

Debreceni Egyetem
Mezőgazdaság-, Élelmiszertudományi és Környezetgazdálkodási Kar
Állattudományi, Biotechnológiai és Természetvédelmi Intézet
Állattenyésztési Tanszék

Tanszékvezető:
Prof. Dr. Czeglédi Levente
egyetemi tanár

A magyarországi haflingi lóállomány populációgenetikai értékelése

Készítette:
Gaál Zsófia Eszter
Állattenyésztő mérnök MSc jelölt

Konzulens:
Dr. Posta János
egyetemi docens

Debrecen
2024

Tartalomjegyzék

Bevezetés	2
1. Témafelvetés.....	4
2. Szakirodalmi áttekintés	6
2.1 A haflingi kisló kialakulása	6
2.2 Populációgenetikai mutatók	7
2.3 A haflingi kislóra irányuló kutatások	11
2.4 Származási adatok értékelése a lótenyésztésben	12
3. Anyag és módszer.....	14
4. Eredmények és azok értékelése	16
4.1 Pedigrételjesség	16
4.2 Generációs intervallum.....	18
4.3 Genetikai variabilitás	19
4.4 A legmeghatározóbb egyedek hozzájárulásának mértéke	21
4.5 Az állomány beltenyésztettségének értékelése.....	25
4.6. Az állomány effektív populációméretének értékelése.....	30
5. Következtetések és javaslatok	32
Összefoglalás	34
Irodalomjegyzék	37
Ábrák, táblázatok jegyzéke.....	43

Bevezetés

Az ember az évtizedek alatt teljesen átformálta a környezetét, természetét beleértve az általa alkotott háziállatokat és a termesztett növényeket is. Ezen folyamatokat a saját jól vagy kevésbé jól felfogott érdekei szerint teszi (BODÓ, 2002). Az állattenyésztés legfontosabb feladata az emberiség legszélesebb körű, állatokra alapozott szükségleteinek a kielégítése. Ennek segítségével nagy genetikai értékkel bíró állományok létrehozása és fenntartása (BODÓ, 2011; VÍGH et al., 2008). Megfigyelhető azonban a genetikai változatosság szűkülése, mivel az árutermelésben a minél nagyobb hozamok elérése lett a cél. Ezen igen kedvezőtlen hatásnak az eredményeként rendkívül sok állatfajta került veszélyeztetett helyzetbe. Valamint akadtak olyanok is, amelyek az idők során teljesen el is tűntek a tenyésztésből.

Az emberiség jól felfogott érdeke, hogy védekezzen a genetikai változatosság csökkenése ellen, valamint az idők során kialakult fajták minél szélesebb körének a megőrzése. A tenyésztői tevékenység során minden egyes génváltozatra nagy szükség lehet, így fokozott figyelmet kell fordítani a jelenleg rendelkezésre álló genetikai alapok megővésére. A kis létszámú fajták különösen veszélyeztetettek, így ezeknél kiemelten fontos az, hogy állományukat megőrizzék és fenntartsák. A beltenyésztettség minimalizálása azonban az árutermelő állományokban, valamint a nagy egyedszámú világfajták esetében is fontos. Sohasem tudhatjuk, hogy mikor is lesz szükségünk egy meglévő, ugyan gazdaságilag jelentéktelennek tűnő genetikai tulajdonságra.

Az egyre növekvő piac és a sokszínű vásárlói kívánság miatt vannak olyan fajták, amelyek jelentősen a háttérbe szorultak, mivel képtelenek voltak versenyt tartani az új modern fajtákkal, hibridekkel. Egyik jó példa erre a lótenyésztés is. Napjainkra a lóhasználat már egyáltalán nem a hadsereg és a mezőgazdaság kielégítésére szolgál, néhány évtized alatt a gazdasági haszonállatból sokkal inkább szabadidős társállat vált (BODÓ – HECKER, 2013).

A haflingi ló példájában a régi málhás ló helyett az igény egy megnövekedett marmagasságú könnyű hátszló felé billentette az elvárásokat. Eddig mai használatban is megállja a helyét, mint igényes hobbi ló, szabadidőlovas és díjugrató versenyek rendszeres résztvevője, lovas iskolák kedvelt iskola lovává vált, terápiás lovagoltatásban egyre inkább használt és munkalovaglásban is jelentős szerephez tudott jutni.

A nemzetközi Food and Agriculture Organization (FAO) rendszer a jelenleg legelfogadottabb módszere a genetikai sokféleség megőrzésének értékelésére (BODÓ, 1991.). Ennek fogalma,

hogy normális körülmények között nem lehet fenntartani 100-nál kevesebb nőivarú létszámot. Ezért az ehhez hasonló populációba tartozó fajtának a létszámát fokozatosan növelni szükséges. Az időközben világfajtvá vált haflinginek Ausztria tekinthető a kitenyésztő országának, de a fajta magyarországi létszámadatokat figyelembe véve elmondható, hogy a tenyésztők szeretik és igényt tartanak erre a fajtára hazánkban is.

A 100 és 1000 egyed közötti nőivar már normális mértékűnek mondható, a géntartalék védelem szabályait figyelembe véve biztonsággal fenntartható.

1. Téma felvetés

Egy adott populáción belül a genetikai variabilitásnak és a génáramlásnak a megbecsülése nélkülözhetetlen a már meglévő genetikai állományhoz tartozó szelekciós program kidolgozása előtt. Olyan tevékenységeket tárhatnak fel, amelyek fontos hatással bírnak a populáció szerkezetének, valamint demográfiai összetételének elemzésére.

A mai modern kori lótenyésztésben is megállja a helyét Csekonics József által megfogalmazott alapszabályok, ami kimondja: „Az anyakanca legyen a ménes modellje, hiszen az anyakanca a talaj, a szántó föld, amiben a magot vetjük.” Valamint: „aki mindent elkövet, hogy kiváló apaméneket vásároljon, és nem követi ugyanezt a gondos kiválasztást az anyakancáknál, nagyon nehezen, vagy sohasem jut kiváló fajtahoz.” (HECKER, 1994. p. 205).

Az utóbbi évtizedben az állományok genetikai változatosságának pontos ismerete iránt megnövekedett érdeklődés figyelhető meg (WOOLIAMs et al., 2002). A genetikai variabilitás a genetikai alapú képesség változásra, amelyeket környezeti változások, valamint a tenyész célban létrejött változások válhatnak ki (DE ROCHAMBEAU et al., 2000).

A populációk genetikai hátterét, összetételét a származási adatok ismeretében pedigreeanalízissel vagy genetikai marker vizsgálatok segítségével ismerhetjük meg (VÍGH et al., 2008). A pedigreeelemzés elkészítéséhez csak elektronikusan rögzített származási adatokra és megfelelő számítógépes erőforrásra van szükség. Ezen eredmények nagy segítséget adhatnak a tenyésztési programok kidolgozására esetleg módosítására, valamint párosítási tervek elkészítéséhez, ezzel fenntartva a diverzitást. Az egyes genealógiai vonalak egyensúlyáról, az állomány és egyedek beltenyésztettségéről is információt szolgáltatnak.

Pedigreeelemzéssel számított mutatók ismeretében a gazdasági állatfajok esetében a beltenyésztettség szintje alacsonyan tartható. Ez igen nagy jelentőséggel bír olyan fajták esetében, amelyeket évszázadok óta zárt törzskönyvi rendszerben tenyésztnek, és ahol intenzív szelekciós munkát folytatnak (BOKOR et al., 2010). Ugyan is, zárt populációban, immigráció nélkül a beltenyésztettség mértékének folyamatos növekedése elkerülhetetlen. Ez a jelenség a genetikai változatosság folyamatos veszteségét eredményezi.

A valós populáció beltenyésztettségi rátája megegyezik, egy annál kisebb, ám ideális szerkezetű populációéval. Az ebben a populációban lévő egyedek száma jelenti az effektív populáció méretet, amelyek ugyanahhoz a beltenyésztési együtttható-növekedéshez vezetnének, amely a vizsgált állományban is tapasztalható, amennyiben minden hím és nőstény egyed egyforma arányban venne részt az új nemzedék létrehozásában.

A tenyésztés során idegen fajta nem használható fel, mivel a haflingi lófajta zárt törzskönyvvvel rendelkezik.

Dolgozatomban a Magyarországra behozott import, valamint itt született egyedeket kerestem vissza a legutolsó ismert ősig. Célkitűzésemben áll a különféle populációgenetikai mutatóknak vizsgálata. Úgy mint a pedigreljesség, generációs intervallum, genetikai variabilitás, a legmeghatározóbb egyedek hozzájárulásának mértéke, átlagos rokonsági fok, valamint a beltenyésztettségnek mérése.

2. Szakirodalmi áttekintés

2.1 A haflingi kisló kialakulása

A haflingi kisló származási helye, az Ausztriában található Tirol. A terület őshonos, kisméretű lovai adták a fajta alapját, amit a tiroli paraszt hegyi málhás lóként hasznosított. Az 1800-as évek utolsó negyedében kezdődött meg a fajta tudatos tenyésztése a Dél-Tirolban 1874-ben született 249 Folie nevű mén megvásárlásával és felállításával. Két fia, az 1887-ben született 14 Folie és az 1897-es születésű 252/233 Hafling jelentős szerepet játszottak apjuk mellett a fajtává alakításban. Kiemelkedő volt még 249 Folie előtt az apja, az 1868-ban született 133 El Bedavi XXII arab félvér fajtájú ló, melynek leszármazottjai Bábolnán fedeztek.

249 Folie tenyésztésbe vételét követően a fajta tenyésztésében kizárólagosan csak is a fajtatiszta tenyésztés vált az elsődleges és kizárólagos szemponttá. Ezen eseményt nevezzük az első szakasznak a fajta kialakulásában (MIHÓK – NÉMETH, 2014).

A második korszak 1897 és 1904 közé tehető a tenyésztésben. Ekkor alakulnak meg a legelső tenyésztőtársaságok, Huyn gróf vezetésével. Az Ő nevéhez köthető a tenyésztés megszilárdítása, ugyan is kidolgozta a tenyésztési szabályzatot. Az első Haflingi Lótenyésztő Társaság Möltenben alakult meg, 1904-ben (PATAKI, 2008).

A harmadik korszak 1912 és 1923 közé tehető, ezen időben meghatározó ereje van a fajta fejlődésére és későbbi elterjedésére. 1919-ben Észak- és Dél-Tirol a Saint-germaini békeszerződést követően kettévált. Észak-Tirol megmaradt Ausztria területén, amíg Dél-Tirol Olaszország területéhez került. A kettéváláskor a populáció jelentős része osztrák területen maradt. A tudatos tenyészcél valamint szigorú tenyésztési fegyelem miatt végrehajtott szelekció jelentős tenyésztési előrehaladást mutatott. 1920-ban indult meg a legelső tenyésztőtársaság szervezése, és 1921-ben Zams-ban már meg is alakult. 1920-ban szervezték meg a legelső tenyészszemlét és kiállítást (HERNECZKY, 2006).

A negyedik korszak 1924 és 1947 közé tehető. 1926-ban jelent meg az első kancatörzskönyv, amit 1938-ban kiegészítettek a mének genealógiai vonalaival is. A fajtában hét mént tartanak alapítónak, amelyek mind egy-egy genealógiai vonalat képviselnek:

- Az „A” genealógiai vonal vonalapító ménje az 1926-os születésű 999 Anselmo (SCHWEISGUT, 2005).
- A „B” genealógiai vonal vonalapító ménje, az 1915-ös születésű Bolzano, ami egy olaszországi haflingi mén, és ugyancsak 42 Mandl fia volt (PAUL, 1988).

- Az „M” genealógiai vonal vonalapító ménje, az 1927-es születésű Massimo, szintén olaszországi mén (SCHWEISGUT, 2005).
- Az „N” genealógiai vonal vonalapító ménje, az 1920-as születésű Nibbio (Niggli 2) (DRUML, 2012).
- Az „S” genealógiai vonal vonalapító ménje, az 1923-mas születésű Stelvio (SCHWEISGUT, 2005).
- Az „St” genealógiai vonal vonalapító ménje, az 1927-es születésű 1074 Student. Ez az egyetlen haflingi ménvonal, amely Ausztriában alakult ki (PAUL, 1988).
- A „W” genealógiai vonal vonalapító ménje, az 1921-es születésű 401 Willi (THURNER, 1938).

Az ötödik korszak 1947 és 1961 közötti időszakra tehető. Ezen időszakban kezdték kiépíteni a minőségi kancacsaládokat, valamint megteremtették a tudatos fajtatizta tenyésztés alapjait. Ennek köszönhetően értek a tenyésztésben nemzetközi szintre.

Megalakult a Haflingi Lovat Tenyésztők Világszövetsége 1967-ben, és ettől az időponttól számíthatjuk a fajta legújabb kori történetét.

A mai korhoz tartozik a 2013. február 1. nappal megalakult Haflinger Welt- Zucht- und Sportvereitung (HWZSV). Valamint létrejött a Haflingi Tenyésztők Európai Szövetsége, Europäischen Verbandes der Haflinger Pferdezüchter (EVH) is (MIHÓK – NÉMETH, 2014).

2.2 Populációgenetikai mutatók

A pedigréelemzés alapjait elméleti szinten WRIGHT (1931), majd JAMES (1972), MACCLUER et al. (1986), és LACY (1989) is leírták. Igazán népszerűvé azonban csak a számítógépes kapacitások bővülésével, valamint BOICHARD et al. (1997) módszerének a publikálásával vált a használata.

Pedigrételjesség a pedigré minőségét és használhatóságát határozza meg. A pedigré teljessége jelentős mértékben befolyásolja a beltenyésztési koefficiens (SIGURDSON – JONMUDSON, 1995). Minél több az ismeretlen ő, annál inkább alul becsült az együttható értéke (BOICHARD et al., 1997).

A generációs intervallum a szülők átlagos életkora azon ivadékaik megszületésekor, amelyek részt vesznek a következő generáció létrehozásában. A mutató meghatározása négy

leszármazási útvonalon lehetséges ezek: apa-fia, apa-leánya, anya-fia, anya-leánya. Az apai és az anyai leszármazási utakban különböző a generációs intervallum, amit a termékenyítési mód is befolyásol. Általánosságban elmondható, hogy az apai leszármazási út hosszabb azoknál a fajtáknál, ahol a mesterséges termékenyítés terjedt el. Mivel évekkel később is fel lehet használni azt a spermát, ami a tenyészállat állományól kikerül (VÍGH et al., 2008). GÁSPÁRDY et al. (2003) megadták a mutató alternatív megfogalmazását. Kutatásaik alapján a generációs intervallum a szülő születése, valamint a tenyésztésben szerepet játszó ivadékaik között eltelt idő.

Alapító ősök száma azok az egyedek, amelyeknek már mindkét szülője ismeretlen a pedigrében (POSTA et al., 2016). Ezek az ismert alapító ősök (BOKOR et al., 2010). A populáció minden egyes egyede, tetszőleges leszármazási ágon visszavezethető az alapító ősökig, amelyek eltérő arányban járulnak hozzá az állomány genetikai diverzitásához (VÍGH et al., 2008). Az alapító ősök számát meghatározza a pedigrételjesség, 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 a növekedésével (JAMES, 1972; LACY, 1989; BOICHARD et al., 1997).

Nem alapító ősök száma, azon legkevesebb ősök száma, amelyek az elemzett populáció teljes génkészletéért a felelősek (BOKOR et al., 2010). A mutató figyelembe veszi, hogy az alapító ősök számának a potenciálisan csökkentő faktorait és képes ezeket korrigálni (BOICHARD et al., 1997).

Alapító ősök effektív száma, azon minimális szám, amelyek ugyanazt a genetikai változatosságot okoznák a populációban, mint amit az alapító ősök okoztak olyan módon, hogy minden egyed egyforma mértékben befolyásolja a vizsgált populáció génkészletét (LACY, 1989, 1995). A számítás metodikájának értelmében az alapító ősök effektív létszáma kisebb, mint az alapító ősök száma (NAGY, 2016).

Nem alapító ősök effektív száma, azon legkevesebb nem alapító ősök száma, amelyek ugyan azt 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 megmagyarázható a populáció genetikai variabilitása. A nem alapító ősök létszáma alacsonyabb az alapító ősök effektív létszámánál (BOICHARD et al., 1997; VÍGH et al., 2008)

Nem alapító ősök effektív létszámának és az alapító ősök effektív létszámának aránya azt jelzi, hogy a palacknyak-hatás mennyire volt jellemző a vizsgált populációra. Amennyiben a hányados nagyban eltér egytől, akkor a fajta jelentős génvesztéséget szenvedett el, tehát nagyban érintette a palacknyak-hatás (NEI et al., 1975). A palacknyak-hatás következtében az életképes populáció nagysága valamilyen külső hatásnak a következtében drasztikusan lecsökken, ezalatt megváltozik a géngyakoriság, ezáltal az egyes allélek el is tűnhetnek (NYÁRI, 2005). Az ezt követő generációk azonban létszámukban hiába növekednek, 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 mértékétől. Ez a mutató elsősorban géntartalék-védelmi állományoknál játszik kiemelten fontos szerepet (MIHÓK – ERNST, 2015).

A populáció bármelyik egyedét nézve az átlagos rokonsági fok annak a valószínűsége, hogy a teljes populációt jellemző pedigréből véletlenszerűen kiválasztott allél az egyedhez tartozik-e (VÍGH et al., 2008). Azt fejezi ki, hogy egy egyed, vagy egyedek csoportja milyen mértékben tudja helyettesíteni a populációt, függetlenül az egyed saját pedigréjétől és a rendelkezésünkre álló információ minőségétől (BOKOR et al., 2010). Amennyiben a koefficiens értéke nagyobb, mint a beltenyésztési együttható fele, akkor nem sikerült elkerülni a rokon egyedeknek a párosítását. Emellett a mutató alkalmas a beltenyésztettség mértékének jellemzésére, és az alpopulációk beltenyésztettségi szintjének összehasonlítására is (GUTIÉRREZ – GOYACHE, 2005).

Beltenyésztési együttható annak a valószínűsége, hogy egy adott génhely két allélja származásilag azonos. Egy egyednek két származásilag azonos allélja akkor lehet, ha van legalább egy közös ősük (SZABÓ et al., 2011). A populáció beltenyésztési együtthatója nem állandó, idővel dinamikusan változik. (DOEKES et al., 2020). A beltenyésztési együttható értéke függ a származások teljességétől, valamint azok hosszától is (BOICHARD et al., 1997).

Minél teljesebb és minél több nemzedékre visszavezethető a származás, annál pontosabb és megbízhatóbb az együtttható értéke. A beltenyésztési együtttható értékének értelmezéséhez a számításhoz felhasznált pedigre hosszára és teljességére vonatkozó paramétereket is közölni kell (FARKAS et al., 2007; NAGY et al., 2010; KOENIG – SIMIANER, 2006).

Wright-féle beltenyésztési együtttható: A beltenyésztettség széles körben használt mérőszáma. Értéke 0–1 közötti abszolút szám, ahol 0 a beltenyésztési koefficiens, amennyiben az adott egyed nem rokon szülők párosításából született. Értéke %-os formában is megadható (WRIGHT, 1922).

Eredeti és új Kalinowski-féle beltenyésztési együtttható: A beltenyésztési együtttható újabb értelmezését adta meg KALINOWSKI et al., (2000), amely részben eltér a Ballou-féle értelmezéstől. A hagyományos Wright-féle beltenyésztési együttthatót kettő részre bontották. Első, ahol a származásilag azonos allélek egy része a múltban már átesett beltenyésztésen. Ez az eredeti Kalinowski-féle beltenyésztettség. Második, ahol az allélek másik része először került származásilag ugyan azon állapotba, ez az új Kalinowski-féle beltenyésztettség. BAUMUNG et al. (2015) értelmezése szerint az eredeti Kalinowski-féle beltenyésztési együtttható annak a valószínűsége, hogy a jelenleg is származásilag azonos allélek már legalább egyszer voltak ilyen állapotban a korábbi generációk során. Amennyiben a Wright-féle beltenyésztettségű együtttható értéke 0, úgy a Kalinowski-féle együttthatóé is 0.

Ballou-féle beltenyésztési együtttható: A beltenyésztés hatásait vizsgálva BALLOU (1997) szerint az ősoket ért beltenyésztés hatással van a vizsgált egyedre. E hatás kifejezésére használjuk a Ballou-féle beltenyésztési együttthatót. Ami annak a valószínűségét mutatja meg, hogy bármely allél a korábbi generációk során legalább egyszer származásilag homozigóta állapotban volt (SUWANLEE et al., 2007).

Ancestral History Coefficient (AHC): Értéke számszerűsíti, hogy egy véletlenszerűen kiválasztott allél milyen gyakorisággal került potenciálisan származásilag azonos állapotba a múltban. Azok az allélok, amelyek gyakrabban éltek át beltenyésztést kevésbé valószínű, hogy károsak, mint azok, amelyek ritkábban kerültek származásilag azonos állapotba (BAUMUNG et al., 2015).

Effektív populációméret, a valós populáció beltenyésztettségű rátája megegyezik, egy annál kisebb, ám ideális szerkezetű populációéval. Az ebben a populációban lévő egyedek száma jelenti az effektív populációméretet (PIRCHNER, 1968). Azon egyedek legkevesebb száma,

amelyek ugyanahhoz a beltenyésztési együtttható-növekedéshez vezetnének, amely a vizsgált állományban is tapasztalható, amennyiben minden hím és nőstény egyed egyforma arányban venne részt az új nemzedék kialakításában (GUTIÉRREZ – GOYACHE, 2005). Az effektív populációméret kiszámítása az adott évben ivadékkal rendelkező tenyészmének és tenyészkanok száma alapján az alábbi, FALCONER – MACKAY (1996) által meghatározott képlettel történik.

Rövid pedigrből az effektív populációméret pontosan nem lehet megbecsülni (TE BRAAKE et al., 1994). Rövidnek az öt teljes generációt el nem érő pedigrt nevezzük (GUTIÉRREZ – GOYACHE, 2005). Az állattenyésztők gyakorlati tapasztalatain alapulva FRANKHAM et al. (2002) szerint a kritikus effektív populációméretnek az 50-es effektív létszám tekinthető. Emellett a minimális, kritikus létszámot a FAO (1998) és HILL (2000) is 50-es létszámban állapították meg. A fajta variabilitásának megőrzéséhez szükséges minimum érték 50 és 100 közé tehető (HALL, 2016). GONZÁLEZ-RECIO et al., (2007) szerint a realizált effektív populációméret kívánatos tulajdonságokkal bír. Ugyan is figyelembe veszi az egyes egyedek beltenyésztési együttthatóját meghatározó pedigré jellemzőit.

2.3 A haflingi kislóra irányuló kutatások

A haflingi lófajta népszerűségét az is bizonyítja, hogy több országban is folytak a fajtára irányuló, nagy többségében a genetikai sokféleség felmérésére irányuló kutatások.

GANDINI et al. (1997) írása szerint az olasz haflingi lóállomány jelentősen elkülönül az osztrák és német alpopulációktól. Az eredményeik azt mutatják, hogy genetikai szerkezetben az osztrák állomány hatása 3% alatti, a német állomány hatása 0,1% alattira tehető. Érdekes azonban, hogy az alapító arab fajtára 4% körüli értéket számoltak. Ennek az a magyarázata, hogy az olasz haflingi tenyésztésben néhány évtizeddel ezelőtt használtak arab telivér méneket.

SABBIONI et al. (2007) olaszországi haflingi populációra irányuló kutatásában, az 1900 és 2004 közötti időszakra becsült értékei szerint a maximálisan ismert generációk száma 19, míg a teljesen ismert ősi sorok száma 3,36.

SABBIONI et al. (2007) az olaszországi haflingi populációnak a pedigréelemzését végezték el. Közléseik szerint az olasz állományban az „N” vonal mintegy 30%-os aránnyal a leggyakoribb. A „B” vonal pedig kevesebb mint 5%-át adja az aktív állománynak.

GANDINI et al. (1992) az olaszországi haflingi állomány átlagos beltenyésztettségét 6,59%-ra becsülték. Ez a szám 5%-os növekedést jelentett az ötven évvel korábban végzett kutatási eredmény becsült értékéhez viszonyítva.

Irányul kutatás a szlovén haflingi állomány beltenyésztettségére is, ahol POTOČNIK et al. (2009) a következő adatokat közölték. 1998 és 2008 közötti lóállomány alacsony beltenyésztettsége ($F < 0,01$) mellett a növekvő tendenciáról is beszámoltak.

DRUML et al. (2016) kutatása szerint a tenyésztésben lévő osztrák haflingi állomány beltenyésztettsége közel 12%. Emellett az effektív populációméret folyamatos csökkenéséről számoltak be. Az aktív populáció vonatkozásában 43,8-as értéket számoltak.

DRUML et al. (2018) fehérje-polimorfizmuson alapuló kutatásukban felhívták a figyelmet az ausztriai és az olasz haflingi állományok elkülönülésére.

Érdekesség, hogy a származási adatok mellett SAMORÉ et al. (1997) megközelítőleg 4000 haflingi lineáris bírálati adatait is feldolgozta. A becsült örökölhetőségi értékek 0,02 és 0,53 között váltakoztak. Az alacsonyabb számot a vérmérséklet, míg a magasabbat a színt és jegyeket jellemző pontszámokra becsülték.

2.4 Származási adatok értékelése a lótenyésztésben

A származási adatok értékelése számos gazdasági állatfaj esetében jelentős irodalommal bír., de talán lófajtákra végezték leggyakrabban. Az alábbiakban a vizsgálatomban szereplő fajtához hasonlóan zárt törzskönyvű néhány fajtára vonatkozó értékelésekről adok áttekintést.

ZECHNER et al. (2002) lipicai lovak nemzetközi értékelésekor a teljes generációs ekvivalens értékére 15,22-es értéket becsültek, míg 10,81-es beltenyésztési együtthatót számítottak. Az alapító ősök effektív számára 48,2-es, míg a nem alapító ősök effektív számára 26,2-es értéket becsültek. Értékelésükben az effektív populációméret 102 volt.

CURIK et al. (2003) lipicai lovakra vonatkozó munkájukban a teljes generációs ekvivalens 15,12 míg a beltenyésztési együttható értéke 10,3 volt.

PJONTEK et al. (2012) a szlovák hucul és lipicai populációkra végezte el a származási adatok értékelését. Kutatásuk szerint a hucul fajtában teljesen ismert nemzedékek száma 4,29, a maximálisan ismert nemzedékek száma 17,54, míg a teljes generációs ekvivalens 7,10. Becslésük alapján a szlovák hucul állomány átlagos beltenyésztettsége 6,26, míg az átlagos rokonsági fok 9,32. Az effektív populációméretre 47,67-es értéket határoztak meg.

Eredményeik alapján a lipicai fajtában teljesen ismert nemzedékek száma 5,9, a maximálisan ismert nemzedékek száma 24,56, míg a teljes generációs ekvivalens 10,25. Közlésük szerint a szlovák lipicai állományban az átlagos beltenyésztettség 4,02, míg az átlagos rokonsági fok 3,73. Az effektív populációméretre 117,14-es értéket határoztak meg.

BOKOR et al. (2013) a magyarországi angol telivér állomány adatait dolgozták fel. Közlésük szerint a teljesen ismert nemzedékek száma 6,69, a maximálisan ismert nemzedékek száma 28,96 míg a teljes generációs ekvivalens 15,64. Az alapító ősök számára 42, a nem alapító ősök effektív számára 15,32-es értékeket határoztak meg. Kutatásuk szerint a hazai angol telivér állomány beltenyésztettsége 9,58, az effektív populációméret pedig 159,12.

DURU (2017) törökországi arab telivér állományra közölt kutatási eredményeket. A teljesen ismert nemzedékek számára 5,4, a maximálisan ismert nemzedékek számára 12,2, míg a teljes generációs ekvivalensre 7,8-as értékeket számított. Eredményei szerint az alapító ősök száma 40, a nem alapító ősök effektív száma 22. Becslése szerint a törökországi arab lóállomány beltenyésztettsége 4,6, míg az átlagos rokonsági fok 9,5.

3. Anyag és módszer

A vizsgálatom középpontjában a magyarországi haflingi lóállomány és azok utolsó ismert ősei álltak. A vizsgálatom alapját a 2023. évvel bezárólag Magyarországra importált, majd tenyésztőszervezeti nyilvántartásba vett egyedek, illetve azok tenyészállattá minősített leszármazottai adták. A származási adatokat a Póni és Kislótenyésztők Országos Egyesülete bocsátotta rendelkezésemre. Az alapítókig és az utolsó ismert ősig való visszakövetéshez nemzetközi online adatbázisokat (www.allbreedpedigree.com, www.sukuposti.net, www.fnverlag.de/fn-erfolgsdaten/pferd, www.rimondo.com), valamint PREINERSTORFER (2009) munkáját is felhasználtam. A bizonytalan eredetű egyedek felkutatására az Ebbs-i székhelyű Tiroli Haflingi Tenyésztők Egyesülete nyújtott segítséget. Közreműködésükkel kaptam adatokat a további osztrák tenyészkörzetektől (Alsó-Ausztria, Felső-Ausztria, Karintia, Salzburg, Stájerország), valamint dél-Tirolból és Olaszországból, illetve Hollandia, Németország tenyésztőszervezeteitől.

A kutatásom során a teljes állomány összesen 4341 egyedből állt. A 2023-as évben aktív, tenyésztésben lévő egyedek száma 88, ezeket az egyedeket a dolgozatomban referencia állományként vettem alapul.

A hiteles pedigréanalízis elvégzéséhez minimum 3-4 teljes generáció ismerete elengedhetetlen (VÍGH et al., 2008). A pedigrételjességet több módon is lehet értelmezni. A maximálisan ismert generációk száma megadja, az adott egyedtől legtávolabbi generációba eső ismert ősenek nemzedékszámát. A teljes ismert ősi sorok száma kifejezi, hogy bármelyik egyed származása mennyi teljes generációra nézve ismert (MAIGNEL et al., 1996). Így az a legtávolabbi generáció, amelyikben az összes ő ismert. A teljes generációs ekvivalens megadja, hogy átlagosan mennyi generációnyi információ áll rendelkezésre az egyedről az adatbázisban (FARIA et al., 2018a).

A generációs intervallumot összesen négyféle leszármazási úton számítottam ki a nyilvántartott egyedek, valamint azok felmenőik születési dátuma alapján. Ezek a ménelőállító mén, kancaelőállító mén, ménnevelő kanca, kancanevelő kanca egyedek között. Ezen értékek megmutatják a szülők átlagos életkorát az utódaik születésekor, amelyek részt vesznek a következő generáció felállításában. Ezen kívül feljegyzésre került az elemszám, valamint a középérték hibája is.

A genetikai variabilitást a diverzitásért felelős egyedek számával írtam le, mint a teljes-, és referencia állományra vonatkozóan 50%-tól 100%-ig haladva. Mind a két állományban figyelembe vettem az alapítók számát, valamint ezen egyedek mennyire járulnak hozzá az állomány genetikai diverzitásához. Megkerestem, hogy melyek azok az ősök, akik a legnagyobb mértékben járulnak hozzá a populáció genetikai diverzitásához.

A legmeghatározóbb egyedek hozzájárulásának mértékét szintén a teljes-, és referencia állományra vonatkozóan határoztam meg. Feltüntetve az egyedek születési évét, ivarát és hozzájárulásának mértékét.

Az átlagos rokonsági fok szintén a teljes-, és referencia állományra vonatkozóan kiszámításra kerültek.

Megvizsgáltam, hogy mekkora a beltenyésztettség mértéke az állományban. Kiszámításra kerültek a beltenyésztési együtthatók az egyedekre valamint az állományra átlagolva is. Ezen kívül a tíz legmagasabb beltenyésztettségű együtthatójú egyedek a referencia populációban is kiemelésre kerültek.

Az effektív populációméretet a teljes és referenciaállományokra COLLEAU (2002) alapján a beltenyésztés növekedéséből, míg évenkénti bontásban WRIGHT (1923) (Ne_{cens}), FALCONER és MACKAY (1996) (Ne_{coan}) és GUTIÉRREZ et al. (2009) (Ne_{Ecg}) útmutatásai szerinti képletek alapján számítottam.

A kutatásom során Microsoft Access 2010 programban dolgoztam. Itt adatbázist készítettem az egyedekről, amely tartalmazta az adott egyed nevét, ivarát, apja és anyja nevét, születési idejét, fajtáját és azonosítóját. Az elemző szoftverekhez használható bementi fájlok elkészítéséhez a Microsoft Excel 2010 programot használtam.

Az így elkészült pedigrefájlt a Pedigree Viewer 6.0 (KINGHORN, 1994) használatával ellenőriztem.

A pedigreeelemzés során használt mutatók kiszámítása az ENDOG 4.8 (GUTIÉRREZ – GOYACHE, 2005) és POPREP (GROENEVELD et al., 2009) szoftverekkel történt. A beltenyésztettség mutatószámait a GRain 2.2 (DOEKES et al., 2020) használatával számítottam.

4. Eredmények és azok értékelése

4.1 Pedigrételjesség

A referencia populációba tartozó egyedek kiszámított pedigrételjességértékeit az 1. táblázat tartalmazza.

1. táblázat: A fajta referencia populációjának pedigrételjesség értékei (generációk)

Mutató	Érték
Maximálisan ismert generációk száma	26,51
Teljes nemzedék/teljes ismert ősi sorok száma	6,34
Teljes nemzedék/teljes generációs ekvivalens	11,76

Forrás: Saját szerkesztés

A maximálisan ismert nemzedékek száma meghaladja a 26 generációt. Az általam kapott érték alulmarad DELL et al. (2020) valamint PJONTEK et al. (2012) cleveland bay (36) illetve shagya-arab (34,82) lovakra számított értékeihez képest. A maximálisan ismert generációk száma lényegesen magasabb a SABBIONI et al. (2007) olaszországi haflingi állományra számított értékénél, míg hasonló mértéket mutat a BOKOR et al. (2013) angol telivérekre (28,96), valamint PJONTEK et al. (2012) lipicai lovakra (24,56) közölt értékeivel. KLEIN et al. (2022) mezőhegyesi lófajtákra közölt értékei (36,32-36,56) az általam számítottnál lényegesen magasabbak.

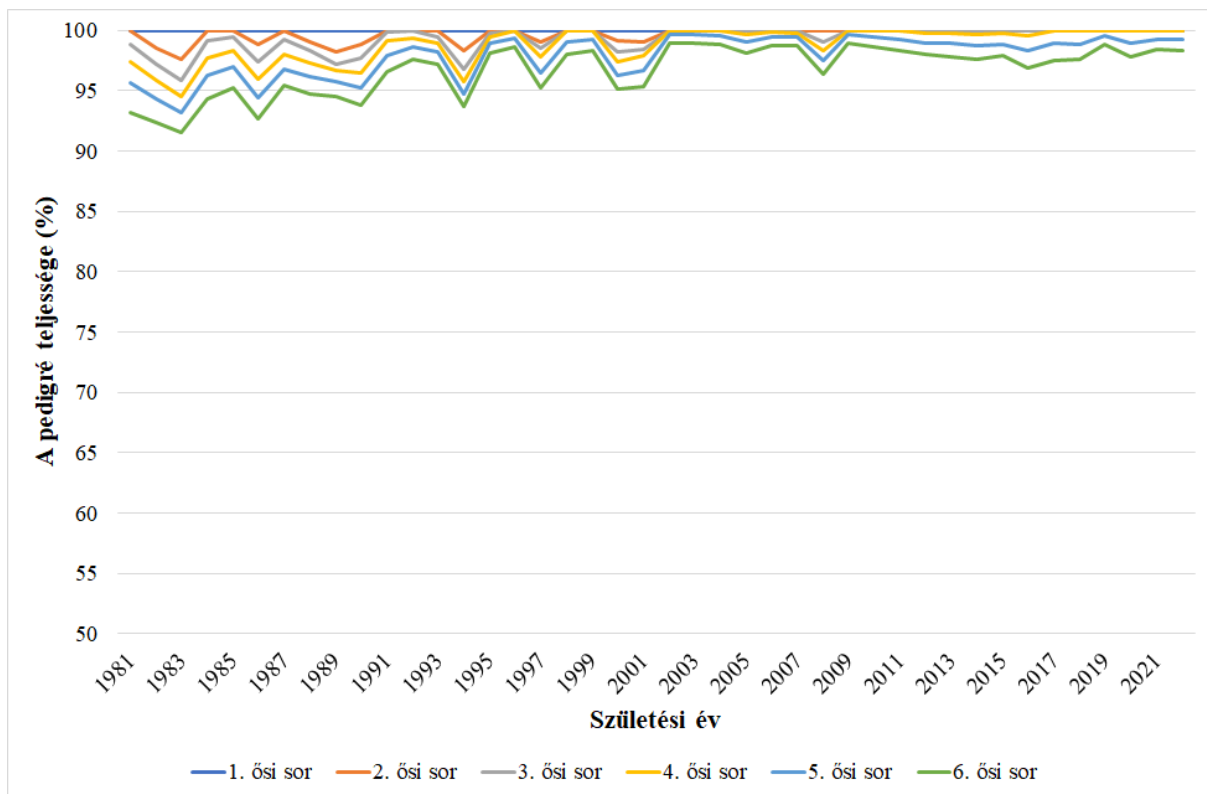
A teljes ismert ősi sorok száma heterogén képet mutatott. A haflingik 6,34 teljesen ismert generációval rendelkeznek. A referencia populációban összesen 9 olyan egyed található, amelynek legalább 8 nemzedékre visszavezethető teljes származása van. A legmélyebb teljes származással az alábbi ménnek: 6290 Steiner, 6327 Alex, 6805 Norre-C, 6806 Stern és kancák: Athina, Bella IM081462018, Bellaja, Glória HI, Lottie rendelkeznek. A 2023-ban aktív állományt alkotó 88 egyed 10,11%-a rendelkezett legalább a nyolcadik ősi sorig rendelkező származással. A referencia populációba tartozó egyedek 96,33%-a legalább 5 teljesen ismert nemzedékre visszanyúló származással rendelkezik. Mindössze három olyan egyed van,

amelyiknek 4 nemzedékre teljes a származása. Ezek: Kincses HI, Oregon, Piroschka nevű kancák.

A teljesen ismert nemzedékek száma meghaladja a SABBIONI et al. (2007) tanulmányában (3,36) és a KLEIN et al. (2022) (4,69-6,10) által közölt értékeket, míg hasonló mértéket mutat a BOKOR et al. (2013) angol telivérekre (6,69), és PJONTEK et al. (2012) lipicai lovakra (5,9) közölt értékeivel.

A teljes generációs ekvivalens érték 11,76. A mének közül a 2019-es születésű 6805 Norre-C rendelkezik a legmagasabb, 14,11ekvivalens értékkel. Apja Nalistó-U, anyja Ucilla, anyai nagyapja Alpenbue-I. A kancák között a 2018-as születésű Mirabell HI180060000 13,84 legmagasabb ekvivalens értékkel rendelkező egyed. Apja Starlie, anyja Miranda, anyai nagyapja 5245 Mondrian HI. Az általam számított teljes generációs ekvivalens értéke magasabb PREINERSTORFER (2009) (7,34) és DRUML et al., (2016) (8,3) osztrák haflingi állományokra közölt értékeinél. Hasonló értéket közölt az olasz maremmano fajtára GIONTELLA et al. (2019) aki 10,5 nemzedéknyi értéket kapott, valamint PJONTEK et al. (2012) lipicai lovakra (10,25). KLEIN et al. (2022) mezőhegyesi lófajtákra közölt értékei (12,64-16,45) az általam számítottnál magasabbak.

A pedigré teljességének évenkénti alakulását az 1. ábra szemlélteti. A bemutatott időszakban az ősök ismertsége a hatodik ősi sorban is 80% fölötti. A civil tenyésztésszervezés időszakában a pedigrételjesség folyamatosan nőtt, a hatodik ősi sor ismertsége is meghaladja a 95%-ot.



1. ábra: Az évenkénti pedigrételjesség alakulása

Forrás: Saját szerkesztés

4.2 Generációs intervallum

Az elemzés során a nemzedékköz értékeket négy leszármazási úton határoztam meg. Ezek a ménelőállító mén, kancaelőállító mén, ménnevelő kanca, kancanevelő kanca kapcsolatok voltak (VALERA et al., 2005). Az általam számított nemzedékköz értékeket a 2. táblázat szemlélteti.

A haflingi populációban a leghosszabb generációs intervallumot 9,09 évet a tenyészkanca - kancacsikó leszármazási úton tapasztaltam. Az egymást követő generációk között a legrövidebb időt a mén – méncsikó leszármazási úton kaptam, 8,16 év. Számításaim szerint a kancákat közel egy évvel hosszabb ideig tartották tenyésztésben. Ez úgy is értelmezhető, hogy az ivadékaik megszületésekor a kancák átlagosan egy évvel idősebbek, mint a ménék. A négyféle leszármazási útvonal megfelelő nemzedékköz értékeit kétmintás t-próbával is összehasonlítottam. A szignifikáns eltéréseket ($P < 0,05$) felső indexbe írt eltérő betűkkel jelöltem. A ménék leszármazási útjain számított értékek és az egyes kanca leszármazási utak

értékei között szignifikáns eltérést tapasztaltam ($P < 0,05$). Az átlagos nemzedékköz értéke 8,79 év. Ez az érték szinte megegyezik egy másik lófajtaéval, a freibergi populáció 8,7 éves értékéhez (PONCET et al., 2006)

2. táblázat: **Generációs intervallum**

Leszármazási utak	Elemsszám	Nemzedékköz (év)	Középérték hibája
Ménelőállító mén	910	8,16 ^c	0,14
Kancaelőállító mén	2293	8,83 ^{ab}	0,09
Ménnevelő kanca	781	8,63 ^b	0,14
Kancanevelő kanca	2049	9,09 ^a	0,09
Átlagosan	6033	8,79	0,06

A szignifikáns eltéréseket ($P < 0,05$) felső indexbe írt eltérő betűkkel jelöltem.

Forrás: Saját szerkesztés

A kancanevelő kancákra számított értékeim hasonlóak GANDINI et al. (1992,1997) közléseihez, a többi leszármazási útra számított értékeim rövidebbek. Az általam kapott értékeknél lényegesen hosszabb (9,71 év) generációs intervallumot közöltek SABBIONI et al. (2007) olaszországi haflingi állományra vonatkozóan. Becslésem alapján a nemzedékváltás a haflingi fajtaban gyorsabb, mint számos világfajtára közölt értékek: angol telivérek (BOKOR et al., (2013); 11,41 év), shagya arab (PJONTEK et al., (2012); 12,27 év) és arab telivér (DURU et al., (2017); 12,4 év). POSTA et al. (2020) hucul lóra és KLEIN et al. (2022) mezőhegyesi lófajtákra valamennyi leszármazási úton ugyancsak hosszabb nemzedékváltásról számolt be, mint az általam kapott értékek.

4.3 Genetikai variabilitás

Egy adott fajta genetikai variabilitása jól leírható a diverzitásért felelős egyedeknek a számával. A Magyarországra bekerült haflingi lóállomány őseire vonatkozóan a 3. táblázat nyújt áttekintést. Az alapító ősök számában a teljes és a jelenleg aktív tenyészállomány között alig tapasztalható eltérés. A nem alapító ősök tényleges száma az aktív populáció esetében lényegesen kevesebb egyeddel írható le. Az alapító ősök effektív száma az alapító ősök

számához hasonlóan közel megegyező. Az effektív és a valós számok közötti igen nagymértékű különbség miatt a genetikai variabilitás jelentős mértékű csökkenésére következtethetünk. Ennek feloldása a tenyészállatok (elsősorban fedezőmének, ménjelöltek) folyamatos behozatala, ami a vélhető minőségi javulás miatt előnyös lehet, de egyben jelentős anyagi teher is a tenyésztők számára. Az alapító ősök effektív száma meghaladja a POSTA et al. (2020) által hucul lóra becsült értékeket, míg a nem alapító ősök effektív száma elmarad az általuk közöltektől. Az általam számított értékek alacsonyabbak, mint KLEIN et al. (2022) mezőhegyesi lófajtákra közölt értékei, de közel megegyeznek a világfajtának tekinthető arab telivérre közölt kutatások (CERVANTES et al., 2008; DELGADO et al., 2014) eredményeivel. BOKOR et al. (2013) angol telivérekre, PJONTEK et al. (2012) lipicai lovakra közölt értékei magasabbak, mint a haflingi fajtára számított értékeim. A nem alapító ősök effektív számának és az alapító ősök effektív számának aránya jelentős palacknyak hatásra utal, ami haflingi fajta esetében a szelekció eredménye is lehet.

3. táblázat: **Az ősök változékonyságát leíró mutatók**

Mutató	Teljes állomány	Referencia állomány
Alapító ősök száma (N_f)	490	412
Nem alapító ősök száma (N_a)	449	85
Alapító ősök effektív száma (f_e)	35	32
Nem alapító ősök effektív száma (f_a)	16	13
Nem alapító ősök effektív számának és az alapító ősök effektív számának aránya (f_a/f_e)	0,46	0,41

Forrás: Saját szerkesztés

A 4. táblázat bemutatja a teljes állomány, valamint a referencia állomány genetikai variabilitásához hozzájáruló egyedeknek a számát. Általánosságban elmondható, hogy az azonos arányokhoz tartozó teljes és referencia populáció értékek között jelentős különbségek vannak. Ez nagymértékű génvesztésre utal. Ez a legjelentősebb számszerűsített értéket 90%-nál láthatjuk. A 2023-ban 88 egyed aktív haflingi populációt mindössze 85 össel írható le, miközben a teljes populációt 449 ős fedte le. A fajta genetikai diverzitásának a felét 5 egyed hozzájárulása adta a teljes és a referencia állomány esetében egyaránt. SABBIONI et al. (2007)

olaszországi haflingi állományra közölt értékei (a populáció variabilitásának 50%-át 15, míg 70%-át 41 ős fedi le) lényegesen genetikailag sokfélebb állományt mutatnak. Ennek magyarázata lehet a náluk található nagy létszámú állomány illetve, hogy Magyarországra zömmel Ausztriából érkeztek import lovak.

4. táblázat: **Az állomány genetikai szerkezetének változatosságáért felelős egyedek száma**

A genetikai változatosság aránya (%)	Teljes állomány	Referencia állomány
50%	5	5
60%	8	6
70%	14	9
80%	36	13
90%	117	27
100%	449	85

Forrás: Saját szerkesztés

4.4 A legmeghatározóbb egyedek hozzájárulásának mértéke

Az 5. táblázat a legmeghatározóbb ősök genetikai variabilitáshoz való hozzájárulását és értékét mutatja be a teljes állományra vonatkozóan.

A számításokból kiderül, hogy a teljes állományra vonatkozóan a legjobban az 1907-es születésű Ohast n. Moelten nevű kanca hat 14,25%-os értékével. A második, 14,13%-os értékkel az 1904-es születésű Liz. 42 Mandl nevű mén, aki öt vonalalapító mént hagyott hátra maga után. Ezek Nibbio (Niggl 2), Massimo, 1074 Student, Stelvio, Bolzano. Érdekes, hogy a harmadik mén, az 1938-as születésű 128 Stromer többek között 1074 Student „S” genealógiai vonal alapító fia. Emellett megjelenik negyedikként a „W” vonal alapítója 401 Willi 7,63%-al. Valamint tízedikként az „A” vonal alapítója 999 Anselmo 2,11%-al. A táblázatból az is kiderül, hogy a mének és kancák aránya megegyezik, igaz az első helyen egyértelműen kanca áll, viszont újra már csak a hatodik egyed való ugyan ebből a nemből.

5. táblázat: A legmeghatározóbb ősök genetikai variabilitása a teljes állományra vonatkozóan

Ősök	Születési év	Ivar	Hozzájárulás mértéke (%)
Ohast n. Moelten	1907.	kanca	14,25
Liz. 42 Mandl	1904.	mén	14,13
128 Stromer	1938.	mén	8,19
401 Willi	1921.	mén	7,63
1367 liz. Stürmer	1936.	mén	6,05
Ohast. n. 252/233 Hafling	1897.	kanca	4,44
Ohast 203	1901.	kanca	3,92
Hannerl 95/42/ST	1920.	kanca	2,34
Emilia	1914.	kanca	2,16
999 Anselmo	1926.	mén	2,11

Forrás: Saját szerkesztés

6. táblázat: A legmeghatározóbb ősök genetikai variabilitása a referencia állományra vonatkozóan

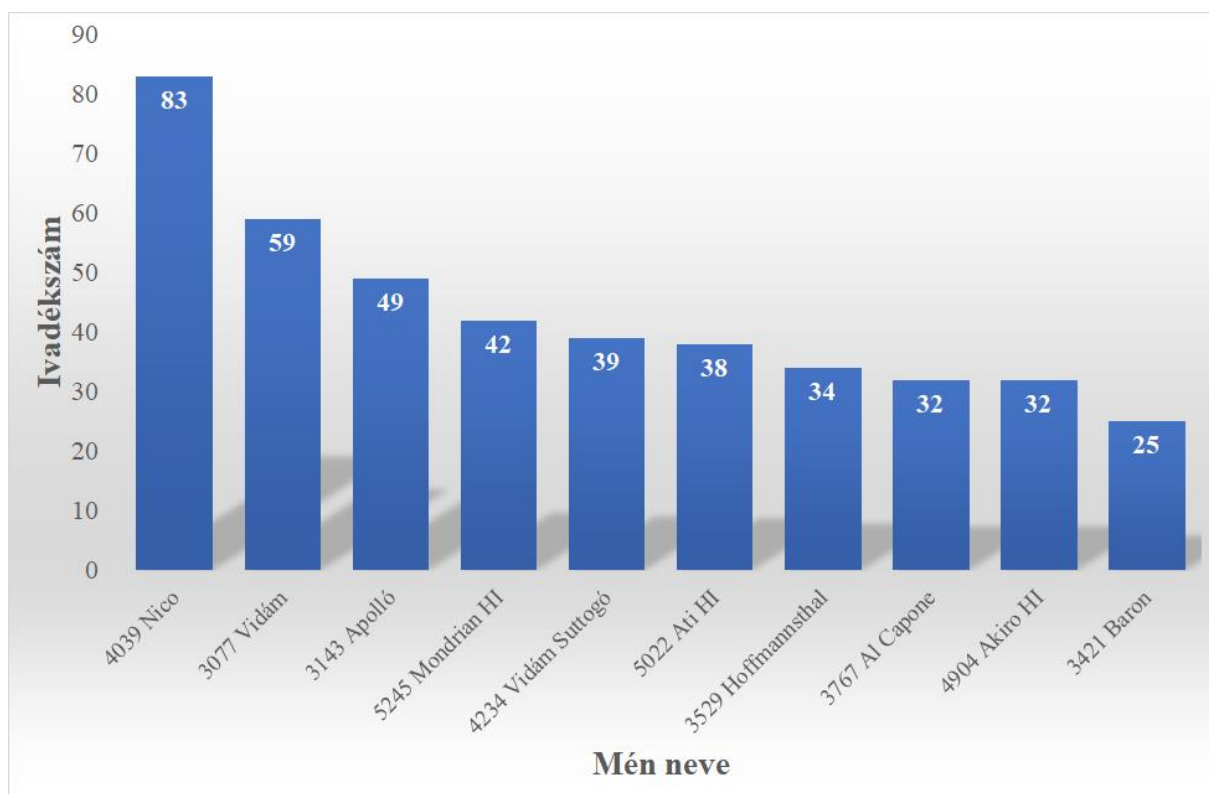
Ősök	Születési év	Ivar	Hozzájárulás mértéke (%)
Ohast n. Moelten	1907.	kanca	15,32
Liz. 42 Mandl	1904.	mén	13,86
128 Stromer	1938.	mén	11,58
401 Willi	1921.	mén	7,80
1367 liz. Stürmer	1936.	mén	7,62
Ohast. n. 252/233 Hafling	1897.	kanca	4,19
Ohast 203	1901.	kanca	3,70
999 Anselmo	1926.	mén	3,52
4039 Nico	1991.	mén	2,87
3143 Apolló	1993.	mén	2,58

Forrás: Saját szerkesztés

A 6. táblázat a legmeghatározóbb ősök genetikai variabilitáshoz való hozzájárulását és értékét a referencia állományra vonatkozóan mutatja be.

A számításokból kiderül, hogy a referencia állományra vonatkozóan is a legjobban az 1907-es születésű Ohast n. Moelten nevű kanca hat 15,32%-os értékével. A második helyen itt is az 1904-es születésű Liz. 42 Mandl nevű mén áll, 13,86%-os értékkel. Az első hét legmeghatározóbb egyedek nem is változnak, itt is ugyan azok állnak. 999 Anselmo az előzőhöz képest a nyolcadik legmeghatározóbb lett. A referencia állományban két, az 1990-es évek elején született mén került a kilencedik és tizedik legmeghatározóbb egyedek helyére. 4039 Nico 2,87% és 3143 Apolló 2,58%-os értékekkel. A táblázatban jól látható, hogy az ivararány változott, 3:7 arányban a ménék javára.

A 6. táblázatban jól látható, hogy a kilencedik és tizedik helyre két magyar származású mén került. Ennek magyarázatát igyekszik szemléltetni a 2. ábra. Itt található az a tíz mén, amelyek a legtöbb ivadékszámmal rendelkeznek a tenyésztésben a magyar állományra vonatkozóan.

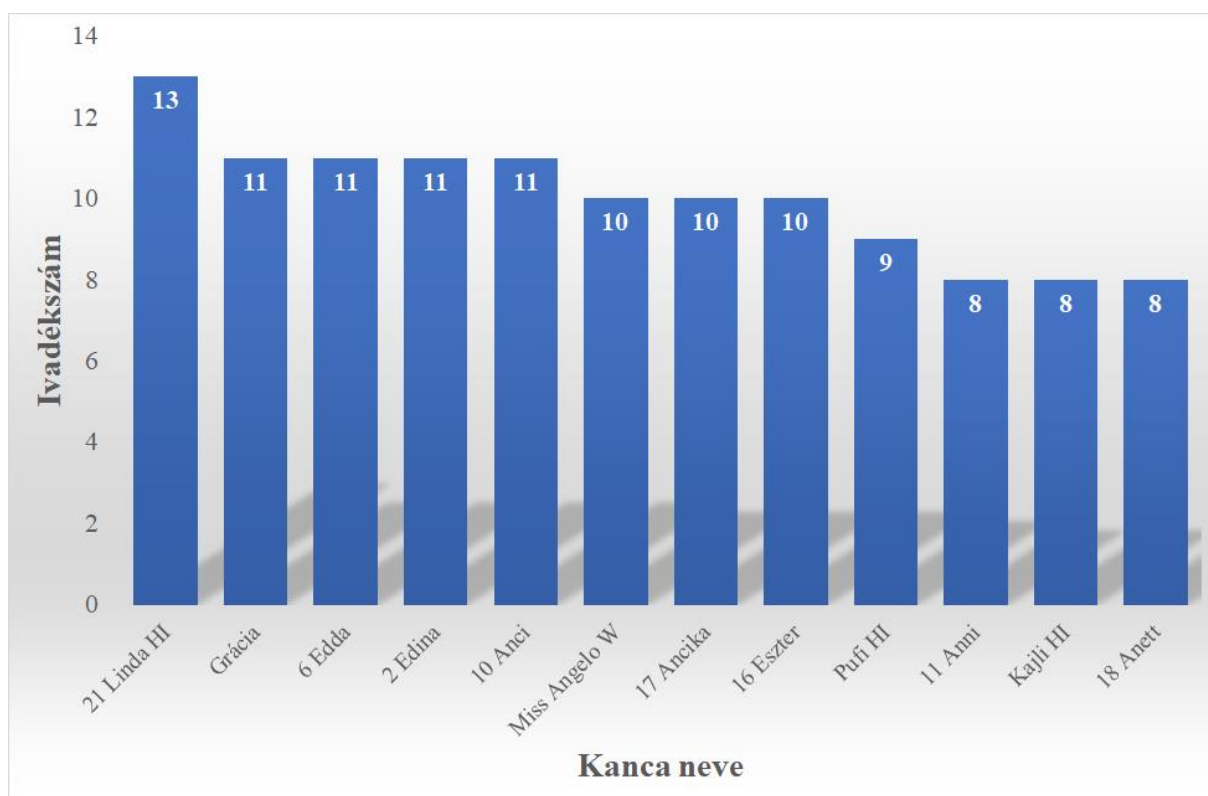


2. ábra: A 2023-ig tenyésztői nyilvántartásba vett tíz legtöbb ivadékot adó fedezőmének

Forrás: Saját szerkesztés

Itt jól látható, hogy a 4039 Nico rendelkezik a legtöbb ivadékkal, összesen 83 egyeddel. Nagy valószínűséggel ezért tudott felkerülni a referencia állományra vonatkozó legmeghatározóbb ősök közé is mert Magyarországi viszonylatban a legtöbb ivadékkal rendelkezik. A második legtöbb ivadékszámmal a 3077 Vidám nevű mén rendelkezik, 59 egyeddel. A harmadik legtöbb ivadékszámmal rendelkező egyed, 3143 Apolló nevű mén, 49 ivadékkal.

A 3. ábra azt a tizenkét kancát szemlélteti, amelyek a legtöbb ivadékot adták 2023-mal bezárólag.



3. ábra: **A 2023-ig tenyésztői nyilvántartásba vett legtöbb ivadékot adó kancák**

Forrás: Saját szerkesztés

A legtöbb ivadékot a 21 Linda HI nevű kanca adta, mintegy 13 egyedet. A következőkben több olyan kanca van, amelyek ugyanannyi ivadékszámmal rendelkeznek. 11 ivadékkal rendelkezik Grácia, 6 Edda, 2 Edina és 10 Anci nevű kancák.

7. táblázat: A legmeghatározóbb ősök megoszlása osztrák haflingi állományban

Név	1978-1985	2008-2015
Liz. 42 Mandl	14,7%	17,1%
128 Stromer	9,8%	13,3%
401 Willi	9,8%	10,9%
1367 liz. Stürmer	9,0%	10,7%
999 Anselmo	2,0%	-

Forrás: Druml et al., (2016)

DRUML et al. (2016) munkájában (7. táblázat) a 2008-2015 között Ausztriában született haflingi lovak származásában leggyakrabban előforduló ősök között négy olyan egyed van, ami az én kutatásomban is megtalálható. Minden esetben elmondható, hogy az általam kapott értékek alulmaradnak az ausztriai vizsgálathoz képest. Szerepel egy olyan egyed is, a táblázatban, ami csak az első vizsgált időszakban meghatározó. Az én eredményem alapján, 3,52%-os hozzájárulása van a referencia állományra.

4.5 Az állomány beltenyésztettségének értékelése

Egy populációban a beltenyésztési együttható szintje döntő jelentőségű a fajta genetikai változatosságának a megőrzésében. A haflingi fajta nemzedékenkénti beltenyésztettségének alakulását a 8. táblázat mutatja be. A harmadik nemzedéktől az adott nemzedékbe tartozó egyedek mindegyike beltenyésztett. A vizsgált állományban a beltenyésztési együttható és az átlagos rokonsági fok egyaránt folyamatosan növekedő tendenciát mutat, ami zárt törzskönyvű állomány esetében nem meglepő.

8. táblázat: A haflingi nemzedékek beltenyésztési együttthatójának alakulása

Nemzedék	Egyedszám	Beltenyésztési együtttható (%)	Átlagos rokonsági fok (%)
1	539	3,13%	8,20%
2	632	4,95%	10,87%
3	663	6,37%	12,58%
4	601	8,06%	13,68%
5	509	8,80%	14,30%
6	528	9,54%	14,61%
7	301	10,94%	14,80%
8	56	11,46%	15,15%

Forrás: Saját szerkesztés

A 9. táblázat a fajta beltenyésztettségének értékeit mutatja különféle számítási módok alapján. A teljes állomány átlagos rokonsági fok értéke 11,57%, míg a referencia populációban 14,33%. A két állományban az eltérés szinte nem számottevő. Ezek magasabbak, mint PJONTEK et al. (2012) lipicai (3,73) és shagya arab (3,08), valamint DURU et al. (2012) arab telivér (9,5) lovakra kapott értékei. Mivel a fajta vonatkozásában a koefficiens értéke nagyobb, mint Wright-féle beltenyésztési együtttható fele, az érték megerősíti, hogy rokon egyedek kerültek párosításra.

A 2023-ban aktív haflingi állomány beltenyésztettségének az értéke 9,56%. A teljes populációnál számított értékhez képest a referencia állomány esetében növekedést tapasztaltam. GANDINI et al. (1992) alacsonyabb értékeket számítottak az olaszországi haflingi állományra, ahol a legnagyobb beltenyésztettséget az 1925-1933 közötti időszakra tették. POTOČNIK et al. (2009) a szlovén haflingi állományt vizsgálta a 1998-2008 közötti időszakban. Az általuk számított beltenyésztési együttthatók (0,01-0,05) lényegesen alacsonyabbak a magyarországi állomány származási adataiból becsült értékeknél.

SABBIONI et al. (2007) munkájában az olaszországi haflingi állományra, valamint a mének genealógiai vonalaira készített beltenyésztettségi vizsgálatot. Az állományra 2,16 értéket az „A vonal” 1,74, „B vonal” 2,31, „M vonal” 2,05, „N vonal” 2,27, „S vonal” 3,05, „ST vonal” 2,27,

„W vonal” 2,35 értéket kapott, amelyek mindegyike alacsonyabb a jelen munkában számított értékeknél.

PJONTEK et al. (2012) lipicai (4,02) és shagya-arab (3,95) lovakra, valamint DURU et al. (2017) arab telivérekre (4,6) egyaránt alacsonyabb értéket közölt, mint az általam számított. A 2023-ban aktív haflingi állomány beltenyésztettségének az értéke 9,56%. A teljes populációnál számított értékekhez képest a referencia állományok esetében növekedést tapasztaltam. A Wright-féle beltenyésztési együttható Kalinowski-féle szétbontásakor látható, hogy a beltenyésztettség nagyobb arányban régről jövő, a közel múltban homozigóta állapotba került allél párok aránya kisebb. Ez a tendencia hasonló a POSTA et al. (2020) hucul fajtánál, valamint KLEIN et al. (2022) mezőhegyesi lófajtánál tapasztalt eredményeihez.

9. táblázat: A fajta beltenyésztettségének értékeit mutató különféle számítási módok

Számítási mód	Teljes állomány	Referencia állomány
Átlagos rokonsági fok (%)	11,57	14,33
Wright-féle (%)	6,35	9,56
Kalinowski-féle (%)	3,98	7,57
Új Kalinowski-féle (%)	2,37	1,99
Ballou-féle (%)	22,42	42,83
AHC	33,10	74,01

Forrás: Saját szerkesztés

A 10. táblázat a 10 legmagasabb beltenyésztettséggel rendelkező egyedet mutatja be. Két aktív fedezőmén mellett a további egyedek kancák. A lista első három helyén található kancákat, illetve a 6290 Steiner nevű mént Magyarországon tenyésztették, a többi egyedet Ausztriából importálták.

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

Egyed	Születési év	Ivar	Apa	Anya	Wright (%)
Elinor	2017.	kanca	4234 Vidám Suttogó	Evetke	19,34
Szép Hercegnő	2015.	kanca	4234 Vidám Suttogó	21 Linda HI	19,31
Elza	2016.	kanca	5245 Mondrian HI	Emi	19,30
Abnoba	2018.	kanca	Belando	Argentina	16,51
Lemara	2010.	kanca	Alpenstein 150/T	Leruna	15,33
Oliva	2000.	kanca	Maverick	Oregon	14,93
5886 Waidmann-U	2014.	mén	Winterstern	Fliecka-Fella	14,32
Bellaja	2019.	kanca	Alpenblick	Beluna	14,15
Athina	2015.	kanca	Atlantic	Amyra	13,63
6290 Steiner	2015.	mén	Sternbild	Miss Angelo W	12,76

Forrás: Saját szerkesztés

A 4. ábra az Elinor nevű kanca öt generációs származási lapját mutatja be. Az ábrán pirossal kiemelve jól látható, hogy egy féltestvér párosítást hajtottak végre. A Wright-féle beltenyésztési együttthatója ennek az egyednek 19,34%. Ez azt jelenti, hogy öt generáción túl is már megtörtént a rokon egyedek párosítása, mivel meghaladja az érték a 15,5%-ot.

Azonosítója: HI170040000

Neve: *Elinor*

Neme kanca

Eredeti neve:

Apa

4234 Vidám Suttogó
SY980110000
1998.04.29.
sárga

3077 Vidám

IM929930000
1992.(sárga
Wechsler

6 Edda

XX000202327
1983.(sárga

1438 Winzer 182143883
XX000860003
1983. sárga

Lamara 1821274681
XX000050410
1981.(sárga

1186 April St. F.
XX000202328
1974.(sárga

3306 Esmaralda
XX000202335
1978.(sárga

3143 Apolló

IM931350095
1993.(sárga
Robi

6 Edda

XX000202327
1983.(sárga

Apoll I 610031789
XI000500008
1989.(sárga

Meanette H 610022377
XI000500014
1977.(sárga

1186 April St. F.
XX000202328
1974.(sárga

3306 Esmaralda
XX000202335
1978.(sárga

Wildmoos 182129578
Katja 12233 T

Stereo 182113272
Lucia 9573 T

807 Antrieb
9182 Flausch T.

1167 Wacker St. F.
2797 Eskapade

Andy 610035184
Amora H 830355481

Mano I 610192072
Birke H 610018168

807 Antrieb
9182 Flausch T.

1167 Wacker St. F.
2797 Eskapade

Wotan 182-1051-69
Panja 182-11071-74/T
Montafon 020118874
Kolibri 10704 T

Steinadler 182090165
Hannerl 9005 T
Strand 182-0328-55
Luna H 1745 Ist

253 Adler
Marmolada 6215/T
Stilfser 182069961
7152 Plucht T.

975 Walli F.
9894 Conda T. F.
848 Milan-194 F.
2632 Elena I. F.

Atlas I 420116079
Nelli H-610026371
Amoral 837039276
Ria 837089265

Magnus 610001667
Pandura 610015767
Nachbar I 610001061
Blanka H 6100133

253 Adler
Marmolada 6215/T
Stilfser 182069961
7152 Plucht T.

975 Walli F.
9894 Conda T. F.
848 Milan-194 F.
2632 Elena I. F.

4. ábra: A legmagasabb beltenyésztettségű együtthatójú egyed származási lapja

Forrás: Saját szerkesztés

4.6. Az állomány effektív populációméretének értékelése

Az effektív populációméret megtartása nemcsak a géntartalékvédelem alatt álló fajták esetében, de a nagylétszámú árutermelő, illetve világfajták esetében is fontos. Különböző módokon számított effektív populációméret értékeket a 11. táblázat mutatja be. A beltenyésztési együtttható növekedése alapján számított érték a teljes és a referencia populáció esetében is 50 körüli, míg a teljes generációs ekvivalens alapján meghatározott értékek némileg magasabbak, 60 körül mozognak. Az utóbbi értékek beleillenek a genetikai diverzitás fenntartásához minimálisan szükséges 50 és 100 közötti intervallumba, de felhívják a figyelmet a fitness tulajdonságok különös figyelemmel kísérésére, mivel azokban könnyen bekövetkezhet leromlás. Az általam számított értékek elmaradnak GANDINI et al. (1992) által az olasz haflingi állományra közöltekétől. Ugyancsak magasabb értékeket közöltek PJONTEK et al. (2012) lipicai (117,14) és shagya arab (109,8), valamint BOKOR et al. (2013) angol telivérekre (159,12).

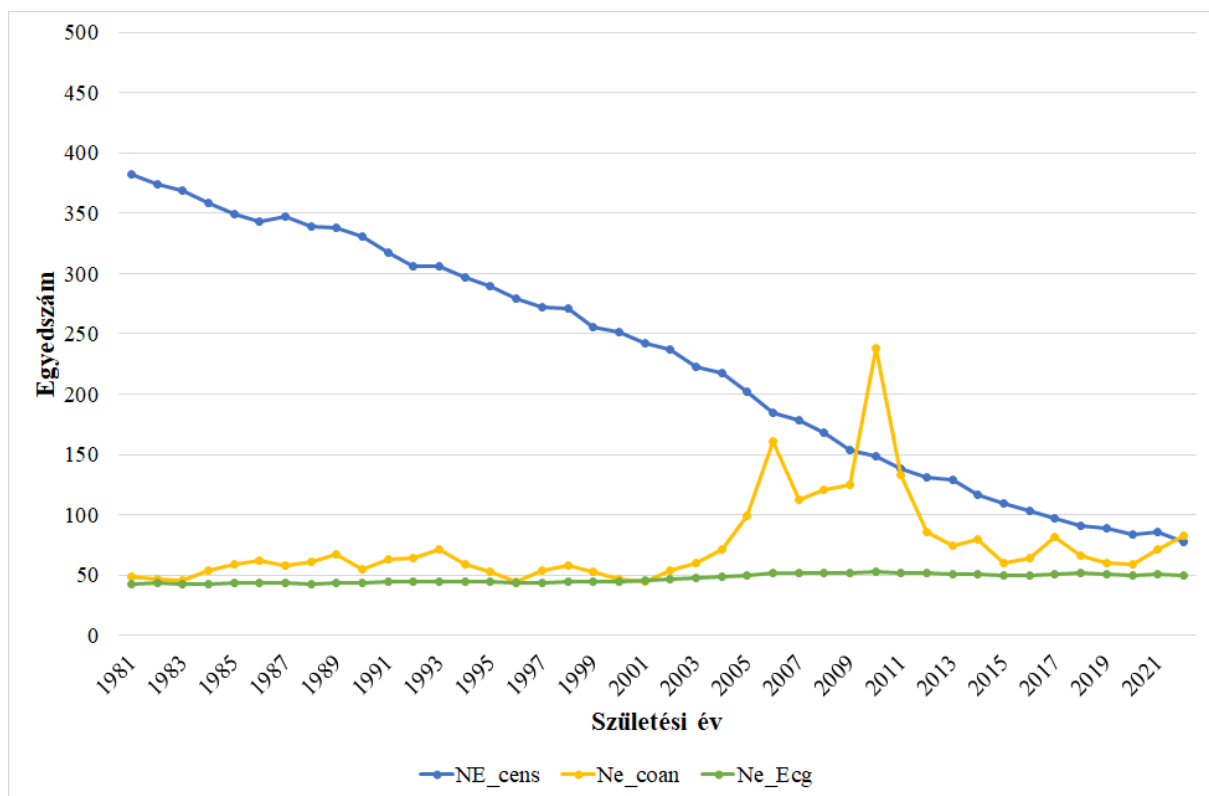
11. táblázat: A fajtára jellemző effektív populációméret

Számítási mód	Teljes állomány	Referencia állomány
N_{ef}	56,07	47,92
N_{reg}	58,22	62,02

N_{ef} : a beltenyésztési együtttható növekedésén alapuló effektív populációméret; N_{reg} : a teljes generációs ekvivalens alapján számított effektív populációméret;

Forrás: Saját szerkesztés

Az effektív populációméret évenkénti alakulását az 5. ábra szemlélteti. Az adott nemzedékben lévő szülők alapján (Wright-féle képlet) számított effektív populációméret folyamatosan csökkent, míg a teljes ősi sorokkal bíró (GUTIÉRREZ et al., (2009) képletével) szülők alapján számított effektív populációméret 50 körül realizálódott.



5. ábra: Az effektív populációméret évenkénti változása

Forrás: Saját szerkesztés

5. Következtetések és javaslatok

A kutatásom során igyekeztem a lehető legutolsó ismert ősig visszavezetni a 2023.-as évvel bezárólag Magyarországra importált, majd tenyésztőszervezeti nyilvántartásba vett egyedek, illetve azok tenyészállattá minősített leszármazottjait. A referencia populáció egyedeit illetően viszonylag hosszú pedigrek álltak a rendelkezésemre, ezt a pedigreteljességet jellemző mutatószámok is bizonyították.

A pedigreteljesség során kiszámított értékek a referencia populációra vonatkozóan, a maximálisan ismert generációk száma 26. A teljes ismert ősi sorok száma mutatja, hogy bármelyik egyed származása mennyi teljes generációra nézve ismert. Itt elmondható, hogy heterogén képet kaptam, 6,34 generációval. A teljes generációs ekvivalens megadja, hogy átlagosan mennyi generációnyi információ áll rendelkezésre az egyedről, itt 11,76 eredményt kaptam.

A nemzedékköz értékeiről elmondható, hogy közel azonos értéket mutatnak. A leghosszabb nemzedékközt 9,09 évet a tenyészkanca - kancacsikó leszármazási úton tapasztaltam. A legrövidebb nemzedékközt 8,16 évet a ménelőállító mén leszármazási úton kaptam. Ezekből a számokból elmondható, hogy egy egyedet nem tartanak sokáig a tenyésztésben. Ezzel a módszerrel dolgozik a kitenyésztő ország is, az Ebbs-i székhelyű Tiroli Haflingi Tenyésztők Egyesülete, akik megközelítőleg 30 év alatt teljesen átfomálták a fajtát. Egy igen gyors nemzedékváltás következtében a régi típusú, kisebb méretű málhás lovat, egy mai modern kori könnyű hátsólóvá formálta, megnövekedett marmagassággal, és sportra való alkalmassággal. A magyar tenyésztőszervezet is igyekszik a saját lehetőségükhöz mérten ezen példát követni.

A nem alapító ősök tényleges száma az aktív populáció esetében lényegesen kevesebb egyeddel írható le, ami a genetikai variabilitás jelentős mértékű csökkenésére utal. Az állomány genetikai szerkezetének változásáról általánosságban elmondható, hogy az azonos arányokhoz tartozó teljes és referencia populáció értékek között jelentős különbségek vannak. Ezen különbségek nagymértékű génvesztésre utal. Erre utal az is, hogy a 2023-ban 88 egyed aktív haflingi populációt mindössze 85 őssel írható le, miközben a teljes populációt 449 ősz fedte le.

A legmeghatározóbb egyedek hozzájárulásának mértéke a két táblázatban közel hasonló eredményt mutat. Az első hét helyen mind a teljes-, és referencia állományban is ugyan azok az egyedek találhatóak. Itt a születési évük is arról árulkodik, hogy a fajta kialakítására

igyekeztek a legmegfelelőbb egyedeket használni. Ezek a lovak szilárdították meg a fajta alapját.

Az átlagos rokonsági fok is szinte azonos a teljes-, és referencia populációban. A fajta vonatkozásában a koefficiens értéke nagyobb, mint Wright-féle beltenyésztési együttható fele, az érték megerősíti, hogy rokon egyedek kerültek párosításra. Ezt mutatja a legmeghatározóbb egyedek hozzájárulásának mértéke is. A kifejezetten szoros rokontenyésztést a fajta megszilárdítására használták, tehát ez a nagymértékű rokontenyésztés a régmúltban, az 1900-as évek elejére volt jellemző. Mára a lehető legnagyobb mértékben igyekeznek ezt elkerülni, mivel egy zárt törzskönyvű populációról beszélünk.

A fajta beltenyésztettségének értékeit mutató különféle számítási módok a referencia állományban mindig nagyobb számot mutatnak a teljes állománytól. A Wright-féle beltenyésztési együttható Kalinowski-féle szétbontásakor látható, hogy a beltenyésztettség nagyobb arányban régről jövő, a közel múltban homozigóta állapotba került allél párok aránya kisebb.

A tíz legmagasabb beltenyésztési együtthatójú egyedek közül a referencia állományban, Elinor 2017.-es születésű kancára nagy figyelmet kell fordítani a tenyésztő szervezetnek, hogy a 19,34%-os érték ne nőjön tovább.

Az effektív populációméret valamennyi számítási módon veszélyesen csökken, ami a párosítási tervek elkészítésekor fokozott figyelmet igényel.

A mesterséges termékenyítés elfogadott a haflingi fajtában. Ezáltal a tenyésztők számára megnyílik a lehetőség azon külföldi ménnek felé, amelyek mesterséges termékenyítésre is engedélyezettek. Így Európán belül könnyen hozzáférhetőek minőségi mének szaporítóanyagai, és ezáltal valamelyest csökkenteni lehet a beltenyésztettséget.

Összefoglalás

Az emberiség egyik jól felfogott érdeke, hogy védekezzen a genetikai változatosság csökkenése ellen, valamint az idők során kialakult fajták minél szélesebb körének a megőrzése. A tenyésztői tevékenység során minden egyes génváltozatra nagy szükség van, így fokozott figyelmet kell fordítani a jelenleg rendelkezésre álló genetikai alapok megóvására. A kis létszámú fajták különösen veszélyeztetettek, így ezeknél kiemelten fontos az, hogy állományukat megőrizzék és fenntartsák. Sohasem tudhatjuk, hogy mikor is lesz szükségünk egy meglévő, ugyan gazdaságilag jelentéktelennek tűnő genetikai tulajdonságra.

Az egyre növekvő piac és a sokszínű vásárlói kívánság miatt vannak olyan fajták, amelyek jelentősen a háttérbe szorultak, mivel képtelenek voltak versenyt tartani az új modern fajtákkal, hibridekkel. Egyik jó példa erre a lótenyésztés is.

Egy adott populáción belül a genetikai variabilitásnak és a génáramlásnak megbecsülése nélkülözhetetlen a már meglévő genetikai állományhoz tartozó szelekciós program kidolgozása előtt. Olyan tevékenységeket tárhatnak fel, amelyek fontos hatással bírnak a populáció szerkezetének valamint demográfiai összetételének elemzésére.

Dolgozatomban a Magyarországra behozott, valamint itt született és import egyedeket kerestem vissza a legutolsó ismert ősig. Célkitűzésemben áll a különféle populációgenetikai mutatóknak vizsgálata: a pedigrelteljesség, a generációs intervallum, a genetikai variabilitás, a legmeghatározóbb egyedek hozzájárulásának mértéke, az átlagos rokonsági fok, valamint a beltenyésztettségnek mérése.

A vizsgálatom középpontjában a magyarországi haflingi lóállomány és azok utolsó ismert ősei álltak. A vizsgálatom alapját a 2023. évvel bezárólag Magyarországra importált, majd tenyésztőszervezeti nyilvántartásba vett egyedek, illetve azok tenyészállattá minősített leszármazottai adták. A származási adatokat a Póni és Kislótenyésztők Országos Egyesülete bocsátotta rendelkezésemre. A bizonytalan eredetű egyedek felkutatására az Ebbs-i székhelyű Tiroli Haflingi Tenyésztők Egyesülete nyújtott segítséget. Közreműködésükkel kaptam adatokat a további osztrák tenyészkörzetektől (Alsó-Ausztria, Felső-Ausztria, Karintia, Salzburg, Stájerország), valamint dél-Tirolból és Olaszországból, illetve Hollandia, Németország tenyésztőszervezeteitől.

A kutatásom során a teljes állomány összesen 4341 egyedből állt. A 2023-as évben aktív, tenyésztésben lévő egyedek száma 88, ezeket az egyedeket a dolgozatomban referencia állományként említek.

A kutatásom során Microsoft Access 2010 programban dolgoztam. Itt adatbázist készítettem az egyedekről, amely tartalmazta az adott egyed nevét, ivarát, apja és anyja nevét, születési idejét, fajtáját és azonosítóját. Az elemző szoftverekhez használható bementi fájlok elkészítéséhez a Microsoft Excel 2010 programot használtam.

Az így elkészült pedigrefájlt a Pedigree Viewer 6.0 (KINGHORN, 1994) használatával ellenőriztem. A pedigreeelemzés során használt mutatók kiszámítása az ENDOG 4.8 (GUTIÉRREZ – GOYACHE, 2005) és POPREP (GROENEVELD et al., 2009) szoftverekkel történt. A beltenyésztettség mutatószámait a GRain 2.2 (DOEKES et al., 2020) használatával számítottam.

A maximálisan ismert nemzedékek száma meghaladja a 26 generációt. A referencia populációban összesen 9 olyan egyed található, amelynek több mint 8 nemzedékre visszavezethető teljes származása van. A legmélyebb teljes származással az alábbi ménnek: 6290 Steiner, 6327 Alex, 6805 Norre-C, 6806 Stern és kancák: Athina, Bella, Bellaja, Glória HI, Lottie rendelkeznek. A teljes generációs ekvivalens értéke 11,76.

A haflingi populációban a leghosszabb generációs intervallumot 9,09 évet a tenyészkanca - kancacsikó leszármazási úton tapasztaljuk. Az egymást követő generációk között a legrövidebb időt a mén – méncsikó leszármazási úton kapjuk, 8,16 év. Számításaim szerint a kancákat közel egy évvel hosszabb ideig tartották tenyésztésben. Ez úgy is értelmezhető, hogy az ivadékaik megszületésekor a kancák átlagosan egy évvel idősebbek, mint a ménnek.

Az alapító ősök számában a teljes és a jelenleg aktív tenyészállomány között alig tapasztalható eltérés. A nem alapító ősök tényleges száma az aktív populáció esetében lényegesen kevesebb egyeddel írható le. Az alapító ősök effektív száma az alapító ősök számához hasonlóan közel megegyező. Az effektív és a valós számok közötti igen nagymértékű különbség miatt a genetikai variabilitás jelentős mértékű csökkenésére következtethetünk. A 2023-ban 88 egyed aktív haflingi populáció mindössze 85 össel írható le, miközben a teljes populációt 449 ős fedte le. A teljes és a jelenleg aktív állomány genetikai variabilitását leginkább az 1907-es születésű Ohast n. Moelten nevű kanca befolyásolja 14.25%, illetve 15,32%-os hozzájárulási értékeivel. A hazai állományban a fedezőménnek közül a 4039 Nico, a tenyészkancaik közül a 21 Linda HI rendelkezik a legtöbb nyilvántartásba vett ivadékkal. A Wright-féle beltenyésztési együttható

Kalinowski-féle szétbontásakor látható, hogy a beltenyésztettség nagyobb arányban régről jövő, a közelmúltban homozigóta állapotba került allél párok aránya kisebb.

Az effektív populációméret megtartása nemcsak a géntartalékvédelem alatt álló fajták esetében, de a nagylétszámú árutermelő, illetve világfajták esetében is fontos. A különböző módokon számított effektív populációméreték értéke folyamatosan csökkenő irányt mutatnak. A beltenyésztési együttható növekedése alapján számított érték a teljes és a referencia populáció esetében is 50 körüli, míg a teljes generációs ekvivalens alapján meghatározott értékek némileg magasabbak, 60 körül mozognak. Ez felhívja a figyelmet a fitness tulajdonságok különös figyelemmel kísérésére, mivel azokban könnyen bekövetkezhet leromlás.

A mesterséges termékenyítés elfogadott a haflingi fajtában. Ezáltal a tenyésztők számára megnyílik a lehetőség azon külföldi ménnek felé, amelyek mesterséges termékenyítésre is engedélyezettek. Így Európán belül könnyen hozzáférhetőek minőségi mének szaporítóanyagai, és ezáltal valamelyest csökkenteni lehet a beltenyésztettséget.

Irodalomjegyzék

1. **BALLOU, J.D. (1997):** Ancestral inbreeding only minimally affects inbreeding depression in mammalian populations. *Journal of Heredity*. 88, 169–178.
2. **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.
3. **BODÓ I. (1991):** A géntartalékok megőrzése az állattenyésztésben. MTA Disszertáció. Budapest
4. **BODÓ I. (2002):** A biológiai sokféleség megőrzése a magyar háziállatfajtákban. *Acta Agraria Debreceniensis*. 9, 18–29.
5. **BODÓ I. (2011):** Háziállatok génvédelme. Debrecen, Debreceni Egyetemi Kiadó, 116.
6. **BODÓ I. – HECKER W. (2013):** Lótenyésztés, lótartás, lóhasználat. Mezőgazda Kiadó, Budapest, 402.
7. **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*. 29–33.
8. **BOKOR Á. – JÓNÁS D. – BART, D. – NAGY I. – BOKOR J. – SZABARI M. (2013):** Pedigree analysis of the Hungarian Thoroughbred population. *Livestock Science*. 151, 1–10.
9. **BOKOR Á. – JÓNÁS D. – PONGRÁCZ L. – BOKOR J. – SZABARI M. (2010):** Populáció-genetikai vizsgálatok a magyarországi angol telivér állományban. *Állattenyésztés és Takarmányozás*. 59 (4), 311–332.
10. **CERVANTES, I. – MOLINA, A. – GOYACHE, F. – GUTIÉRREZ, J. P. – VALERA, M. (2008):** Population history and genetic variability in the Spanish Arab Horse assessed via pedigree analysis. *Livestock Science*. 113, 24–33.
11. **COLLEAU, J.J. (2002):** An indirect approach to the extensive calculation of relationship coefficients. *Genetics Selection Evolution*. 34, 409–421.
12. **CURIK, I. – ZECHNER, P. – SÖLKNER, J. – ACHMANN, R. – BODO, I. – DOVC, P. – KAVAR, T. – MARTI, E. – BREM, G. (2003):** Inbreeding, Microsatellite, Heterozygosity, and Morphological Traits in Lipizzan Horses. *Journal of Heredity*. 94. 2. 125-132

13. **DE ROCHAMBEAU, H. – FOURNET-HANOCQ, F. – VU TIEN KHANG, J. (2000):** Measuring genetic variability in small populations. *Annales de zootechnie*, 49, 77–93.
14. **DELGADO, J. F. – DE ANDRÉS, N. – VALERA, M. – GUTIÉRREZ, J. P. – 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.
15. **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.
16. **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, 155.
17. **DRUML, T. (2012):** Genetisches (Un)Gleichgewicht. *Pferderevue*, 11:48-53.
18. **DURU, S. (2017):** Pedigree analysis of the Turkish Arab horse population: structure, inbreeding and genetic variability. *Animal*. 11, 1449–1456.
19. **FALCONER, D. S. – MACKAY, T. F. C. (1996):** Introduction to Quantitative Genetics. 4th Ed. Longman, London, 464.
20. **FAO (1998):** Secondary Guidelines for Development of National Farm Animal Genetic Resource Management of Small Populations at Risk. FAO, Rome,
21. **FARIA, R. A. S. – MAIORANO, A. M. – BERNARDES, P. A. – PEREIRA, L. G. – SILVA, M. G. B. – CURI, R. A. – VASCONCELOS SILVA, J. A. (2018a):** Assessment of pedigree information in the Quarter Horse: Population, breeding and genetic diversity. *Livestock Science*. 214, 135–141.
22. **FARKAS J. – CURIK, I. – CSATÓ L. – CSÖRNYEI Z. – BAUMUNG, R. – NAGY, I. (2007):** Bayesian inference of inbreeding effects on litter size and gestation length in Hungarian Landrace and Hungarian Large White pigs. *Livestock Science*. 112, 109–114.
23. **FRANKHAM, R. – BALLOU, J. D. – BRISCOE, D. A. (2002):** Introduction to conservation genetics. Cambridge University Press, Cambridge, 617.

24. **GANDINI, G.C. - BAGNATO, A. - MIGLIOR, F. - PAGNACCO, G. (1992):** Inbreeding in the Italian Haflinger horse. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 109. 433-443.
25. **GANDINI, G.C. - SAMORE, A. - PAGNACCO, G. (1997):** Genetic contribution of the Arabian to the Italian Haflinger horse. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 114, 457-464
26. **GÁSPÁRDY A. – JÁVORKA L. – VÖLGYI-CSÍK J. (2003):** Nemzedékköz és nemzedékváltás. *Mezőhír*. 3, 94–96.
27. **GIONTELLA, A. – PIERAMATI, C. – SILVESTRELLI, M. – 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.
28. **GONZÁLEZ-RECIO, O. – LÓPEZ DE MATURANA, E. – GUTIÉRREZ, J. P. (2007):** Inbreeding depression on female fertility and calving ease in Spanish dairy cattle. *Journal of Dairy Science*. 90, 5744–5752.
29. **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.
30. **GUTIÉRREZ, J. P. – CERVANTES, I. – GOYACHE, F. (2009):** Improving the estimation of realized effective population size in farm animals. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 126, 327-332.
31. **GUTIÉRREZ, J. P. – GOYACHE, F. (2005):** A note on ENDOG: a computer program for analysing pedigree information. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 122, 172–176.
32. **HALL, S. J. G. (2016):** Effective population sizes in cattle, sheep, horses, pigs and goats estimated from census and herdbook data. *Animal*. 10 (11), 1778–1785.
33. **HECKER W. (1994):** A Bábolnai Arab Ménes. ISG-kiadó, Gerlikon, 205 p.
34. **HERNECZKY F. (2006):** A haflingi „szőke”. *Magyar mezőgazdaság*, 61. évf. 4. sz. 62. old.
35. **HILL, W. G. (2000):** Maintenance of quantitative genetic variation in animal breeding programmes. *Livestock Production Science*. 63, 99–109.

36. **JAMES, J. W. (1972):** Computation of genetic contributions from pedigrees. Theoretical and Applied Genetics. Genet., 42, 272–273.
37. **KALINOWSKI, S. T. – HEDRICK, P. W. – MILLER, P. S. (2000):** Inbreeding Depression in the Speke's Gazelle Captive Breeding Program. Conservation Biology. 14, 1375–1384.
38. **KLEIN R. – OLÁH J. – MIHÓK S. – POSTA J. (2022):** Pedigree based description of three traditional Hungarian horse breeds. Animals, 12, 16, 2071
39. **KOENIG, S. – SIMIANER, H. (2006):** Approaches to the management of inbreeding and relationship in the German Holstein dairy cattle population. Livestock Science. 103, 40–53
40. **LACY, R.C. (1989):** Analysis of founder representation in pedigrees: founder equivalents and foundergenome equivalents. Zoo Biology. 8 (2), 111–123.
41. **LACY, R.C. (1995):** Clarification of genetic terms and their use in the management of captive populations. Zoo Biology. 14 (6), 565–578.
42. **MACCLUER, J.W. – VAN DE BERG, J.L. – READ, B. – RYDER O.A. (1986):** Pedigree analysis by computer simulation. Zoo Biology. 5 (2). 147–160.
43. **MIHÓK S. – ERNST J. (2015):** A gidrán. Mezőgazda Kiadó, Budapest, 303.
44. **MIHÓK S. – NÉMETH Z. (2014):** Tenyésztési programok, állománylétszámok, Debrecen ISBN 978-963-89417-1-8
45. **NAGY I. (2016):** Kvantitatív genetikai vizsgálatok multipara állatfajokban. Akadémiai doktori értekezés
46. **NAGY I., – CURIK, 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, 1267–1275
47. **NEI, M. – MARUYAMA, T. – CHAKRABORTY, R. (1975):** The bottleneck effect and genetic variability in populations. Evolution Int. Journal of Organic Evolution. 29. 1.
48. **NYÁRI L. (2005):** Házi berkenye (*Sorbus domestica* L.) és barkócaberkenye (*Sorbus torminalis* (L.) Crantz) populációk génmegőrzése a Magyar-középhegységben. PhD Értekezés, Nyugat-Magyarországi Egyetem
49. **PATAKI B. (2008):** A haflingi. Kistermelők lapja, 52. évf. 10. sz. 37. old.

50. **PAUL, W. (1988):** Haflinger in Europa. Friedberg: L.B. Ahnert-Verlag
51. **PIRCHNER, F. (1968):** Populáció genetika az állattenyésztésben. Mezőgazdasági Könyvkiadó, Budapest, 60–66.
52. **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.
53. **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.
54. **POSTA J. – SOMOGYVÁRI E. – MIHÓK S. (2020):** Historical Changes and Description of the Current Hungarian Hucul Horse Population. Animals, 10, 1242
55. **POSTA J. – SZABÓ P. – KOMLÓSI I. (2016):** Pedigree analysis of Mangalica pig breeds. Annals of Animal Science. 16 (3), 701–709.
56. **PREINERSTORFER, A. (2009):** Pedigree Analyse beim österreichischen Haflinger. Masterarbeit. Universität für Bodenkultur, Wien.
57. **SABBIONI, A. - BERETTI, V. - TREZZI, M.F. - SUPERCHI, P. (2007):** Genetic variability and population structure in the Italian Haflinger horse from pedigree analysis. Ann. Fac. Medic. Vet. di Parma, Vol. XXVII, 199-210
58. **SCHWEISGUT, O. (2005):** Haflinger Das goldene Pferd mit dem goldenen Herz. Ebbs ISBN 3-902154-06-3
59. **SIGURDSON, A. – JONMUDSON, J. V. (1995):** Inbreeding and its impact in the closed population of Icelandic dairy cattle. Acta Agriculturae Scandinavica. 45, 11–16.
60. **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.
61. **SZABÓ F. – KOMLÓSI I. – POSTA J. (2011):** Állattenyésztési genetika (e-book) <https://dtk.tankonyvtar.hu/xmlui/handle/123456789/8541>
62. **TE BRAAKE, M. F. H. – GROEN, A. F. – VAN DER LUGT, A. W. (1994):** Trends in inbreeding in Dutch Black and White dairy cattle. Journal of Animal Breeding and Genetics. 111, 356–366.

63. **THURNER, K. (1938):** Der Haflinger und seine Zuchtgebiete. Stutbuch der Tiroler Haflinger-Zuchtgenossenschaften. Innsbruck, Leipzig: Kommissions-Verlag Felizian Rauch.
64. **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, 57–66.
65. **VÍGH ZS. – CSATÓ L. – NAGY I. (2008):** A pedigré analízisben alkalmazott mutatószámok és értelmezésük. Szakirodalmi áttekintés. *Állattenyésztés és Takarmányozás*. 57 (6), 549–564.
66. **WOOLIAMs, J. A. – PONG-WONG, R. – VILLANEUVEA, B. (2002):** Strategic optimisation of short and long term gain and inbreeding in MAS and non-MAS schemes, in: *Proc. 7th World Cong. Genet. Appl. Livest. Prod.*, Montpellier, INRA, Castanet-Tolosan, France, CD-Rom, comm. (23) 02.
67. **WRIGHT, S. (1922):** Coefficients of inbreeding and relationship. *The American Naturalist*. 56, 330-338.
68. **WRIGHT, S. (1923):** Mendelian analysis of the pure breeds of livestock. *Journal of Heredity*, 14, 339-348.
69. **WRIGHT, S. (1931):** Evolution in Mendelian populations. *Genetics*. 16, 97–159.
70. **ZECHNER, P. – SÖLKNER, J. – BODÓ, I. – DRUML, T. – BAUMUNG, R. – ACHMANN, R. – MARTI, E., HABE, F. – BREM, G. (2002):** Analysis of diversity and population structure in the Lipizzan horse breed based on pedigree information. *Livestock Production Science*. 77. 2-3. 137-146.

Ábrák, táblázatok jegyzéke

Ábrák:

1. ábra: Az évenkénti pedigrelteljesség alakulása	18
2. ábra: 2023-ig tenyésztői nyilvántartásba vett tíz legtöbb ivadékot adó fedezőménje ...	23
3. ábra: 2023-ig tenyésztői nyilvántartásba vett legtöbb ivadékot adó kancája	24
4. ábra: A legmagasabb beltenyésztettségi együtthatójú egyed származási lapja	29
5. ábra: Az effektív populációméret évenkénti változása	31

Táblázatok:

1. táblázat: A fajta referencia populációjának pedigrelteljesség értékei (generációk)	16
2. táblázat: Generációs intervallum	19
3. táblázat: Az ősök változékonyságát leíró mutatók	20
4. táblázat: Az állomány genetikai szerkezetének változatosságáért felelős egyedek száma	21
5. táblázat: A legmeghatározóbb ősök genetikai variabilitása a teljes állományra vonatkozóan	22
6. táblázat: A legmeghatározóbb ősök genetikai variabilitása a referencia állományra vonatkozóan	22
7. táblázat: A legmeghatározóbb ősök megoszlása osztrák haflingi állományban	25
8. táblázat: A haflingi nemzedékek beltenyésztési együtthatójának alakulása	26
9. táblázat: A fajta beltenyésztettségének értékeit mutató különféle számítási módok	27
10. táblázat: A legmagasabb beltenyésztettségi együtthatójú egyedek a referencia populációban	28
11. táblázat: A fajtára jellemző effektív populációméretek	30