

**Doktori (PhD) értekezés tézisei**

**A mezőhegyesi történelmi lófajták  
populációgenetikai értékelése**

Klein Renáta

Témavezető: Dr. Posta János  
*egyetemi docens*



**DEBRECENI EGYETEM**

**Állattenyésztési Tudományok Doktori Iskola**

Debrecen, 2023

## 1. A doktori értekezés előzményei és célkitűzései

Az ember átformálja a környezetét, a természetet, beleértve az általa alkotott háziállatokat és a termesztett növényvilágot is. Ezt a saját jól, vagy kevésbé jól felfogott érdekei szerint teszi (BODÓ, 2002). Az állattenyésztés feladata az emberiség igen széleskörű, állatokra alapozott szükségleteinek kielégítése, ezáltal nagy genetikai értékű állományok létrehozása és fenntartása (BODÓ, 2011; VÍGH et al., 2008). Az elmúlt évezredek során e szükségletek folyamatosan változtak. Az egyes lófajták létrejöttének oka valamilyen emberi érdek kielégítése. Évszázadokon át igaz volt, hogy a lófajták széles körét a hadviselés igényeinek kiszolgálása adta, azon fajták száma kevés, amelyek más igény mentén jöttek létre (MIHÓK, 2014).

A hatezer éves ló-ember kapcsolatban a ló a XX. század első harmadáig a hadviselés nélkülözhetetlen eleme (BODÓ és HECKER, 2013). Az 1784-ben katonai ménesként alapított Mezőhegyesi ménesben – a világon egyedülálló módon – három őshonos lófajta is kitenyésztésre került: a furioso-north star, a gidrán és a nóniusz. A fentiek mindegyike – a maga nemében – egyedülálló használati típust képviselt. A gidránt könnyű-, a furioso-north start nehézhátas, a nóniuszt tüzérhámos feladatokra tenyésztették ki (SZ. BOZSIK, 1985).

Napjaink megváltozott lóhasználatában a ló már nem lát el hadászati feladatokat, használata a motorizáció széles körű elterjedése révén a mezőgazdaságból, a személy- és áruszállításból is fokozatosan kiszorult. Gazdasági haszonállatból a szabadidő eltöltésének népszerű társállatává vált (BODÓ és HECKER, 2013). Az elmúlt évszázadokban őshonos lófajtáink tenyésztését sok döntés befolyásolta, állományuk lecsökkent és megszenvedték a palacknyak hatást is. Tenyészcéljuk megváltozott, a katonai alkalmazás helyett a szabadidős használat céljai váltak irányadóvá, ami olykor jellegükön is módosított. De ezek a döntések vezettek el a populációk jelenlegi genetikai állapotáig, amelyeknek felmérése és pontosítása indokolt. Az állományok génszerkezetének feltárása időszerűvé vált, hiszen így van esély magyar lófajtáink következő évtizedekre való átmentésére (a génvédelem szabályai szerinti tenyésztés esetén). Az elmúlt évtizedekben a populációgenetika felértékelődött, az e tudományterület révén kapott eredmények segítenek a populációk fennmaradását segítő génmegőrzési-, géntartalékvédelmi programok kialakításában, tervezésében is.

A 32/2004. (IV. 19.) országgyűlési határozat – a védett őshonos vagy veszélyeztetett, magas genetikai értéket képviselő tenyésztett magyar állatfajták nemzeti kincsé nyilvánításáról – az értekezésben tárgyalt mindhárom őshonos lófajtát nemzeti kincsé nyilvánította.

A feljegyzett származások, más néven pedigrek, régóta szolgáltatnak információt a kvantitatív genetikai becslésekhez (ČAČIĆ et al., 2014). A pedigréanalízis módszere a populációgenetikai vizsgálatok elvégzésére az utóbbi évtizedekben népszerűvé és elterjedtté vált. Használatával számos világ- és helyi jelentőségű fajta populációgenetikai állapotfelmérését végezték már el.

#### **Célkitűzés:**

- A Mezőhegyesről származó őshonos lófajták, a gidrán, a nóniusz és a furioso-north star populációgenetikai állapotfelmérése a pedigréelemzés módszereivel.
- Az állományok genetikai diverzitásának felmérése. A jelen populációkra legnagyobb hatást gyakorló egyedek és a genetikai variabilitáshoz való hozzájárulásuk arányának megállapítása.
- A populációkat vélhetően többször is sújtó palacknyak hatás számszerűsítése.
- A beltenyésztettség meghatározása állományok szintjén különféle számítási módú beltenyésztési együtthatókkal.
- A vizsgált fajták genetikai diverzitására leginkább hatással lévő ősök azonosítása.
- A parciális beltenyésztettség meghatározása a fajta-, illetve vonalalapító ménekre vonatkoztatva.

## 2. Anyag és módszer

### 2.1. Anyag

A kiindulási alapul szolgáló adatbázisokat a gidrán, a nóniusz és a furioso-north star fajták fajtafenntartó egyesületei bocsátották rendelkezésemre. Ezeket méneskönyvek, szakirodalmi források és származási lapok használatával egészítettem ki. Az angol telivér egyedek származásának az alapítókig való mélyítéséhez hazai és nemzetközi online elérhető adatbázisokat valamint méneskönyveket használtam. A hazai fajták esetében az OLIR (Országos Lótenyésztési Információs Rendszer) és a <http://www.meneskonyv.hu> oldalt használtam. A shagya-arab fajtába tartozó egyedek adatait a Shagya Arab Lovak Könyvtára (<https://shagyadata.ch/shagya/>) által pontosítottam.

Az elemzéshez felhasznált végleges adatbázis 47682 egyedet tartalmazott.

A teljes adattáblából több referencia populációt generáltam. Külön referencia állományokat képeztek a három fajta 2019-ben aktív, törzskönyvi ellenőrzésben tartott állományai, továbbá a fajták teljes állományait is értékeltem.

### 2.2. Módszer

#### 2.2.1. Pedigrételjesség (pedigree completeness)

A pedigrételjességet több módon is értelmezhetjük:

- Teljes ismert ősi sorok száma
- Maximálisan ismert nemzedékek száma
- Teljes generációs ekvivalens (CGE – complete generations equivalent)

#### 2.2.2. Nemzedékköz (GI – generation interval)

A szülők átlagos életkora azon ivadékaik megszületésekor, amelyek részt vesznek a következő generáció létrehozásában (JAMES, 1977). A mutató meghatározása négy leszármazási úton lehetséges ezek: ménelőállító mén, kancaelőállító mén, ménelőállító kanca, kancaelőállító kanca (VALERA et al., 2005). A leszármazási utak nemzedékköz értékeit kétmintás t-próbával hasonlítottam össze. A megbízhatósági szint minden esetben 95% ( $p < 0,05$ ) volt.

#### 2.2.3. Alapító ősök száma (Nf – Number of founders)

Alapítók 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 egyede, génkészlete (tetszőleges leszármazási ágon) visszavezethető az alapító ősökig, melyek eltérő arányban járulnak hozzá az állomány genetikai diverzitásához (VÍGH et al., 2008).

#### **2.2.4. Nem alapító ősök száma ( $N_a$ – Number of ancestors)**

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 korrigálni (BOICHARD et al., 1997).

#### **2.2.5. Alapító ősök effektív száma ( $f_e$ – effective number of founders)**

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 oly 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).

#### **2.2.6. Nem alapító ősök effektív száma ( $f_a$ – effective number of ancestors)**

Azon ősök minimális létszáma, amellyel magyarázható a populáció genetikai variabilitása. A nem alapító ősök létszáma alacsonyabb az alapító ősök effektív létszámánál (BOICHARD et al., 1997).

#### **2.2.7. Nem alapító ősök effektív létszámának és az alapító ősök effektív létszámának aránya ( $f_a/f_e$ – ratio of effective number of ancestors and effective number of founders)**

A két szám aránya jelzi, hogy a palacknyak-hatás mennyire volt jellemző a vizsgált populációra. Ha az effektív szám nagyban eltér az eredeti számtól, akkor a fajta jelentékeny génvesztéseget szenvedett el (tehát nagyban érintette a palacknyak-hatás) (NEI et al., 1975).

#### **2.2.8. Alapító ősök genom ekvivalens értéke ( $f_g$ – founder genome equivalent)**

Azt mutatja, hogy a referencia populációban egy adott allélnak mennyi a fennmaradási valószínűsége (CHEVALET és DE ROCHAMBEAU, 1986). Értéke összehasonlítható az alapító és nem alapító ősök effektív számával.

#### **2.2.9. Alapító ősök genom ekvivalens értéke és alapító ősök effektív létszámának aránya ( $f_g/f_e$ – ratio of founder genome equivalent and effective number of founders)**

A mutató a populációkban fennálló génsodródás vagy más néven drift hatás kifejezésére használatos arány. A génsodródás a szaporodás során véletlenszerűen bekövetkező allélgyakoróság változás a populációban (VÍGH et al., 2008).

### 2.2.10. Átlagos rokonsági fok (AR – average relatedness)

A populáció bármely egyedére nézve annak a valószínűsége, hogy a teljes populációt jellemző pedigrből véletlenszerűen kiválasztott allél az egyedhez tartozik-e (VÍGH et al., 2008). Ha a koefficiens értéke nagyobb, mint a beltenyésztési együttható fele, akkor nem sikerült elkerülni a rokon egyedek párosítását.

### 2.2.11. Beltenyésztési együttható (F – inbreeding coefficient)

A beltenyésztési együttható annak a valószínűsége, hogy egy adott génhely két allélja származásilag azonos. Egy egyednek akkor lehet két származásilag azonos allélja, ha legalább egy közös ősök volt (SZABÓ et al., 2011). A beltenyésztettség mérőszáma a 0–1 közötti abszolút szám, értéke %-os formában is megadható.

- Wright-féle beltenyésztési együttható:

Kiszámítása a WRIGHT (1922) által leírt képlet alapján történik:

$$F_X = \sum \left(\frac{1}{2}\right)^{n+n'+1} \times (1 + F_A)$$

Ahol:

$F_X$  = X egyed beltenyésztettségi együtthatója

n és n' = a generációk száma a közös ősig az apa és az anya részéről

$F_A$  = a közös ős beltenyésztettségi együtthatója

- Ballou-féle beltenyésztési együttható

BALLOU (1997) szerint az őseket ért beltenyésztés hatással van a vizsgált egyedre nézve. A Ballou-féle beltenyésztési együttható az egyed genomjának az a kumulatív hányada, mely beltenyésztési hatásoknak volt kitéve az egyed ősei esetében.

- Ancestral History Coefficient ( $A_{HC}$ )

Értéke számszerűsíti, hogy egy véletlenszerűen kiválasztott allél a múltban milyen gyakorisággal került potenciálisan származásilag azonos állapotba (BAUMUNG et al., 2015).

- Eredeti és új Kalinowski-féle beltenyésztési együttható

A Kalinowski-féle együttható a hagyományos Wright-féle beltenyésztési együtthatót két részre bontja (KALINOWSKI et al., 2000). Egyrészt, ahol a származásilag azonos allélek egy része a múltban már átesett beltenyésztésen, ez az eredeti Kalinowski-féle beltenyésztettség. Másrészt,

ahol az allélek másik része először került származásilag azonos állapotba, ez az új Kalinowski-féle beltenyésztettség.

- Parciális beltenyésztési együttható ( $p_f$  – partial inbreeding coefficients)

Annak a valószínűsége, hogy az egyed alléljai származásilag azonosak és egy adott ősötől származnak. Az összes ős alapján számított parciális beltenyésztettség értéke egyenlő a Wright-féle együtthatóval. (LACY et al.; 1996, BAUMUNG et al., 2015)

Parciális beltenyésztettséget az alábbi fajta-, illetve vonalalapító ménekre vonatkozóan számoltam: Gidran Senior, Nonius Senior, Furioso Senior xx, North Star Senior xx, Gidran XXXI (1863) – Gidran "A" vonalalapító, Gidran XXXIII (1868) – Gidran "B" vonalalapító, Gidran XXI (1863) – Gidran "C" vonalalapító, Nonius XXIX (1880) – Nonius "A" vonalalapító, Nonius XXXI (1880.) – Nonius "B" vonalalapító, Nonius XXXVI (1883) – Nonius "C" vonalalapító, Nonius XLII (1847) – Nonius "D" vonalalapító, Furioso I (1850) – Furioso "A" vonalalapító, Furioso X (1851) – Furioso "B" vonalalapító, North Star IV (1899) – North Star "A" vonalalapító, North Star VI (1877) – North Star "B" vonalalapító.

#### **2.2.12. Effektív populációméret ( $N_e$ – effective population size)**

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 (PIRCHNER, 1968). Tehát azon legkevesebb egyedek száma, amelyek ugyanahhoz a beltenyésztési együttható-növekedéshez vezetnének, amely a vizsgált populációban is található, amennyiben minden egyed azonos mértékben venne részt az új generáció kialakításában (GUTIÉRREZ és GOYACHE, 2005).

Az állattenyésztők gyakorlati tapasztalatán 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-ben állapította meg. A fajta variabilitásának megőrzéséhez szükséges minimum érték 50 és 100 közé esik (HALL, 2016), azonban 100 alatt a fitness tulajdonságokban már romlás figyelhető meg (MEUWISSEN, 1999).

### **2.3. Alkalmazott szoftverek**

A kutatás során a Microsoft Access 2016 programban adatbázist építettem, amely tartalmazta az egyes egyedek nevét, ivarát, apja nevét, anyja nevét, születési idejét, fajtáját, és azonosítóját. Az elkészült pedigrafájlt a Pedigree Viewer 6.0 (KINGHORN, 1994)

használatával ellenőriztem, hogy nem tartalmaz-e biszexuális egyedeket, illetve szükség esetén ezzel a programmal kódoltam. A pedigréelemzés során alkalmazott mutatók kiszámítása alapvetően az ENDOG 4.8 (GUTIÉRREZ és GOYACHE, 2005) szoftverrel történt. Kivételt az évenkénti pedigrételjesség jelentett, amelyet a PopRep (GROENEVELD et al., 2009) alkalmazásával készítettem el. A beltenyésztettség különböző értelmezésű mutatószámait a GRain 2.2 (DOEKES et al., 2020) használatával számítottam, minden esetben egymillió ismétlést beállítva.

### 3. Eredmények

#### 3.1. Pedigrételjesség

A referencia populációba tartozó egyedek három módon számított pedigreljesség értékeit az 1. táblázat tartalmazza.

*1. táblázat*

**A három fajta referencia populációinak pedigreljesség értékei (generáció)**

Mutató	Gidrán	Nóniusz	Furioso-north star
Maximálisan ismert nemzedékek száma	36,32	36,53	36,56
Teljes ismert ősi sorok száma	6,10	4,95	4,69
Teljes generációs ekvivalens	16,45	12,64	15,18

A maximálisan ismert nemzedékek száma mindhárom fajtánál több mint 36 generáció. A legmagasabb 36,56-os értéket a furioso-north star, míg a legalacsonyabb 36,32 generációs értéket a gidrán esetében állapítottam meg. A referencia populációkban összesen 31 egyed található, amelynek több mint 40 nemzedékre visszavezethető származása van. A 2019-ben aktív állományokat alkotó 1534 ló 99,3%-a rendelkezett legalább a 30. ősi sorig visszavezethető származással.

A gidránok 6,1, míg a furioso-north star populáció egyedei átlagosan 4,69 teljes ismert generációval rendelkeztek. A nóniusz populáció értéke az utóbbihoz állt közel (4,95). A referencia populációkba tartozó egyedek 78,6%-a legalább 5 nemzedékre teljesen ismert a származása.

A teljes generációs ekvivalens értékek 12,64 és 16,45 közötti skálán helyezkedtek el. Előbbi a nóniusz, utóbbi a gidrán fajtához tartozott. A furioso-north star egyedek átlagos értéke 15,18.

#### 3.2. Nemzedékköz

Az elemzés során a nemzedékköz értékeket négy leszármazási úton (ménelőállító mén, kancaelőállító mén, ménnevelő kanca, kancanevelő kanca) határoztam meg.

A gidrán populációban a leghosszabb nemzedékközt, 12,77 évet a ménék leszármazási útvonalain tapasztaltam. Az egymást követő generációk közötti legrövidebb időt a ménnevelő kancákra vonatkozóan számítottam (10,83 év). A gidrán fajtára 11,93 év átlagos nemzedékköz értéket állapítottam meg.

A 2019-es nóniusz állományra vonatkozóan a leghosszabb nemzedékközt a ménelőállító ménék esetében (12,54 év) tapasztaltam. Az egymást követő generációk közötti legrövidebb

időt a kancanevelő kancákra vonatkozóan számítottam (10,63 év). Az általam a fajtára számított nemzedékköz átlagosan 11,61 év.

A furioso-north star fajta egyedeinek esetében is az átlagos leghosszabb nemzedékközt a ménelőállító ménnek (12,64), a legrövidebbet a ménnevelő kancák leszármazási útvonalán (10,75) becsültem. A furioso-north star populáció átlagos nemzedékköz értéke 11,78 év.

A négyféle szülő-ivadék leszármazási út megfelelő nemzedékköz értékeit páronként kétmintás t-próbával összehasonlítva a ménnek leszármazási útjai és az egyes kanca leszármazási utak értékei között minden fajta vonatkozásában szignifikáns eltérést tapasztaltam ( $p < 0,05$ ), továbbá a gidrán fajta esetében a két kanca leszármazási útvonal is eltért.

### **3.3. Alapító ősök és nem alapító ősök effektív száma, aránya, alapító ősök genom ekvivalens értéke és aránya az alapító ősök effektív számával**

Az effektív alapító ősök száma egyaránt 99–99 a gidrán és a furioso-north star fajták referencia populációiban, ettől kissé elmarad a nóniusz fajta esetében (95). A nem alapító ősök effektív száma hasonló (22 és 24) a vizsgált nóniusz és a gidrán állományban. A furioso-north star fajta esetében a nem alapító ősök effektív száma ennek közel kétszerese: 43 ős.

Az effektív számok egymáshoz viszonyított arányának különbsége szembetűnő, a palacknyak hatás mindhárom fajtát sújtotta. A mértéke magasabb volt a furioso-north starnál, annál alacsonyabb és meglehetősen hasonló a gidrán és a nóniusz fajták esetében.

Az alapító ősök genom ekvivalens értéke általában, így a számításaim szerint is kisebb, mint az alapító ősök effektív létszáma és a nem alapító ősök effektív létszáma mutatók értékei. A gidrán és nóniusz fajták értéke az alapító ősök és nem alapító effektív számához hasonlóan a mutató esetében is közel állnak egymáshoz. Az előbbi esetében a legalacsonyabb 7,84, míg utóbbi esetén egy kissé magasabb 7,97 az érték. A furioso-north star fajta 11,75-ös magasabb mutatója némileg elkülönül, itt a legmagasabb egy adott allél fennmaradási valószínűsége.

Az alapító ősök genom ekvivalens értékének és az alapító ősök effektív számának arányából a fajtákat ért génsodródásra következtethetünk. A mutató értéke összhangban állt a fejezetben tárgyalt többi együtthatóval, ezért a szélsőértékeket ezúttal is a gidrán (7,9%) és a furioso-north star (12%) fajtákra állapítottam meg. A nóniusz populáció 8,4%-os értéke ezúttal is a gidránhoz állt közel.

### **3.4. Genetikai variabilitás**

A genetikai variabilitás koncentrációja fajtánként eltérően alakult. Az ősök száma szerint a teljes és a referencia állomány vonatkozásában is a gidrán állomány a legkoncentráltabb. A

2019-ben 367 egyed aktív gidrán populáció mindössze 138 őssel leírható, miközben a teljes populációt 1724 ős fedte le. A fajta genetikai diverzitásának a felét 9 egyed hozzájárulása adta. A genetikai diverzitás feléért a nónius állomány esetében is csupán 9 ős felelt. A teljes állomány 4246, a referencia állomány 239 őssel fedhető le. A másik két fajtához képest valamivel kedvezőbb értéket számítottam a furioso-north star fajtára vonatkozóan. A referenciaállomány esetében 17 ős fedi le a genetikai diverzitás 50%-át. A teljes furioso-north star populáció genetikai variabilitása 3123 őssel fedhető le, míg a referencia állományra állomány lefedésére mindössze 311 ős is elegendő.

A genetikai variabilitáshoz legnagyobb mértékben hozzájáruló 10 ős lefedettségi aránya fajtánként eltérően alakult a teljes és a referencia állományok vonatkozásában. Az első 10 egyed kapcsán a gidrán és a nónius vonatkozásában is szűkülés mutatkozott. A gidrán esetében teljes állomány első 10 egyede a diverzitás 45,9%-át adta, míg a referencia populációnál ez 54,7%-ra emelkedett. A nóniusnál ez 38%-ról 55% fölé nőtt. Egyedül a furioso-north star értékei csökkentek, az első 10 egyed genetikai variabilitáshoz való hozzájárulása a teljes állományban meghaladta a 43%-ot, míg a referencia állományban 40% alá csökkent.

A teljes állományok genetikai varianciáját legnagyobb mértékben meghatározó 10 egyedből az első három a vizsgált fajtáknál azonos: Herod xx és Eclipse xx angol telivér valamint Godolphin Arabian, az angol telivér fajta egyik alapító ménje. A gidrán és a furioso-north star esetében a további egyedek is mind angol telivérek, vagy angol telivér alapítók. Ellenben a nónius esetében a fajta törzsménjei is megjelennek.

A gidrán referencia állomány genetikai diverzitását leginkább meghatározó 10 ős közül valamennyi mén. A teljes variabilitást lefedő 138 egyed közül 25 lefedettsége haladta meg az 1%-ot. A gidrán törzsmének mellett két angol- (Herod xx, Eclipse xx) és egy arab telivér (Godolphin Arabian) szerepel a listában. Az állomány genetikai variabilitását legnagyobb mértékben az 1978-as születésű később Gidran XI törzsmén néven törzsménné vált egyed határozta meg. A mén egymaga felelt a genetikai diverzitás 10,34%-ért. Az adatbázisomban összesen 62 ivadéka szerepelt.

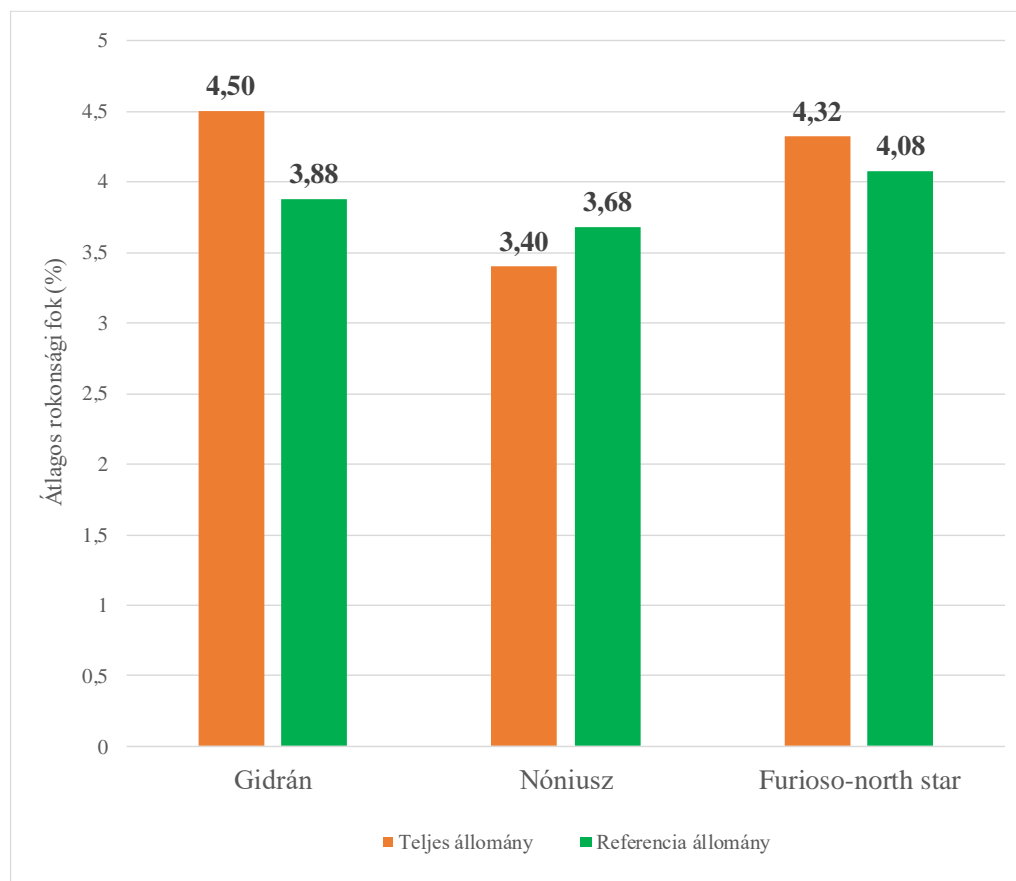
A nónius referencia állomány genetikai változatosságáért leginkább felelős 10 ős között 8 nónius törzsmén, egy angol telivér mén (3185 Akitos xx) egy holsteini mén (311 Aldato) található. Összesen 22 egyed lefedettségi értéke haladja meg az 1%-ot. Nonius VI törzsmén elképesztő mértékben uralja a fajta genetikai varianciáját, egymaga 13,81%-ért felelős. A ménnek az adatbázisomban 80 ivadéka szerepel, ebből 6 fia törzsménné is vált.

A furioso-north star állomány genetikai változatosságáért leginkább felelős tíz ős közül mind a 10 mén. A teljes populációt lefedő 311 ló közül összesen 23 egyed genetikai

diverzitásbeli hozzájárulása haladja meg az 1%-ot. A 10 legmeghatározóbb egyed között 6 furioso-north start, 3 angol telivért és 1 arab telivért találunk. A tárgyalt fajtába tartozó egyedek között 5 Furioso törzshöz és mindösszesen 1 a North Star törzshöz tartozó törzsmén szerepel. A legjelentősebb ős az 1758-as születésű Herod xx angol telivér, amely egymaga a variabilitás 7,75%-át adja. Az első fajtához tartozó egyed a 4. helyen 4,7%-os hozzájárulással szereplő Furioso VI törzsmén, melynek 12 fedezőmén utódjából 3 törzsménné (Furioso XI, Furioso XIII, Furioso XV) vált.

### 3.5. Átlagos rokonsági fok

A három fajta átlagos rokonsági fok értékeit a teljes és a referencia állományokra az 1. ábra szemlélteti.



1. ábra: A referencia populációk átlagos rokonsági fok értékei

A teljes állományok átlagos rokonsági fok értéke a gidrán fajtánál a legmagasabb, (4,5%), míg a nóniusz esetében a legalacsonyabb (3,4%), a furioso-north star fajta értéke a gidránhoz közelít (4,32%). A referencia populációkba tartozó egyedek átlagos rokonsági fok értéke a furioso-north star populációnál a legmagasabb (4,08) és a nóniusz állománynál a legalacsonyabb (3,68), de alapvetően mindhárom populációban mintegy 4%. A teljes állomány értékéhez képest a gidrán és a furioso-north star esetében csökkenés a nóniusznál mutatkozott.

Mivel minden fajta vonatkozásában a koefficiens értéke nagyobb, mint a Wright-féle beltenyésztési együttható fele, az érték megerősíti, hogy nem sikerült elkerülni a rokon egyedek párosítását.

### 3.6. Beltenyésztettség

#### 3.6.1. Az összes ős figyelembe vételével számított beltenyésztettség

Az egyes referencia- és a hozzájuk tartozó felmenőiből álló teljes állományok eltérő számítási módon képzett beltenyésztettségi értékeit a 2. táblázat mutatja be.

2. táblázat

A három fajta beltenyésztettségének értékei (%)

Számítási mód	Gidrán		Nóniusz		Furioso-north star	
	teljes állomány	referencia állomány	teljes állomány	referencia állomány	teljes állomány	referencia állomány
Wright	5,02	4,95	3,82	5,59	4,70	4,31
Kalinowski	3,15	3,48	2,23	3,29	3,10	3,07
Új Kalinowski	1,86	1,48	1,59	2,40	1,60	1,24
Ballou	22,43	39,30	17,94	28,87	23,04	34,39
A <sub>HC</sub>	35,49	73,64	27,27	45,45	38,30	66,90

A teljes állományt tekintve a hagyományos Wright-féle beltenyésztési koefficiens átlagosan a gidrán fajtába tartozó egyedeknél volt a legmagasabb és nóniusz populációnál a legalacsonyabb. A referencia állomány vonatkozásában ennek az ellentéte állt fent, a koefficiens értéke átlagosan a nóniusz populációban volt a legmagasabb (5,59). A teljes állományok beltenyésztési szintje a gidrán és a furioso-north star populációnál magasabb, mint a referencia populációké. Egyedül a nóniusz fajta esetében magasabb a referencia állomány értéke, tehát a jelenlegi állomány beltenyésztettebb. A 2019-ben aktív állományok közül a furioso-north star populációban a legalacsonyabb a beltenyésztettség átlagos mértéke (4,31).

Akár a teljes-, akár a referencia populációt nézzük, a Ballou-féle mutató értéke magasabb volt, mint a többi számított paraméter, különösen a gidránnál. A teljes populációnál számított értékekhez képest a referencia állományok esetében növekedést tapasztaltam. A referencia populációban a nóniusz fajtánál volt a legalacsonyabb, 28,87, míg a gidrán állomány esetében a legmagasabb 39,3 az értéke. Annak valószínűsége, hogy egy allél homozigóta volt a korábbi nemzedékekben, közel 30% volt a nóniusz fajta esetében, és 30% feletti a furioso-north star és majdnem 40% gidrán fajtánál.

A Kalinowski-féle értelmezésben a mutató olyan allélekkel foglalkozik, amelyek a múltban homozigóták voltak. Kalinowski képlete két részre osztja fel a Wright féle beltenyésztettséget. Minél magasabb a Kalinowski-féle beltenyésztettség értéke, a jelenleg származásilag azonos allélek annál nagyobb része került a korábbi generációk során már legalább egyszer ilyen állapotba. A Kalinowski-féle és az új Kalinowski-féle mutató átlagos értékei minden esetben alacsonyabbak voltak, mint a Ballou- vagy a Wright-féle együttható értékei. Az új Kalinowski-féle beltenyésztési együttható értékei kisebbek a Kalinowski-féle együttható értékeinél, így a beltenyésztés többnyire a múltból származik. A teljes populációt nézve a Kalinowski-féle mutató átlagos értéke a nóniusz fajta egyedeinél volt a legalacsonyabb, míg a gidránok esetében a legmagasabb. Az új Kalinowski-féle mutató a furioso-north starnál volt a legalacsonyabb és szintén a gidrán esetében a legmagasabb. A Kalinowski-féle és az új Kalinowski-féle beltenyésztési együttható értékei a referencia állomány esetében a furioso-north star állományban voltak a legalacsonyabbak, a hagyományos értéke 3,07, míg az új értéke 1,24 volt.

Az  $A_{HC}$  értéke megmutatja, hányszor kerültek az allélek származásilag azonos állapotba. A teljes populációt tekintve a legalacsonyabb értékkel a nóniusz a legmagasabb értékkel a furioso-north star állomány rendelkezett. A referencia populációnál viszont legmagasabb átlagos értékkel már a gidrán fajta egyedei bírtak. A teljes és a referencia állományok értéke között markáns különbség mutatkozik. A referencia populációk értéke minden esetben magasabb, a gidrán esetében a teljes állomány értékének dupláját is meghaladó.

A gidrán referencia populációból összesen 22 egyed beltenyésztettsége haladta meg a 10%-ot. A gidrán referencia populáció öt legmagasabb Wright-féle beltenyésztési együtthatóval rendelkező egyedét és azok Kalinowski-féle együtthatóját mutatja be a 3. táblázat.

A táblázatban szereplő valamennyi egyed kanca. A két legmagasabb együtthatóval rendelkező egyed – Gidran XXX-47 (Holdfény), Gidran XXX-60 (Hozomány) – ugyanabból a szülő-ivadék párosításból származik, együtthatójuk egyaránt 29,37%. Továbbá ezek rendelkeznek a legmagasabb Kalinowski-féle beltenyésztettségi együtthatóval is, melynek értéke 14,80%, tehát a beltenyésztettség nagyjából fele régebbi eredetű. A harmadik helyen szereplő Gidran XXIV-126 (Sirály) nagyszülő-unoka párosításból született. A negyedik és ötödik egyed származásában angol telivér ménnek (Naum xx, 2394 Déva xx) szerepeltek halmozottan, közülük Déva Gidran-18 (Linda) rendelkezik a harmadik legmagasabb Kalinowski-féle együtthatóval, viszont ennek aránya a Wright-féle együtthatóhoz több mint 70%-os.

**A legmagasabb beltenyésztettségi együttthatójú gidrán egyedek a referencia populációban**

<b>Egyed</b>	<b>Születési év</b>	<b>Apa</b>	<b>Anya</b>	<b>Wright (%)</b>	<b>Kalinowski (%)</b>
Gidran XXX-47 (Holdfény)	2014	Gidran XXX (2002)	Gidran XXX-44 (Harmat)	29,37	14,80
Gidran XXX-60 (Hozomány)	2015	Gidran XXX (2002)	Gidran XXX-44 (Harmat)	29,37	14,80
Gidran XXIV-126 (Sirály)	2007	Gidran XXIV (1983) (XXXIX R)	Gidran XIX-63 (Moldika)	19,07	11,00
Gidran Mersuch-22 (Virág)	2010	4888 Mersuch XXII Gidran-46	Mersuch XXII Gidran-42 (Vera)	18,46	6,77
Déva Gidran-18 (Linda)	2000	Déva Gidran II (1993)	148 Déva Gidran-3 (Kincses)	18,16	12,80

A táblázatban szereplő valamennyi egyed kanca. A két legmagasabb együttthatóval rendelkező egyed – Gidran XXX-47 (Holdfény), Gidran XXX-60 (Hozomány) – ugyanabból a szülő-ivadék párosításból származik, együttthatójuk egyaránt 29,37%. Továbbá ezek rendelkeznek a legmagasabb Kalinowski-féle beltenyésztettségi együttthatóval is, melynek értéke 14,80%, tehát a beltenyészttség nagyjából fele régebbi eredetű. A harmadik helyen szereplő Gidran XXIV-126 (Sirály) nagyszülő-unoka párosításból született. A negyedik és ötödik egyed származásában angol telivér ménnek (Naum xx, 2394 Déva xx) szerepeltek halmozottan, közülük Déva Gidran-18 (Linda) rendelkezik a harmadik legmagasabb Kalinowski-féle együttthatóval, viszont ennek aránya a Wright-féle együttthatóhoz több mint 70%-os.

A nóniusz referencia populáció egyedeiből összesen 46 egyed rendelkezik 10%-ot meghaladó értékkel. A nóniusz referencia populáció öt legmagasabb Wright-féle beltenyésztési együttthatóval rendelkező egyedét és azok Kalinowski-féle együttthatóját mutatja be a 4. táblázat.

**A legmagasabb beltenyésztettségi együtthatójú nóniusz egyedek a referencia populációban**

<b>Egyed</b>	<b>Születési év</b>	<b>Apa</b>	<b>Anya</b>	<b>Wright (%)</b>	<b>Kalinowski (%)</b>
4341 Nonius-142 (Saci)	2009	2819 Makó Nonius-9	3238 Nonius-10 (Emma)	27,99	9,53
4709 Nonius IV-126 (Dáma)	2009	Nonius IV (1996)	3826 Nonius XVII-11 (Melitta)	19,70	10,48
4708 Nonius IV-129 (Csoda)	2016	Nonius IV (1996)	4031 Nonius XVII-133 (Panka)	18,49	9,52
Nonius-217	2009	2556 Nonius XV-3	2271 Tündér	18,24	9,79
4250 Nonius IV-142 (Vonzó)	2012	Nonius IV (1996)	273 Nonius XVII-73 (Dudus)	18,01	8,28

A táblázatban szereplő összes egyed kanca. A legbeltenyésztettebb egyed a 2009-es születésű 4341 Nonius-142 (Saci) szülő-ivadék párosításból született. Beltenyésztettsége közel 30%-os, a további egyedek mutatója ennél legalább 10%-kal alacsonyabb. Az ehhez társuló 9,53%-os Kalinowski-féle érték is az egyik legmagasabb a fajta egyedei közül. A második és harmadik egyed mindkét nagyapja megegyezett, tehát féltestvérek párosításából származik. A második helyen álló 4709 Nonius IV-126 (Dáma) rendelkezik a legmagasabb 10%-ot is meghaladó Kalinowski értékkel. A negyedik egyed pedig több egyed is halmozva szerepelt. Az ötödik apai féltestvérek párosításából származik.

A furioso-north star referencia állományban 35 egyed rendelkezett legalább 10%-os Wright-féle beltenyésztési együtthatóval, közülük az első öt egyedet Kalinowski-féle beltenyésztettségi együttható értékeikkel mutatja be az 5. táblázat. A táblázatban ezúttal is csak kancák szerepelnek. A legbeltenyésztettebb egyed a The Bart Furioso III-84 (Boglár), melynek együtthatója meghaladja a 30%-ot. A ló Kalinowski-féle beltenyésztési együtthatója 16,64%, tehát beltenyésztésének több mint a fele múltbeli eredetű.

**A legmagasabb beltenyésztettségi együtthatójú furioso-north star egyedek a referencia populációban**

<b>Egyed</b>	<b>Születési év</b>	<b>Apa</b>	<b>Anya</b>	<b>Wright (%)</b>	<b>Kalinowski (%)</b>
The Bart Furioso III-84 (Boglár)	2014	The Bart Furioso III (2003)	Furioso-106	30,01	16,64
Hadfi Furioso-61 (Mira)	2012	3233 Szentes Hadfi-5 Mandarin	Furioso-110 (Mici)	27,76	11,94
Furioso Hadfi-16 (Dórika)	2014	3233 Szentes Hadfi-5 Mandarin	Furioso-63 (Levendula)	27,68	11,83
Hadfi Furioso-37 (Lenke)	2013	3233 Szentes Hadfi-5 Mandarin	Furioso-63 (Levendula)	27,68	11,83
The Bart Furioso II-92 (Büszke)	2016	The Bart Furioso II (1996)	Furioso XLVIII-101	18,95	11,66

Az első 4 egyed szülő-ivadék párosításból származott, ráadásul Furioso Hadfi-16 (Dórika) és Hadfi Furioso-37 (Lenke) ugyanabból. Az ötödik egyed nagyszülő-unoka párosításból származott. Kalinowski-féle értékeik szempontjából azonban az első egyed kimagaslik, a további négy nagyjából azonos értéket képvisel.

### **3.6.2. Parciális beltenyésztettség**

Az előző alfejezetben a beltenyésztési együttható értékeit az összes ős figyelembevételével vizsgáltam. Ebben az alfejezetben az egyes fajták alapító-, valamint vonalalapító ménjeire elemeztem a beltenyésztettséget. A ménék listája a 2.2.11. fejezetben megtalálható.

A gidrán fajta esetében három genealógiai vonalat tartanak fent. A vonalak alapítóit a XX. század fordulója előtt jelölték ki. Az egyes vonalakba tartozó ménék átlagos parciális beltenyésztettségét az alapító Gidran Seniorra, és a három vonalalapító ménre a 6. táblázat mutatja be.

A három genealógiai vonal közül az "A" vonal átlagos Wright-féle beltenyésztettsége a legmagasabb, majdnem eléri az 5%-ot, ebből kevesebb, mint 0,50% a négy ménre összesen kimutatható érték. A "B" és "C" vonal esetében ez az érték szinte megegyezik. A "B" vonal esetén 0,39% parciális beltenyésztettség oszlik el a vizsgált egyedekre. Ez az érték a "C"

vonalba tartozó mének esetén a legmagasabb, 0,49%, azonban ez is alacsonynak mondható. Mindhárom genealógiai vonal esetében az "A" vonal alapító ménjére számítottam a legmagasabb, míg a "C" vonalalapítóra a legalacsonyabb parciális beltenyésztettség értéket. Mindhárom vonal 0,02% parciális beltenyésztettséget mutatott Nonius Seniorra is, mely a közös mezőhegyesi eredetre utal.

6. táblázat

**Az egyes vonalakba tartozó gidrán mének átlagos Wright-féle beltenyésztettsége és parciális beltenyésztettsége a fajta- és vonalalapító egyedekre (%)**

	<b>Wright-féle mutató</b>	<b>Gidran Senior</b>	<b>"A" vonalalapító</b>	<b>"B" vonalalapító</b>	<b>"C" vonalalapító</b>
"A" vonalú mének	4,87±1,92	0,03±0,01	0,32±0,17	0,11±0,07	0,02±0,01
"B" vonalú mének	3,51±2,10	0,02±0,02	0,27±0,19	0,07±0,08	0,03±0,04
"C" vonalú mének	3,52±1,33	0,02±0,01	0,34±0,10	0,11±0,04	0,01±0,01

A 7. táblázat az az egyes vonalakba tartozó nóniusz mének átlagos parciális beltenyésztettségét mutatja be a fajta-, illetve a négy vonalalapítóra.

7. táblázat

**Az egyes vonalakba tartozó nóniusz mének átlagos Wright-féle beltenyésztettsége és parciális beltenyésztettsége a fajta- és vonalalapító egyedekre (%)**

	<b>Wright-féle mutató</b>	<b>Nonius Senior</b>	<b>"A" vonalalapító</b>	<b>"B" vonalalapító</b>	<b>"C" vonalalapító</b>	<b>"D" vonalalapító</b>
"A" vonalú mének	6,09±3,16	0,05±0,02	1,12±0,61	0,69±0,35	0,60±0,35	0,01±0,01
"B" vonalú mének	4,01±2,24	0,03±0,03	0,62±0,29	0,46±0,19	0,29±0,12	0,01±0,01
"C" vonalú mének	4,30±3,05	0,03±0,03	0,73±0,55	0,46±0,30	0,42±0,31	0,01±0,01
"D" vonalú mének	7,96±4,45	0,10±0,06	1,07±0,43	0,62±0,25	0,64±0,30	0,02±0,02

A nóniusz fajtában ma is létezik mind a 4 genealógiai vonal, azonban nincsenek egyensúlyban. Míg a "D" vonalba csupán 9 mén tartozott, addig a legnépesebb "A" vonalban 26 mént tartottak nyilván. Mind a négy vonal esetén az "A" vonal alapító ménjére számítottam a legmagasabb beltenyésztettséget, míg a "D" vonal alapítójára a legalacsonyabbat. Sőt, a "D" vonalalapító átlagos értéke minden vonal esetében alacsonyabb a Nonius Seniorra számított értéknél is. A nóniusz fajtára számított Wright-féle beltenyésztési együttható értékei

magasabbak voltak, mint a gidrán fajtánál számított. A "D" vonalba tartozó mének esetén átlagosan majdnem elérte a 8%-ot. Ehhez mérten a parciális beltenyésztettségek értékei is magasabbak voltak.

A furioso-north star fajta négy tradicionális mén vonallal rendelkezik, azonban ezekből napjainkra egy (North Star "B") kihaltnak tekinthető. A 8. táblázat az egyes vonalakba tartozó furioso-north star mének átlagos parciális beltenyésztettségét mutatja a fajta-, illetve a vonalalapító ménekre. Mindhárom ménvonal a legkisebb parciális beltenyésztettséget a North Star "B" vonal alapítójára mutatta.

8. táblázat

**Az egyes vonalakba tartozó furioso-north star mének átlagos Wright-féle beltenyésztettsége és parciális beltenyésztettsége a fajta- és vonalalapító egyedekre (%)**

	<b>Wright-féle mutató</b>	<b>Furioso Senior</b>	<b>North Star Senior</b>	<b>Furioso "A" alapító</b>	<b>Furioso "B" alapító</b>	<b>North Star "A" alapító</b>	<b>North Star "B" alapító</b>
Furioso "A" vonalú mének	3,11±1,87	0,02±0,02	0,07±0,06	0,16±0,14	0,07±0,06	0,12±0,14	0,12±0,10
Furioso "B" vonalú mének	4,06±1,46	0,02±0,01	0,10±0,06	0,23±0,10	0,09±0,05	0,17±0,09	0,04±0,09
North Star "A" vonalú mének	4,01±1,55	0,02±0,01	0,07±0,04	0,19±0,09	0,06±0,04	0,14±0,09	0,11±0,07

A fajtaazonosság egyik sarokköve a Furioso vagy a North Star törzshöz való tartozás, azonban a Furioso törzsbe tartozó mének nagyobb parciális beltenyésztettséget mutattak North Star Seniorra, mint Furioso Seniorra. Az egyes ménvonalak kapcsán a legmagasabb átlagos parciális beltenyésztettséget minden esetben a Furioso "A" vonal alapító ménjére vonatkozóan számoltam. A Wright-féle beltenyésztettség alacsonyabb, mint a nóniusz mének esetében, a legmagasabb együtthatóval rendelkező Furioso "B" és North Star "A" vonalba tartozó méneknél éppen 4% feletti.

### **3.7. Effektív populációméret**

Az effektív populációméret kulcsfontosságú koefficiens a géntartalékvédelem alatt álló fajták esetében. Mindhárom referencia populáció értéke meghaladta a kritikus 50-es határt. A legalacsonyabb együttható (70,35) a furioso-north star állományt jellemezte. A gidrán és nóniusz fajták értéke egyaránt 77,67 volt. Mindhárom populáció bele esett a genetikai diverzitás fenntartásához szükséges minimum 50 és 100 közötti intervallumba. Azonban ez nem ad megnyugvásra okot, hiszen ha az érték 100 alatt van a fitness tulajdonságok csökkenése várható.

#### 4. Új tudományos eredmények

1. A mezőhegyesi őshonos lófajták 2019-ben aktív, törzskönyvi ellenőrzésben tartott állományaiban az átlagos rokonsági fok értéke 3,68–4,08%. Az alapító ősök effektív száma 95–99 egyed, a nem alapító ősök effektív száma a gidrán és a nóniusz fajtákban 22–24, a furioso-north star esetében 43 egyed.
2. A mezőhegyesi őshonos lófajták 2019-ben aktív, törzskönyvi ellenőrzésben tartott állományaiban a genetikai variabilitásáért már leginkább fajtabeli törzsmének felelősek. A mezőhegyesi őshonos lófajták genetikai szerkezetének változatosságáért felelős egyedek száma mindhárom fajtában csökkent, a gidrán esetében 1724-ről 138-ra, nóniusz esetében 4246-ról 239-re, míg a furioso-north star vonatkozásában 3123-ról 311-re.
3. A mezőhegyesi őshonos lófajtákat nagymértékű palacknyak hatás sújtotta. A nem alapító ősök effektív számának és az alapító ősök effektív számának aránya a gidrán esetében 0,24, a nóniusz esetében 0,23, míg a furioso-north star esetében 0,43.
4. A mezőhegyesi őshonos lófajták beltenyésztettségét többféle számítási módszerrel határoztam meg. A referencia állományok Wright-féle beltenyésztettsége 4,31–5,59% között alakult. Az együtthatók Kalinowski-féle módszerrel történő két részre bontása alapján megállapítottam, hogy a jelenleg származásilag azonos allélek már a korábbi generációkban homozigóta állapotba kerültek.
5. Azonosítottam a három mezőhegyesi történelmi fajtában közösen használt legnagyobb hatással bíró egyedeket: Herod xx, Godolphin Arabian és Eclipse xx.
6. Meghatároztam a mezőhegyesi őshonos lófajták vonalba sorolt ménjeinek a fajták négy alapító ménjére vonatkozó parciális beltenyésztettségét. A gidrán fajta ménjei 0,01–0,06, nóniusz fajta ménjei 0,01–2,36, a furioso-north star fajta ménjei 0,01–0,18 közötti parciális beltenyésztettségi együtthatóval rendelkeznek fajta alapítóikra vonatkoztatva.

## 5. Gyakorlatban alkalmazható eredmények

1. Az elkészült géntartalékvédelmi állapotfelmérés segítséget nyújthat a tenyésztő egyesületeknek a három fajta tenyésztési programjának kidolgozásához, illetve a meglévő tenyésztési program tudatos módosításához.
2. Az adatok iránymutatást adhatnak a kutatás során feltárt magas Wright-féle beltenyésztési együtthatóval rendelkező egyedek koefficiensét csökkentő célpárosításainak meghatározásához, ezáltal is csökkentve a beltenyésztettségét
3. A génmegőrzés szempontjából nézve az egyes nemzedékek váltása között eltelt minél hosszabb idő pozitív, mert amíg aktív az egyed nem kell génkieséstől tartanunk. Amennyiben a most feltárt nemzedékek értékek maximalizálásra kerülnek a genetikai diverzitás csökkenése lassíthatóvá válik. Az adatbázisom segítségével a nemzedékek értékek pontosan nyomon követhetők.
4. Az általam alkotott adatbázisban a nemesítő egyedek származása mélyebbre van vezetve, mint ahogy azok az országos szintű adatbázisba bekerülnek. Így a tenyésztő egyesületek sokkal pontosabb képet kaphatnak az általuk fenntartott állomány származásáról.
5. A mély angol telivér származások által pontos képet kaphatunk a fajták telivérezettségéről, a tenyésztés során a fajtákba bekerült tenyészállatokról, valamint az ezek révén bekerült ősről is. Ez segíthet a további nemesítő egyedek kiválasztásában.

## 6. Irodalom

- 32/2004. (IV. 19.) Országgyűlési Határozat a védett őshonos vagy veszélyeztetett, magas genetikai értéket képviselő tenyésztett magyar állatfajták nemzeti kincsé nyilvánításáról <https://mkogy.jogtar.hu/jogszabaly?docid=a04h0032.OGY>
- BALLOU, J. D. (1997): Ancestral inbreeding only minimally affects inbreeding depression in mammalian populations. *Journal of Heredity*. 88, 169–178.
- 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.
- BODÓ I. (2002): A biológiai sokféleség megőrzése a magyar háziállatfajtákban. *Acta Agraria Debreceniensis*. 9, 18–29.
- BODÓ I. (2011): Háziállatok génvédelme. Debreceni Egyetemi Kiadó, Debrecen, 116.
- BODÓ I. és HECKER W. (2013): Lótenyésztés, lótartás, lóhasználat. Mezőgazda Kiadó, Budapest, 402.
- 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*. 29–23.
- 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.
- ČAČIĆ, M – CUBRIC-CURIK, V. – RISTOV, S – CURIK, I. (2014): Computational approach to utilisation of mitochondrial DNA in the verification of complex pedigree errors. *Livestock Science*. 169, 42–47.
- CHEVALET, C. és DE ROCHAMBEAU, H. (1986): Variabilité génétique et controle des souches consanguines. *Sciences et Techniques de l'Animal de Laboratoire*, 11, 251–257.
- 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.

- FAO (1998): Secondary Guidelines for Development of National Farm Animal Genetic Resource Management of Small Populations at Risk. FAO, Rome,
- FRANKHAM, R. – BALLOU, J. D. – BRISCOE, D. A. (2002): Introduction to conservation genetics. Cambridge University Press, Cambridge, 617.
- 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.
- 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.
- 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.
- HILL, W. G. (2000): Maintenance of quantitative genetic variation in animal breeding programmes. *Livestock Production Science*. 63, 99–109.
- JAMES, J. W. (1977): A note on selection differentials and generation length when generations overlap. *Animal Production*. 24, 109–112.
- 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.
- KINGHORN, B. P. (1994): Pedigree Viewer – a graphical utility for browsing pedigreed datasets. Fifth World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. Guelph, 7–12 August 1994 (22), 85–86.
- LACY, R. C. – ALAKS, G. – WALSH, A. (1996): Hierarchical analysis of inbreeding depression in *Peromyscus polionotus*. *Evolution*. 50, 2187–2200.
- LACY, R. C. (1989): Analysis of founder representation in pedigrees: founder equivalents and foundergenome equivalents. *Zoo Biology*. 8 (2), 111–123.
- LACY, R. C. (1995): Clarification of genetic terms and their use in the management of captive populations. *Zoo Biology*. 14 (6), 565–578.
- MEUWISSEN, T. H. E. (1999): Operation of conservation schemes. In: *Genebanks and the Conservation of Farm Animal Genetic Resources*. Szerk: Oldenbroek, J. K., Institute for Animal Science and Health, Lelystad, 91–113.
- MIHÓK S. (2014): *A hucul*. Mezőgazda kiadó, Budapest, 251.

- NAGY I. (2016): Kvantitatív genetikai vizsgálatok multipara állatfajokban. Akadémiai doktori értekezés
- NEI, M. – MARUYAMA, T. – CHAKRABORTY, R. (1975): The bottleneck effect and genetic variability in populations. *Evolution Int. Journal of Organic Evolution*. 29. 1.
- PIRCHNER F. (1968): Populáció genetikai az állattenyésztésben. Mezőgazdasági Könyvkiadó, Budapest, 60–66.
- POSTA J. – SZABÓ P. – KOMLÓSI I. (2016): Pedigree analysis of Mangalica pig breeds. *Annals of Animal Science*. 16 (3), 701–709.
- SZ. BOZSIK N. (1985): Mezőhegyes lótenyésztésének története 1785-től 1985-ig. Mezőhegyesi Mezőgazdasági Kombinát Munkaközössége, Mezőhegyes, 83.
- SZABÓ F. – KOMLÓSI I. – POSTA J. (2011): Állattenyésztési genetikai (e-book) <https://dtk.tankonyvtar.hu/xmlui/handle/123456789/8541>
- 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.
- VÍGH ZS. – CSATÓ L. – NAGY I. (2008): A pedigré analízisben alkalmazott mutatószámok és értelmezésük. Szakirodalmi áttekintés *Állattenyésztés és Takarmányozás*. 57 (6), 549–564
- WRIGTH, S. (1922): Coefficients of inbreeding and relationship. *The American Naturalist*. 56. 330–338.

## 7. Publikációs jegyzék



**DEBRECENI  
EGYETEM**

**DEBRECENI EGYETEM**

**EGYETEMI ÉS NEMZETI KÖNYVTÁR**

H-4002 Debrecen, Egyetem tér 1, Pf.: 400

Tel.: 52/410-443, e-mail: publikaciok@lib.unideb.hu

Nyilvántartási szám: DEENK/362/2023.PL  
Tárgy: PhD Publikációs Lista

Jelölt: Klein Renáta  
Doktori Iskola: Állattenyésztési Tudományok Doktori Iskola  
MTMT azonosító: 10062850

### A PhD értekezés alapjául szolgáló közlemények

#### Magyar nyelvű tudományos közlemények hazai folyóiratban (1)

1. **Klein, R.**, Mihók, S., Oláh, J., Posta, J.: A mezőhegyesi őshonos lófajták parciális beltenyésztettségének vizsgálata = Evaluation of the partial inbreeding of the indigenous horse breeds from Mezőhegyes.  
*Acta Agrar. Kvár.* 26 (2), 7-15, 2022. ISSN: 1418-1789.  
DOI: <http://dx.doi.org/10.31914/aak.3442>

#### Idegen nyelvű tudományos közlemények hazai folyóiratban (4)

2. **Klein, R.**, Oláh, J., Mihók, S., Posta, J.: Changes in the genetic variability of the Furioso-North Star population between 1989 and 2019.  
*Agrártud. Közl.* 1, 61-65, 2022. ISSN: 1587-1282.  
DOI: <http://dx.doi.org/10.34101/actaagrar/1/10565>
3. **Klein, R.**, Oláh, J., Mihók, S., Posta, J.: The effect of foreign stallions on the Hungarian Furioso-North Star breed.  
*Agrártud. Közl.* 1, 67-70, 2022. ISSN: 1587-1282.  
DOI: <http://dx.doi.org/10.34101/actaagrar/1/10566>
4. **Klein, R.**, Oláh, J., Mihók, S., Posta, J.: Progeny information about the Hungarian Furioso-North Star Horse population based on pedigree data.  
*Danub. Animal Genet. Resour.* 5 (1), 5-10, 2020. ISSN: 2498-5910.
5. **Klein, R.**, Oláh, J., Mihók, S., Posta, J.: Genetic diversity of the Hungarian Furioso-North Star Horse Population.  
*Danub. Animal Genet. Resour.* 4, 31-36, 2019. ISSN: 2498-5910.

#### Idegen nyelvű tudományos közlemények külföldi folyóiratban (1)

6. **Klein, R.**, Oláh, J., Mihók, S., Posta, J.: Pedigree-Based Description of Three Traditional Hungarian Horse Breeds.  
*Animals (Basel).* 12 (16), 1-10, 2022. ISSN: 2076-2615.  
DOI: <http://dx.doi.org/10.3390/ani12162071>  
IF: 3





## Magyar nyelvű konferencia közlemények (2)

7. **Klein, R.**, Posta, J.: Az angol telivér lófajta szerepe a mezőhegyesi hátasló fajták jelenlegi állományának genetikai diverzitásában.  
In: XXVIII. Ifjúsági Tudományos Fórum Keszthely : Konferenciakötet. Szerk.: Bene Szabolcs, Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem Georgikon Campus, Keszthely, 17-22, 2022.
8. **Klein, R.**, Posta, J.: Telivér mének hatása a gidrán lófajta genetikai diverzitására.  
In: XXIV. Tavasz Szél Konferencia 2021: Tanulmánykötet I.. Szerk.: Molnár Dániel, Molnár Dóra, Doktoranduszok Országos Szövetsége, Budapest, 156-161, 2021. ISBN: 9786158199117

## Magyar nyelvű absztrakt kiadványok (1)

9. **Klein, R.**, Posta, J.: Telivér mének hatása a gidrán lófajta genetikai diverzitására.  
In: XXIV. Tavasz Szél Konferencia 2021 : Absztraktkötet. Szerk.: Molnár Dániel, Molnár Dóra, Doktoranduszok Országos Szövetsége, Budapest, 103, 2021. ISBN: 9786155586996

## További közlemények

## Idegen nyelvű absztrakt kiadványok (2)

10. Munro, J., Morgan-Davies, C., Karatzia, M. A., Ligda, C., de Heredia, I. B., Ruiz, R., Carta, A., Salaris, S., Keady, T., McClearn, B., Ocak-Yetisgin, S., **Klein, R.**, Grisot, P. G.: EuroSheep: co-construction approaches to understand main needs of sheep farmers and define innovative solutions to improve the sector's profitability.  
In: Book of Abstracts of the 1st Regional Meeting of the European Federation of Animal Science. Eds.: Zdravko Barac; Georgia Hadjipavlou, The European Federation of Animal Science (EAAP), Nitra, 76, 2023.
11. Karatzia, M. A., Tsiokos, D., Salaris, S., Morgan-Davies, C., Munro, J., de Heredia, I. B., Ruiz, R., Ocak-Yetisgin, S., Keady, T., McClearn, B., **Klein, R.**, Grisot, P. G.: EuroSheep: Cost benefit and Sustainability analysis of Health and Nutrition Best Practices.  
In: Book of Abstracts of the 1st Regional Meeting of the European Federation of Animal Science. Eds.: Zdravko Barac; Georgia Hadjipavlou, The European Federation of Animal Science (EAAP), Nitra, 48, 2023.





Ismeretterjesztő, népszerűsítő cikkek (1)

12. **Klein, R.:** Innovatív technológiák Új Zéland juhtenyésztése stabilan fejlődik.

*Magy. állatteny. lapja.* 7, 44-45, 2023. ISSN: 1417-7811.

**A közlő folyóiratok összesített impakt faktora: 3**

**A közlő folyóiratok összesített impakt faktora (az értekezés alapjául szolgáló közleményekre): 3**

A DEENK a Jelölt által az iDEa Tudóstérbe feltöltött adatok bibliográfiai és tudományometriai ellenőrzését a tudományos adatbázisok és a Journal Citation Reports Impact Factor lista alapján elvégezte.

Debrecen, 2023.07.26.

