 Belga-6

Forrás: MHLOE (<https://hidegverulotenyestok.hu/egyesuleti-kiadvanyok/> Ménkatalógus 2022)

A 3. ábrán Karád-17 Rigó fedezőmén látható. Elit törzskönyvi osztályzatú, a P-1 vonalba tartozott. 2023-ig 258 ivadék tartozik a nevéhez, ebből 15 fedezőmén.



3. ábra: 3842 Karád-17 Rigó

Forrás: MHLOE (<https://hidegverulotenyestok.hu/lo/3842-karad-17-rigo/>)

4.5. Beltenyésztettség és átlagos rokonsági fok

A beltenyésztési együttható szintje egy populációban meghatározó a fajta genetikai változatosságának megőrzésében. A génmegőrzésben jelenlévő fajták tenyésztésekor a beltenyésztéstől tartanak, mert az a homozigotitás növekedését jelenti, amivel a genetikai sokféleség csökken. A 18. táblázat tartalmazza a hidegvérű állomány beltenyésztettségének értékeit a különféle számítási módokkal.

A Wright-féle beltenyésztettségi érték a teljes állomány esetében 1,13%, a referencia állománynál 2,35%. A referencia állomány beltenyésztettsége több, mint kétszerese a teljes állománynak. A referencia populáció értéke MANCIN et al. (2020) és BUSSIMAN et al. (2018) által kutatott olasz hidegvérű (2,28%) és campolina (2,45%) fajtájú lovak értékei között van. A referencia állomány értéke úgy is megközelíthető, hogy az állomány egy egyede összes génhelyének több, mint 2%-ban vannak azonos allélok. Más magyarországi őshonos lófajtákhoz viszonyítva ez a beltenyésztettségi érték igen kedvezőnek számít. Ehhez

hozzátartozik, hogy a fajta nem szenvedett nagy mértékű károkat, viszonylag fiatal fajtáról van szó, illetve törzskönyve nyitott. A teljes állomány 49,89%-a beltenyésztett, míg a referencia állománynak már a 91,36%-a beltenyésztett valamilyen mértékben. A referencia populációban összesen 100 egyednek volt több, mint 5% a Wright-féle beltenyésztési együtthatója.

Általában az a kedvező, ha a populációk beltenyésztettségi koefficiense 1% alatt van. Ezt az értéket a teljes állomány alig haladja meg, illetve a referencia állomány is csak 1,35%-kal. Az általános állattenyésztési gyakorlatban a 0,30 feletti beltenyésztési koefficiens már erőteljes beltenyésztésre utal. Ha a beltenyésztési együttható 5% alatti, a fajta mérsékelhetetlen károkat nem szenvedett még, de már megjelennek a magas együtthatóval rendelkező egyedek.

A fajta átlagos rokonsági fok értékeit a teljes és a referencia állományokra a 18. táblázat tartalmazza szintén. A teljes állomány átlagos rokonsági fokának értéke 1,32%, a referencia állományé kevesebb, mint a kétszerese, 2,30%. A teljes állomány értéke alig tér el MANCIN et al. (2020) által számolt értékétől az olasz hidegvérű teljes állományának esetében (1,39%). A referencia populáció értéke BUSSIMAN et al. (2018) campolina lovaknál számolt értéketől (2,0%) nagyobb.

Mivel a koefficiens értéke mindkét esetben nagyobb, mint a Wright-féle beltenyésztési együttható fele, az érték alátámasztja, hogy nem kerülték el a rokon egyedek párosítását.

18. táblázat: **A magyar hidegvérű állomány beltenyésztettségének értékei**

Számítási mód	Teljes állomány	Referencia állomány
Wright (%)	1,13	2,35
Kalinowski (%)	0,18	0,39
Új Kalinowski (%)	0,95	1,96
Ballou (%)	2,47	4,95
A _{HC}	2,61	5,24
Átlagos rokonsági fok (%)	1,32	2,30

Forrás: saját kutatás

A Kalinowski-féle megközelítésben a mutató a múltban homozigóta allélekkel foglalkozik. Ez a mutató a klasszikus Wright-féle mutató értékét kétfelé bontja, ezért, ha az egyed Wright-féle beltenyésztettsége 0, akkor a Kalinowski-féle értelmezésben is 0. A Kalinowski-féle és az új Kalinowski-féle mutató átlagos értékei minden esetben alacsonyabbak, mint a Ballou vagy a

Wright-féle együtttható értékei. Az új Kalinowski-féle beltenyésztési együtttható értékei nagyobbak a Kalinowski-féle együtttható értékeinél, így a beltenyésztés erősebb az újabb generációkban. Ez amiatt lehet, hogy nem használnak már a tenyésztésben más nemzet hidegvérű fajtáiból. A referencia populáció értékei kétszeresei a teljes populációinak.

A Ballou-féle mutató annak a valószínűsége, hogy bármely allél a korábbi generációk során legalább egyszer származásilag homozigóta állapotban volt. A teljes populációnál számított értékhez képest kétszeres a növekedés a referencia állományánál. Annak a valószínűsége, hogy egy allél homozigóta volt a korábbi nemzedékekben, közel 2,5% a teljes állomány esetében és közel 5% a referencia állományánál.

Az A_{HC} értéke megmutatja, hányszor kerültek az allélek származásilag azonos állapotba. A referencia populációnál kétszer magasabb az értéke, mint a teljes állományánál. A teljes állományánál a mutató értéke 2,6, a referencia állományánál 5,24.

Kis egyedszámú, őshonos, veszélyeztetett fajtáknál rokon egyedek egymással való párosítása gyakran elkerülhetetlen, ennek ellenére a szoros rokonpárosításból (szülő-ivadék, nagyszülő-unoka, testvér/féltestvér párosítások) származó egyedek születése elkerülendő, illetve ezeknek a párosításoknak a tervezése nagy szakértelmet igényel. Az ilyen párosítás diverzitás csökkenéssel jár, ezért a géntartalék védelem alá eső fajták esetén ennek mérséklése és elkerülése tenyésztői és tenyésztésszervezési feladat. Bizonyos érvek (pl.: egységesebb örökítés, tulajdonságok rögzítése, pedigrisztikai sajátosságok) indokolhatják az ilyen ivadékok születését, de ezekre az egyedekre különleges figyelmet kell fordítani a tovább tenyésztésüknél is.

A 19. táblázat a referencia állomány 10 legbeltenyésztettebb egyedeit mutatja be. A táblázatban 9 kanca és 1 mén szerepel.

Az első 6 kanca szülő-ivadék párosításból született, apjuk és anyai nagyapjuk ugyanaz a mén. A 7. egyed származásában anyai és apai oldalon a 2. ősi sorban Gölle-7 jelenik meg, a 8. egyednél Karád-17 Rigó, a 9. egyednél Pereked-113 Baka, a 10. egyednél Nágocs-100 Báró jelenik meg az apai és anyai oldalon is a 2. ősi sorban. Tehát a 7.- 10. lovak szülei féltestvérek.

19. táblázat: A legmagasabb beltenyésztettségi együttthatójú egyedek a referencia populációban

Egyed	Születési év	Apa	Anya	Wright (%)	Kalinowski (%)
Dóra (HUN K HV142770000)	2014	Palin-7 Gazda	Bájos	27,61	6,1
Juci (HUN K HV172380000)	2017	Bogyoszló-204 Kázmér	Manci	26,54	3,53
Nusi (HUN K HV120010000)	2012	Bogyoszló-43 Lator	Baba	25,96	1,65
Bársony (HUN K VM091020000)	2009	Alsónemesapáti- 42	Lili	25,34	0,84
Kati (HUN K HV080870000)	2008	Kaposvár-44 Edvin	Süti	25,12	0,21
Szellő (HUN K HV061400000)	2006	Kaposvár-52 Sanci	Szidi	25,0	0
Réka HUN K HV031240000	2003	Somogyegres- 158 Rudi	Röpke (e.Judit)	20,32	1,82
Bíbor HUN K HV154130000	2015	Nagyvenyim- 298 Sanyi	Bűbájos	17,41	5,52
Lenke HUN K HV181510000	2018	Pereked-148 Legény	Linda	17,34	5,77
Nagyvenyim-298 Sanyi HUN M HV112980000	2011	Karád-17 Rigó	Sármány	16,55	1,81

Forrás: saját kutatás

A 4. ábrán a referencia populáció legbeltenyésztettebb egyedének származása látható. A pedigrből kiolvasható, hogy a kanca szülő-ivadék párosításból jött létre, együttthatója 27,61%. Illetve 4682 Palin-7 Gazda származásában is megfigyelhető a rokontenyésztés 758 Mesés

kancára. Palin-7 Gazda az A-1 ménvonalba tartozik, beltenyésztési koefficiense 8,1%. Dóra új-Kalinowski-féle együttthatója 21,51%, A_{HC} együttthatója 12,73 és a Ballou-féle beltenyésztettsége 11,66%. Ez az egyed rendelkezik a legmagasabb Kalinowski-féle beltenyésztettségi együttthatóval is, értéke 6,1%.

Dóra HUN K HV142770000	4682 Palin-7 Gazda HUN M HV030070000	2488 Gölle-8 HUN M GE880080000	1790 Gölle-6	1414 Ardenni-1
			758 Mesés	575 Jéke
	828 Bájos HUN K HV093090000	1953 Zsémbes HUN K HV960120000	1793 Szentegát-3	873 Rózsafa-2
			1403 Zsémbes	323 Elvira
		4682 Palin-7 Gazda HUN M HV030070000	2488 Gölle-8	184 Drávasztára-163Huszonható
			1953 Zsémbes	355 Görösgal Kellemes
		733 Betti HUN K HV042640000	4068 Iharos-118 Vagány	2196 Pókaszeptek-2
			Dzsenna	758 Mesés
				1790 Gölle-6
				758 Mesés
				1793 Szentegát-3
				1403 Zsémbes
				3597 Kaposvár-40 Fillér
				1698 Holló (e.Madár) "B"
				2932 Toponár-46 Borralaló
				Sári

4. ábra: Dóra (HUN K HV142770000) származása, kiemelve Palin-7 Gazda és Mesés

Forrás: saját szerkesztés

4.6. Génmegőrzési index

A 20. táblázat a magyar hidegvérű állományok génmegőrzési index értékeit foglalja össze. A teljes állomány génmegőrzési indexe átlagosan 31,15. A legmagasabb érték 135,46, az első 35 legmagasabb értékkel rendelkező egyed között nincs a referencia populációból. A legnagyobb százalékban (42,39%) a 10 alatti értékkel rendelkező állatok vannak. A referencia állományban 3,56 és 122,01 közötti a génmegőrzési index, átlagosan 63,10. A legnagyobb arányban (15,76%) a 60,01- 70,00 közötti értékkel rendelkező lovak vannak. A 10 alatti értékkel rendelkezők aránya mindössze 0,8%. A szakirodalmi forrásokban nem található ilyen nagy genetic conservation index, ott a legmagasabb FARIA et al. (2018) által vizsgált quarter horse lovak teljes populációjában a 14,83, referencia populációjában a 21,83 értékek.

A magasabb GCI-értékkel rendelkező állatok nagyobb egyensúlyt mutatnak az alapítók számában, és feltételezhető, hogy az alapítók által továbbított géneket tartalmazza. Ebből a szempontból a magasabb GCI-értékkel rendelkező állatok kulcsfontosságúak a fajtamegőrzés és a genetikai változatosság szempontjából. A referencia állomány a magasabb indexszámoknál nagyobb százalékban vannak jelen, mint a teljes állomány. Ez a fajta génmegőrzése szempontjából jó hír.

20. táblázat: Az állományok génmegőrzési index értékei

GCI	Teljes állomány		Referencia állomány	
	N	N %	N	N %
<10,00	9198	42,39	9	0,80
10,01-20,00	2001	9,22	30	2,67
20,01-30,00	1579	7,28	65	5,79
30,01-40,00	1529	7,05	129	11,49
40,01-50,00	1131	5,21	96	8,55
50,01-60,00	1230	5,67	152	13,54
60,01-70,00	1359	6,26	177	15,76
70,01-80,00	1299	5,99	173	15,41
80,01-90,00	1077	4,96	156	13,89
90,01-100,00	716	3,30	79	7,03
>100,01	580	2,67	57	5,08
Átlag	31,15		63,10	

Forrás: saját kutatás

5. Következtetések és javaslatok

A dolgozatomban a magyar hidegvérű származását 1805-től 2023-ig dolgoztam fel. A teljes állomány 21699 egyedet számlált. Referencia állománynak a 2023-ban aktív, törzskönyvi ellenőrzésben tartott állományt választottuk, ez 1123 ló volt. A referencia populáció egyedeire vonatkozóan általánosan 13 nemzedéknyi hosszú pedigrek álltak rendelkezésünkre. Ez 5 nemzedékkal hosszabb volt a teljes populáció értékétől. A hosszabb pedigrek részben a tudatos tenyésztésnek, a tenyésztési programban leírt „szabályoknak” köszönhető.

A referencia populáció nemzedékköz vizsgálatakor a négy leszármazási út között szignifikáns eltérést figyeltünk meg. Az értékek 8,49 év és 10,14 év közöttiek. A ménnek legalább 1-2 évvel idősebbek az ivadékok születésekor, mint a kancák. A nemzedékköz átlagos értéke 9 év a 4 leszármazási útvonalon.

Az ősök genetikai változékonyságának vizsgálatánál az effektív és a valós számok közötti különbség miatt a genetikai variabilitás csökkenésére következtethetünk.

A nem alapító ősök effektív számának és az alapító ősök effektív számának aránya (f_a/f_e) kisebb, mint 1, tehát a palacknyak hatás megfigyelhető. A referencia állománynál az aránypár értéke alacsonyabb, a palacknyak hatás erősebb már. A fajtát érintő palacknyak hatása a genetikai variabilitást csökkenti.

Azonos genetikai változatosság arányokhoz tartozó teljes és referencia populáció értékek között jelentős különbségek vannak, leginkább a 80%, 90% és 100%-os értéknél. mivel A genetikai lefedettség kevesebb össel jellemezhető a referencia populációnál, ez génvesztésre utal. Lehetséges ok lehet a több évtizedes szelekciós munka, de inkább a kiindulási ménvonalak elvesztése, illetve a még tenyésztésben állók gyakran aránytalan szerepeltetése a tenyésztésben a fő indok.

A genetikai variabilitásához legnagyobb arányban hozzájáruló 10 ős a teljes és referencia állomány esetében is mind mén. A referencia állomány táblázatában 3 új egyed szerepel, a teljes állományhoz képest, illetve a teljes állományból 3 ló nem szerepel a referencia állományban. A teljes állományban a 10 ős összesen kevesebb, mint 27%-ban járul hozzá a genetikai variabilitáshoz, míg a referencia állományban majdnem 38%-ban. A genetikai szűkülés több, mint 11%.

A génmegőrzési index vizsgálatában a teljes állományt tekintve a legnagyobb százalékban (42,39%) a 10 alatti értékkel rendelkező állatok vannak. Míg a referencia állományban a legnagyobb arányban (15,76%) a 60,01- 70,00 közötti értékkel rendelkező lovak vannak. A 10

alatti értékkel rendelkezők aránya mindössze 0,8%. Ez kedvező mivel a magasabb GCI-értékkel rendelkező állatok nagyobb egyensúlyt mutatnak az alapítók számában, és feltételezhető, hogy az alapítók által továbbított géneket tartalmazza.

A referencia állomány értéke úgy is megközelíthető, hogy az állomány egy egyede összes génhelyének több, mint 2%-ban vannak azonos allélok. A referencia állomány beltenyésztettsége több, mint kétszerese a teljes állománynak. Más magyarországi őshonos lófajtákhoz viszonyítva ez a beltenyésztettségi érték igen kedvezőnek számít. Ehhez hozzátartozik, hogy a fajta nem szenvedett nagy mértékű károkat, viszonylag fiatal fajtáról van szó, illetve törzskönyve nyitott. Az új Kalinowski-féle beltenyésztési együtttható értékei nagyobbak a Kalinowski-féle együtttható értékeinél, így a beltenyésztés erősebb az újabb generációkban. Ez amiatt lehet, hogy nem használnak már a tenyésztésben más nemzet hidegvérű fajtáiból.

Az átlagos rokonsági fok vizsgálatánál a koefficiens értéke mindkét esetben nagyobb, mint a Wright-féle beltenyésztési együtttható fele, az érték is alátámasztja, hogy nem kerülték el a rokon egyedek párosítását a tenyésztésben.

A munkánk során feltárt magas Wright-féle beltenyésztési együttthatóval rendelkező egyedek koefficiensét csökkentő célpárosításainak meghatározásához az adatok iránymutatást szolgálhatnak, ezáltal is csökkentve a beltenyésztettségét. Mivel a beltenyésztettség az új generációkban nagyobb, így a párosítási tervek meghatározásában erre jobban oda kell figyelni majd a későbbiekben.

Más faj tenyésztőszervezeténél működik olyan online felület, ami segítségével a tenyésztők saját maguk le tudják ellenőrizni, hogy a párosítási tervből született utódnak mennyi lenne a beltenyésztettsége. Illetve a lótenyésztésben a furioso-north star, kisbéri félvér és magyar félvér fajtáknál létezik olyan online méneskönyv, ahol fantom párosításokat állíthat be a tenyésztő. Ilyen rendszerek használata a hidegvérű fajtánál is kedvező lenne.

Összefoglalás

A magyar hidegvérű a parasztság gazdasági lovából alakult ki és vált elismert fajtává az 1900-as évek közepén. A fajtáról elsőként Ócsag Imre írt „A gazdasági ló” címmel 1995-ben. Szakirodalmakat tekintve a fajta nem túl népszerű, populációgenetikai felmérésével csak az utóbbi pár évben kezdtek foglalkozni. Az országgyűlés nemzeti kinccsé nyilvánította a fajtát, a génmegőrzésben szerepe van. A dolgozatommal célom a fajta génmegőrzését népszerűsíteni, a jelen állomány genetikai változatosságát felmérni populációgenetikai mutatókkal. Remélem, ezek az adatok a jövő tenyésztésére is iránymutatással lesznek.

A dolgozatban szereplő származási adatok több, mint 200 évet fednek le. A teljes állományt 21699 egyed alkotta. A referencia állomány a 2023-ban törzskönyvi ellenőrzésben lévő ménék és kancák adatai szolgáltak, 1123 egyed alkotta. A származási adatokat a Magyar Hidegvérű Lótenyésztő Országos Egyesület adatbázisa szolgáltatta. Az adatbázist Microsoft Access 2016 programban építettem, ez tartalmazta az adott egyed nevét, azonosítóját, az apja nevét és azonosítóját, az anyja nevét és azonosítóját, az egyed ivarát és születési idejét. A különböző populációgenetikai mutatókat az ENDOG 4.8. szoftverrel számítottuk. A különféle beltenyésztési együtthatókat a GRain 2.2. szoftverrel becsültük. A PopRep szoftvert az évenkénti pedigrelteljesség vizsgálathoz használtam.

Az első mutató a pedigrelteljesség volt, ami több módon is értelmezhető. Megadható a teljes ősi sorok számával, a maximálisan ismert nemzedékek számával és a generációk ekvivalens számával. Ez határozza meg a származás minőségét és használhatóságát. A dolgozatban mindhárom értelmezési mód ki lett számítva a teljes és referencia állományra. A teljes ősi sorok száma átlagosan 2,8 a teljes állományban. Az állomány 25%-ának legalább 5 teljesen ismert ősi sora van. A teljes állománynál a maximálisan ismert nemzedékek száma átlagosan 7,9 nemzedék. Az állomány 48%-nak a származása vezethető vissza 10 vagy több nemzedékig. A legmélyebb származás 27 nemzedék. A teljes populáció átlagos teljes generációs ekvivalense 4,64 generáció, a legmagasabb 10,16.

A teljes ismert ősi sorok száma átlagosan 4,6 nemzedék. Az állomány 56,19%-nak legalább 5 teljesen ismert ősi sorra visszanyúló származása van. 5 egyednél 7 generációig ismert teljesen a pedigrel. A referencia állomány maximálisan ismert nemzedékek száma átlagosan 13 nemzedék. Az állomány 72%-nak a származása vezethető vissza 13 vagy több nemzedékig. 16 nemzedék a legmélyebb származás, ami 4 egyednek is van. A teljes generációs ekvivalens értéke 7,72 nemzedék átlagosan. A legmagasabb érték 9,71 generáció.

A második populációgenetikai mutató, amit értékeltünk a nemzedékköz. Ez az érték megmutatja a szülők átlagos életkorát ivadékaik születésekor, melyek a következő generáció létrehozásában részt vesznek. Négy leszármazási útvonalon határozható meg a mutató: ménelőállító mén, kancaelőállító mén, ménelőállító kanca, kancaelőállító kanca. A leszármazási utak nemzedékköz értékeit kétmintás t-próbával hasonlítottuk össze a referencia populációban. A megbízhatósági szint minden esetben 95% ($p < 0,05$) volt. A leszármazási utak között szignifikáns eltérés van. A nemzedékköz átlagos értéke 9,17 év. A leghosszabb nemzedékköz 10,14 év a ménelőállító mén leszármazási útvonalon. A generációk közötti legrövidebb idő 8,49 év a kancanevelő kanca kapcsolatban. A számítások szerint a ménnek az ivadékok születésekor idősebbek a kancáktól. Ebből arra lehet következtetni, hogy a tenyésztők megfontoltabbak a fedezőmének kijelölésekor, mint a kancaivadék tenyészállattá minősítésekor.

Az effektív és a valós számok közötti különbség miatt a genetikai variabilitás csökkenésére következtethetünk. A teljes populációban a genetikai diverzitást 3996 alapító ős fed le, 278 effektív alapítóval leírható. 3169 nem alapító egyed van, ezek 95 effektív nem alapító egyeddel lefedhető. A referencia állományban ugyanaz a genetikai diverzitás, amelyet 1501 alapító ős fed le, leírható mindössze 183 effektív alapítóval. A nem alapító ősök tényleges és effektív száma között szintén markáns különbség rajzolódik ki. A 415 nem alapító ős csupán 49 effektív nem alapító egyeddel is lefedhető. Nem alapító ősök effektív számának és az alapító ősök effektív számának aránya a teljes populációnál 0,342, a referencia állománynál 0,268, tehát a palacknyak-hatás bizonyított.

Egy fajta genetikai variabilitása jellemezhető a diverzitásért felelős egyedek számával. A 100%-os genetikai változatosság értéket kiemelve a teljes állomány 21699 állatot foglal magában, a genetikai változatosságot 3166 ló fed le. A referencia állományban 1123 ló van, amiknek a genetikai diverzitásukat 410 egyed fed le. Ez a teljes lefedettség értékében 7,72-szeres különbség az egyedszámok között. Ez génvesztésre utal, mivel a genetikai lefedettség kevesebb össel jellemezhető. Ez mindegyik aránynál így van.

A magasabb génmegőrzési index értékkel rendelkező állatok nagyobb egyensúlyt mutatnak az alapítók számában, és feltételezhető, hogy az alapítók által továbbított géneket tartalmazza. A teljes állomány génmegőrzési indexe átlagosan 31,15. A legmagasabb érték 135,46, az első 35 legmagasabb értékkel rendelkező egyed között nincs a referencia populációból. A legnagyobb százalékban (42,39%) a 10 alatti értékkel rendelkező állatok vannak.

A referencia állományban 3,56 és 122,01 közötti a génmegőrzési index, átlagosan 63,10. A legnagyobb arányban (15,76%) a 60,01- 70,00 közötti értékkel rendelkező lovak vannak. A 10 alatti értékkel rendelkezők aránya mindössze 0,8%.

A beltenyésztési együttható szintje egy populációban meghatározó a fajta genetikai változatosságának megőrzésében. A Wright-féle beltenyésztettségi érték a teljes állomány esetében 1,13%, a referencia állománynál 2,35%. A referencia állomány értéke úgy is megközelíthető, hogy az állomány egy egyede összes génhelyének több, mint 2%-ban vannak azonos allélok. A teljes állomány 49,89%-a beltenyésztett, míg a referencia állománynak már a 91,36%-a beltenyésztett valamilyen mértékben.

A Kalinowski-féle megközelítésben a mutató a múltban homozigóta allélekkel foglalkozik. A Kalinowski-féle és az új Kalinowski-féle mutató átlagos értékei minden esetben alacsonyabbak, mint a Ballou vagy a Wright-féle együttható értékei. Az új Kalinowski-féle beltenyésztési együttható értékei (0,95% és 1,96%) nagyobbak a Kalinowski-féle együttható értékeinél (0,18% és 0,39%), így a beltenyésztés erősebb az újabb generációkban.

A Ballou-féle mutatónál annak a valószínűsége, hogy egy allél homozigóta volt a korábbi nemzedékekben, közel 2,5% a teljes állomány esetében és közel 5% a referencia állománynál. Az A_{HC} értéke megmutatja, hányszor kerültek az allélek származásilag azonos állapotba. A teljes állománynál a mutató értéke 2,61, a referencia állománynál 5,24.

Az átlagos rokonsági fok annak valószínűségét mutatja meg, hogy a teljes populációból véletlenszerűen kiválasztott allél az egyedhez tartozik. A teljes állomány átlagos rokonsági fokának értéke 1,32%, a referencia állományé kevesebb, mint a kétszerese, 2,30%. Mivel a koefficiens értéke mindkét esetben nagyobb, mint a Wright-féle beltenyésztési együttható fele, az érték alátámasztja, hogy nem kerülték el a rokon egyedek párosítását.

Irodalomjegyzék

1. ALDERSON, G. L. H. (1992): A system to maximize the maintenance of genetic variability in small populations. 18–29. In: Genetic Conservation of Domestic Livestock. (Szerk. ALDERSON, L. - BODÓ I.) CABI Publishing, Wallingford, 242 p.
2. BALLOU, J. D. (1997): Ancestral inbreeding only minimally affects inbreeding depression in mammalian populations. Journal of Heredity. 88. 3. 169-178. <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.jhered.a023085>
3. BARTOLOMÉ, E. - VALERA, M. - FERNÁNDEZ, J. - RODRÍGUEZ-RAMILO, S. T. (2022): Effects of selection on breed contribution in the caballo de deporte español. Animals. 12. 13. 1635. <https://doi.org/10.3390/ani12131635>
4. BAUMUNG, R. - FARKAS J. - BOICHARD, D. - MÉSZÁROS J. - SÖLKNER, J. - CURIK, I. (2015): GRAIN: a computer program to calculate ancestral and partial inbreeding coefficients using a gene dropping approach. Journal of Animal Breeding and Genetics. 132. 2. 100-108. <https://doi.org/10.1111/jbg.12145>
5. BODÓ I. (1992): A ló szaporítása. 224-225. In: Lótenyésztők kézikönyve. (Szerk. BODÓ I. - HACKER W.) Mezőgazda Kiadó, Budapest. 429 p.
6. BODÓ I. (2011): Háziállatok génvédelme. Debreceni Egyetemi Kiadó, Debrecen. 116 p.
7. BODÓ I. - HECKER W. (2013): Lótenyésztés, lótartás, lóhasználat. Mezőgazda Kiadó, Budapest. 402 p.
8. BOICHARD, D. - MAIGNEL, L. - VERRIER, É. (1997): The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. Genetics Selection Evolution. 29. 5-23.
9. BOKOR Á. - JÓNÁS D. - PONGRÁCZ L. - BOKOR J. - SZABARI M. (2010): Populációgenetikai vizsgálatok a magyarországi angol telivér állományban. Állattenyésztés és Takarmányozás. 59. 4. 311-332.
10. BOKOR Á. - JÓNÁS D. - BART, D. - NAGY I. - BOKOR J. - SZABARI M. (2013): Pedigree analysis of the Hungarian Thoroughbred population. Livestock Science. 151. 1. 1-10. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2012.10.010>
11. BUSSIMAN, F. D. O. - PEREZ, B. C. - VENTURA, R. V. - PEIXOTO, M. G. C. D. - CURI, R. A. - BALIEIRO, J. C. D. C. (2018): Pedigree analysis and inbreeding effects over morphological traits in Campolina horse population. Animal. 12. 11. 2246-2255. <https://doi.org/10.1017/S175173111800023X>

12. COLLEAU, J. J. (2002): An indirect approach to the extensive calculation of relationship coefficients. *Genetics Selection Evolution*. 34. 4. 409-421. <<https://doi.org/10.1186/1297-9686-34-4-409>>
13. CROW, J. F. (1948): Alternate hypotheses of hybrid vigor. *Genetics*. 33. 5. 477-487. <[10.1093/genetics/33.5.477](https://doi.org/10.1093/genetics/33.5.477)>
14. DELL, A. - CURRY, M. - YARNELL, K. - STARBUCK, G. - WILSON, P. B. (2020): Genetic analysis of the endangered Cleveland Bay horse: A century of breeding characterised by pedigree and microsatellite data. *Plos One*. 15. 10. e0240410. <<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0240410>>
15. DOEKES, H. P. - CURIK, I. - NAGY I. - FARKAS J. - KÖVÉR GY. - WINDIG, J. J. (2020): Revised Calculation of Kalinowski's Ancestral and New Inbreeding Coefficients, Diversity. 12. 4. 155. <<https://doi.org/10.3390/d12040155>>
16. DOHY J. (1989): Az állattenyésztés genetikai alapjai. Mezőgazdasági Kiadó, Budapest. 303 p.
17. DOHY J. (1999): Genetika állattenyésztőknek. Mezőgazda kiadó, Budapest. 342 p.
18. DRUML, T. - BAUMUNG, R. - SÖLKNER, J. (2009): Pedigree analysis in the Austrian Noriker draught horse: genetic diversity and the impact of breeding for coat colour on population structure. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 126. 5. 348-356. <<https://doi.org/10.1111/j.1439-0388.2008.00790.x>>
19. FARIA, R. A. S. - MAIORANO, A. M. - BERNARDES, P. A. - PEREIRA, L. G. - SILVA, M. G.B. - CURI, R. A. - VASCONCELOS SILVA, J. A. (2018): Assessment of pedigree information in the Quarter Horse: Population, breeding and genetic diversity. *Livestock Science*. 214. 135-141. <<https://doi.org/10.1016/j.livsci.2018.06.001>>
20. GROENEVELD, E. - WESTHUIZEN, B. V. D. - MAIWASHE, A. - VOORDEWIND, F. - FERRAZ, J. B. S. (2009): POPREP: A genetic report for population management. *Genetics and Molecular Research*. 8. 3. 1158-1178.
21. GULYÁS L. - MARKOS L. - MEDVE F. - MIHÓK S. - MÜLLER J. - PATAKI B. (2017): A magyar hidegvérű ló kialakulása. 31-56. In: A magyar hidegvérű ló. (Szerk. MIHÓK S.) Mezőgazda Lap- és Könyvkiadó, Budapest. 238 p.
22. GUTIÉRREZ, J. P. - GOYACHE, F. (2005): A note on ENDOG: a computer program for analysing pedigree information. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 122. 3. 172-176. <<https://doi.org/10.1111/j.1439-0388.2005.00512.x>>
23. HASLER, H. - FLURY, C. - MENET, S. - HAASE, B. - LEEB, T. - SIMIANER, H. - PONCET, P. A. - RIEDER, S. (2011): Genetic diversity in an indigenous horse breed—

- implications for mating strategies and the control of future inbreeding. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 128. 5. 394-406. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0388.2011.00932.x>
24. IVANKOVIĆ, A. - BITTANTE, G. - KONJAČIĆ, M. - KELAVA UGARKOVIĆ, N. - PEĆINA, M. - RAMLJAK, J. (2021): Evaluation of the Conservation Status of the Croatian Posavac Horse Breed Based on Pedigree and Microsatellite Data. *Animals*. 11. 7. 2130. <https://doi.org/10.3390/ani11072130>
 25. JAMES, J. W. (1977): A note on selection differentials and generation length when generations overlap. *Animal Production*. 24. 1. 109-112. <https://doi.org/10.1017/S0003356100039271>
 26. KASSANIN M. - MARKOS L. - MIHÓK S. - PATAKI B. (2017): A hidegvérű ló Magyarországon, történelmi háttér. 9-30. In: A magyar hidegvérű ló. (Szerk. MIHÓK S.) Mezőgazda Lap- és Könyvkiadó, Budapest. 238 p.
 27. KALINOWSKI, S. T. - HEDRICK, P. W. - MILLER, P. S. (2000): Inbreeding Depression in the Speke's Gazelle Captive Breeding Program. *Conservation Biology*. 14. 5. 1375-1384. <https://doi.org/10.1046/j.1523-1739.2000.98209.x>
 28. KLECEL, W. - KLOCH, M. - WOJCIECHOWSKA, M. - GAJEWSKA, M. - MARTYNIUK, E. (2024): Population structure and genetic diversity of Polish Arabian horses based on pedigree data. *Animal*. 18. 5. 101148. <https://doi.org/10.1016/j.animal.2024.101148>
 29. KLEIN R. - OLÁH J. - MIHÓK S. - POSTA J. (2022): Pedigree-Based Description of Three Traditional Hungarian Horse Breeds. *Animals*. 12. 16. 2071. <https://doi.org/10.3390/ani12162071>
 30. LACY, R. C. (1989): Analysis of founder representation in pedigrees: founder equivalents and foundergenome equivalents. *Zoo Biology*. 8. 2. 111-123. <https://doi.org/10.1002/zoo.1430080203>
 31. MACIEL, M. D. S. - LUCENA, J. E. C. - PINTO, A. P. G. - NASCIMENTO, C. A. D. M. S. - ARANDAS, J. K. G. - ROCHA, L. L. D. - SANTIAGO, J. M. (2024): Analysis of the pedigree of the Mangalarga breed: Population structure and genetic diversity. *Revista Brasileira de Zootecnia*. 53. e20230122. <https://doi.org/10.37496/rbz5320230122>
 32. MAGYAR HIDEGVÉRŰ TENYÉSZTŐK ORSZÁGOS EGYESÜLETE (2022): 30 év Magyar Hidegvérű Lótenyésztő Országos Egyesület. Magyar Hidegvérű Lótenyésztő Országos Egyesület, Lippó. 157 p.

33. Maignel, L. - Boichard, D. - Verrier, E. (1996): Genetic variability of French dairy breeds estimated from pedigree information. *Inter Bull.* 14. 49-56.
34. Mancin, E. - Ablondi, M. - Mantovani, R. - Pigozzi, G. - Sabbioni, A. - Sartori, C. (2020): Genetic variability in the Italian heavy draught horse from pedigree data and genomic information. *Animals.* 10. 8. 1310. <https://doi.org/10.3390/ani10081310>
35. Marín Navas, C. - Delgado Bermejo, J. V. - McLean, A. K. - León Jurado, J. M. - Rodríguez de la Borbolla y Ruiberriz de Torres, A. - 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. <https://doi.org/10.3390/ani11020269>
36. McManus, C. - Santos, S. A. - Dallago, B. S. L. - Paiva, S. R. - Martins, R. F. S. - Braccini Neto, J. - Abreu, U. G. P. D. (2013): Evaluation of conservation program for the Pantaneiro horse in Brazil. *Revista Brasileira de Zootecnia.* 42. 6. 404-413. <https://doi.org/10.1590/S1516-35982013000600004>
37. Mihók S. - Pataki B. (2003): Lófajták. Mezőgazda Kiadó. Budapest. 146 p.
38. Mihók S. - Ernst J. (2015): A gidrán. Mezőgazda Kiadó, Budapest. 303p.
39. Mihók S. (2017): A magyar hidegvérű ló. Mezőgazda Lap- és Könyvkiadó, Budapest. 238 p.
40. Nagy I. - Curi, I. - Radnai I. - Cervantes, I. - Gyovai P. - Baumung, R. - Farkas J. - Szendrő Zs. (2010): Genetic diversity and population structure of the synthetic Pannon White rabbit revealed by pedigree analyses. *Journal of Animal Science.* 88. 4. 1267-1275. <https://doi.org/10.2527/jas.2009-2273>
41. Nagy I. (2016): Kvantitatív genetikai vizsgálatok multipara állatfajokban. Akadémiai doktori értekezés https://real-d.mtak.hu/963/7/dc_1359_16_doktori_mu.pdf letöltve: 2024.08.14.
42. Nei, M. - Maruyama, T. - Chakraborty, R. (1975): The bottleneck effect and genetic variability in populations. *Evolution Int. Journal of Organic Evolution.* 29. 1-10. <https://doi.org/10.2307/2407137>
43. Oláh J. - Barsi B. - Bácsi E. - Klein R. - Posta J. (2024): A magyar hidegvérű populáció kancacsaládokba sorolása. Lótenyésztési konferencia, Kaposvár, 2024. szeptember 26.
44. Pataki, B. (2001): Magyar hidegvérű. 206-210. In: Ló és számár. (Szerk. Mihók S.) Mezőgazda Kiadó, Budapest. 360 p.

45. PJONTEK, J. - KADLEČÍK, O. - KASARDA, R. - HORNÝ, M. (2012): Pedigree analysis in four Slovak endangered horse breeds. *Czech Journal of Animal Science*. 57. 2. 54-64.
46. POLAK, G. (2019): Genetic variability of cold-blooded horses participating in genetic resources conservation programs, using pedigree analysis. *Annals of Animal Science*. 19.1. 49-60. <https://doi.org/10.2478/aoas-2018-0047>
47. PONCET, P. A. - PFISTER, W. - MUNTWYLER, J. - GLOWATZKI-MULLIS, M. L. - GAILLARD, C. (2006): Analysis of pedigree and conformation data to explain genetic variability of the horse breed Franches-Montagnes. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 123. 2. 114-121. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0388.2006.00569.x>
48. POSTA J. - SZABÓ P. - KOMLÓSI I. (2016): Pedigree analysis of Mangalica pig breeds. *Annals of Animal Science*. 16. 3. 701-709. <https://doi.org/10.1515/aoas-2015-0075>
49. POSTA J. - OLÁH J. - MIHÓK S. (2019): Pedigree analysis of the Hungarian Coldblood Horse breeding population. *International Journal of DAGENE*. 4. 19-24.
50. SIGURDSON, A. - JONMUDSON, J.V. (1995): Inbreeding and its impact in the closed population of Icelandic dairy cattle. *Acta Agriculturae Scandinavica*. 45. 1. 11-16. <https://doi.org/10.1080/09064709509410908>
51. SOMOGYVÁRI E. - POSTA J. - MIHÓK S. (2018): Genetic Analysis of the Hungarian Population of Endangered Hucul Horses. *Czech Journal of Animal Science*. 63. 6. 237-246. [10.17221/54/2017-CJAS](https://doi.org/10.17221/54/2017-CJAS)
52. SUWANLEE, S. - BAUMUNG, R. - SÖLKNER, J. - CURIK, I. (2007): Evaluation of ancestral inbreeding coefficients: Ballou's formula versus gene dropping. *Conservation Genetics*. 8, 489-495 <https://doi.org/10.1007/s10592-006-9187-9>
53. SZABÓ F. (2004): Általános állattenyésztés. Mezőgazda Kiadó, Budapest. 460 p.
54. SZABÓ F. - KOMLÓSI I. - POSTA J. (2011): Állattenyésztési genetika (e-book) <https://dtk.tankonyvtar.hu/xmlui/handle/123456789/8541> letöltve:2024.08.28.
55. SZALAY I. - BODÓ I. (2007): Génbázisok megőrzése a fenntartható állattenyésztésben. *Állattenyésztés és Takarmányozás*. 56. 5. 403-413.
56. SZALAY I. - KOPPÁNY G. (2017): A veszélyeztetett fajták megőrzésének hagyományos, populációgenetikai szempontjai. 21-23. In: *Génbanki kutatások régi haszonállataink védelmében* (Szerk. SZALAY I.) Mezőgazda Lap- és Könyvkiadó, Budapest. 214 p.
57. TEEGEN, R. - EDEL, C. - THALLER, G. (2009): Population structure of the Trakehner Horse breed. *Animal*. 3. 1. 6-15. <https://doi.org/10.1017/S1751731108003273>
58. VALERA, M. - MOLINA, A. - GUTIÉRREZ, J.P. - GÓMEZ, J. - GOYACHE, F. (2005): Pedigree analysis in the Andalusian horse: population structure, genetic variability and

influence of the Carthusian strain. Livestock Production Science. 95. 1-2. 57-66.
<<https://doi.org/10.1016/j.livprodsci.2004.12.004>>

59. VÍGH ZS. - CSATÓ L. - NAGY I. (2008): A pedigré analízisben alkalmazott mutatószámok és értelmezésük. Szakirodalmi áttekintés Állattenyésztés és Takarmányozás. 57. 6. 549-564.
60. VOSTRÁ-VYDROVÁ, H. - VOSTRÝ, L. - HOFMANOVÁ, B. - KRUPA, E. - 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>>
61. VOSTRÝ, L. - ČAPKOVÁ, Z. - PŘIBYL, J. - HOFMANOVÁ, B. - VOSTRÁ VYDROVÁ, H. - MACH, K. (2011): Population structure of Czech cold-blooded breeds of horses. Archives Animal Breeding. 54. 1. 1-9. <<https://doi.org/10.5194/aab-54-1-2011>>
62. WRIGHT, S. (1921): Systems of mating II. The effects of inbreeding on the genetic composition of a population. Genetics. 6. 2. 124. <<https://doi.org/10.1093/genetics/6.2.124>>
63. ZÖLDÁG L. (2022): A ló színöröklése és genetikai betegségei. A/3 Nyomdaipari és Kiadói Szolgáltató Kft, Budapest. 216 p.
64. 32/2004. (IV. 19.) OGY határozat a védett őshonos vagy veszélyeztetett, magas genetikai értéket képviselő tenyésztett magyar állatfajták nemzeti kincsé nyilvánításáról
<https://njt.hu/jogszabaly/2004-32-30-41>

Ábrák

1. ábra: A magyar hidegvérű pedigrelteljességének évenkénti alakulása	23
2. ábra: 2264 Belga-6	30
3. ábra: 3842 Karád-17 Rigó	31
4. ábra: Dóra (HUN K HV142770000) származása, kiemelve Palin-7 Gazda és Mesés....	35

Táblázatok

1. táblázat: Teljes ismert ősi sorok száma mutatóra közölt értékek a szakirodalomban ...	8
2. táblázat: Maximálisan ismert nemzedékek száma mutatóra közölt értékek a szakirodalomban	9
3. táblázat: A teljes generációs ekvivalens mutatóra közölt értékek a szakirodalomban ...	9
4. táblázat: Nemzedékköz értékek a szakirodalomban	10
5. táblázat: Alapító ősök effektív száma értékek a szakirodalomban	11
6. táblázat: A nem alapító ősök effektív száma értékek a szakirodalomban.....	12
7. táblázat: A nem alapító ősök effektív számának és az alapító ősök effektív számának aránya (f_a/f_e) mutató értékei a szakirodalomban	12
8. táblázat: Wright-féle beltenyésztségi együttható értékek a szakirodalomban.....	13
9. táblázat: Az átlagos rokonsági fok értékei szakirodalmi forrásokban	14
10. táblázat: Génmegőrzési index értékek a szakirodalomban	14
11. táblázat: A magyar hidegvérű állomány pedigrelteljesség értékei.....	22
12. táblázat: A magyar hidegvérű referencia állomány nemzedékköz értékei a négyféle szülő-ivadék származási út alapján	24
13. táblázat: Az ősök változékonyságát leíró mutatók a magyar hidegvérű állományban	25
14. táblázat: Az állományok genetikai szerkezetének változatosságáért felelős egyedek száma	26
15. táblázat: A legmeghatározóbb egyedek hozzájárulásának mértéke (%)	26
16. táblázat: A teljes állomány genetikai variabilitásához legnagyobb mértékben hozzájáruló tíz egyed.....	27
17. táblázat: A referencia állomány genetikai variabilitásához legnagyobb mértékben hozzájáruló tíz egyed.....	28
18. táblázat: A magyar hidegvérű állomány beltenyésztségi értékei	32

19. táblázat: A legmagasabb beltenyésztettségi együttthatójú egyedek a referencia populációban.....	34
20. táblázat: Az állományok génmegőrzési index értékei	36