

DOKTORI (Ph.D.) ÉRTEKEZÉS

SOMOGYVÁRI ENIKŐ

DEBRECEN

2019.

DEBRECENI EGYETEM

ÁLLATTENYÉSZTÉSI TUDOMÁNYOK DOKTORI ISKOLA

Doktori Iskola vezető:

Dr. Komlósi István
egyetemi tanár
az MTA doktora

Témavezető:

Dr. Mihók Sándor C.Sc.
professor emeritus

**A HUCUL LÓFAJTA POPULÁCIÓGENETIKAI
ÉRTÉKELÉSE**

Készítette:

Somogyvári Enikő
doktorjelölt

Debrecen

2019.

A HUCUL LÓFAJTA POPULÁCIÓGENETIKAI ÉRTÉKELÉSE

Értekezés a doktori (Ph.D.) fokozat megszerzése érdekében
az állattenyésztési tudományok tudományágban

Írta: Somogyvári Enikő okleveles biológus

Készült a Debreceni Egyetem Állattenyésztési Tudományok Doktori Iskola
(Állatnemesítés – Génmegőrzés programja) keretében

Témavezető: Dr. Mihók Sándor C.Sc.

A doktori szigorlati bizottság:

	név	fokozat
elnök:	Dr. Kovács András	D.Sc.
tagok:	Dr. Gáspárdy András	Ph.D.
	Dr. Kusza Szilvia	Ph.D.

A doktori szigorlat időpontja: 2018.02.27.

Az értekezés bírálói:

név	fokozat	aláírás
.....
.....

A bírálóbizottság:

	név	fokozat	aláírás
elnök:
tag:
titkár:

Az értekezés védésének időpontja: 20.... ..

TARTALOM

1	Bevezetés	6
2	Irodalmi áttekintés	9
2.1	Általános áttekintés	9
2.2	A populációgenetikai mutatók lófajtákon keresztül.....	10
3	Anyag és módszer	28
3.1	Anyag	28
3.2	Módszer.....	30
4	Eredmények	37
4.1	A 2002-2011. évek közötti törzskönyvi nyilvántartásban lévő állományok értékelése	37
4.2	A 2015. évi törzskönyvi nyilvántartásban lévő állomány értékelése.....	43
4.3	A lengyel eredetű tenyészállatok hatása a magyarországi hucul lóállomány populációgenetikai jellemzőire 2015. évi törzskönyvi nyilvántartásban lévő állomány alapján.....	50
4.4	A 2016. évi törzskönyvi nyilvántartásban lévő állomány értékelése.....	68
4.5	Az európai állomány elemzése, szubpopulációk (országok) közötti kapcsoltság felmérése.....	78
5	Következtetések, javaslatok.....	107
6	Új tudományos eredmények	109
7	Gyakorlatban alkalmazható eredmények.....	111
8	Összefoglalás	112
9	Summary.....	116
10	Irodalomjegyzék	121
11	Publikációk az értekezés témakörében	131
12	Köszönetnyilvánítás.....	133
13	Mellékletek	134

14 Nyilatkozatok.....	137
-----------------------	-----

1 BEVEZETÉS

A kutatás alanya a lófélék egyik fajtája, az európai állattenyésztés részben megmaradt gyöngyszeme a hucul, amelyik minden tekintetben egyedül álló lófajta. Nem csak megjelenésében sajátos, hanem abban az értelemben is, hogy viszonylag kicsiny tenyészkörzetből, az Erdős-Kárpátok északkeleti csücskében, kelet-nyugati irányban mintegy 200, észak-déli irányban mintegy 100 kilométernyire terjedő hucul vidékről származik. Az első világháború előtt a hucul vidék (HUZULEI) három ország határterületén (Magyarország, Bukovina, Galícia) helyezkedett el. A Tisza, a Prut, a Cseremosz, a Brodina forrásvidéke átjárhatatlan rengetegje genetikai izolációt is jelentett a fajtának, genetikai szerkezetét az immigráció elhanyagolható mértékben változtatta MIHÓK (2014). A hucul föld területi elhelyezkedése miatt Magyarország a fajta létezése óta kötődött a hucul lóhoz. A peremvidék mellett már ekkor is előfordult az ország belsejében is néhány nagybirtokon. Az első világháborút lezáró béketárgyalások után Magyarország négy hucul mént és tizenhárom hucul kancát vásárolt az eredeti hucul anyagból. Ezeket és még az ország nagybirtokaiból vásárolt néhány lovat az 1922-ben alapított bántapusztai katonai ménesben helyezték el. Lengyelországból is kerültek ide lovak, majd 1939-ben a Turjaremetei Ménteleposztályon lévő teljes hucul állomány is Magyarországé lett. A II. világháború frontja elől szinte a teljes magyarországi hucul lóállomány a németországi Mansbachba került. Egyházi birtokokon maradt pár ló és az evakuálás során útközben elkallódott pár egyed, amelyek túléltek a II. világháborút. 1945 után Anghy Csaba, a Fővárosi Állat- és Növénykert egykori igazgatója a szétszóródott állomány pár fellelt egyedével megkezdte a fajtamentést (MIHÓK, 2014). Csehszlovákiából szereztek 1-1 mént, majd a civil tenyésztésszervezés újjáalakulásával, 1992-től a Póni és Kislótenyésztők Országos Egyesülete fajtafenntartó jogot kapva felvállalta a fajta tenyésztését. Legfontosabb feladatának az állománynövelést tartotta, s előbb lucsinai tenyésztésű öt kancát és két mént egy Ousor és egy Goral törzsbéli egyedet szereztek meg és állítottak tenyésztésbe. A háború után megmentett kancákból kettő kancacsaláddá terebélyesedett (Aspiráns és Árvácska), genealógiai vonal terén pedig nyomasztó volt a Goral és az Ousor törzsek jelenléte. Az 1990-es évek közepén egy lengyel tenyésztésű, Polan törzsbéli mén kapott nagyobb szerepet. Sokáig ez a három mén és a két kancacsalád uralta a fajtát, majd az állomány 200 fölé emelkedésekor óriási erővel

indult el a kancacsaládok számának a gyarapítása és a fajta mind a hét törzséből tenyészállatok kerültek felállítására.

Mára 300 feletti a kancalétszám és 37 a tenyészménekek száma, amelyek a Hroby, Goral, Prislop, Pietrosu, Ousor, Polan, Gurgul törzseket képviselik.

Az első világháború után a hucul vidék Romániához, Lengyelországhoz és Csehszlovákiához került. Az egykori ménes egyediből Lengyelország, Románia és Ukrajna kapott. Ukrajna lemondott a hucul lovokról, ezek után Eichgrabenbe került ez az állomány, melyet későbbiekben Csehszlovákia és Magyarország vásárolt meg.

Románia újra elkezdte a hucul lótenyésztést és törekedtek minél több genealógiai vonal felállítására. A már meglévő Hroby és Goral mellé, Ousor, Prietrosu és a Goral oldalágaként Prislop törzseket állították fel, emellett a kancák számát is gyarapították és célpárosításokhoz is folyamodtak.

Lengyelországban 1924 után a köztenyésztés megszervezését követően indult meg ismét nagyerőkkel a hucul lótenyésztés. 1937-ben már 450 kancát regisztráltak, valamint egy újabb vonalalapító mént, a Polant vonták be a tenyésztésbe, ezzel a törzsek száma hétre növekedett. Az 1980-as években a tenyészkancák száma lecsökkent, majd az 1990-es évek után egyre növekedett az állomány. Tenyésztési programoknak köszönhetően, az egykori kislétszámú állományból, mára nagylétszámúvá nőtte ki magát. A HIF (Hucul International Federation) tagállamai közül legtöbb hucul lóval rendelkező ország.

Csehszlovákia az eredeti lucsinai ménes egy részének megvásárlását követően Kistapolcsányba szállította, majd egy évvel később 1923-ban Turjaremetére helyezte át az állományt. 1936-ban feloszlatták a Kistapolcsányi Ménest és 1939-ben újra megalapították. Csehszlovákia szétválása után, mindkét országban tovább folytatódott a hucul lótenyésztése. Kistapolcsányban fajtatiszta egyedekkel folyt tovább a tenyésztés, a keresztezett egyedeket nem használta fel. Csehország gyors nemzedékváltással törekedett a minél nagyobb mértékű fajtatisztaság elérésére.

1990-es évektől Ausztriában is megindult a szervezett tenyésztés. Részt vettek a fajta nemzetközi (HIF: Hucul International Federation) szervezetének a megalapításában.

A nemzetközi szervezet (HIF) döntése értelmében a tagországok tenyésztési programjai kizárják a fajtán kívüli immigrációt. A fajtán belül a tenyészállatcserére rákényszerülnek a tagországok, ezzel segítve a fajta hosszútávú fenntartását.

Célkitűzés:

- A kutatási téma egyik vonulata feltárni a hazai állomány genetikai diverzitás változását populációgenetikai mutatókon keresztül.
- Fontos figyelmet fordítottunk a nélkülözhetetlen tenyészállat cserék hatására bekövetkezett változások vizsgálatára, amelyet a magyar állományba bevont külföldi tenyészállatok vizsgálatán keresztül végeztük el.
- Kutatási téma további vonulata a tenyészetek (lényegében az országok) közötti genetikai kapcsoltság felmérése.

2 IRODALMI ÁTTEKINTÉS

2.1 Általános áttekintés

Korunkra jellemző a vadon élő fajok pusztulása, de a háziállatfajták felmorzsolódása is nagy ütemben halad, s erre ráeszmélve mind jobban előtérbe kerül a folyamat lassítása, a veszélyeztetett helyzetbe kerültek túlélésének megteremtése, így a biológiai sokféleség megőrzése egyre több emberi beavatkozást igényel (FRANKHAM et al., 2002). A szakirodalmi összefoglalás célja a pedigréanalízis-kutatás és a hozzákapcsolódó mérőszámok áttekintése különböző lófajták példáin keresztül. A kislétszámúra apadt, veszélyeztetett helyzetbe sodródott fajtáknál egyre indokoltabbak és gyakoribbak az ilyen jellegű vizsgálatok. Ezek a számítások nagy segítségül lehetnek a tenyésztési programok kidolgozásában, vagy szükségyszerű módosításában. Megszabhatják a módosítás irányát esetleg mértékét. Javaslatot tehetnek az állományokon belüli diverzitás fenntartásának módjára, szükségességére, segíthetik a rokontenyésztés elkerülését, vagy párosítási rendszerekre tehetnek javaslatot. Nagy szerepet tölthetnek be a szükségyszerű, legtöbbször kényszerű tenyészállat-cserékben, a vérfrissítésben. A fajták populációgenetikai szerkezetének feltárása a velük foglalkozó tenyésztőket is segíti, megvédi őket a genetikai egyensúly kibillentését követelő tenyésztés adaptálásából következő hibáktól.

A pedigréanalízis elméleti alapjairól először WRIGHT (1931), majd JAMES (1962, 1971, 1972), MACCLUER et al. (1986) és LACY (1989) írtak. BOICHARD et al. (1997) módszere óta, számos pedigréanalízis jelent meg és a különböző állatfajokra igazítva folyamatosan újabbakat közölnek. Napjainkban a számítástechnika fejlesztésével különböző programok által nyílik lehetőség pedigréanalízisre. BOICHARD 2002-ben FORTRAN programnyelven megírt PEDIG programcsomagja a nagyobb pedigrék elemzését tette lehetővé. Majd a három évvel később megjelent, Visual Basic programnyelven íródott ENDOG program, mely kisebb populációk pedigré elemzése is alkalmassá válik (GUTIÉRREZ és GOYACHE, 2005). 2006-ban SARGOLZAEI et al. elkészítették Visual C++-ben megírt programot, következő évben COLE (2007) Python programozói nyelven megírta a PyPedal-t. 2009-ben GROENEVELD et al. elkészítették a POPREP programot, amellyel nagyméretű populációk közötti összehasonlításra is lehetőség nyílt. Évekkel később, BAUMUNG et al. (2015) által létrehozott GRAIN nevű program szintén nagyméretű populációkkal való számítást tett lehetővé. Ezen kívül

GUTIÉRREZ et al. (2005) Molkin programja végez még genetikai markerek alapján analízist.

A pedigréelemzések során, a populációkra jellemzően, leggyakrabban az átlagos rokonsági fok, a beltenyésztési együttható, a pedigrételjesség, a pedigré hosszúság, az effektív populáció méret, a nemzedékköz, az alapító és nem alapító ősök (/effektív) száma és a populációgenetikai szerkezetére legnagyobb hatást gyakorló hím és nőivarú egyedek meghatározása kerül előtérbe. Általában meghatározásra kerül még az alapító ősök és a nem alapító ősök effektív számának aránya, alapító ősök genom ekvivalens értéke is. A GUTIÉRREZ et al. (2005) által megírt és továbbfejlesztett ENDOG programmal ezeknek a jellemzőknek kiszámítására is lehetőség nyílik.

2.2 A populációgenetikai mutatók lófajtákon keresztül

Átlagos rokonsági fok (AR)

Az áttekintett szakirodalmi forrásmunkák alapján az átlagos rokonsági fokra számított értékek 0,16% és 46,26% közé estek. Ezen tartományon belül a legkisebbet 0,16 százalékot BARTOLOMÉ et al. (2011) közölték a spanyol sportlovakra. Kisebb értékek közé tartozik SILVA FARIA et al. (2018a) a quarter lovakra (0,95 százalékot) és MACIEL et al. (2014) a brazil creole lóra (1,58%) számított értékei. PJONTEK et al. (2012) 9,34 százalékot írtak le a hucul lovaknál. Az angol telivérnél BOKOR et al. (2013) 19,19 százalékot és mallorka fajtára ÁLVAREZ et al. (2010) 10,1 százalékot kaptak. Legnagyobb értéket a sorraia lovaknál PINHEIRO et al. (2013) 46,26 százalékot számoltak. Az 1. táblázatban további átlagos rokonsági fok értékek kerültek összefoglalásra.

1. táblázat

Átlagos rokonsági fok százalékos értékei

Szerző	Fajta	Átlagos rokonsági fok (%)
BARTOLOMÉ et al. (2011)	spanyol sportlovak	0,16
SILVA FARIA et al. (2018a)	quarter lovak	0,95
MACIEL et al. (2014)	brazil creole ló	1,58

Szerző	Fajta	Átlagos rokonsági fok (%)
PJONTEK et al. (2012)	shagya arab lovak	3,08
PJONTEK et al. (2012)	lipicai lovak	3,73
SILVA FARIA et al. (2018b)	lusitano lovak	5,97
DUNNER et al. (1998)	asturcón póni	6,8
PJONTEK et al. (2012)	szlovák sportpóni	7,19
ROYO et al. (2007)	asturcón póni	9,2
PJONTEK et al. (2012)	hucul lovak	9,34
DURU (2017)	török arab lovak	9,5
ÁLVAREZ et al. (2010)	malorkai lovak	ref.11,2 teljes 10,1
CERVANTES et al. (2008a)	spanyol arab lovak	ref. 11,6 teljes 9,1
VALERA et al. (2005)	andalúz lovak	12,25
VICENTE et al. (2012)	luzitán lovak	13,54 (0,1354)
SCHURINK et al. (2012)	holland fogatlovak	18,4 (0,184)
BOKOR et al. (2013)	angol telivér lovak	19,19
VOSTRÁ-VYDROVÁ et al. (2016)	ó-kladrubi ló	21 (0,21)
PINHEIRO et al. (2013)	sorraia lovak	46,26

Beltenyésztési együtttható

A beltenyésztés zárt körben történő szaporodás, amelynél az azonos fenó- és genotípusú egyedek szaporítása folyik. E tenyésztéstechnikai módszernél génmigrációt nem alkalmazunk, következménye a származásilag azonos allélok számának növekedése. Ennek következtében a ritka allélok gyakorisága csökken, így az ivadékok, végül is a populációgenetikai variabilitása csökken. A káros homozigóta recesszív allélok arányának megnövekedésével az élettani puffer-kapacitás, ennek következtében, a környezethez való alkalmazkodó képességük is csökken. Ez a beltenyésztési leromlásban jut kifejezésre (DOHY, 1989). Emiatt kerül előtérbe a populációt képviselő nőivarú egyedek nagymértékű heterozigóztatásának szükségessége (DOHY, 1999).

A beltenyésztettség káros hatásairól írt FRANKHAM (2003). Miszerint a magas beltenyésztési szint negatívan befolyásolja a szaporaságot, valamint a mortalitást megnöveli. A magzatkori életben maradási az édestestvér párosítások átlagosan 33

százalékkal csökkentik. A hosszú időn át szülő-ivadék és az édestestvér párosítás, gyors beltenyészettségi szint növekedést von maga után, így házasított állatfajok egyes fajtáiban nem használják. Ha a beltenyészettségi szint lassan növekszik, akkor a káros allélok a szelekció által kieshetnek.

A 2. táblázatban a különböző lófajták példáin keresztül, szerzőkhöz kötve lettek összefoglalva a beltenyésztési együttható értékek. A 2. táblázat 0,49% és 26,99%-os intervallum közötti jellemző mutatókat foglalja magába. A legkisebb értéket 0,49 százalékot SIDERITS et al. (2013) határozták meg a német sabraktarka lovakra. Ehhez közelít adtak meg MEDEIROS et al. (2014) brazil sportlovakra (0,6%). Hasonló mérőszámot közöltek BARTOLOMÉ et al. (2011) spanyol sportlovakra (0,66%) és MOUREAUX et al. (1996) a francia hátasokra (0,7%). Hucul lovakat vizsgálva 6,26%-os értéket közöltek PJONTEK et al. (2012), ettől valamivel nagyobb értéket (6,96%) MIHÓK (2014) és a legnagyobbat, 7,7 százalékot MACKOWSKI et al. (2015) írták le. A lipicaiaknál viszonylag alacsony értékről (4,02%) írtak PJONTEK et al. (2012), ehhez képest jóval magasabbat (10,3 százalékot) tettek közzé CURIK et al. (2003) és 10,81 százalékot ZECHNER et al. (2002). Az angol-ír telivéreknél CUNNINGHAM et al. (2001) 13,9 százalékot adtak meg, egyben ez a legmagasabb érték az angol telivérekre megadottak értékszáma között, de az összes érték tekintetében is az általa közölt a harmadik legnagyobb. A második legmagasabb beltenyésztési együtthatót SEVINGA (2004) írták le (15,7%) a fríz lovaknál. Kiemelkedően magasat (26,99%) számítottak PINHEIRO et al. (2013) sorraia lovak esetében.

2. táblázat

Beltenyésztési együtthatók százalékos értékei

Szerző	Fajta	Beltenyésztési koefficiens (%)
SIDERITS et al. (2013)	német sabraktarka lovak	0,49
MEDEIROS et al. (2014)	brazil sportlovak	0,6
BARTOLOMÉ et al. (2011)	spanyol sportlovak	0,66
MOUREAUX et al. (1996)	francia hátas lovak	0,7
MOUREAUX et al. (1996)	francia telivér lovak	1,02
SILVA FARIA et al. (2018a)	quarter lovak	1,07

Szerző	Fajta	Beltenyésztési koefficiens (%)
PIERAGOSTINI et al. (2005)	murgese lovak	1,165 (0,0165)
MOUREAUX et al. (1996)	anglo-arab lovak	1,17
MACIEL et al. (2014)	brazil creole ló	1,21
HAMANN és DISTL (2008)	hannoveri lovak	teljes 1,33 kanca 1,29 mén 1,19
VOSTRÝ et al. (2011)	nóri lovak	teljes 1,51 kanca 1,26 mén 1,76
BOROWSKA et al. (2011)	lengyel melegvérű lovak	1,69
BIEDERMANN et al. (2002)	német-rajnai hidegvérű	1,73
MOUREAUX et al. (1996)	francia ügető lovak	1,86
GHARAHVEYSI és IRANI (2011)	iráni arab lovak	2,1
ABERLE et al. (2004)	délnémet hidegvérű lovak	2,28
PJONTEK et al. (2012)	szlovák sportpóni	2,67
DUNNER et al. (1998)	asturcón póni	2,7
GLAZEWSKA és JEZIERSKI (2004)	lengyel arab lovak	3,06-5,31
MOUREAUX et al. (1996)	arab lovak	3,08
BHATNAGAR et al. (2011)	norvég fjord lovak	3,17
VOSTRÝ et al. (2011)	sziléziai nóri lovak	teljes 3,23 kanca 3,39 mén 3,13
DOBSON et al. (2010)	quarter ló	kanca 3,49 mén 1,61
VOSTRÝ et al. (2011)	cseh-morva hidegvérű	teljes 3,55 kanca 3,26 mén 3,84
PJONTEK et al. (2012)	shagya arab lovak	3,95
PJONTEK et al. (2012)	lipicai lovak	4,02
MACKOWSKI et al. (2015)	lengyel primitív ló konik	4,2
SILVA FARIA et al. (2018b)	lusitano lovak	4,46
ABERLE et al. (2003b)	schleswigi hidegvérű lovak	4,53
DURU (2017)	török arab lovak	4,6
ÁLVAREZ et al. (2010)	malorkai lovak	ref. 4,7 teljes 2,5

Szerző	Fajta	Beltenyésztési koefficiens (%)
ROYO et al. (2007)	asturcón póni	4,7
DRUML et al. (2009)	osztrák nóri fajtájú igáslovak	5,01
ABERLE et al. (2003a)	fekete erdei ló	5,21
VOSTRÁ-VYDROVÁ et al. (2015)	cseh hucul lovak	5,35
PONCET et al. (2006)	freibergi ló	6
PJONTEK et al. (2012)	hucul lovak	6,26
GANDINI et al. (1992)	olasz haflingi lovak	6,59
MIHÓK (2014)	hucul lovak	ref. 6,96 teljes 5,28
MACKOWSKI et al. (2015)	hucul lovak	7,7
VOLENEC et al. (1995)	kladrubai lovak	7,75
POSTA et al. (2006)	magyar sportlovak	7,9
SCHURINK et al. (2012)	holland fogatlovak	8 (0,080)
VALERA et al. (2005)	andalúz lovak	8,48
MACCLUER et al. (1983)	észak-amerikai ügető ló	8,99
DELGADO et al. (2014)	spanyol arab lovak	9,4
BOKOR et al. (2013)	angol telivér lovak	9,58
CERVANTES et al. (2008a)	spanyol arab lovak	ref. 9,8 teljes 7
CURIK et al. (2003)	lipicai lovak	10,3
ZECHNER et al. (2002)	lipicai lovak	10,81
AVDI és BANOS (2008)	skyros kisló	11
VICENTE et al. (2012)	luzitán lovak	11,34
MAHON és CUNNINGHAM (1982)	angol telivér lovak	12,5 (0,125)
VOSTRÁ-VYDROVÁ et al. (2016)	ó-kladrubai ló	13 (0,13)
CUNNINGHAM et al. (2001)	angol-ír telivér lovak	13,9 (0,139+-0,11)
SEVINGA et al. (2004)	fríz lovak	15,7
PINHEIRO et al. (2013)	sorraia lovak	26,99

Lengyel hucul lovak mikroszatellit alapon történő populációgenetikai vizsgálatáról számoltak be FORNAL et al. (2013). Őshonos lengyel fajtaként említi, aminek kislétszámú populációja miatt nagy beltenyésztési kockázata van és a genetikai információ vesztesége is állandó veszélyforrást képez. A tanulmányból kiderül, hogy a heterozigóták aránya 0,7288 és 0,7027 között van, valamint mtDNS vizsgálatba nagyobb számú csoportok bevonását javasolja.

Mikroszatellit vizsgálatokra példa ACHMANN (2004), aki a lipicai lovaknál a heterozigóták arányát 0,663 értéknek, a géndiverzitást 0,675-nek és a mikroszatellit lokuszokon található allélok átlagos számát 7,056-nak találta. GLOWATZKI-MULLIS et al. (2005) szerint freibergi lovaknál a heterozigóták aránya 0,61-0,72 között változik. PIERAGOSTINI et al. (2005) szerint murgese lovak átlagos beltenyésztési együttható értéke 0,0165 (1,65%) volt.

Pedigrételjesség értékelése

A pedigrételjességet három módon számolhatjuk, a teljes generációs ekvivalenssel, a maximálisan ismert nemzedékek számával és a teljes ismert ősi sorok számával.

Teljes generációs ekvivalens

A 3. táblázatban a különféle forrásmunkákban közzétett teljes generációs ekvivalens értékek kerültek bemutatásra. A különböző szerzők által közölt értékek 1,72 és 15,64 közötti tartományban jelentek meg. A hucul könyvben (MIHÓK, 2014) rögzített magyar hucul lovak általános pedigrételjessége 6,09, a referencia állományra vonatkozóan 8,43. MACKOWSKI et al. (2015) lengyelországi huculokra 3,8 és 7 közötti tartományt írtak le, amely részben eltér a magyar állománytól. Arab lovak pedigréjének elemzéséről számos szakirodalmi forrásmunka olvasható. Ilyen például CERVANTES et al. (2008a) munkája, akik a spanyolországi arab lovak pedigrételjességre 7,9-es értéket közöltek. Ezen értékektől nagyobbat számoltak lipicai lovakra pl. PJONTEK et al. (2012) és CURIK et al. (2003). Előbbi 10,25-öt, utóbbi 15,12-t, de ZECHNER et al. (2002) is 15,22-t tettek közzé. Legmagasabb értéket nem meglepő módon a hosszú történelmi múltra visszanyúló angol telivérekre kaptak BOKOR et al. (2013) (15,64-et).

Teljes generációs ekvivalens (generáció)

Szerző	Fajta	Teljes generációs ekvivalens
MEDEIROS et al. (2014)	brazil sportlovak	1,72
TEEGEN et al. (2008)	trakehneni lovak	2,87
ROYO et al. (2007)	asturcón póni	2,97
MACKOWSKI et al. (2015)	hucul lovak	3,8-7
MACKOWSKI et al. (2015)	lengyel primitív ló konik	4,6-7,6
SIDERITS et al. (2013)	német sabraktarka lovak	4,77
PJONTEK et al. (2012)	szlovák sportpóni	4,93
PINHEIRO et al. (2013)	sorraia lovak	6,14
SILVA FARIA et al. (2018a)	quarter lovak	ref. 6,24 teljes 5,09
DELGADO et al. (2014)	spanyol arab lovak	7,7
DURU (2017)	török arab lovak	7,8
CERVANTES et al. (2008a)	spanyol arab lovak	ref. 7,9 teljes 5,7
VALERA et al. (2005)	andalúz lovak	8,26
HAMANN és DISTL (2008)	hannoveri ló	teljes 8,43 kanca 8,17 mén 7,66
MIHÓK (2014)	hucul lovak	ref. 8,43 teljes 6,09
PJONTEK et al. (2012)	shagya arab lovak	9,56
SCHURINK et al. (2012)	holland fogatlovak	10
PJONTEK et al. (2012)	lipicai lovak	10,25
DRUML et al. (2009)	osztrák nóri fajtájú igáslovak	12,28
VOSTRÁ-VYDROVÁ et al. (2016)	ó-kaldrubi ló	15,1
CURIK et al. (2003)	lipicai lovak	15,12
ZECHNER et al. (2002)	lipicai lovak	15,22
BOKOR et al. (2013)	angol telivér lovak	15,64

Maximálisan ismert nemzedékek száma

A különféle forrásmunkákban közölt maximálisan ismert nemzedékek száma 2,35 és 34,82 közötti értékeket mutatott. Ezeket a 4. táblázatban foglaltuk össze. Legrövidebb nemzedékszámot (2,35-öt) az asturcón pónira DUNNER et al. (1998) közöltek, a brazil sportlovakra (3,1-et) MEDEIROS et al. (2014) és meglepő módon TEEGEN et al. (2008). Ez utóbbinál a trakehneni lovakra megadott 4,55 maximálisan ismert nemzedék minden bizonnyal a törzskönyvi bizonylatok hiánya miatt állhatott elő. Közepes értékekről (17,54-ről) PJONTEK et al. (2012) számoltak be a hucul lovaknál. Nagyobb értéket BOKOR et al. (2013) a magyarországi telivéreknél (28,96-ot), VOSTRÁ-VYDROVÁ et al. (2016) az ó-kladrubi fajtára (33-at) és PJONTEK et al. (2012) a shagya arab lovaknál (34,82-t) számítottak.

4. táblázat

Maximálisan ismert nemzedékek száma (generáció)

Szerző	Fajta	Maximálisan ismert nemzedékek száma
DUNNER et al. (1998)	asturcón póni	2,35
MEDEIROS et al. (2014)	brazil sportlovak	3,1
TEEGEN et al. (2008)	trakehneni lovak	4,55
PJONTEK et al. (2012)	szlovák sportpóni	5,76
PINHEIRO et al. (2013)	sorraia lovak	ref. 8,17 teljes 13
DURU (2017)	török arab lovak	12,2
DELGADO et al. (2014)	spanyol arab lovak	13,2
VALERA et al. (2005)	andalúz lovak	14,59
SIDERITS et al. (2013)	német sabraktarka lovak	15
PJONTEK et al. (2012)	hucul lovak	17,54
HAMANN és DISTL (2008)	hannoveri melegvérű lovak	23
PJONTEK et al. (2012)	lipicai lovak	24,56

Szerző	Fajta	Maximálisan ismert nemzedékek száma
BOKOR et al. (2013)	angol telivér lovak	28,96
VOSTRÁ-VYDROVÁ et al. (2016)	ó-kladrubi ló	33
PJONTEK et al. (2012)	shagya arab lovak	34,82

Teljes ismert ősi sorok száma

Többen kutatták a különböző fajták teljes ismert nemzedékeinek számát és bizony alacsony értékek (1,25 és 6,69 közöttiek) születtek. MEDEIROS et al. (2014) a brazil sportlovaknál 1,25-ös és ehhez közeli 1,86-os értéket írtak le TEEGEN et al. (2008) trakehneni lovaknál. PJONTEK et al. (2012) hucul lovakra 4,29-et adtak meg. A legnagyobb értéket (6,69-et) BOKOR et al. (2013) közölték a lipicai lovaknál. Mindezeket, további értékekkel bővítve az 5. táblázat mutatja be.

5. táblázat

Ismert teljes ősi sorok száma (generáció)

Szerző	Fajta	Teljes ismert ősi sorok száma
MEDEIROS et al. (2014)	brazil sportlovak	1,25
TEEGEN et al. (2008)	trakehneni lovak	1,86
PJONTEK et al. (2012)	hucul lovak	4,29
PJONTEK et al. (2012)	szlovák sportpóni	4,31
DURU (2017)	török arab lovak	5,4
PJONTEK et al. (2012)	shagya arab lovak	5,58
PJONTEK et al. (2012)	lipicai lovak	5,9
BOKOR et al. (2013)	angol telivér lovak	6,69

Effektív populációméret (N_e)

A 6. táblázatban szereplő effektív populáció méret értékszámra 23 és 372,34 nagyságrendet adtak meg a különböző szerzők. MACKOWSKI et al. (2015) lengyel konik lóra kalkulált értéke a legkisebb (23-37). MACKOWSKI et al. (2015) hucul lovakra

számított tartománya széles értékek között változott (32-155). BARTOLOMÉ et al. (2011) a spanyol sportló populációban az ENDOG programmal végeztek el effektív populáció méret számításokat és 225,8 effektív populáció méretet közöltek. HAMANN és DISTL (2008) a hannoveri melegvérű lóra vonatkozó 372,34-es mutatója kiemelkedően magas értéknek számít az áttekintett szakirodalmi forrásmunkák között.

6. táblázat

Effektív populációméret N_e

Szerző	Fajta	Effektív populációméret
MACKOWSKI et al. (2015)	lengyel primitív ló konik	23-37
SEVINGA et al. (2004)	fríz lovak	27
MACKOWSKI et al. (2015)	hucul lovak	32-155
VICENTE et al. (2012)	luzitán lovak	41,24
VOSTRÝ et al. (2011)	sziléziai nóri lovak	43,14
PJONTEK et al. (2012)	hucul lovak	47,67
VOSTRÁ-VYDROVÁ et al. (2016)	ó-kladrubi ló	52,09
VOSTRÝ et al. (2011)	cseh-morva hidegvérű	52,21
VOSTRÁ-VYDROVÁ et al. (2015)	cseh hucul lovak	54
VOSTRÝ et al. (2011)	nóri lovak	79,11
PJONTEK et al. (2012)	szlovák sportló lovak	81,18
SILVA FARIA et al. (2018b)	lusitano lovak	ref. 90 teljes 89
MACIEL et al. (2014)	brazil creole ló	95,19
ZECHNER et al. (2002)	lipicai lovak	102
PJONTEK et al. (2012)	shagya arab lovak	109,8
PONCET et al. (2006)	freibergi	114,5
PJONTEK et al. (2012)	lipicai lovak	117,14
DRUML et al. (2009)	osztrák nóri fajtájú igáslovak	157,4
BOKOR et al. (2013)	angol telivér lovak	159,12
SILVA FARIA et al. (2018a)	quarter lovak	ref. 164 teljes 195

Szerző	Fajta	Effektív populációméret
BARTOLOMÉ et al. (2011)	spanyol sportlovak	225,8
HAMANN és DISTL (2008)	hannoveri melegvérű lovak	372,34

Nemzedékköz

A szakirodalmakban megjelenő nemzedékközre jellemző értékek viszonylag kis tartományban (6,3 és 13,94 között) kerültek bemutatásra. PIRAULT et al. (2013) franciaországi ló populációra a legkisebb értéket írtak le (6,3-at). Ehhez hasonló nemzedékköz értéket közöltek DRUML et al. (2009) az osztrák nóri fajtájú igáslovakra nézve (7,9-et) és PINHEIRO et al. (2013) is (7,94-et) sorraia lovakra. Az angol telivérekre LANGLOIS (1976, 1980) 10,5-ös nemzedékköz értéket számított. MIHÓK (2014) a magyarországi hucul teljes populációjára 10,82-t és PJONTEK et al. (2012) a szlovák állományra 11,14-et írtak le. A legmagasabb értéket 13,94-et a lengyel arab ménéknél GLAZEWSKA és JEZIERSKI (2004) közölték. További nemzedékköz értékek a 7. táblázatban kerültek feltüntetésre.

7. táblázat

Nemzedékköz

Szerző	Fajta	Nemzedékköz (év)
PIRAULT et al. (2013)	francia országi ló	6,3
DRUML et al. (2009)	osztrák nóri fajtájú igáslovak	7,9
PINHEIRO et al. (2013)	sorraia lovak	7,94
VOSTRÝ et al. (2011)	sziléziai nóri lovak	8,52
SCHURINK et al. (2012)	holland fogatlovak	8,6
VOSTRÝ et al. (2011)	cseh-morva hidegvérű	8,69
PONCET et al. (2006)	freibergeri	8,7
VOSTRÝ et al. (2011)	nóri lovak	8,71
BHATNAGAR et al. (2011)	norvég fjord lovak	9,14
SEVINGA et al. (2004)	fríz lovak	9,6
MOUREAUX et al. (1996)	arab lovak	9,7

Szerző	Fajta	Nemzedékköz (év)
HUGASON et al. (1985)	izland kisló	9,7
PJONTEK et al. (2012)	szlovák sportpóni	9,96
GAFFINEY et al. (1988)	angol telivér lovak	kanca 9,7 mén 11,2
THIRUVENKADAN et al. (2009)	angol telivér lovak	kanca 9,7 mén 11,2
HAMANN és DISTL (2008)	hannoveri melegvérű lovak	10
SILVA FARIA et al. (2018b)	lusitano lovak	10,1 (+/- 5,1)
VALERA et al. (2005)	andalúz lovak	10,11
TEEGEN et al. (2008)	trakehneni lovak	10,2
POSTA et al. (2006)	magyar sportlovak	10,24
GLAZEWSKA és JEZIERSKI (2004)	lengyel arab lovak	kanca 10,24-12,6 mén 8,64-13,94
MACIEL et al. (2014)	brazil creole ló	10,26
VICENTE et al. (2012)	luzitán lovak	10,28
LANGLOIS et al. (1976, 1980)	angol telivér lovak	10,5
YAMASHITA et al. (2010)	japán telivér lovak	10,5-11,5
MOUREAUX et al. (1996)	francia telivér lovak	10,6
BIEDERMANN et al. (2005)	angol telivér lovak	10,64
TAVEIRA et al. (2004)	brazil telivér lovak	teljes 10,7 kanca 10,91 mén 10,41
SILVA FARIA et al. (2018a)	quarter lovak	ref. 10,8 teljes 9,6
BARTOLOMÉ et al. (2011)	spanyol sportlovak	10,8
MEDEIROS et al. (2014)	brazil sportlovak	10,82
MIHÓK (2014)	hucul lovak	10,82
ÁLVAREZ et al. (2010)	malorkai lovak	11,1
PJONTEK et al. (2012)	hucul lovak	11,14
BOKOR et al. (2013)	angol telivér lovak	11,41
MOUREAUX et al. (1996)	anglo-arab lovak	11,5
O'TOOLE et al. (2001)	ír ígáslovak	11,65
MOUREAUX et al. (1996)	francia háttas lovak	11,7
MOUREAUX et al. (1996)	francia ügető lovak	11,8
PJONTEK et al. (2012)	shagya arab lovak	12,27
DURU (2017)	török arab lovak	12,4

Az alapító ősök effektív száma (f_e)

A különböző szerzők által számított alapító ősök effektív számának értékei széles tartományban jelentek meg (7,46 és 1045 közöttiek), amelyek a 8. táblázatban lettek közzétéve. A 7,46-os értékkel a legkevesebbet PINHEIRO et al. (2013) írták le a sorraia lovakra, nem sokkal nagyobb, 11-et, közöltek ÁLVAREZ et al. (2010) malorkai lovak referencia állományára. Hucul lovak tekintetében MIHÓK (2014) a magyarországi referencia állományra és teljes populációra 25-öt, PJONTEK et al. (2012) a szlovákiai állományra 26-ot és MACKOWSKI et al. (2015) a lengyel állományra 40-et számítottak. Kiemelkedően nagy értéket kaptak SILVA FARIA et al. (2018a) a quarter lovak teljes populációjára (1045-öt).

8. táblázat

Alapító ősök effektív száma

Szerző	Fajta	Alapító ősök effektív száma
PINHEIRO et al. (2013)	sorraia lovak	7,46
ÁLVAREZ et al. (2010)	malorkai lovak	ref. 11 teljes 13
MACKOWSKI et al. (2015)	lengyel primitív ló konik	17
ROYO et al. (2007)	asturcón póni	18,1
DUNNER et al. (1998)	asturcón póni	22
MIHÓK (2014)	hucul lovak	ref. 25 teljes 25
PJONTEK et al. (2012)	hucul lovak	26
VICENTE et al. (2012)	luzitán lovak	27,47
SILVA FARIA et al. (2018b)	lusitano lovak	ref. 29 teljes 33
DELGADO et al. (2014)	spanyol arab lovak	30
CERVANTES et al. (2008a)	spanyol arab lovak	ref. 39,5 teljes 38,6
VALERA et al. (2005)	andalúz lovak	39,6
DURU (2017)	török arab lovak	40
MACKOWSKI et al. (2015)	hucul lovak	40
BOKOR et al. (2013)	angol telivér lovak	42
PJONTEK et al. (2012)	szlovák sportpóni	47
ZECHNER et al. (2002)	lipicai lovak	48,2

Szerző	Fajta	Alapító ősök effektív száma
PONCET et al. (2006)	freibergeri	68,7-75,7
MACIEL et al. (2014)	brazil creole ló	91
VOSTRÁ-VYDROVÁ et al. (2016)	ó-kladubi ló	ref. 92,69
PJONTEK et al. (2012)	lipicai lovak	94
BHATNAGAR et al. (2011)	norvég fjord lovak	96
SCHURINK et al. (2012)	holland fogatlovak	98,6
DRUML et al. (2009)	osztrák nóri fajtájú igáslovak	117,2
PJONTEK et al. (2012)	shagya arab lovak	160
MEDEIROS et al. (2014)	brazil sportlovak	222
HAMANN és DISTL (2008)	hannoveri melegvérű	teljes 244,9 kanca 248,5 mén 364,3
SILVA FARIA et al. (2018a)	quarter lovak	ref. 811 teljes 1045
BARTOLOMÉ et al. (2011)	spanyol sportlovak	963
SIDERITS et al. (2013)	német sabraktarka lovak	963

Nem alapító ősök effektív száma (f_a)

A 9. táblázatban 4 és 407 közötti értékeket találunk, a nem alapító ősök effektív számára vonatkozóan. PINHEIRO et al. (2013) sorraia lovakra 4-et írtak le és egyben a legkisebbet, ehhez közelít adtak meg PJONTEK et al. (2012) a szlovák sportpónira, 7-et. A hucul lovak tekintetében MACKOWSKI et al. (2015) a lengyel állományra és PJONTEK et al. (2012) a szlovák állományra, valamint MIHÓK (2014) a magyar referencia állományra 16-ot írtak le, kicsivel nagyobb volt a magyar teljes populáció értéke (21). A 9. táblázat többi értékei közül kiemelkedve, legnagyobbat BARTOLOMÉ et al. (2011) kapták a spanyol sportlovakra 407-et.

Nem alapító ősök száma

Szerző	Fajta	Nem alapító ősök effektív száma
PINHEIRO et al. (2013)	sorraia lovak	4
PJONTEK et al. (2012)	szlovák sportpóni	7
SCHURINK et al. (2012)	holland fogatlovak	9,8
MACKOWSKI et al. (2015)	lengyel primitív ló konik	11
ÁLVAREZ et al. (2010)	malorkai lovak	ref. 11 teljes 12
VICENTE et al. (2012)	luzitán lovak	11,73
ROYO et al. (2007)	asturcón póni	13
DELGADO et al. (2014)	spanyol arab lovak	13
CERVANTES et al. (2008a)	spanyol arab lovak	ref. 13 teljes 19
BOKOR et al. (2013)	angol telivér lovak	15,32
MACKOWSKI et al. (2015)	hucul lovak	16
PJONTEK et al. (2012)	hucul lovak	16
VALERA et al. (2005)	andalúz lovak	16,5
MIHÓK (2014)	hucul lovak	ref. 16 teljes 21
VOSTRÁ-VYDROVÁ et al. (2016)	ó-kladribi ló	17,16
PONCET et al. (2006)	freibergeri	18,9-20,1
PJONTEK et al. (2012)	shagya arab lovak	20
DURU (2017)	török arab lovak	22
SILVA FARIA et al. (2018b)	lusitano lovak	ref. 26 teljes 30
ZECHNER et al. (2002)	lipicai lovak	26,2
DRUML et al. (2009)	osztrák nóri fajtájú igáslovak	29,3
BHATNAGAR et al. (2011)	norvég fjord lovak	29,95
PJONTEK et al. (2012)	lipicai lovak	32
MACIEL et al. (2014)	brazil creole ló	75
HAMANN és DISTL (2008)	hannoveri melegvérű lovak	teljes 77,73 kanca 81,08 mén:111,8

Szerző	Fajta	Nem alapító ősök effektív száma
SILVA FARIA et al. (2018a)	quarter lovak	ref. 113 teljes 156
MEDEIROS et al. (2014)	brazil sportlovak	129
BARTOLOMÉ et al. (2011)	spanyol sportlovak	407

Nem alapító ősök effektív számának és az alapító ősök effektív számának aránya (f_a/f_e), valamint az alapító ősök effektív számának és nem alapító ősök effektív számának aránya (f_e/f_a), a populációban bekövetkezett palacknyak hatás

A nem alapító ősök effektív számának és az alapító ősök effektív számának arányai a 10. táblázatban közölt értéktartományokban vannak: ez az értéktartomány 0,4 (MACKOWSKI et al., 2015) és 0,718 (ROYO et al., 2007) között változik. A hucul lovak lengyelországi állományára MACKOWSKI et al. (2015) 0,4-et kaptak, míg MIHÓK (2014) nagyobb értékeket írt le a magyarországi referencia állományra (0,667-et) és a teljes populációra is (0,84-et). Alapító ősök effektív számának és nem alapító ősök effektív számának aránya 1,72 (MEDEIROS et al., 2014) és 10,1 (SCHURINK et al., 2012) közötti értéket vesz fel, mely adatok részletesebben a 11. táblázatban kerültek kibontásra.

10. táblázat

Nem alapító ősök effektív számának és alapító ősök effektív számának aránya

Szerző	Fajta	Nem alapító ősök effektív számának és az alapító ősök effektív számának aránya (f_a/f_e)
MACKOWSKI et al. (2015)	hucul lovak	0,4
MACKOWSKI et al. (2015)	lengyel primitív ló konik	0,65
MIHÓK (2014)	hucul lovak	ref. 0,667 (66,7%) teljes 0,84 (84%)
ROYO et al. (2007)	asturcón póni	0,718 (71,8%)

Alapító ősök effektív számának és nem alapító ősök effektív számának aránya

Szerző	Fajta	Alapító ősök effektív számának és nem alapító ősök effektív számának aránya (fe/fa)
MACIEL et al. (2014)	brazil creole ló	1,21
MEDEIROS et al. (2014)	brazil sportlovak	1,72
DURU (2017)	török arab lovak	1,81
VICENTE et al. (2012)	luzitán lovak	2,34
BOKOR et al. (2013)	angol telivér lovak	2,74
HAMANN és DISTL (2008)	hannoveri melegvérű	teljes 3,15 kanca 3,06 mén 3,25
BHATNAGAR et al. (2011)	norvég fjord lovak	3,21
PONCET et al. (2006)	freibergi	3,6-4
VOSTRÁ-VYDROVÁ et al. (2016)	ó-kladrubi ló	5,4
SILVA FARIA et al. (2018a)	quarter lovak	teljes 6,7
SCHURINK et al. (2012)	holland fogatlovak	10,1

Alapító ősök genom ekvivalens értéke (f_g)

A mutatóval a közelmúltban számos szerző foglalkozott és publikációt közölt. A 12. táblázatban ezek közül néhányat mutatunk be. Látható, hogy az alapító ősök genom ekvivalens értéke 4,78 és 254 között változott. VOSTRÁ-VYDROVÁ et al. (2016) ó-kladrubi lovakra 4,78 értéket adtak meg, ami egyben a legkisebb érték a 12. táblázatban közölt adatok sorában. MACKOWSKI et al. (2015) a lengyel hucul lóállományánál 6 és 10 közötti értékről számoltak be. BARTOLOMÉ et al. (2011) a spanyol sportlovakra közölt 254-es értéke a legnagyobb a forrásmunkák közül.

Alapító ősök genom ekvivalens értéke

Szerző	Fajta	Alapító ősök genom ekvivalens értéke
VOSTRÁ-VYDROVÁ et al. (2016)	ó-kladrubi ló	4,78
MACKOWSKI et al. (2015)	primitív lengyel ló konik	5
SCHURINK et al. (2012)	holland fogatlovak	5,5
ZECHNER et al. (2002)	lipicai lovak	6
MACKOWSKI et al. (2015)	hucul lovak	6-10
VICENTE et al. (2012)	luzitán lovak	6,01
DELGADO et al. (2014)	spanyol arab lovak	6,2
ÁLVAREZ et al. (2010)	malorkai lovak	ref. 7 teljes10
DURU (2017)	török arab lovak	9,6
DRUML et al. (2009)	osztrák nóri fajtájú igáslovak	10,63
BHATNAGAR et al. (2011)	norvég fjord lovak	12,69
SILVA FARIA et al. (2018b)	lusitano lovak	ref. 15 teljes 9
HAMANN és DISTL (2008)	hannoveri melegvérű lovak	teljes 34,69 kanca 35,49 mén:49,07
SILVA FARIA et al. (2018a)	quarter lovak	ref. 66 teljes 105
MEDEIROS et al. (2014)	brazil sportlovak	81,7
BARTOLOMÉ et al. (2011)	spanyol sportlovak	254

Az alapító ősök genom ekvivalens értékének és az alapító ősök effektív számának aránya (f_g/f_e), valamint az alapító ősök effektív számának és alapító ősök genomekvivalensének aránya (f_e/f_g), a populációban fennálló génsodródás (drift)

A populációkban fennálló génsodródásra kevés forrásmunkában hivatkoznak. Az f_g/f_e arányt vizsgálva 0,05-ös értéket közöltek (VOSTRÁ-VYDROVÁ et al., 2016). Az f_e/f_g arányra DURU (2017) a török arab lovakra 4,16-ot, SILVA FARIA et al. (2018a) a quarter lovak teljes populációjára 9,95-öt, míg SCHURINK et al. (2012) a holland fogatlovaknál 17,9-et számítottak.

3 ANYAG ÉS MÓDSZER

3.1 Anyag

A számítások alapját egy Access adatbázisba tömörített halmaz szolgáltatja, amely a tartalmazza az egyed nevét, azonosító számát (amennyiben rendelkezésre áll), nemét, apja nevét, anyja nevét, születési időpontját, kancacsaládját és genealógiai vonalát. A magyar állomány a Hucul Méneskönyv I-II. (ABAY et al., 2002), Hucul Méneskönyv I-II-III. kötete (MIHÓK, 2011), valamint a Póni és Kislótenyésztők Országos Egyesülete adatbázisára alapozva készült. A tanulmány a hucul lófajtát tenyésztő országok, szlovákiai állományát a Plemenná Kniha Huculských Koní, Zväzok II 1985-1995 (HUČKO, 1996), Plemenná Kniha Huculských Koní, 1995-2001 (NÁRODNÝ ŽREBČIN s. p. TOPOLEČIANKY, 2001) és a Plemenná kniha huculských koní 2002-2007 (HORNÝ et al., 2007) könyvekből, valamint a tenyésztő szervezettől kapott legfrissebb adataiból épült fel. A csehországi állomány Plemenná kniha huculského koně ČR, I. část, Plemenná klisny, Svazek 1. (JALÍNEK, 2002) könyv alapján és csehországi hucul ló adatbázis felhasználásával készült el. A romániai állomány Calul huțul din R. P. R. (RĂDULESCU, 1957) könyvből és a Registru Genealogie Iepe Mame (I-VII. vol.) A lucsinai hucul ménes törzskönyveinek kancaoldalán elvégzett kivonatolása (I-VII. kötet) (MIHÓK, 2005) adataiból jött létre. A lengyelországi állomány Linie Genealogiczne polskich koni huculskich (TOMCZYK-WRONA, 2004a), Księga stadna koni rasy huculskiej, (Khc) Tom VIII. (TOMCZYK-WRONA, 2004b) méneskönyvek, online méneskönyve és a tenyésztőszervezettől kapott Excel táblázatok alapján került összeállításra. A németországi állomány a német tenyésztő szervezettől (Bayerischer Zuchtverband für Kleinpferde und Spezialpferderassen) kapott Excel táblázat adataiból készültek el. Az osztrák állomány az Optimate Huzulendatenbank des Club Hucul (JANSEN és JANSEN, 2009) könyve, a 2013-ban közölt Excel táblázat és a Huculentag in Stadl-Paura dokumentumokon alapulva épült fel.

A hazai állomány genetikai diverzitásának feltárását a 2002-ben, 2011-ben, 2015-ben és 2016-ban törzskönyvi ellenőrzésben lévő egyedeken keresztül vizsgáltuk.

A 2002-es referencia állomány 85 (kancák létszáma 72, ménéké 13) egyedből állt. A táblázat 1979 és 2000 között született lovakat tartalmazta. Összehasonlítottuk a 2011-es

referencia állománnyal, ami az 1984-2008 között született egyedeket foglalta magába, összesen 274-et, melyből 251 kanca és 23 mén.

A 2015-ös referencia állománynak (318 egyed, melyből 307 kanca és 11 mén) a 2015-ben törzskönyvi ellenőrzésben tartott állományt vettük, ami az 1988-2015 között született egyedeket tartalmazta. A teljes populáció 1895 és 2015 közötti időszakban került elemzésre. Az alapítóktól építettük fel az adatbázist, amely összesen 3002 egyed (2226 kancát és 775 mén) tartalmazott.

Megvizsgáltuk, hogy a lengyelországi Rapsod (Magyarországon 3139 Polan, tenyésztésbe állítva 1996), Parter (Magyarországon 4122 Goral Parter, tenyésztésbe állítva 2001), Ploskor (Magyarországon 3883 Goral Ploskor, tenyésztésbe állítva 2000), Bryf (Magyarországon 5137 Hroby Bryf, tenyésztésbe állítva 2008), Grad (Magyarországon 4677 Hroby Grad, tenyésztésbe állítva 2006), Jadeit (Magyarországon 3921 Pietrosu Jadeit, tenyésztésbe állítva 2001) és a Wilia nevű kanca (Magyarországon Hroby Wilia, tenyésztésbe állítva 2008) tenyésztésbe állítása hogyan módosította a 2015-ös teljes populáció és a referencia állomány populációgenetikai jellemzőit. A hét lengyelszármazású lovat, azok őseit (amennyiben más egyedeknek nem voltak ősei), valamint leszármazottjaikat kivettük a 2015-ös adatbázisból. Az így keletkezett lengyel lovak nélküli referencia állomány 1988-2015 közötti időszakban született 165 egyed (161 kanca és 4 mén) tartalmazta. A teljes populáció immigráció nélkül 1895-2015 közötti időszakban született 2558 egyed foglalta magába 1963 kancát és 595 mént.

2016-os referencia állománynak a 2016-ban törzskönyvi ellenőrzésben tartott 336 egyed (304 kanca 32 mén) tekintettük. 1991 és 2015 között született egyedeket tartalmazza. A teljes populáció 3026 egyed (743 mén és 2283 kanca) tartalmazó magyarországi hucul állományt 1895-2015 közötti időintervallumban vizsgáltuk.

A kelet-európai adatbázis állománya 1895-2016 között született egyedeket tartalmazta, mely összesen 9942 (6490 kanca és 3452 mén) adatból áll. Országokénti vizsgált időszakok a következők: Románia 1895-2011, Lengyelország 1895-2016, Magyarország 1895-2015, Szlovákia 1895-2014, Csehország 1895-2012, Ausztria 1895-2014, Németország 1895-2014.

Az országok adataiból elkülönítve egy-egy táblázat készült az Access adatbázisban, amelyekből lekérdezések sorozata után, egy nagy közös táblázat jött létre. A közös táblázat a teljes adatbázis elemzéséhez szolgált alapul. A magyarországi táblázatból készültek el a magyar állománynak a különböző számításai. Az Access adatbázisból első

lépésben Excel formátumban kellett exportálni a táblázatot, ezután a programnak megfelelő dátumformátumra alakítani, a nemek szöveges formáját (1= mén, 2= kanca 3= herélt) számformátumra módosítani. A közös táblázat, melyre későbbiekben kelet-európai adatbázisként hivatkozunk, tartalmazza az országhoz tartozást, amely a genetikai távolságok számítását tették lehetővé. Majd ezután valamennyi jellemzőt az ENDOG (GUTIÉRREZ és GOYACHE, 2005) szoftvercsomag alkalmazásával becsültük meg. A genetikai távolságok, mint az F-statisztika és Nei-féle genetikai távolság grafikus ábrázolásához az RStudio (RSTUDIO TEAM, 2015) statisztikai programot használtuk.

3.2 Módszer

Átlagos rokonsági fok (average relatedness)

A mutatót az ENDOG Program COLLEAU (2002) képlete alapján számolja. Ez alapján az átlagos rokonsági fok (AR) annak a valószínűségét mutatja meg, hogy a teljes populációból véletlenszerűen kiválasztott allél az egyedhez tartozik-e. A $c' = (1/n) I'A$ képlettel számítható, ahol c' sorvektorban c_i a rokonsági mátrix egyedhez tartozó sorának átlaga, és A a rokonsági mátrix, mérete $n \times n$.

A beltenyésztési együtthatóval együtt vizsgálható. Hiányos, valamint rövid pedigré esetén önállóan is jellemzi a populáció szerkezetét. Az átlagos rokonsági fok az alpopulációk beltenyésztettségi szintjének összehasonlítására is alkalmas.

Beltenyésztési együttható (inbreeding coefficient)

A beltenyésztettség meghatározására beltenyésztési együtthatót számítottunk, aminek pontossága függ a pedigré hosszától és teljességétől (BOICHARD et al., 1997).

A WRIGHT (1922) alapján, adott (X) egyed beltenyésztési koefficiense:

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

ahol A az X egyed apai és anyai származási láncában levő közös ős, n és n' az X egyed és A ős közötti generációk száma az apai (n), illetve az anyai (n') ágon, F_A a közös ős beltenyésztési koefficiense. A \sum jel az X egyed apai és anyai származási láncában levő összes közös ősre és leszármazási útra vonatkozó összegzést jelenti.

Az ENDOG program a beltenyésztési együtthatót MEUWISSEN és LUO (1992) valamint VANRADEN (1992) algoritmusai alapján számolja, ami lényegében egy rokonsági mátrix számítása.

Pedigrételjesség (pedigree completeness)

A pedigrételjesség kifejezi, hogy az egyedek származása milyen mértékben ismert. A pedigrételjesség a teljes generációs ekvivalens értékével, a maximálisan ismert nemzedékek számával és a teljes ismert ősi sorokkal jellemezhető.

- A **teljes generációs ekvivalens** (*equivalent complete generations*) az egyed összes ismert ősei figyelembevételével számítható ki, az $(1/2)^n$ részértékek összegzésével, ahol „n” az egyedet az ismert őstől elválasztó nemzedékek száma (MAIGNEL et al., 1996). Számításakor a pedigrében legalább 3-4 nemzedék teljes ismerete szükséges.
- Alapítónak (nulladik generációnak), azt az egyedet tekintjük, amelynek mindkét őse ismeretlen. A **maximálisan ismert nemzedékek száma** (*maximum number of generations traced*), azoknak a generációknak a száma, amelyek az egyedet elválasztják a legtávolabbi őstől.
- **Teljes ismert ősi sorok száma** (*the number of full generations traced*) az a legtávolabbi generáció, amelyben az összes ő ismert.

Effektív populációméret (effective population size)

Az effektív populációmérettel az állomány genetikai variabilitása jellemezhető. A mérőszám meghatározása több módszerrel is lehetséges. Az egyik változat szerint az adott évben ivadékkal rendelkező tenyészmének (N_m) és tenyészkanok (N_f) száma alapján, a lentebb bemutatott képlettel történik az N_e számítása:

$$N_e = \frac{4N_m N_f}{N_m + N_f} * 0,7 \quad (\text{FALCONER és MACKAY, 1996}).$$

A mérőszám meghatározásának másik módszerénél a beltenyésztési együttható kerül alapul-vételre a következő képlet segítségével:

$$N_e = \frac{1}{2\Delta F_y L}$$

ahol ΔF_y a populáció beltenyésztettségének évenkénti növekedése, L pedig a nemzedékköz.

Az effektív populációméret GUTIÉRREZ et al. (2009) képlete alapján a beltenyésztettség átlagos változásából (ΔF_i) is meghatározható. A ΔF_i együtthatók a $\Delta F_i = 1 - \sqrt[t]{1 - F_i}$ képlettel számíthatóak, ahol F_i az egyed beltenyésztési együtthatója, és t a ‘teljes generáció ekvivalens’ (Maignel et al., 1996). Ezzel megbecsülhető az effektív populációméret ($\overline{N_e}$), amit ‘megvalósult effektív méret’-ként értelmez CERVANTES et al. (2008b), az $\overline{N_e} = \frac{1}{2\overline{\Delta F}}$ formulával.

Az 50-es effektív létszám kritikus effektív populációméretnek tekinthető (FRANKHAM et al., 2002). Az állattenyésztők megfigyelték, hogy a szaporaságra történő szelekció kompenzálja a beltenyésztésben bekövetkező leromlást, ha a generációnként kisebb 1 százaléknál a beltenyésztési ráta ($\Delta F = \frac{1}{2N_e}$). A szülők szűkebb ivararánya mérsékli az effektív populáció méret csökkenését.

Nemzedékköz (generation interval)

A nemzedékköz megmutatja a szülők átlagos életkorát utódaik születésekor (JAMES, 1977). GÁSPÁRDY et al. (2003) szerint a nemzedékköz a szülő születése és a „tenyésztődjai” születése között eltelt idő, vagyis a szülőpárok – tovább szaporodó (effektív) utódaik számával súlyozott – átlagéletkora az utódok megszületésekor.

Ez az érték négyféle leszármazási úton (apa–fiú, apa–lány, anya–fiú, anya–lány) számítható a nyilvántartott egyedek, valamint azok szüleinek születési dátuma alapján.

Alapító ősök effektív száma (f_e) (effective number of ancestors)

A populációgenetikai számításoknál alapító ősöknek tekintjük azokat az egyedeket, amelyeknek már mindkét szülője ismeretlen a pedigrében. A populáció valamennyi egyede visszavezethető ezekre az ősökre, amelyek azonban különböző mértékben járulnak hozzá az állomány génkészletének kialakulásához. Az alapító ősök effektív

számát a szoftver konvertálja oly módon, mintha az alapító ősök egyenlő mértékben járultak volna hozzá a genetikai változatossághoz. Az alapító ősök effektív száma ezért mindig kisebb, mint az alapító ősök száma (VÍGH et al., 2008). Az alapító ősök száma részben meghatározza az alapító csoport genetikai diverzitását, az ezekre visszavezethető állomány nagysága, a genetikai diverzitáson túl meghatározza a veszélyeztetett helyzetbe sodródott állomány megújuló képességét is.

Az ENDOG a következő képlet alapján számol: $f_e = 1 / \sum_{k=1}^f q_k^2$, ahol q_k annak a valószínűségét fejezi ki, hogy a gén a k őstől származik.

Nem alapító ősök effektív száma (f_a) (effective number of founders)

Azon ősök minimális száma (nem feltétlenül alapító ős), amellyel magyarázható a populáció teljes genetikai diverzitása. A nem alapító ősök száma alacsonyabb (vagy egyenlő) az alapító ősök effektív számánál. A populációhoz történő genetikai hozzájárulásuk alapján választjuk ki a nem alapító ősöket, mivel egyes egyedek nem feltétlenül alapító ősök, ezért a rokonsági kapcsolatok miatt a genetikai hozzájárulások között átfedések lehetnek (ezek összessége több lehet, mint 100%). A marginális hozzájárulásukat vesszük figyelembe a nem alapító ősök esetében (a genetikai hozzájárulásoknak az átfedés-mentes részét használjuk).

Az ENDOG a következő képlet alapján számol: $f_a = 1 / \sum_{k=1}^f q_j^2$, ahol q_j a j ős azon hozzájárulását fejezi ki genetikai diverzitáshoz, amelyet az előzőleg kiválasztott ősök még nem fedtek le.

Nem alapító ősök effektív számának és az alapító ősök effektív számának aránya (f_a/f_e) (ratio of effective number of ancestors and effective number of founders), a populációban bekövetkezett palacknyak hatás

Az arányszám azt jellemzi, hogy a populációra, milyen mértékben hatott a palacknyak effektus. Amennyiben az f_e értéke nagyobb, mint az f_a , akkor palacknyak hatás érvényesült a populációban. Az arányszám értéke minél jobban közelít az egyhez, annál kevésbé érvényesült a palacknyak hatás. Minél jobban közelít a nullához, annál nagyobb mértékű a palacknyak hatás. Palacknyak hatásról akkor beszélünk, ha a populáció

egyedszáma valamilyen külső tényező hatására csökken, majd ez a csökkent létszámú állomány kezd gyarapodni. A létszámmal ellentétben a genetikai variancia nem növekedhet, hiszen az nem lehet nagyobb, mint a gyarapodás előtti legkisebb létszám genetikai varianciája. Ez nem jelent mást, minthogy a megmaradt állomány genetikai variabilitása lényegesen kisebb az eredeti (nagy létszámú) állományéhoz képest. Későbbi állomány csak a megmaradt genetikai diverzitásból tud táplálkozni, gyakorlatilag már sohasem nyeri vissza az eredeti populációgenetikai változatosságát.

Alapító ősök genom ekvivalens értéke (f_g) (founder genome equivalent)

Egy adott allél fennmaradási valószínűségét mutatja meg a populációban. Sztochatikus módszerre („gene dropping”) van szükség a paraméter kiszámításához. Két egyedi allélt kap minden alapító ős („n” ős esetében ez összesen $2n$ egyedi allél), majd egy előre meghatározott ismétlésszámmal a pedigré alapján a mendeli szegregációt szimulálunk. Az allélok valószínűsíthető aránya ismert lesz, a szimulációk összesítése után. Legtöbbször az f_g értéke kisebb az f_e és az f_a értékénél, mivel a génkészlet csökkenésében résztvevő hatásokat magába foglalja (SÖLKNER, 1998). Az alapító ősök genom ekvivalens értéke összehasonlítható az f_e és f_a -val.

Az alapító ősök genom ekvivalens értéke (f_g) (BALLOU és LACY,1995) azoknak az alapító ősöknek a legkisebb számaként határozható meg, amelyek ugyanazt a vizsgált populációgenetikai diverzitását biztosítják, amennyiben az alapítók egyelő arányban szerepelnek az állomány alakításában, és nincs allélvesztés. CABALLERO és TORO (2000) szerint az f_g meghatározható egy előzetesen meghatározott referenciapopuláció egyeinek átlagos rokonsági fokának kétszeresének a reciprokaként.

Alapító ősök genom ekvivalens értékének és az alapító ősök effektív számának aránya (f_g/f_e) (ratio of founder genome equivalent and effective number of founders), a populációban fennálló drift

A génsodródás az allélfrekvencia véletlenszerű változása generációról generációra, amelynek mértéke a populáció méretétől függ, minél kisebb a populáció, annál nagyobb a bekövetkezett változás. Az allél gyakoriságának változása addig tart, míg az adott allél fixálódik vagy kiesik a populációból. Az alapító ősök genom ekvivalens értékének értelmezésekor nem szabad figyelmen kívül hagyni az állomány megállapított teljes

generáció ekvivalensét, mivel ez a paraméter érzékeny a pedigré hosszára és teljességére. Az f_a/f_e tendenciáját követi f_g/f_e arányból kiszámolt génsodródás mértéke és azzal arányosan változik. Az f_g/f_e arányszám növekedése a génsodródás csökkenésére, míg az f_g/f_e arányszám csökkenése a génsodródás növekedésére utal.

Nei-féle genetikai távolság (Nei's genetic distance)

A vonalak és családok közötti, valamint az országok közötti genetikai kapcsolatokat a Nei-féle távolsággal jellemeztük.

A Nei-féle távolságot a $D_{ij} = D_{ij} - [(D_{ii} + D_{jj})/2] = [(f_{ii} + f_{jj})/2] - f_{ij}$ képlettel határozhatjuk meg, ahol f_{ij} az i és j vonalak közötti páronkénti leszármazási együttható (coancestry coefficient).

A Nei-féle genetikai távolság értéke 0 és 1 között változhat. Ha az értéke 0, akkor a két populáció allélgyakoriságai azonosak, megegyeznek. Értéke minél jobban megközelíti az 1-et (a maximális értéket), annál jobban eltér az allélgyakoriság a két populációban. Ennek a mérési módszernek az előnye, hogy lineárisan növekszik az allélgyakoriságok teljes skáláján, ezáltal a ritka allélok nincsenek alul becsülve.

Wright féle statisztika (Wright's F statistics)

A heterozigózis-jellemzők felhasználásával kiszámítható az F hányados vagy fixációs index (F). A fajon belül megnyilvánuló genetikai változatosság szintjeinek számszerű kifejezésére WRIGHT (1965) három F hányadost dolgozott ki. Az F_{IS} , F_{ST} , F_{IT} értékeket a következő képletekkel számolja az ENDOG program:

F_{IS} : az alpopuláción belül, egyedek közötti változatosság $F_{IS} = \frac{\tilde{f} - \bar{f}}{1 - \bar{f}}$

F_{ST} : az alpopulációk (állományok) közötti változatosság $F_{ST} = \frac{\tilde{f} - \bar{f}}{1 - \bar{f}} = \frac{\bar{d}}{1 - \bar{f}}$

F_{IT} : a populáció szintjén kimutatható teljes változatosság $F_{IT} = \frac{\tilde{f} - \bar{f}}{1 - \bar{f}}$

ahol \tilde{f} az átlagos közös leszármazás (coancestry) a teljes populációban, \bar{f} a teljes populáció átlagos beltenyésztési koefficiense, és \bar{f} az alpopulációk közös leszármazásának (coancestry) átlaga.

A F_{IS} , F_{ST} , F_{IT} értékekkel meghatározható a heterozigóta veszteség. F_{ST} az alpopulációk genetikai differenciáltsága, amennyiben értéke 0, akkor nincs különbség az alpopulációk között. Viszont, ha az értéke 1, akkor az alpopulációk különböző allélokra fixálva vannak. Ezáltal, ha az értéke 0,05-0,15 között van, akkor enyhe, 0,15-0,25 közé esik az értéke, akkor nagymértékű és a 0,25 feletti érték igen nagymértékű izolációra, fajtán belüli fragmentációra utal (WRIGHT, 1978). Az F_{IS} (az alpopulációkon belüli) és F_{IT} (a populáción belüli) értékek a Hardy-Weinber egyensúlytól való eltérés meghatározására alkalmasak. Amennyiben pozitív érték kerül számításra, az a heterozigóta egyedek hiányára utal (beltenyésztettség), míg a negatív a heterozigóták többletére utal (HEDRICK, 2000). A genetikai struktúrák finom részleteit nem tárja fel, nem tükrözi a differenciálódás mintázatát, mivel a genetikai differenciálódás átlagos értékét adja meg (PECSENYE, 2006).

A mátrix módban megadott genetikai távolságokat többváltozós statisztikai módszerekkel például klaszter analízissel is lehet grafikusán szemléltetni. A klaszter analízis során, adathalmazokat sorolunk homogén csoportokba. Klasztereknek nevezzük ezeket a csoportokat. Különböző távolság- vagy hasonlóságértékek képezik a csoportosítás alapját. A genetikai távolsághoz a hierarchikus klaszterezés felosztó típusát alkalmazzuk. Ez a módszer a teljes bevitt adatokat (egész adathalmazt) egyetlen klaszternek tekinti és hasonlóság alapján egyre kisebb klaszterekre osztja, míg a végén minden elem külön klasztert képez. Az eredmény fa (dendrogram) formájában ábrázolandó, ahol az egyik végén az egyes elemek találhatóak, a másik végén pedig egyetlen klaszter, ami az összes elemet tartalmazza (a fa gyökereknél kezdődik az elemzés).

4 EREDMÉNYEK

4.1 A 2002-2011. évek közötti törzskönyvi nyilvántartásban lévő állományok értékelése

A fejezetben a 2002-ben (ABAY et al., 2002) és 2011-ben (MIHÓK, 2011) kiadott Hucul Méneskönyvekben szerepeltetett állományok kerülnek elemzésre. Célunk az egy évtized alatt bekövetkezett genetikai diverzitásváltozás nyomon követése volt.

Átlagos rokonsági fok

Az összehasonlított két állomány átlagos rokonsági foka esetében a később kiadott méneskönyvben szereplő, lényegesen nagyobb állomány nagyobb ($p < 0,01$) átlagos rokonsági fokú. A 11,17 százalékos értékkel szemben 12,58 százalék. Az átlagos rokonsági fok változása (növekedése) arra utal, hogy az évek során az állományban nem sikerült a rokon egyedek párosítását elkerülni. A létszámbeli gyarapodás egy része a 2002-ben törzskönyvi nyilvántartásban álló állomány tovább szaporításából történt, s értelemszerűen növekedett a származásilag azonos allélok hordozók aránya. Nem meglepő módon, de lényegesen kisebb MACIEL et al. (2014) által, brazil creole lovakra közölt átlagos rokonsági foka (1,58%). Meglepő viszont PJONTEK et al. (2012) a szlovákiai hucul állományra közölt (9,34%) átlagos rokonsági fok értéke kisebb. ÁLVAREZ et al. (2010) malorkai lovakra közölt teljes populáció 10,1 százalékos és a referencia állomány 11,2 százalékos átlagos rokonsági fok eredménye közelíti meg a legjobban a 11,7 százalékos és 12,58 százalékos értékeinket.

Beltenyésztési együttható

A 2002 évi méneskönyvben felsorakoztatott állomány átlagos beltenyésztési együtthatója 6,21 százalék. A 2011-ben kiadott méneskönyvben lévő egyedek átlagos beltenyésztettségi együttható értéke 6,36 százalék. A két vizsgált állomány között a beltenyésztési együttható szignifikánsan nem ($p = 0,83$) változott. A kapott értékek lényegesen nagyobbak, mint amit a PIERAGOSTINI et al. (2005) a murgese lovakra (1,165%) és MACIEL et al. (2014) a brazil creole lovakra (1,21%) adtak meg. ABERLE et al. (2003a) fekete erdei lovakra számított 5,21 százalékos értéke megközelíti az általunk számítottat. PJONTEK et al. (2012) a szlovákiai hucul állományra kapott 6,26

százalékos értéke az eredményeinkhez nagyon közel áll. Kisebnek bizonyultak az általunk számított 6,21 és 6,36 százalékos értékek AVDI és BANOS (2008) skyros kislovakra kapott 11 százalékos mutatójánál.

Pedigrételjesség

A teljes generációs ekvivalens érték a 2002-es populációban átlagosan 7,13 nemzedéket (az értékek 4,89 és 8,6 között változtak) jelent. A 2011-ben kiadott méneskönyvben lévő populáció tekintetében ez az érték 8,27 nemzedék (az értékek 8,4 és 9,83 között, vagyis lényegesen szűkebb határok között mozogtak). ROYO et al. (2007) asturcón pónikra számított 2,97 generációs mutatója lényegesen kisebb. A 2002-es méneskönyvi állománnyal szinte megegyező adatot (7,1 generáció) közöltek PJONTEK et al. (2012) a szlovákiai hucul állományra. VOSTRÁ-VYDROVÁ et al. (2016) az ó-kladrubi lovakra 15,1 generációs értéket kaptak, ami felülmúlja az általunk bemutatott mutatókat.

A 2002-es méneskönyvi állományban 20 generációig, a 2011-es méneskönyvi állományban 22 generációig ismerünk öst (2002-es állományban 14 és 20, 2011-es populációban 19 és 22 között változott). Ezt azt jelenti, hogy nem csak nemzedékváltás történt, hanem olyan egyedek is törzskönyvi ellenőrzésbe kerültek, amelyeknek hosszabban ismert a származása. Az állományokra vetített maximálisan ismert nemzedékek értéke 17,21 (2002-es állomány) és 18,54 generáció (2011-es állomány). DUNNER et al. (1998) az asturcón pónikra mindössze 2,35 generációs értéket közöltek, mely lényegesen alatta maradt az általunk számítottaknak. A maximálisan ismert nemzedék átlagos értékében hasonlót kaptak PJONTEK et al. (2012) a szlovákiai hucul állományra (17,54 generáció). Ez a két ország azonos, vagy hasonló hucul ló tenyésztéstörténetét vetíti elénk. Nagyobb értéket számítottak VOSTRÁ-VYDROVÁ et al. (2016) az ó-kladrubi lovaknál (33 generációt).

A 2002-es állomány 84 százalékának 4-7 generációig ismerjük a teljes származását. A 2011-es állomány 89 százalékának 4-7 generációra terjed ki a teljes származása. Az állomány 5,8 százalékának 7 generációig követhető vissza a teljes származása. A 2002-ben kiadott méneskönyvben szereplő egyedek teljes ismert ősi sorainak száma átlagosan 4,36, míg a 2011-es állományé 5,21. A vizsgált állományok generációitól kisebb értéket írtak le TEEGEN et al. (2008) trakehneni lovaknál (1,86 generációt). Valamivel kisebb

értéket közöltek az általunk kapottól PJONTEK et al. (2012) a szlovák hucul populációra (4,29 generációt).

A hucul fajta történelmi múltját nézve kedvezőnek mondható a kapott pedigrelteljességi érték. Összehasonlítva a két méneskönyvben szereplő (2002-es és 2011-es) állományt, mindhárom pedigrelteljesség értékben egyértelmű növekedés figyelhető meg. Ez alátámasztja a tudatosan végzett fajtafenntartást. A teljesebb és hosszabb származások kedvezőek a pontosabb beltenyésztettségi érték számításnál.

Nemzedékköz

Az 13. táblázatban foglaltuk össze a 2002-es és 2011-es állományok négyféle leszarmazási úton kapott nemzedékköz értékeit. A leghosszabb nemzedékköz értékeket mind két állományban a kancaelőállító ménekre kaptuk, majd ezt követi sorban a ménelőállító mének. A 2002-es állományban a valamivel hosszabb nemzedékköz értéket számítottunk a kancaelőállító kancákra, mint a ménelőállító kancákra. A 2011-es állományban ménelőállító kancáknál tapasztaltunk hosszabb nemzedékköz értéket. Átlagos értékekre 9,98 évet kaptunk a 2002-es állományra, ettől nagyobbat ($p < 0,01$) 10,63 évet 2011-es állományra. Az általunk kapott értékektől kisebbről számoltak be, DRUML et al. (2009) az osztrák nóri fajtájú igás lovalnál (7,9 év) és PINHEIRO et al. (2013) a sorraia lovaknál (7,94 év). PJONTEK et al. (2012) szlovákiai hucul állományra leírt 11,4 éves értéke magasabb a 2002-es és 2011-es állományétól.

Az összevont mén utód leszarmazási útra szignifikánsan ($p < 0,05$) hosszabb értéket kaptunk, mint az összevont kanca utód leszarmazási útra, mind a 2002-es és 2011-es referencia állományokban. Ennek magyarázata az, hogy a mének szelekciója sokkal szigorúbb, ezáltal a nemzedékköz értékek hosszabbak. A kancaelőállító mének és a ménelőállító kancák, valamint kancaelőállító mének és a kancaelőállító kancák közötti leszarmazási utakon kaptunk szignifikáns ($p < 0,05$) különbséget a 2002-es referencia állományban. A 2011-es referencia állományban a ménelőállító mének és a kancaelőállító kancák, valamint kancaelőállító mének és a kancaelőállító kancák között számítottunk szignifikáns ($p < 0,05$) különbséget.

2002-es és 2011-es állomány nemzedékköz értékei

Szülő-ivadék leszármazási utak	2002-es állomány		2011-es állomány	
	Lovak száma	Nemzedékköz (év)	Lovak száma	Nemzedékköz (év)
ménelőállító mén	12	10,22	21	11,73
kancaelőállító mén	68	11,72	208	12,29
ménelőállító kanca	12	8,26	21	10,48
kancaelőállító kanca	68	8,50	208	8,87
mén-utód összevont	80	10,97	80	12,01
kanca-utód összevont	80	8,38	80	9,67
átlagosan	160	9,98	458	10,63

Alapító ősök effektív száma, nem alapító ősök effektív száma, nem alapító és alapító ősök effektív számának aránya, alapító ősök genom ekvivalense, alapító ősök genom ekvivalens értékének és az alapító ősök effektív számának aránya

A 2002-ben kiadott méneskönyvi állományban az alapító ősök effektív száma (f_e) 26 és a nem alapító ősök effektív száma (f_a) 15. Közel 10 évvel később kiadott méneskönyvben (2011) nyilvántartott 274 egyedre nézve az alapító ősök effektív száma (f_e) 23-ra csökkent (megmutatkozik ez a beltenyésztési koefficiens növekedésében), a nem alapító ősök effektív száma (f_a) viszont változatlan maradt. A nem alapító ősök effektív számának és alapító ősök számának aránya (f_a/f_e) 0,5769 a 2002-es állományra számítva és 0,6521 az évtizeddel későbbi törzskönyvi ellenőrzésben tartott állományra nézve. Mivel az alapító ősök effektív száma magasabb, mint a nem alapító ősök effektív száma megállapítható, hogy a populációban a palacknyak hatás érvénysült. A 2002-es állomány alapító őseinek genom ekvivalens értéke (f_g) 6,044-ről 2011-re 5,712-re csökkent. Az alapító ősök genom ekvivalens értékének és az alapító ősök effektív számának aránya (f_g/f_e) 0,2324-ről (2002-es állomány) 0,2483-ra (2011-es állomány) módosult. A magyarországi állományra jellemző mutatókkal egyezőt közöltek PJONTEK et al. (2012) is a szlovákiai hucul állományra vonatkozóan. Kutatómunkájukból kiderült, hogy a szlovák állományban az alapító ősök száma 26, a nem alapító ősök száma 16. Ezek az értékek szinte egybe esnek

a két ország állományában, ami a közös eredetből következően érdemi meglepetést nem is jelent. MACKOWSKI et al. (2015) lengyel hucul lovakra 6 és 10 közötti alapító ősök genom ekvivalens értéket kaptak, mely szintén megközelíti az általunk számítottat.

Legnagyobb genetikai hatást kifejtő ősök

A 14. táblázat összefoglalja a két állomány 10 legnagyobb genetikai hatással rendelkező egyedeit. A 2002-es időpontban rögzített állomány legfontosabb tíz egyede (7 mén és 3 kanca) a genetikai variabilitás 71,14 százalékáért felelős, míg a 2011-ben közzétett állományban tíz mén lett felelős a genetikai variancia 68,97 százalékért. A 2011-es vizsgálati évben is a négy legmeghatározóbb egyed maradt a Goral III (Lu), a 3139 Polan (Pol), a 162 Ousor 02-7 Turek (Murány) és a Hroby VIII (Lu) mének. A 2011-es állomány nagyhatású ménei közé újonnan kerültek be Ousor (Lu), Pietrosu II (Lu), Pietrosu VIII (Lu), Hroby XXI (Lu), Hroby (Bukovina) és Goral I (Lu) mének. A genetikai szerkezetre legnagyobb befolyással lévő Goral III (Lu) ős hatása tovább erősödött (12,7 százalékról 14,81 százalékra). Ezt a mént követi a lényegesen rövidebb tenyésztéstörténetű, de sok közvetlen ivadékkal és unokával jelen lévő 3139 Polan (Pol). A 2002-es méneskönyvben lévő állomány genetikai szerkezetére 11,7 százalékértékben gyakorolt hatást, ami a következő tíz év során kisebb mértékben tovább növekedett (11,91 százalékra). 162 Ousor 02-7 Turek (Murány) hatása csökkent, miközben Hroby VIII (Lu) hatása a genetikai szerkezetre tovább növekedett. A 2011-ben közzétett méneskönyvi állományban újként jelent meg a Pietrosu törzs két egyede, s mint nagy genetikai hatást kifejtő ős veendők figyelembe. Ezzel alapvetően megváltozott az egyes törzsek befolyása. A legnagyobb genetikai lefedettségért felelős négy egyeden kívül a további ősök befolyásoló szerepe is megváltozott. Némely esetben a genetikai szerkezetre gyakorolt hatás csökkent, más esetben növekedett.

A legnagyobb genetikai hatást kifejtő ősök a 2002-es és 2011-es állományban

Egyed	Ivar	Variabilitás lefedettségének aránya (%)	
		2002-es állomány	2011-es állomány
Goral III (Lu)	mén	12,70	14,81
3139 Polan (Pol)	mén	11,76	11,91
162 Ousor 02-7 Turek (Murány)	mén	11,13	7,27
Hroby VIII (Lu)	mén	6,82	8,16
2967 Ousor VI-61 Tornádó (Lu)	mén	5,80	-
3254 Hroby Jóság	kanca	4,96	-
224 Gurgul V-11	kanca	4,89	-
117 Goral X (Top) Goral VII-1 (Lu)	mén	4,88	-
2539 Bravij (Ukr)	mén	4,41	-
307 Gurgul V-30 Lucka (Sk)	kanca	3,78	-
Ousor (Lu)	mén	-	6,15
Pietrosu II (Lu)	mén	-	5,93
Pietrosu VIII (Lu)	mén	-	4,52
Hroby XXI (Lu)	mén	-	4,30
Hroby (Bukovina)	mén	-	3,10
Goral I (Lu)	mén	-	2,82

Összegzés

A 2011-es állomány háromféle pedigrelteljesség értékeiben növekedés figyelhető meg. Hosszabbak és teljesebbek lettek, ezáltal a beltenyésztettség pontosabb meghatározására nyílt lehetőség. Az alapító ősök effektív száma 26-ról 23-ra csökkent a 2011-ben kiadott méneskönyvben nyilvántartott egyedekre nézve, mely részben megmagyarázza a magasabb beltenyésztettség mértékét. 2002-es 11,17 százalékos átlagos rokonsági foka 2011-re 12,58 százalékra növekedett ($p < 0,01$), a beltenyésztési koefficiens 6,21 százalékról 6,36 százalékra módosult ($p = 0,83$). A legnagyobb genetikai lefedettségért felelős négy egyed szerepe megmaradt és újabb mének jelentősége megnőtt.

4.2 A 2015. évi törzskönyvi nyilvántartásban lévő állomány értékelése

Átlagos rokonsági fok

Referencia populációt tekintve az átlagos rokonsági fok 12,7 százalék, sajnos szignifikánsan magasabb ($p < 0,01$), mint a teljes állományra számított (10,55%). Kisebb mutatókról számoltak be, MACIEL et al. (2014) brazil creole lovakra (1,58%), valamint PJONTEK et al. (2012) shagya arab lovakra (3,08%). A hivatkozott forrásmunkák között legmagasabb értéket PINHEIRO et al. (2013) közölték a sorraia lovakra, 46,26 százalékos értéket adtak meg.

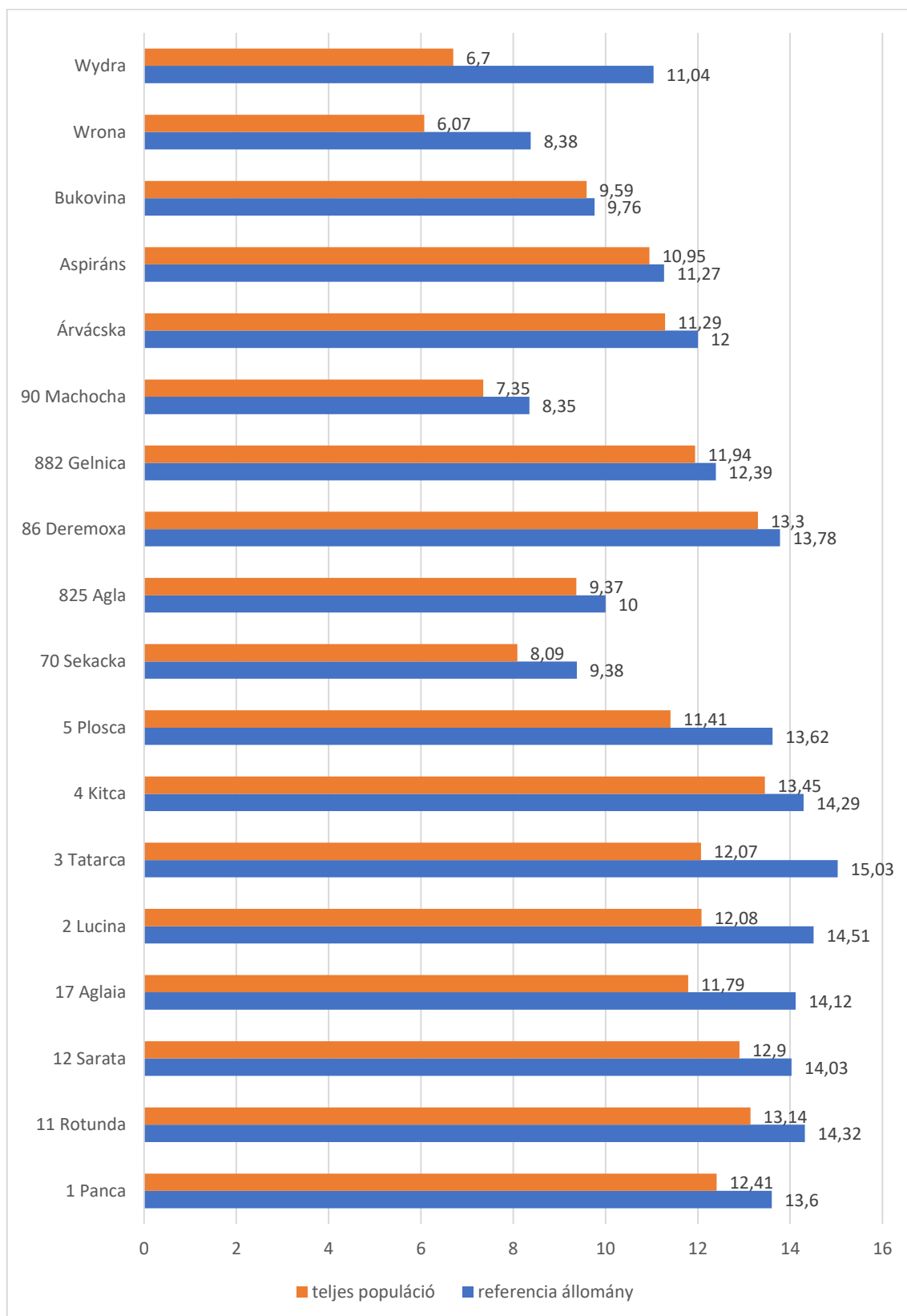
Az 1. ábra családonként szemlélteti az átlagos rokonsági fok értékeket a teljes és referencia populációra egyaránt. A referencia populáció tekintetében a többség 13 százalék feletti értéket mutat. A legkisebb érték (8,35 százalék) a 90 Machocha kancacsaládnál került kiszámításra. A 3 Tatarca kancacsalád mérsékelt diverzitását mutatja, 15,03 százalékos rokonsági foka.

Kiszámítottuk a családok összesített átlagos rokonsági fokát, amely 12,21 százalék volt a referencia állományban, ettől szignifikánsan eltért ($p < 0,05$) az 1 Panca, 11 Rotunda, 12 Sarata, 17 Aglaia, 2 Lucina, 3 Tatarca, 4 Kitca, 5 Plosca, 70 Sekacka, 825 Agla, 86 Deremoxa, 90 Machocha, Bukovina és Wrona kancacsaládoké. A teljes populáció összesített kancacsalád értéke 10,77 százalék. Szignifikáns különbséget kaptunk a 10,77 százalékhoz képest a következő kancacsaládoknál: 1 Panca, 11 Rotunda, 12 Sarata, 4 Kitca, 70 Sekacka, 825 Agla, 86 Deremoxa, 90 Machocha, Wrona és Wydra.

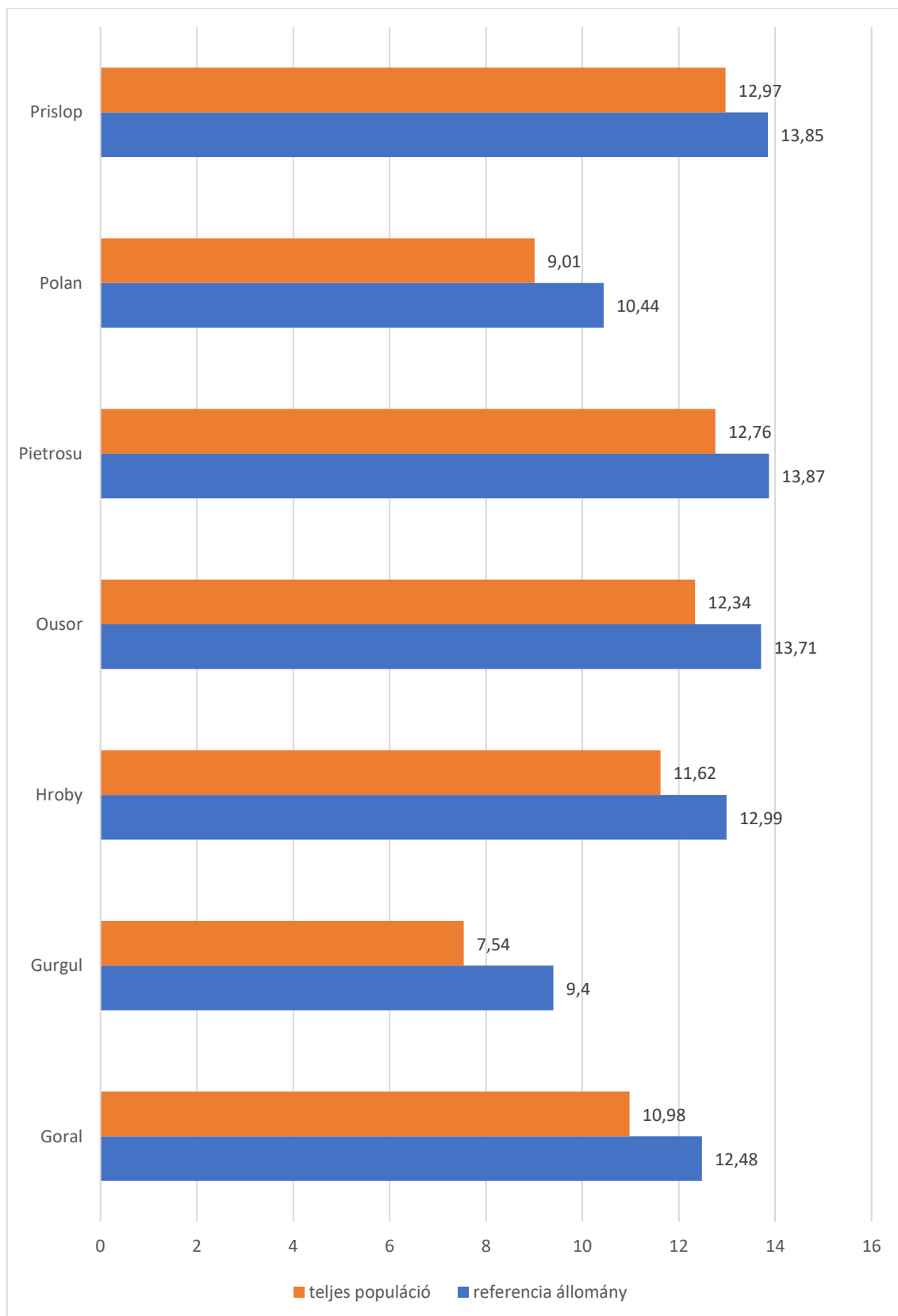
A 2. ábra összefoglalóan szemlélteti a törzsenkénti átlagos rokonsági fokot. A referencia populáció Gurgul törzsének 9,4 százalékos értékével szemben, Pietrosu törzsre 13,87 százalékot kaptunk.

Az összesített törzsátlag 12,39 százalék (referencia állomány) és 11,03 százalék (teljes populáció), ettől szignifikáns eltérést ($p < 0,05$) a Gurgul törzsnél számítottunk.

1. ábra: Átlagos rokonsági fok értékek kancacsaládok esetében (%)



2. ábra: Átlagos rokonsági fok értékek törzsek esetében (%)



Beltenyésztési együttható

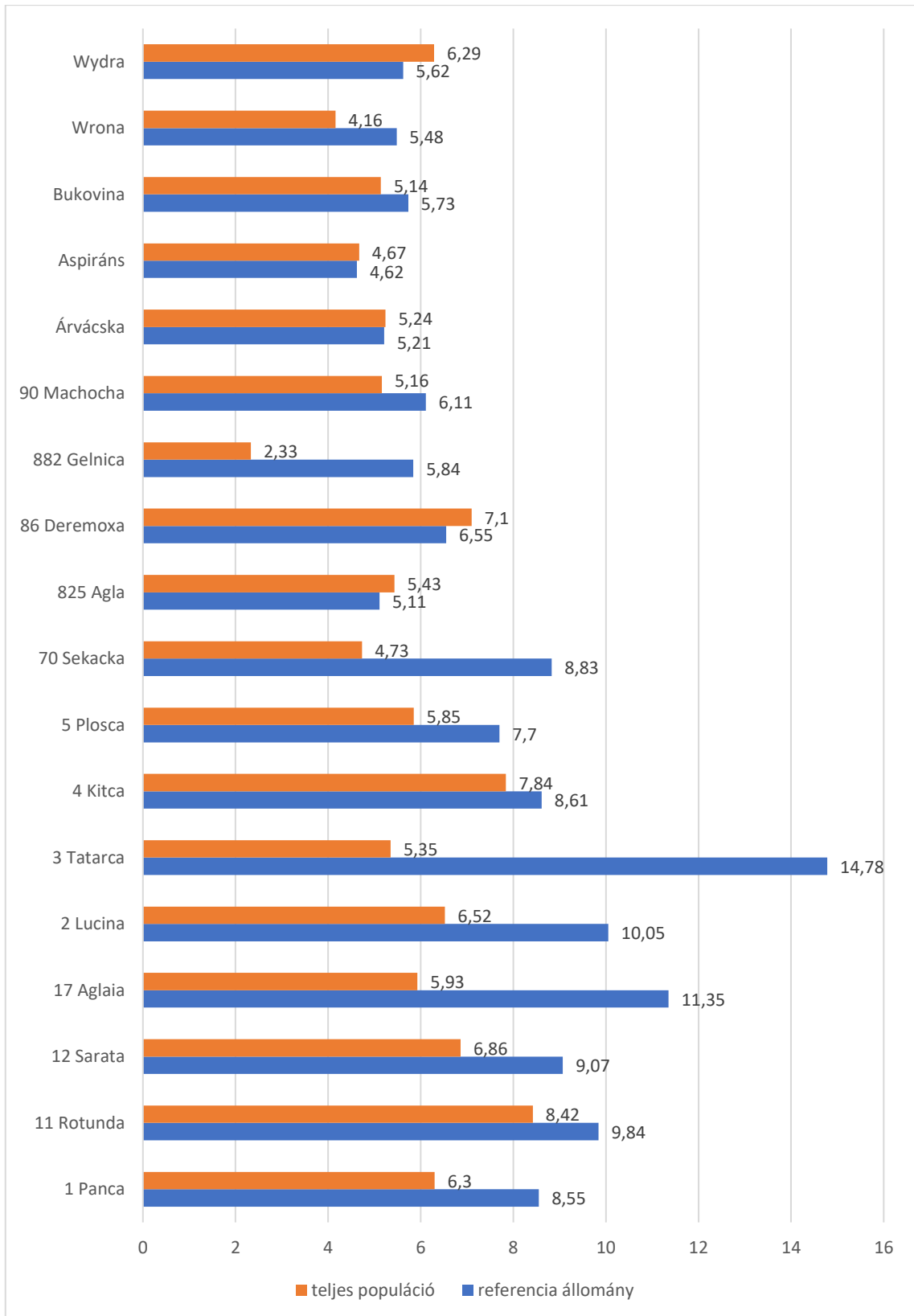
A referencia populáció átlagos beltenyésztési együtthatója 6,8%, a teljes populáció tekintetében 5,65%. A referencia állomány beltenyésztési együtthatója szignifikánsan magasabb ($p < 0,01$). E tény arra utal, hogy a fajta hazai állományának a beltenyésztettsége növekszik. Ezek az értékek lényegesen magasabbak, mint amit a SIDERITS et al. (2013) német sabraktarka lovakra (0,49%), MOUREAUX et al. (1996) francia hátasokra (0,7%) adtak meg. Ezzel szemben AVDI és BANOS (2008) skyros kislóra meghatározott 11 százalékos, valamint SEVINGA et al. (2004) által közölt fríz lovak 15,7% értékeinél kisebbek.

A 3. ábra szemlélteti a referencia és a teljes populáció kancacsaládonkénti átlagos beltenyésztési együtthatóját. A referencia állományban a legkisebb értéket (4,62%) az Aspiráns kancacsalád mutatja, a legmagasabbat a 3 Tatarca kancacsalád szenvedte el (14,78%). A kancacsaládban szereplő három egyed (Pietrosu Parázna, Pietrosu Parázs, Pietrosu Picur) magas beltenyésztési együtthatóját a Pietrosu IX (Lu), Ousor IV (Lu) és 62 Prislop I-8 (Lu), 3-4-5 ősi sorban való többszöri megjelenése eredményezi. Ezeket követi a 17 Aglaia (11,35% beltenyésztési koefficiense), majd a 2 Lucina (10,05%). A teljes állomány figyelembevételével ugyanazon kancacsaládok beltenyésztési koefficiense kisebb (az értékek 9 százalék alattiak). 825 Agla, Árvácska, Aspiráns, 86 Deremoxa és Wydra kancacsaládoknál magasabb értékeket kaptunk a teljes populációra. Ennek magyarázata az, hogy a referencia állományban ezek a családok népesebb számban vannak már, tudatos tenyésztéssel kerültek a rokon egyedek párosítását, így alacsonyabb beltenyésztési együtthatóval rendelkező egyedek kerültek be a referencia populációba.

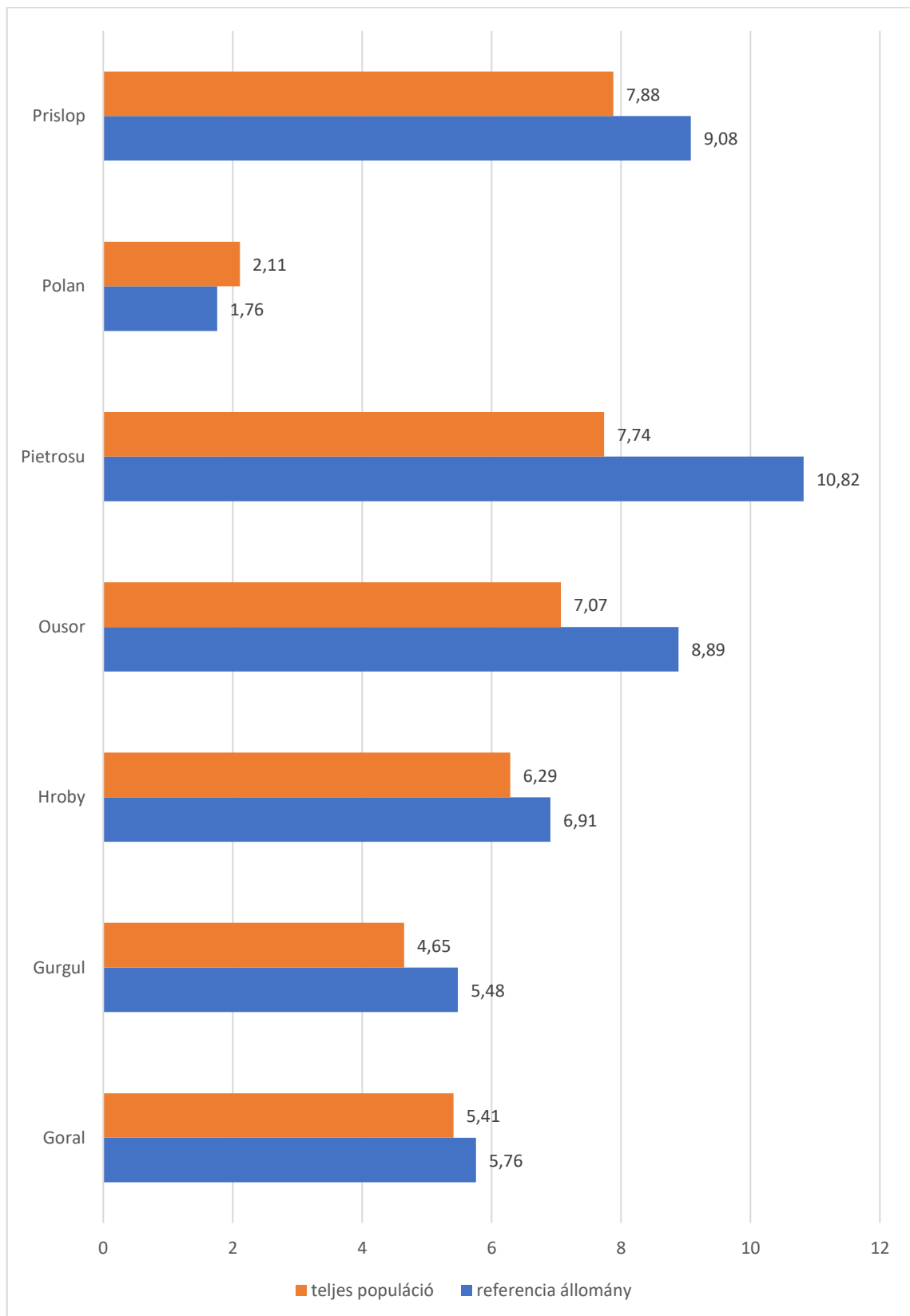
A referencia állományra nézve az összesített kancacsaládokra számolt átlagos beltenyésztési együttható értéke 7,72 százalék. Megvizsgáltuk, hogy az egyes kancacsaládok mennyire térnek el az összesített család átlag értékétől. Szignifikáns eltérést ($p < 0,05$) kaptunk az összesített család érték és a következő kancacsaládok között: 11 Rotunda, 17 Aglaia, 2 Lucina, 3 Tatarca, 825 Agla, 882 Gelnica, 90 Machocha, Árvácska, Aspiráns, Bukovina, Wrona és Wydra.

A teljes populáció összesített kancacsaládokra számított átlagos beltenyésztési együtthatója 4,74 százalék. Ettől az értéktől szignifikánsan különbözik ($p < 0,05$) a 11 Rotunda, 12 Sarata, 4 Kitca, 70 Sekacka, 86 Deremoxa, 882 Gelnica, Aspiráns és Wrona kancacsaládok.

3. ábra: Átlagos beltenyésztési koefficiens értékek kancacsaládok esetében (%)



4. ábra: Átlagos beltenyésztési koeficiens értékek törzsek esetében (%)



A törzsenkénti beltenyésztési koefficiens megoszlásokat a 4. ábra szemlélteti. A referencia populációban a Pietrosu törzs mutatja a legnagyobb beltenyésztettséget 10,82 százalékos értékkel. Legkisebb eredményt 1,76 százalékos beltenyésztési koefficiensre a Polan törzs mutat fel. A 3139 Polan (Pol) az Ousor, a Hroby, a Goral, a Prislop és a Pietrosu törzsek kancáihoz került párosításra, ami magyarázatot ad a mérsékelt beltenyésztési koefficiensre.

Az összesített törzsátlag a referencia állományban 6,95 százalék, ettől szignifikánsan ($p < 0,05$) eltér a Pietrosu és a Polan törzs. Míg a teljes populációban 5,87 százalék összesített beltenyésztési együttható értéktől csak a Polan törzs tér el szignifikánsan ($p < 0,05$).

Összegzés

A teljes állomány átlagos rokonsági foka 10,55, beltenyésztési koefficiense 5,65. A referencia populáció az átlagos rokonsági foka 12,7 és beltenyésztési együtthatója 6,8. Mindkét érték szignifikánsan növekedett ($p < 0,01$). A magyarországi hucul állomány beltenyésztési koefficiensét összehasonlítva más fajták (angol-ír telivér vagy fríz lovak) beltenyésztési koefficiensével, az állomány diverzitása kedvezőnek ítéltető.

4.3 A lengyel eredetű tenyészállatok hatása a magyarországi hucul lóállomány populációgenetikai jellemzőire 2015. évi törzskönyvi nyilvántartásban lévő állomány alapján

A fejezet célja a magyarországi hucul lóállomány genetikai szerkezetének értékelése, pedigre adatok alapján, populációgenetikai módszerekkel, különös tekintettel a lengyelországi tenyészállatok génszerkezetet módosító hatására. Ilyen jellegű vizsgálatot végzett LÁMFALUSY (2012), aki 14 import mén beltenyésztésre tett hatását vizsgálta a lipicai lovaknál. BARTOLOMÉ et al. (2011) spanyol sportlovakat kutatták, valamint KOENENA et al. (2004) különböző országok sportló állományait tanulmányozták.

Átlagos rokonsági fok

Az immigráció nélküli teljes populációra számított átlagos rokonsági fok értéke 10,45 százalék, amelyet az importok 10,55 százalékra módosítottak ($p=0,196$). Az átlagos rokonsági fok mértéke megerősíti, hogy az állományban nem sikerült elkerülni a rokon egyedek párosítását. Ugyan ez a referencia állományra más értéket mutat, mert import nélkül a referencia állomány átlagos rokonsági foka 13,69 százalék, a lengyel tenyésztésből származók bevonásával az érték 12,7 százalékra csökkent ($p<0,01$).

PJONTEK et al. (2012) a szlovák hucul állományra 9,34 százalékos értéket számítottak, mely valamivel alatta marad az általunk kapottaknak. Értékeinktől lényegesen nagyobbat közöltek VOSTRÁ-VYDROVÁ et al. (2016) ó-kladrubi lovakra 21 százalékot és PINHEIRO et al. (2013) sorraia lovakra 46,26 százalékot. Más fajtákra (brazil creole ló, shagya arabok, lipicai lovak) lényegesen kisebb mértékű átlagos rokonsági fokot állapítottak meg és tettek közzé MACIEL et al. (2014) 1,58 százalékot, PJONTEK et al. (2012) 3,08 százalékot és 3,73 százalékot.

Beltenyésztési együttható

A genetikai variabilitás növelésének és a beltenyésztettség mérséklésének szinte egyetlen járható útját választottuk Magyarországon, amikor állományban ritka pedigréjűnek tekinthető egyedeket, itt hiányzó kancacsaládok és méntörzsek képviselői kerültek be a tenyésztésbe. Ezért megvizsgáltuk a teljes populáció átlagos beltenyésztési együtthatóját, mely 5,65 százalék, míg a referencia állományé sajnos lényegesen nagyobb, 6,8 százalék

(a fajta magyarországi állományának növekszik a beltenyésztettsége $p < 0,01$). Ezután a migráció nélküli adatok kerültek kiszámításra. A teljes populáció átlagos beltenyésztési együtthatója 5,83 század százalékról 5,65 százalékra módosult ($p = 0,067$). Az immigráció nélküli referencia állomány értéke 9,06 százalékról 6,8 százalékra mérséklődött ($p < 0,01$). Ez óriási mértékű csökkenés, ami megnyitotta az utat a további biztonságosabb génmegőrzésre.

A kapott értékek lényegesen nagyobbak, mint amit a SIDERITS et al. (2013) német sabraktarka lovakra (0,49%), PIERAGOSTINI et al. (2005) murgese lovakra (1,16%) és MOUREAUX et al. (1996) anglo-arab lovakra (1,17%) adtak meg. A referencia állományhoz hasonló értéket közöltek GLAZEWSKA és JEZIERSKI (2004) lengyel arab lovakra. Számításaik szerint a beltenyésztési koefficiens mértéke 3,06-5,31 százalék közötti. MACKOWSKI et al. (2015) a hucul lovakra számítottak beltenyésztési együtthatót és a lengyel állományra nézve 6,26 százalékos értéket kaptak. Ez megközelíti az általunk referencia állománynak tekintett beltenyésztési együtthatóját (6,8%). Szlovákia hucul állományára PJONTEK et al. (2012) közöltek adatokat, 7,7 százalékos értéket adtak meg. Kisebnek bizonyult az általunk kapott 6,8 százalékos érték ÁLVAREZ et al. (2010) 11,2 százalékos (malorkai lovak) és PINHEIRO et al. (2013) 46,26 százalékos (sorraia lovak) értékeinél.

Pedigrételjesség

A háromféle pedigrételjesség értékeket a 15. és 16. táblázatban foglaltuk össze, mely tartalmazza mind a teljes populációra és referencia állományra számított értékeket, import lovakkal és azok nélkül.

Az immigráció nélküli teljes populációban a teljes generációs ekvivalens értékére átlagosan 5,62 nemzedéket számítottunk, míg az immigrációval együtt ezen érték szignifikánsan megnövekedett ($p < 0,01$) 6,06 nemzedékre. Referencia állomány értéke nem változott meg a lengyel egyedek behozatalával, változatlan maradt ($p = 0,48$), melyre 8,72 nemzedéket kaptunk.

Érdekes, hogy a hazai teljes generációs ekvivalens értéket (8,72) MACKOWSKI et al. (2015) által közöltek szerint a lengyel állomány nem éri el. A szélső értékek 3,8 és 7 nemzedék között váltakoznak. PJONTEK et al. (2012) szlovák hucul populációra 7,1 generációt számoltak. Az teljesen törvényszerű, hogy lipicai lovakra nézve ZECHNER et

al. (2002) 15,2-t és CURIK et al. (2003) 15,7-et kaptak a teljes generációs ekvivalens értékre. Az sem meglepő, hogy angol telivérekre vonatkozóan 15,64 generációs értéket tudtak megadni BOKOR et al. (2013). A hucul fajta közel 150 éves múltját derékba törő eseményeket tekintve a 6,06 (lengyel nélküli 5,62) és 8,72 generációs értékek kedvezőnek tekinthetők.

A referencia állományban és teljes populációban 23 generáció a leghosszabb ismert ősi sor. Az immigráció nélküli teljes populációban szintén 23 generációra tudunk visszatekinteni, míg az immigráció nélküli referencia állományban eggyel kevesebb (22) nemzedékszám van jelen. A referencia állományban (immigrációval) 49 százalékban, míg immigráció nélkül csupán 38 százalékban ismerünk őst 20-23 generációig. Az immigrációval az egyedek 51 százalékában, immigráció nélkül 62 százalékban tudunk visszamenni a származásban 16, 17, 18, 19 generációig. Ezen értékek kedvezőnek ítéltető meg a fajta szempontjából, hiszen az 1895-ös évekig lehetséges visszatekinteni a pedigrében. Maximálisan ismert nemzedékek átlagos értéke szignifikánsan megnövekedett ($p < 0,01$) az immigráció hatására, a teljes populációnál 13,32 generációról 14,28 generációra és a referencia állománynál 19,04 generációról 19,46 generációra. Az általunk kapott értékektől kisebb a DUNNER et al. (1998) által asturcón póninál kimutatott 2,35 nemzedék és PINHEIRO et al. (2013) közleményéből a sorraia lovakra megismert 8,17 generáció. Közepes értékekről (17,54 generációról) PJONTEK et al. (2012) számoltak be a hucul lovaknál. Nagyobb értéket számítottak VOSTRÁ-VYDROVÁ et al. (2016) ó-kladrubi lovaknál 33 generációt és PJONTEK et al. (2012) a shagya arab lovaknál 34,82 generációt.

Az immigráció nélküli referencia állománynak 95 százalékban, immigrációval bővítettben 97 százalékban teljes az egyedek származása 4-7 nemzedékig. Az immigráció nélküli referencia állományban mindössze 5 százalékot tesz ki a csak 2-3 nemzedékig ismert származás, és az immigrációval való bővítés 3 százalékra csökkentette ezt a mutatót. Az immigráció nélküli teljes populációnak csupán 48 százalékánál, ám az immigrációval bővültnek már 58 százalékánál követhető vissza a származás 4-7 generációig. Az immigráció utáni teljes populációban a teljes ismert ősi sorok számának átlagos értéke 3,5 generációról 3,77 generációra nőtt ($p < 0,01$), ugyanakkor a referencia állományban ezen érték alig érzékelhetően csökkent ($p = 0,15$) 5,55 generációról 5,45 generációra.

A referencia állomány 5,45 generációjától kisebb értéket írtak le MEDEIROS et al. (2014) a brazil sportlovaknál (1,25 generációt) és eredményéhez közelit (1,86 generációt) TEEGEN et al. (2008) által a trakehneni lovakra közölt érték. PJONTEK et al. (2012) a szlovák hucul populációra 4,29 nemzedéket közöltek, amely valamivel kisebb az általunk kapottól. Külföldi forrásmunkák eredményével összevetve a referencia állomány 5,45 generációs értéke kedvezőnek mondható, bár BOKOR et al. (2013) által közölt 6,69 generációs érték magasabb.

A referencia állomány nagy részében létező 4-7 generációig visszavezethető teljes pedigre alapján 16-128 ős között változik a felmenők száma. A hucul fajta történelmi múltját nézve ezek az értékek jónak tekinthetők.

15. táblázat

Pedigrételjesség értékek összehasonlítása a vérfrissítésre szánt lengyel egyedekkel és nélküle a teljes populációban

Pedigrételjesség	lengyel egyedek nélküli (generáció)	lengyel egyedekkel (generáció)
teljes generációs ekvivalens	5,62 (0-10,36)	6,06 (0-10,46)
maximálisan ismert nemzedékek	13,32 (0-23)	14,28 (0-23)
teljes ismert ősi sorok száma	3,5 (0-7)	3,77 (0-7)

16. táblázat

Pedigrételjesség értékek összehasonlítása a vérfrissítésre szánt lengyel egyedekkel és nélküle a referencia állományban

Pedigrételjesség	lengyel egyedek nélküli (generáció)	lengyel egyedekkel (generáció)
teljes generációs ekvivalens	8,72 (4,42-10,36)	8,72 (4,42- 10,46)
maximálisan ismert nemzedékek	19,04 (16-22)	19,46 (16-23)
teljes ismert ősi sorok száma	5,55 (2-7)	5,45 (2-7)

Nemzedékköz

A 17. táblázatban foglaltuk össze a lengyel importok nélküli és annak bevonásával készült nemzedékköz értékeket, mind a négyféle leszármazási úton, valamint összevont értékeit (mén-utód és kanca-utód).

Nemzedékköz átlagos értéke minimálisan rövidült ($p=0,005$) az immigráció hatására (11 év nélküle és 10,98 év vele). Az immigráció utáni populáció átlagos nemzedékköz értékét

a brazil creole lovakra számítottak közelítették meg (10,26 év MACIEL et al., 2014). Rövidebb nemzedékköz értéket közöltek munkájukban PIRAULT et al. (2013), akik franciaországi lópopulációban 6,3 évet adtak meg. PJONTEK et al. (2012) a szlovákiai hucul lovakra 11,14 évet közöltek, ami a mi 10,98 éves értékünkhöz közelít. Magasabb nemzedékköz értéket (11,1 évet) a malorkai lovaknál ÁLVAREZ et al. (2010) kaptak.

Az immigráció nélküli populációban és az importokkal kiegészítve a leghosszabb nemzedékköz értéket a kancaelőállító ménekre számítottunk. Ezt követi sorban mind két populációban ménelőállító mén. Ezek után a mént előállító anyák nemzedékköze következik és a legrövidebb értéket a kancaelőállító anyák esetében kaptunk. Importokkal és nélküle szignifikánsan ($p < 0,01$) hosszabb nemzedékközt számítottunk az összevont mén-utód leszármazási utakon, mint a kanca-utód utakon. Ennek magyarázata az, hogy a ménnek sokkal szigorúbb szelektáláson mennek át, ezáltal a nemzedékköz értékek hosszabbak, mint a kancák esetében. Továbbá mindkét populációban szignifikáns ($p < 0,01$) különbség igazolódott be a következő leszármazási utak között: a ménelőállító mén és a ménelőállító kancák, a ménelőállító mén és a kancaelőállító kancák, kancaelőállító mén és ménelőállító kancák, valamint a kancaelőállító mén és kancaelőállító kancák között.

17. táblázat

Nemzedékköz értékek

Lengyel importlovakkal együtt számított populáció		
Szülő-ivadék leszármazási utak	Lovak száma	Nemzedékköz (év)
ménelőállító mén	251	11,39
kancaelőállító mén	1108	12,11
ménelőállító kanca	231	10,15
kancaelőállító kanca	1084	9,90
mén-utód összevont	1359	11,98
kanca-utód összevont	1315	9,94
átlagosan	2674	10,98
Lengyel importlovak nélküli populáció		
Szülő-ivadék leszármazási utak	Lovak száma	Nemzedékköz (év)
ménelőállító mén	239	11,47
kancaelőállító mén	980	11,88
ménelőállító kanca	219	10,35
kancaelőállító kanca	956	10,13
mén-utód összevont	1219	11,80
kanca-utód összevont	1175	10,17
átlagosan	2394	11,00

Alapító ősök effektív száma, nem alapító ősök effektív száma, nem alapító és alapító ősök effektív számának aránya, alapító ősök genom ekvivalense, alapító ősök genom ekvivalens értékének és az alapító ősök effektív számának aránya

Az importok nélküli teljes populációban az alapító ősök száma 149, ami importok hatására nem változott meg. Az alapító ősök effektív száma (f_e) az immigráció előtt 21, utána 22-re növekedett. Az immigráció előtti referencia állomány alapító őseinek száma 105-ről 106-ra és alapító ősök effektív száma (f_e) 19-ről 23-ra növekedett. Ezekből az értékekből arra következtethetünk, hogy csökkent a genetikai diverzitás, mivel a referencia állományban 23 (lengyel nélküli 19) egyeddel ugyanaz a genetikai diverzitás elérhető, mint 106-tal (lengyel nélküli 105). A teljes populációt nézve 22 (lengyel nélküli 21) egyeddel ugyan az a genetikai diverzitás érhető el, mint 149-cel. Ugyan alapító ősök sokkal nagyobb létszámban vannak, mégis különböző mértékben járultak hozzá a jelenlegi populáció felépítéséhez és ebből adódik az alapító ősök és az alapító ősök effektív száma közötti különbség. Az immigráció hatására a teljes populációnál a nem alapító ősök száma, valamint nem alapító ősök effektív száma (f_a) 133-ról 137-re és 18-ről 20-ra növekedett. A referencia állomány esetében szintén növekedést figyelhetünk meg a lengyel egyedek hatására. A nem alapító ősök száma 62-ről 75-re és nem alapító ősök effektív száma (f_a) 14-ről 15-re módosult. A teljes populáció és a referencia állomány nem alapító ősök effektív számának és alapító ősök effektív számának aránya (f_a/f_e) 0,8571-ről 0,9090-re és 0,7384-ről 0,6521-re módosult a hét egyed hatására. Ezen értékekből megállapítható, hogy palacknyak hatás érvényesült a populációban, mivel az alapító ősök effektív száma magasabb, mint a nem alapítók effektív száma. Az alapító ősök genom ekvivalens értéke (f_g) a referencia állománynak és a teljes populációnak az immigráció hatására megváltozott 4,778-ről 5,757-re és 9,568-ről 9,478-ra. Az alapító ősök genom ekvivalens értéke lényegesen kisebb az alapító és nem alapító ősök effektív számától, hiszen ez a mutató magába foglalja az összes olyan hatást, ami a génkészlet csökkenésére hatott. Ezen értékek (5,757 és 9,478) is igazolják a populációban történt genetikai diverzitás csökkenését. Az alapító ősök genom ekvivalens értékének és az alapító ősök effektív számának aránya (f_g/f_e) a teljes populációban az immigráció következtében 0,4556-ről 0,4308-ra és a referencia állományban 0,2514-ről 0,2503-ra változott. Ezen értékek alátámasztják az állományban bekövetkezett genetikai sodródást.

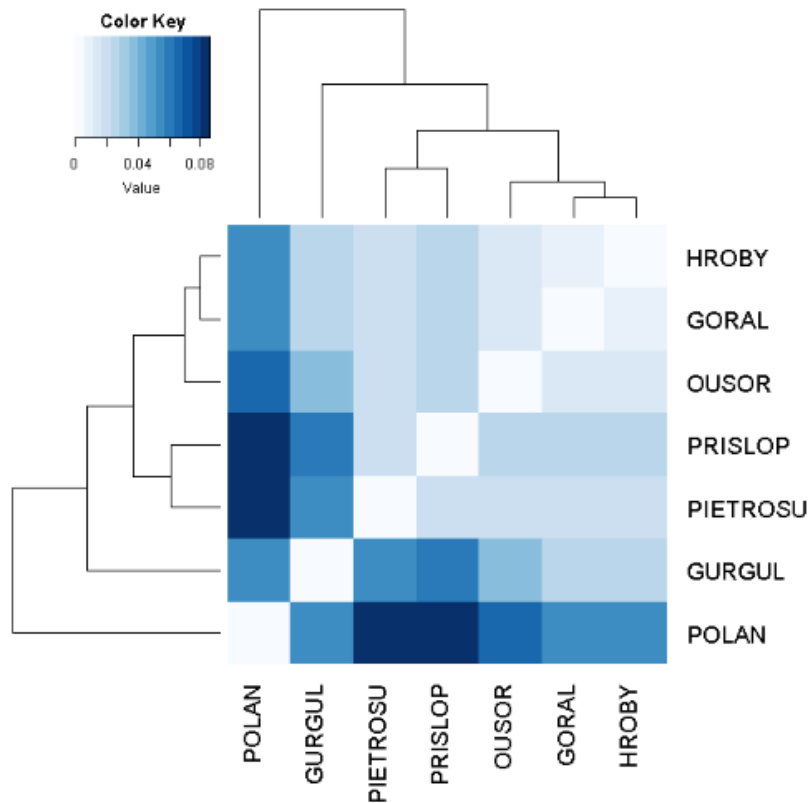
A bemutatott értékekből kiderül, hogy az immigráció által újabb, eddig még a magyar állományból hiányzó ősök kerültek be, ezzel gazdagítva a génkészletet és az egyértelmű pozitív hatása bebizonyosodott.

Összehasonlítva más szerzők által megadott értékekkel hivatkozunk PJONTEK et al. (2012) munkájára, akik a referencia állományhoz közeli értéket (26-ot) írtak le a szlovák hucul állományra. Velük szemben MACKOWSKI et al. (2015) lényegesen magasabbat 40-et közöltek a lengyel hucul populáció alapító ősök effektív számára. Nem alapító ősök effektív számára MACKOWSKI et al. (2015) és PJONTEK et al. (2012) egyaránt 16-ot számítottak. Egyik a lengyel, másik a szlovák hucul populációra. Értékeik hasonlóak az általunk megadott értékekhez. A kettő hányadosára MACKOWSKI et al. (2015) 0,4-es értéket közöltek, ami kisebb az általunk kapottól. A lengyel hucul populációra vonatkoztatva, az alapító ősök genom ekvivalens értékére MACKOWSKI et al. (2015) 6-10 közötti értéket adtak meg, hasonlóan az általunk leírtakra.

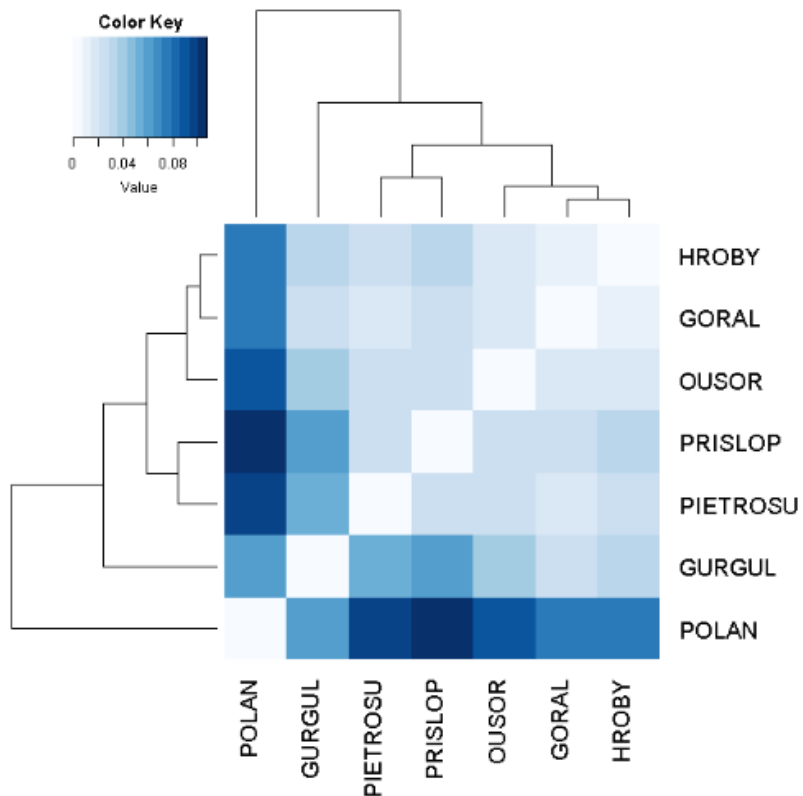
Nei-féle genetikai távolság

Az 5-6. ábrával mutatjuk be a hét alapító törzs Nei-féle genetikai távolságát a teljes populációban, immigrált egyedekkel és nélküle. A színskálán a világos szín a kis távolságot, míg a sötétebb szín a nagyobb genetikai távolságot jelöli. Legnagyobb távolság a Polan és Prislop törzsek, valamint Polan és Pietrosu törzsek között mutatkoznak. A Goral és Hroby törzsek egyedei állnak egymáshoz a legközelebb (5. ábra). 3139 Polan (Pol) behozatala által csökkent a Polan és a többi törzs közötti távolság. Prislop és Polan törzsek közötti távolság nagyobb mértékben csökkent, mint a Pietrosu és a Polan törzsek közötti távolság.

5. ábra: Nei-féle genetikai távolság értékek a 7 alapító törzsben immigrált egyedekkel



6. ábra: Nei-féle genetikai távolság értékek a 7 alapító törzsben immigrált egyedek nélkül



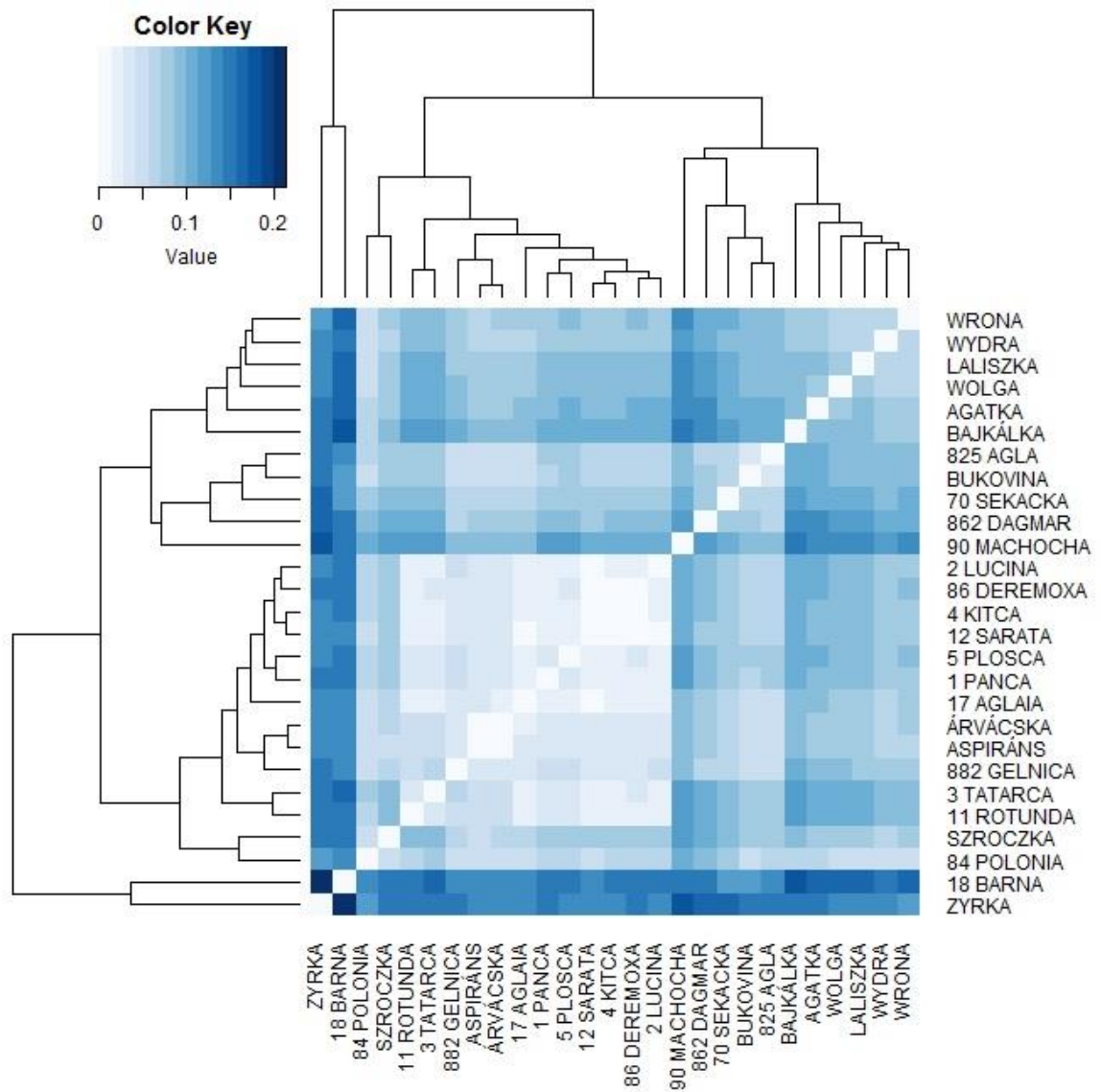
A 7. és 8. ábrán a kancacsaládok közötti távolságok importok hatására történő megváltozása egyértelműen szembeötlő. A 18 Barna és Zyrka kancacsaládok közötti genetikai távolság a legnagyobb (7. ábra). A 18 Barna és a Zyrka és további 25 kancacsalád között a genetikai távolság nagyobb értéket vesz fel, ezt a lengyel lovak immigrációja kevésbé vagy egyáltalán nem változtatta meg. A 7. ábra szemlélteti, hogy a 90 Machocha és az országban tenyésztett további kancacsaládok között nagyobb a genetikai távolság. Az importok következtében tovább nőtt a 90 Machocha, valamint a Wydra, Wolga, Laliszka, Wrona, Agatka, Bajkálka kancacsaládok közötti genetikai távolság. Figyelemre méltó lett a genetikai távolság a 70 Seckacka, 862 Dagmar és a Bajkálka, Agatka kancacsaládok között. Ez mind előnyösen hat a populációgenetikai szerkezetére. A tenyésztésbe állított hét egyed hatására a 3 Tatarca, 11 Rotunda és 86 Deremoxa, 5 Plosca, 1 Panca kancacsaládok között nőttek a genetikai távolságok. A 84 Polonia és Szroczka kancacsaládok távolabb kerültek a 825 Agla, Bukovina, 70 Seckacka és 862 Dagmar kancacsaládoktól. Az immigráció hatására viszont az Árvácska, Aspiráns és 882 Gelnica kancacsaládok közötti genetikai távolság csökkent. A 2 Lucina és 86 Deremoxa kancacsaládok genetikailag közelebb kerültek egymáshoz. A teljes populáció kancacsaládok közötti Nei-féle genetikai távolság értékei az immigráció által nagymértékben megváltoztak. A lengyel egyedek hatására több kancacsalád egymáshoz viszonyított genetikai távolsága megnőtt, értelemszerűen további kancacsaládok közötti genetikai távolság csökkent.



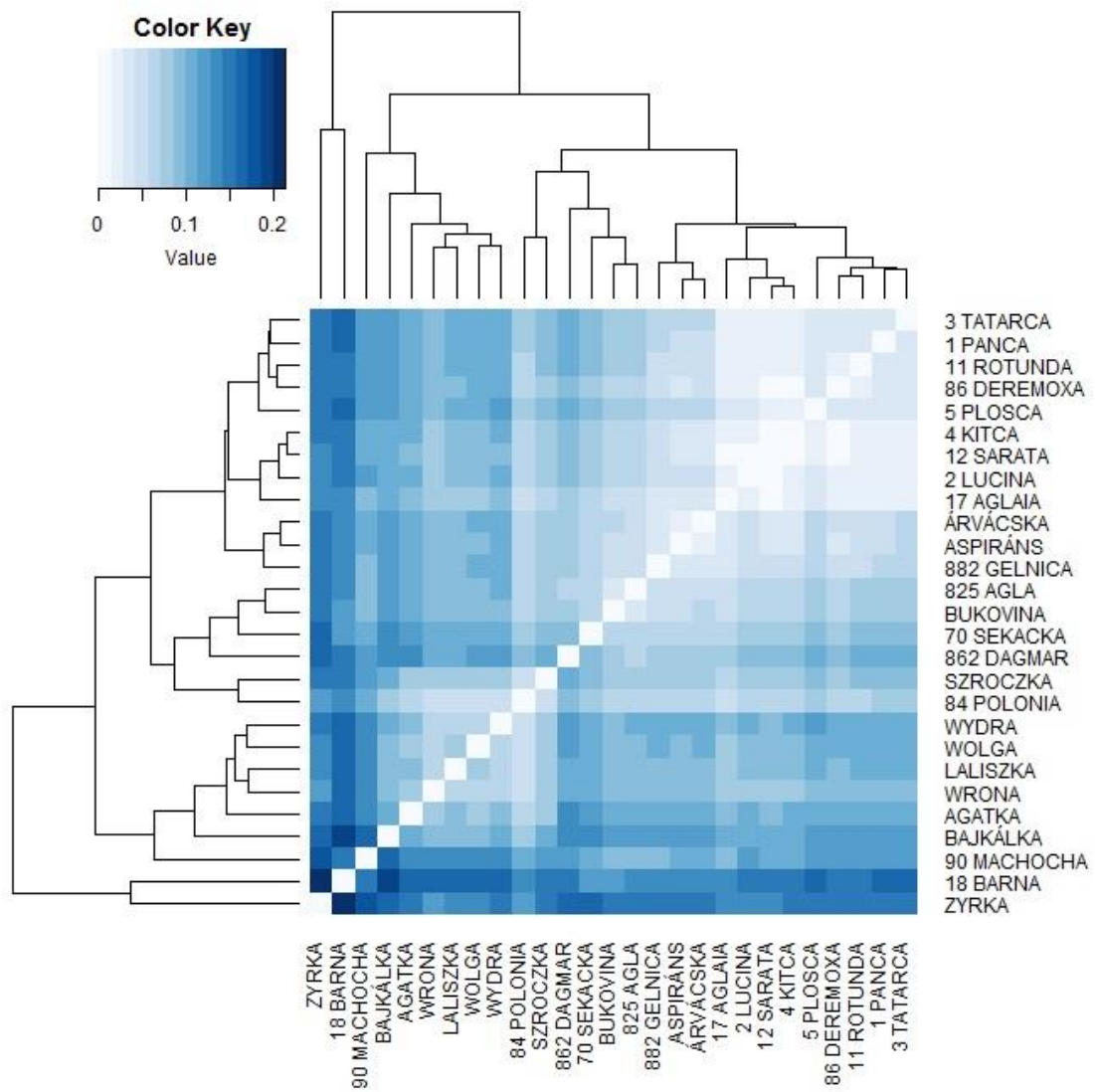
1. kép: 23139 Polan mén

Fotó: A Póni és kislótenyésztők Országos Egyesülete szíveségéből

7. ábra: Nei-féle genetikai távolság értéke a kancacsaládokban



8. ábra: Nei-féle genetikai távolság értéke a kancacsaládokban immigrált egyedek nélkül



Legnagyobb genetikai hatást kifejtő ősök



2. kép: **Pietrosu Jadeit** mén

Fotó: **Haga Zsuzsa**



3. kép: **Hroby Grad** mén

Fotó: **Aggteleki Nemzeti Park** szívességéből

A 18. táblázatban bemutatott egyedek (11 mén, 2 kanca) a referencia állomány teljes génállományának 70 százalékát lefedik. A 19. táblázatban szerepeltetett egyedek (8 mén, 3 kanca) a teljes populáció 60 százalékát fedik le. A legnagyobb hatást kifejtő ős a lucsinai Goral III (Lu), jelentősége a teljes populációhoz képest tovább növekedett. A referencia állományban 14,01 százalékról 15,28 százalékra módosult a mutató. A genetikai szerkezetre igen határozott módosító hatást kifejtő egyed a 3139 Polan (Pol), amelynek tenyésztésben tartása ideje alatt 99 ivadéka született. Ezek tekintélyes hányadát tenyésztésbe is állították, így a referencia állomány genetikai szerkezetére még unokáin keresztül is jelentős hatást gyakorolt. Tenyésztésbe állítása megváltoztatta a referencia állomány genetikai variabilitását összesen 12,10 százalékot fed le, míg a teljes populációt csupán 1,93 század százalékban befolyásolta. 4122 Goral Parter (Pol) 26 ivadékával összesen 1,66 százalékkal járult hozzá a referencia állomány genetikai lefedettségéhez. 4677 Hroby Grad (Pol) eddig 70 ivadékot hagyott maga után és 37 unokája született (ebből 1 méntől 16 és 16 kancától 21 unoka), ezáltal 1,55 százalékos genetikai lefedettségért felelős. Egy százalék alatti részesedést kaptunk 5137 Hroby Bryf (Pol)-nél (0,18% 16 ivadék) és Hroby Wilia (Pol) kancánál (0,07% 2 ivadék). A 18. táblázatból

kiderül, hogy a lengyel importok, nagy hatással voltak a referencia állomány genetikai lefedettségére.

18. táblázat

A legnagyobb genetikai hatást kifejtő 10 ős, különös tekintettel a referencia állományban nagy hatást kifejtő lengyel egyedekre

Egyed	Ivar	Születési év	A variabilitás lefedettségének aránya (%)
Goral III (Lu)	mén	1926	15,28
3139 Polan (Pol)	mén	1984	12,10
Hrobys VIII (Lu)	mén	1933	8,25
Ousor (Lu)	mén	1929	7,10
Pietrosu II (Lu)	mén	1937	6,12
162 Ousor 02-7 Turek (Murány)	mén	1969	5,08
Pietrosu VIII (Lu)	mén	1967	4,45
Hrobys (Bukovina)	mén	1895	3,88
85 Manaila (Lu)	kanca	1924	3,44
Goral I (Lu)	mén	1907	3,06
4122 Goral Parter (Pol)	mén	1982	1,66
4677 Hrobys Grad (Pol)	mén	2002	1,55
5137 Hrobys Bryf (Pol)	mén	2005	0,18
Hrobys Wilia (Pol)	kanca	2002	0,07



4. kép: Goral Ploskor mén

Fotó: Christina Jansen

**A 10 legnagyobb genetikai hatást kifejtő ős, különös tekintettel a teljes populációra
nagy hatást kifejtő lengyel egyedekre**

Egyed	Ivar	Születési év	A variabilitás lefedettségének aránya (%)
Goral III (Lu)	mén	1926	14,01
Hroby (Bukovina)	mén	1895	8,44
Goral (Halicsi)	mén	1898	7,11
Ousor (Lu)	mén	1929	6,90
3 Luczyna	kanca	1878	5,08
Pietrosu II (Lu)	mén	1937	4,94
21 Gurgul (Top)	mén	1927	3,85
85 Manaila (Lu)	kanca	1924	3,57
Miszka I	mén	1883	3,30
27 Gaina (Lu)	kanca	1919	2,75
3139 Polan (Pol)	mén	1984	1,93

Ivadékszám értékelés

A 20. táblázatban foglaltuk össze a hét lengyel import ló megszületett ivadékaik számát, és azt is, hogy azokból hány egyedet állítottak tenyésztésbe. A legtöbb ivadékat, 99-et 3139 Polan (Pol) hagyott maga után, közel felét 47-et tenyésztésbe is állították, amelyek által 155 unokája született. Napjainkban a 4. generációban is érzékelteti hatását. Így ennek a ménnek nagymértékű kihasználtságát láthatjuk. A második legtöbb ivadék 4677 Hroby Grad (Pol) után született, összesen 70. Ivadékainak csak negyedét tenyésztették tovább, ezáltal unokái száma mindössze 37. A 3139 Polan (Pol) fedezőménhez képest lényegesen később tenyésztésbe állított mén, így első leszármazottjai még csak a 3. ősi sorba kerülhettek, ott fejtik ki hatásukat. Kihasználtsága szintén jelentősnek mondható. A 4122 Goral Parter (Pol) és fia 3883 Goral Ploskor (Pol) tenyésztésben való kihasználtsága közepes. A 3921 Pietrosu Jadeit (Pol), az 5137 Hroby Bryf (Pol) és a Hroby Wilia (Pol) a tenyésztésben való kihasználtságuk a fentebb említett ménekhez képest elenyésző. Magyarázat erre egyrészt a koruk, valamint Hroby Wilia (Pol) (kanca) ivarából adódó szaporodóképességben való különbség, s az a tény, hogy az 5137 Hroby Bryf (Pol) a huculösvény-sporton keresztül inkább fajtanépszerűsítést szolgált és nem a tenyésztésben kapott lényeges szerepet. A 3921 Pietrosu Jadeit lengyel tenyésztésű ausztriai cseremén volt, s inkább csak tájékozódni akartak örökítő

képességéről. Ezek a lovak a későbbiekben még gyakorolhatnak nagyobb hatást a genetikai szerkezetre. Tény az is, hogy Hroby Wilia (Pol) kanca, ennél fogva az állomány genetikai szerkezetére gyakorolt hatása törvényszerűen elmarad a mének mögött.

20. táblázat

A hét lengyel egyed után tenyésztésbe állított ivadékainak száma

Egyed	Születési év	1. generáció (született/tenyésztésbe vont)		2. generáció (született/tenyésztésbe vont)		3. generáció (született/tenyésztésbe vont)		4. generáció (született/tenyésztésbe vont)	
3139 Polan (Pol)	1984	99	47	155	33	58	4	5	0
4677 Hroby Grad (Pol)	2002	70	17	37	2	3	0	-	-
3883 Goral Ploskor (Pol)	1997	30	2	4	0	-	-	-	-
4122 Goral Parter (Pol)	1982	26	12	54	6	10	0	-	-
5137 Hroby Bryf (Pol)	2005	16	0	-	-	-	-	-	-
3921 Pietrosu Jadeit (Pol)	1977	5	0	-	-	-	-	-	-
Hroby Wilia (Pol)	2002	2	1	1	0	-	-	-	-

A 22. táblázatban a hét lengyel egyed a méntörzsekre gyakorolt hatását szemléltetjük. A hét lengyel egyed a Prislop és a Polan törzseknél az ivadékok százalékos eloszlását szignifikánsan ($p < 0,05$) megváltoztatta. A migráció hatására Goral és Polan törzsek nagyobb százalékban jelentek meg. A lengyelországi 3139 Polan (Pol) volt a legnagyobb hatással a referencia állományra, leszármazottjaival együtt összesen 11,65 százalékkal

növelte meg a Polan törzs részesedését a magyar állományban. Nagyon fontos megjegyezni, hogy általa került be a Polan törzs Magyarországra. A lengyelországi immigráció hatására a Goral törzs részesedése 5 százalékkal nőtt. A növekedésért a 3883 Goral Ploskor (Pol) és 4122 Goral Parter (Pol), valamint ivadékaik felelősek. Értelemszerűen a további törzsek részesedési aránya némileg csökkent. Szignifikáns ($p < 0,05$) csökkenést Prislop törzsnél számítottunk.

21. táblázat

A referencia állomány százalékos ivadékszám eloszlása törzsenként immigrációval és nélküle

Méntörzs	Importokkal (%)	Importok nélkül (%)
Goral	19,18	14,11
Gurgul	3,14	3,68
Hroby	31,76	36,20
Polan	12,26	0,61
Prislop	10,69	15,34
Pietrosu	6,29	9,20
Ousor	16,67	20,86

A 22. táblázat az immigráció hatására megtörtént családok ivadék eloszlását szemlélteti. A hét lengyel egyed az ivadékok százalékos eloszlását a 11 Rotunda, 4 Kitca, Árvácska, Aspiráns és Bukovina kancacsaládokban szignifikánsan ($p < 0,05$) megváltoztatta. A migráció hatására tovább erősödött az 1 Panca, Árvácska, Aspiráns, 5 Plosca kancacsaládok jelenléte, vele egyidejűleg csökkent a 11 Rotunda, 4 Kitca, 86 Deremoxa, 882 Gelnica, Bukovina kancacsaládok részaránya. Más kancacsaládok részesedése alig-alig módosult. Ilyenek a 12 Sarata, 17 Aglia, a 2 Lucina, 3 Tatarca, 70 Sekacka, 825 Agla, 90 Machocha, Wrona, Wydra.

**A referencia állomány százalékos ivadékszám eloszlása kancacsaládonként
immigrációval és nélküle**

Kancacsaládok	Importokkal (%)	Importok nélkül (%)
1 Panca	3,79	3,07
11 Rotunda	3,15	5,52
12 Sarata	13,88	14,11
17 Aglaia	1,89	3,07
2 Lucina	2,21	3,68
3 Tatarca	0,95	1,84
4 Kitca	11,67	17,79
5 Plosca	2,21	1,23
70 Sekacka	0,32	0,61
825 Agla	0,32	0,61
86 Deremoxa	4,42	6,75
882 Gelnica	8,83	11,04
90 Machocha	0,32	0,61
Árvácska	24,61	15,34
Aspiráns	18,30	9,82
Bukovina	1,58	3,07
Wrona	0,63	1,23
Wydra	0,95	0,61

Összegzés

Hét lengyel lónak tenyésztésbe állítása hatását vizsgáltuk a hucul lófajta magyarországi 2015. évi állománya populációgenetikai mérőszámainak változásán keresztül. A tenyészállat-cserék a vérfrissítésben óriási szerepet töltenek be, a génmegőrzési céllal fenntartott állományok diverzitásnövelése terén. A vizsgálatunk során kiderült, hogy az immigráció által újabb, eddig még a magyar állományból hiányzó alapító ősök kerültek be, ezzel gazdagítva a génkészletet. A referencia állomány második legnagyobb genetikai

hatást kifejtő egyede 3139 Polan (Pol), általa került be a Polan törzs a magyar tenyésztésbe, így a Polan és a további 6 törzs közötti Nei-féle távolságok is csökkentek. A kancacsaládok közötti Nei-féle genetikai távolságok megváltoztak az importok hatására, több család között nagyobb értékeket kaptunk, míg néhány család közelebb került egymáshoz. A pedigreljesség értékek hosszabbak és teljesebbek lettek az importok hatására, ezáltal pontosabb megbízhatóbb adatot kaptunk a beltenyésztési koefficiensre. A behozott lovak által növekedett a referencia állomány génkészlete, ezáltal csökkent átlagos rokonsági fok és a beltenyésztettség, amely lehetővé teszi a génvédelem alatt álló hucul lófajtának a biztonságosabb hosszú távú megőrzését. A behozott egyedek pozitív hatással voltak a referencia állományra, növelték a genetikai diverzitást, új lehetőségeket kínáltak a jövőbeni párosítások a sokféleségében, ezzel csökkentve a beltenyésztettséget, növelve a biztonságos tenyésztést.



5. kép: Hroby Bryf mén

Fotó: A Póni és kislótenyésztők Országos Egyesülete szíveségéből



6. kép: 4122 Goral Parter mén

Fotó: az Aggteleki Nemzeti Park szíveségéből

4.4 A 2016. évi törzskönyvi nyilvántartásban lévő állomány értékelése

Átlagos rokonsági fok

A teljes populáció átlagos rokonsági foka 10,39 százalék, amit felülmúl a referencia állomány értéke 12,67 százalék ($p < 0,01$). Ez arra utal, hogy nem sikerült elkerülni a rokon egyedek párosítását. Lényegesen kisebb átlagos rokonsági fok értékekről számoltak be PJONTEK et al. (2012) shagya arabok (3,08%) és a lipicai lovak (3,73%) tekintetében, valamint DUNNER et al. (1998) és ROYO et al. (2007) asturcón pónikat nézve (6,8%, 9,2%). PJONTEK et al. (2012) a szlovákiai hucul állományra valamivel kisebb értéket kaptak (9,34%). ÁLVAREZ et al. (2010) malorkai lovakra az értékeinket megközelítő adatokat írtak le (11,2%). PINHEIRO et al. (2013) által a sorraia lovakra közölt 46,26 százalékos értéke felülmúlja a referencia állományra számítottat.

Beltenyésztés

A teljes populáció (3026 egyed) átlagos beltenyésztési együtthatója 5,57 százalék. A referencia állományé (336 egyed) lényegesen nagyobb, 7,18 százalékos értéket vesz fel. A mutató arra utal, hogy a fajta magyarországi állományának növekszik ($p < 0,01$) a beltenyésztettsége. A teljes populációnak 2523 egyede, a referencia állománynak 335 egyede beltenyésztett, az ebből számított beltenyésztett egyedek aránya 83,38 százalék a teljes populációban és 99,7 százalék a referencia állományban. A kapott értékek lényegesen nagyobbak, mint amit a VOSTRÝ et al. (2011) nóri lovakra (1,51%) és sziléziai nóri lovakra (3,23%), valamint amit ÁLVAREZ et al. (2010) malorkai lovakra (4,7%) adtak meg. Az általunk számítottaktól kisebb értékeket (2,7% és 4,7%) közöltek az asturcón pónikra DUNNER et al. (1998) és ROYO et al. (2007). A lengyelországi a hucul állomány 6,26 százalékos (MACKOWSKI et al., 2015) és szlovákiai hucul állomány 7,7 százalékos (PJONTEK et al., 2012) értékei megközelítik a magyar állományra kapott értékeket, amely a közös eredetből, az egyes országokban tenyésztett kisebb populációnagyságból következik. Az általunk kalkulált 5,57 százaléktól és 7,18 százaléktól nagyobb értékről számoltak be VALERA et al. (2005) andalúz lónál (8,48%), CURIK et al. (2003) és ZECHNER et al. (2002) lipicai lovaknál (10,3 illetve 10,81 százalék), valamint AVDI és BANOS (2008) a skyros kislónál (11 százalék). SEVINGA et al. (2004) a fríz lovakra nézve 15,7 százalékot írtak le.

**A referencia állomány (2016-os állomány) 10 legnagyobb beltenyésztési
együtthatóval rendelkező egyede**

Egyed	Ivar	Apa	Anya	Beltenyésztési együttható (%)
4622 Goral Grosant (Au)	mén	Goral XIX-21 (Lu)	Goral XIX-8	22,70
Ousor Csíkos	kanca	4905 Ousor IX-51 (Lu)	Ousor IX-22 Gacsos (Lu)	22,41
Ousor Csíkos 2011	kanca	4905 Ousor IX-51 (Lu)	Ousor IX-22 Gacsos (Lu)	22,41
Hroby Ilva HL	kanca	3486 Hroby Haragos	Hroby Kedves II	21,82
4912 Ousor Egér	mén	3953 Ousor IX-17 (Lu) Ou. V (Top)	Ousor IX-63	21,73
Ousor Lidia	kanca	2967 Ousor VI-61 Tornádó (Lu)	Ousor VIII-20 Anett	21,19
Pietrosu Parázna	kanca	Pietrosu XI-14 Magura	Pietrosu Parázs	17,90
Ousor Pöttyös	kanca	4905 Ousor IX-51 (Lu)	Hroby Szikra	17,68
Pietrosu Pitypang	kanca	5001 Pietrosu XI-1 (Lu)	Pietrosu X-39 (Lu)	16,92
Prislop Panda	kanca	5066 Prislop IX-74 (Lu)	Prislop X-23 Parázs (Lu)	16,16

A referencia állomány 10 legnagyobb beltenyésztési együtthatóval rendelkező egyedét a 23. táblázat mutatja meg. Ezek az egyedek nagymértékben járultak hozzá a referencia állomány jelentős beltenyésztési koefficiens értékéhez. 4622 Goral Grosant (Au) kiemelkedő beltenyésztettsége (22,7%) unokatestvér párosítás eredménye. A közös ős Goral XIX (Lu). További rokontenyésztés történt Hroby XVI (Lu) és 36 Pietrosu II-5 (Lu) ősökre. A 2008 évi Ousor Csíkos és a 2011 évi testére Ousor Csíkos beltenyésztési együtthatója 22,41%. A kancák Ousor IX (Lu) törzsménre rokontenyésztettek. Mellette közös ősként jelenik meg a pedigrében Hroby XIX (Lu) és Pietrosu VII (Lu). A kiugró

beltenyésztési koefficienszt a minden bizonnyal nem tudatos féltestvérek párosítása eredményezte (Hroby Ilva HL 21,82% és 4912 Ousor Egér 21,73%). Második és harmadik ősi sorban megjelenő azonos felmenő okozta az Ousor Lidia (21,19%), Pietrosu Parázna (17,90%), Ousor Pöttyös (17,68%), Pietrosu Pitypang (16,92%), Prislop Panda (16,16%) számottevő beltenyésztettségét.

Pedigrételjesség

A teljes populáció és a referencia állomány három féle pedigrételjesség értékeit a 24. táblázatban foglaltuk össze. A teljes generációs ekvivalensre a teljes populációban átlagosan 6,07 generációt, a referencia állományban átlagosan 8,75 generációt kaptunk. ROYO et al. (2007) asturcón pónira 2,97 generációt és PINHEIRO et al. (2013) sorraia lovakra 6,14 generációt írtak le, ezen értékek kevesebbek az általunk számítottól. A hucul fajta lengyel állományára (3,8-7) MACKOWSKI et al. (2015) és a szlovákiai állományra (7,1) PJONTEK et al. (2012) valamivel nagyobb teljes generációs ekvivalenst kaptak. Az általunk számítottéhoz képest DRUML et al. (2009) az osztrák nóri fajtájú igáslovakra leírt 12,28 generációs értéke nagyobb. Nem meglepő, hogy VOSTRÁ-VYDROVÁ et al. (2016) közel kétszer akkora (15,1 generáció) mutatót kaptak a hosszú történelmi múltra vissza nyúló ó-kladrubi lovakra.

A teljes populációban és a referencia állományban is maximálisan 23 generációig lehetséges visszamenni a származásban. A referencia állomány 38 százalékában 20-23 generációra visszanyúlóan, 35 százalékában 19 generáció hosszan és 26 százalékában 16-18 generációig ismerünk őst. A maximálisan ismert nemzedékek átlagos értéke a teljes populációt nézve 14,11 generáció, ettől lényegesen nagyobb (19,16 generáció) értéket kaptunk a referencia állományban. Az általunk kapott értéktől kisebb, mindössze a 5,76 nemzedék a szlovák sportpóninál (PJONTEK et al., 2012), valamint a 13 nemzedék a sorraia lovaknál (PINHEIRO et al., 2013) és 14,59 nemzedék az andalúz lovaknál (VALERA et al., 2005). A szlovákiai hucul állományra nézve a PJONTEK et al. (2012) által közölt 17,54 nemzedék megközelíti a magyar állományét. DRUML et al. (2009) osztrák nóri fajtájú igáslovakra 31 nemzedéket adtak meg. PJONTEK et al. (2012) shagya arabra leírt 34,82 nemzedékes mutatója lényegesen hosszabb, ami a fajta 1800-as évek előtti ismert őseivel magyarázható.

A referencia állomány 88 százalékának 5-7 generációig, 12 százalékának 2-4 generációig ismerjük a teljes származását. A teljes populációt vizsgálva, csupán 41 százalék követhető vissza 5-7 generációig és az adatbázisban lévő lovaknak 46 százalék 2-4 generáció hosszíig ismert. A teljes ismert ősi sorok számának átlagos értéke a teljes populációban 3,77 generáció, a referencia állományban 5,5 generációra növekedett. A szlovák hucul populációra 4,29 nemzedéket közöltek PJONTEK et al. (2012), amely valamivel kisebb az általunk kapottól.

Természeteszerű, hogy mindhárom pedigrelteljességi mutatóra egyértelműen nagyobb értékek jellemzők a referencia állományban. A származási utak hosszabbak és teljesebbek lettek. A hucul 1870-es évekig visszavezethető történelmét tekintve és a háború ideje alatt elveszett származási adatokat nézve kedvezőnek mondhatók az általunk kapott pedigrelteljesség értékek.

24. táblázat

A pedigrelteljesség értékek összehasonlítása a teljes populáció és a referencia állomány között (2016-os állomány)

Pedigrelteljesség		teljes populáció	referencia állomány
teljes generációs ekvivalens	minimum	0	4,39
	maximum	10,48	10,48
	átlag	6,07	8,75
maximálisan ismert nemzedékek	minimum	0	16
	maximum	23	23
	átlag	14,11	19,16
teljes ismert ősi sorok száma	minimum	0	2
	maximum	7	7
	átlag	3,77	5,50

Effektív populáció méret

Számításaink szerint az effektív populáció méret 52,3. Ez valamelyest nagyobb, mint a gyakorlati tapasztalaton alapuló, a fenntarthatóság határának tekintett 50-es érték és előre vetíti a fajta következő nemzedékekben történő fenntartásának lehetőségét

(FRANKHAM et al., 2002). PJONTEK et al. (2012) a szlovákiai hucul állományára 47,67-es effektív populáció nagyságról számoltak be. VOSTRÝ et al. (2011) sziléziai nóri lovakra 43,14-es értéket számítottak. A szakirodalom ezektől rosszabb és jobb eredményeket is nyilván tart, attól függően mekkora nagyságú és kedveltségű fajtákról van szó. Például SEVINGA et al. (2004) fríz lovakra közölt 27-es populáció nagysága már figyelemre méltóan alacsony, de a fajta további nemzedékeken át történő fenntartása nem látszik veszélyeztetettnek. Vele szemben teljesen más irányt képvisel az osztrák nóri fajtájú ló, hiszen VOSTRÝ et al. (2011) 79,11 effektív méretet tudtak közölni. Kedvező az effektív populációnagyság a MACIEL et al. (2014) által számolt brazil creole lovakra nézve, értéke 95,19.

Nemzedékköz

A teljes populációban a leghosszabb nemzedékközt némi meglepetésre a kancaelőállító mén leszármazási ágra kaptuk (25. táblázat). A sorban követi ezt a ménelőállító ménnek, majd a kancaelőállító kancák és a legrövidebbet a ménelőállító kancára számítottunk. A referencia állományban leghosszabb nemzedékközzel kancaelőállító ménnek rendelkeznek, majd a ménelőállító kancák és a ménelőállító ménnek következnek. A legrövidebb nemzedékközt a kancaelőállító kancára számítottunk. A teljes populáció és a referencia állomány átlagos nemzedékköz értéke 10,99 év ($p=0,91$).

Az általunk kapott értékektől kisebbről számoltak be, DRUML et al. (2009) az osztrák nóri fajtájú igás lovalnál (7,9 év), VOSTRÝ et al. (2011) a csehországi sziléziai nóri lovaknál (8,53 év) és a nóri lovaknál (8,88 év), valamint PINHEIRO et al. (2013) a sorraia lovaknál (7,94 év). A referencia állomány 10,99 évét, leginkább az ÁLVAREZ et al. (2010) az malorkai lovakra számított értéke (11,1 év) közelítette meg, valamint PJONTEK et al. (2012) szlovákiai hucul állományra leírt 11,4 éves értéke. Magasabb értéket 13,94 évet (kanca 10,24-12,6 év mén 8,64-13,94 év) a lengyel arab lovaknál GLAZEWSKA és JEZIERSKI (2004) kaptak.

A teljes populációban szignifikáns ($p<0,05$) különbséget számítottunk a következő leszármazási utak között: a ménelőállító ménnek és a ménelőállító kancák, a ménelőállító ménnek és a kancaelőállító kancák, a kancaelőállító ménnek és a ménelőállító kancák, valamint a kancaelőállító ménnek és a kancaelőállító kancák esetében. A referencia állományban szignifikáns ($p<0,05$) különbség van a kancaelőállító mén és ménelőállító kanca, valamint kancaelőállító mén és kancaelőállító kanca leszármazási utak között. A

teljes populációban és a referencia állományban is az összevont mén utód leszármazási úton hosszabb nemzedékköz számítottunk, mint a kanca utód leszármazási úton. A kapott értékek szignifikánsak($p < 0,05$). Ennek magyarázata az, hogy a mének sokkal szigorúbb szelektáláson mennek át, ezáltal a nemzedékköz értékek hosszabbak, mint a kancák esetében.

25. táblázat

Nemzedékköz értékek

Teljes populáció		
Szülő-ivadék leszármazási utak	Lovak száma	Nemzedékköz (év)
ménelőállító mén	254	11,40
kancaelőállító mén	1121	12,15
ménelőállító kanca	230	9,92
kancaelőállító kanca	1094	9,93
mén-utód összevont	1375	12,01
kanca-utód összevont	1324	9,93
átlagosan	2699	10,99
2016-os referencia állomány		
Szülő-ivadék leszármazási utak	Lovak száma	Nemzedékköz (év)
ménelőállító mén	18	10,50
kancaelőállító mén	138	13,21
ménelőállító kanca	18	10,52
kancaelőállító kanca	138	8,90
mén-utód összevont	156	12,90
kanca-utód összevont	156	9,08
átlagosan	312	10,99

Alapító ősök effektív száma, nem alapító ősök effektív száma, nem alapító és alapító ősök effektív számának aránya, alapító ősök genom ekvivalense, alapító ősök genom ekvivalens értékének és az alapító ősök effektív számának aránya

A teljes populáció alapító őseinek száma 152 és az alapító ősök effektív száma (f_e) 23. A referencia állományban az alapító ősök száma kevesebb (110) és az alapító ősök effektív száma változatlan (23). Nem alapító ősök száma 144, a nem alapító ősök effektív száma (f_a) 20 a teljes populációt nézve. A referencia állományban kisebb értéket kaptunk a nem alapító ősök számára (75) és a nem alapító ősök effektív számra (16). A nem alapító ősök effektív számának és alapító ősök effektív számának aránya (f_a/f_e) 0,8695 a teljes populációban és 0,6956 a referencia állományban. Az alapító ősök effektív száma magasabb, mint a nem alapító ősök száma, ez alátámasztja, hogy a populációban a palacknyak hatás érvényesült. A teljes populációra számított alapító ősök genom ekvivalens értéke (f_g) 9,618 és a referenciaállományé 5,790. Az alapító ősök genom ekvivalens értéke magába foglal minden olyan hatást, ami a génkészlet csökkenését eredményezhette. Az alapító és nem alapító ősök effektív számától kisebb értéket kaptunk az alapító ősök genom ekvivalens értékére, amely génveszteséget jelöl, vagyis csökkent a genetikai diverzitás a populációban. Az alapító ősök genom ekvivalens értékének és az alapító ősök effektív számának aránya (f_g/f_e) a teljes populációban 0,481 és referencia állományban 0,361. A kapott érték alátámasztja a populációban bekövetkezett genetikai sodródást.

Más szerzők által megadott értékekkel összehasonlítva az tapasztalható, hogy PJONTEK et al. (2012). hucul fajta szlovákiai állományára az alapító ősök effektív számát 26-nak adta meg, ami közel van az általunk számított értékhez. PINHEIRO et al. (2013) sorraia lovakra közölt 7,46-os mutatója és ÁLVAREZ et al. (2010) malorkai lovakra számított 11-es értéke, alatta marad az általunk kapottnak. Ettől lényegesen magasabbat 40-et írtak le MACKOWSKI et al. (2015) a lengyel hucul állományra. DRUML et al. (2009) osztrák nóri fajtájú igáslovak 117,2 értéke ötször nagyobb a 23-as értékünkhöz képest. Nem alapító ősök effektív számára a referencia állománnyal megegyezőt (16) közöltek MACKOWSKI et al. (2015) és PJONTEK et al. (2012) lengyel és a szlovák hucul állományokra. Értékeink alatt marad a PINHEIRO et al. (2013) sorraia lovakra és ÁLVAREZ et al. (2010) malorkai lovakra közölt adatai (4 és 11). DRUML et al. (2009) osztrák nóri fajtájú igáslóra, a nem alapító ősök effektív számára vonatkozóan 29,3-as értéket kaptak. A nem alapító ősök effektív számának és alapító ősök effektív számának

arányára MACKOWSKI et al. (2015) 0,4-es értéke kisebb az általunk számítottól. Az alapító ősök genom ekvivalens értékére az általunk leírtakhoz hasonlót (6 és 10) közöltek MACKOWSKI et al. (2015) a lengyel hucul populációra, ÁLVAREZ et al. (2010) malorkai lovakra (7) és DRUML et al. (2009) osztrák nóri fajtájú igáslovakra (10,63). Más populációgenetikai jellemzőkre számolt értékek is hasonlóak a magyarországi hucul lóra kapott értékekkel, hiszen az alapító ősök genom ekvivalens értékének és az alapító ősök effektív számának aránya VOSTRÁ-VYDROVÁ et al. (2016) az ó-kladrubi lovakra számolt értéke (0,05) egybe vág az általunk kapott értékkel.

Legnagyobb genetikai hatást kifejtő ősök

A 2016-ban törzskönyvi ellenőrzésben tartott referencia állomány 26. táblázatban szereplő egyedei (11 mén és 2 kanca) a genetikai variabilitás 70,65 százalékáért felelősek. Az állomány genetikai összetételének 99,99 százalékát 75 ős adja. 26. táblázatban összegyűjtött egyedek (9 mén, 3 kanca) a teljes populáció 63,01 százalékát fedik le. A teljes populációgenetikai diverzitásának 99,99 százalékáért 144 ős a felelős. A referencia állományban legnagyobb hatást kifejtő ős a lucsinai Goral III. A teljes állományban még nem jelent meg, de az utóbbi években folyamatosan erősödik a hatása. Számptalan ivadéka és unokája által a második helyen áll a 3139 Polan (Pol), amelyik a többi ménhez viszonyítva Magyarországon rövidebb tenyésztéstörténetű, mégis nagy hatással van a jelenlegi állományra. Tenyésztésbe állítása a referencia állomány genetikai variabilitását (10,36%) megváltoztatta, míg a teljes populációt csupán 1,96 század százalékban befolyásolta. Tovább erősödött a Hroby VIII (Lu), Ousor (Lu), 162 Ousor 02-7 Turek (Murány), Pietrosu II (Lu), Pietrosu VIII (Lu) ménnek genetikai szerkezetre tett hatása a referencia állományban. A két Pietrosu egyed és leszármazottjai által a törzsek közötti megoszlás megváltozott. Néhány egyed hatása csökkent a referencia állományban, mint például a Goral I (Lu), Hroby (Bukovina), 21 Gurgul (Top), Goral (Halicsi) ménké és 76 Taras kancáé.

**A teljes populáció és a referencia állomány (2016-os állomány) 10 legnagyobb
genetikai hatását kifejtő ősének összehasonlítása**

Egyed	Ivar	Születési év	A variabilitás lefedettségének aránya (%)	
			Teljes populáció	Referencia állomány
Goral I (Lu)	mén	1907.	13,64	3,11
3 Tatarca (Lu)	kanca	1913.	8,67	-
Hroby (Bukovina)	mén	1895.	8,14	3,93
Ousor (Lu)	mén	1929.	6,88	7,14
Hroby VIII (Lu)	mén	1933.	4,48	8,53
21 Gurgul (Top)	mén	1927.	3,69	2,76
Pietrosu II (Lu)	mén	1937.	3,58	6,45
85 Manaila (Lu)	kanca	1924.	3,56	3,56
Goral (Halicsi)	mén	1898.	3,50	1,03
76 Taras	kanca	-	2,86	1,96
162 Ousor 02-7 Turek (Murány)	mén	1969.	2,05	4,95
3139 Polan (Pol)	mén	1984.	1,96	10,36
Goral III (Lu)	mén	1926.	-	15,18
Pietrosu VIII (Lu)	mén	1967.	-	4,80

Összegzés

A fejezetben közzétett adatokból kiderül, hogy a referencia állományban a pedigrelteljesség értékek hosszabbak és teljesebbek lettek, ezáltal a beltenyésztési koefficiensre nézve pontosabb megbízhatóbb adatot kaptunk. A referencia állomány átlagos rokonsági foka és beltenyésztettségi szintje növekvő tendenciát mutatott (átlagos rokonsági fok 10,39 százalékról 12,67 százalékra ($p < 0,01$) nőtt, a beltenyésztési koefficiens 5,57 százalékról 7,18 százalékra ($p < 0,01$)), amely a genetikai diverzitás és a fajta távlati fenntarthatósága szempontjából nem kedvező. A magyarországi hucul tenyésztésben bekövetkezett többszöri állomány csökkenést, majd ezek utáni állomány

növekedést, a genetikai diverzitás csökkenését, a genetikai sodródást és a palacknyak effektus hatását alátámasztják az f_g , f_a/f_e és f_g/f_e arányokra kapott értékek. A nemzedékköz 10,99-es értékei a tenyésztés szempontjából ideálisnak nem tekinthető, mivel időegység alatt csökkentheti a genetikai diverzitást. Minél hosszabb a nemzedékköz a génmegőrzés szempontjából annál tovább fenn tud maradni egy-egy genealógiai vonal, kancacsalád, a ritka pedigréjúnek tekinthető egyed, ezáltal a genetikai diverzitás fenntartható. A hucul lovat tenyésztő országokból olyan genotípusú egyedek tenyésztésbe állítása javasolt, amelyek a magyarországi állományban nincsenek. A HIF tagországok állománya közötti genetikai kapcsoltság miatt ilyen lovat találni nem lehetetlen, de nem egyszerű feladat. Könnyebben megoldható feladatnak látszik, a genetikai diverzitást növelheti a Magyarországon nem létező, vagy ritka allélokot hordozó egyedek felkutatása, amire igen jó esély kínálkozik az állományból hiányzó kancacsaládok egyedeinek megszerzésével.

4.5 Az európai állomány elemzése, szubpopulációk (országok) közötti kapcsoltság felmérése

A fejezetben vizsgáljuk a kelet-európai adatbázisban lévő állomány egyes populációgenetikai értékeit úgy, mint az átlagos rokonsági fokot, a beltenyésztési együtthatót, pedigrelteljesség értékeket, effektív populáció méretet, nemzedékközt, nagy genetikai hatást kifejtő ősöket. Különös figyelmet fordítunk a szubpopulációk közötti különbségek és azonosságok feltárására, amelyet Nei-féle genetikai távolsággal és F-statisztikával számítunk. Ezen felül országonként a kancacsaládok és a méntörzsek megoszlását kutatjuk.

Átlagos rokonsági fok

A kelet-európai adatbázis állományában szereplő egyedek átlagos rokonsági foka 10,77 százalék. A legkisebb érték 0,01 százalék, a legnagyobb 17,93 százalék. A 2016-os magyarországi teljes populáció átlagos rokonsági fokától (10,39 százalék) nagyobbat ($p < 0,01$) kaptunk a kelet-európai adatbázis állományára. Érdekes módon, ez az érték alatta maradt ($p < 0,01$) a 2016-os magyarországi referencia állomány hasonló mutatójának (12,67 százalék). Azért érdekes ez, mert a genetikai variabilitás növelése érdekében több importra is sor került az utóbbi években. Feltehetően arról van szó, hogy az importok rokonsági foka magas volt, ami aztán tükröződik a számokban. A kelet-európai adatbázisban összesített állomány jellemzőitől lényegesen kisebbet közöltek MACIEL et al. (2014) a brazil creole lovakra (1,58%) és PJONTEK et al. (2012) szlovákiai hucul állományra kapott értéke (9,34%) is alatta marad. PINHEIRO et al. (2013) sorraia lovakra számított 46,26 százalékos értéke felülmúlja a kelet-európai állományét.

Beltenyésztési együttható

A kelet-európai adatbázisban szereplő állomány átlagos beltenyésztési együtthatója 6,7 százalék, ami 0 és 36,02 százalék közötti szélsőértékkel jellemezhető. A kelet-európai adatbázis állományában szerepeltetett 9942 egyedből 9049 egyed beltenyésztett, vagyis a beltenyésztett egyedek aránya 91,01 százalék. Ez a jövőbeni tenyésztés nehézségére utal. A 6,7 százalékos beltenyésztési együtthatóhoz képest nagyobbat ($p < 0,05$) kaptunk a

2016-ban törzskönyvi nyilvántartásban álló magyar referencia állomány beltenyésztettségére (7,18%), viszont a teljes magyar populációra vonatkozó érték (5,57%) kisebb ($p < 0,01$). A kelet-európai adatbázis állományára kapott érték lényegesen nagyobb, mint amit a VOSTRÝ et al. (2011) nóri lovakra (1,51%) és sziléziai nóri lovakra (3,23%) számítottak. A 6,7 százalékos érték alatt maradt MACKOWSKI et al. (2015) a lengyelországi hucul lovakra számított beltenyésztési együtthatója (6,26%). A szlovákiai hucul állomány beltenyésztési együtthatója egy egésszel nagyobb (7,7%), ahogyan az ismertté vált PJONTEK et al. (2012) munkájából. A 6,7 százalékos beltenyésztési együtthatótól nagyobbat kaptak AVDI és BANOS (2008) a skyros kislónál (11%) és SEVINGA et al. (2004) a fríz lovaknál 15,7%.

Pedigrételjesség

A kelet-európai adatbázisban szereplő állományra három féle pedigrételjesség értéket számítottunk. Ennek a mesterségesen képzett populációnak a teljes generációs ekvivalens átlagos értéke 7,07 (0 és 10,48 szélső értékekkel). A teljes magyar populációra átlagosan kisebbet 6,07-et értéket kaptunk, míg a 2016-os referencia állományra nagyobbat számítottunk 8,75-öt. A kelet-európai adatbázis állomány összes egyedére nézve a maximálisan ismert nemzedékek számának átlagos értéke 16,34 (0-23). A leghosszabb pedigrérészek 23 nemzedékig követhetők, majd az alapító ősök következnek. Ez egybe esik a 2016-ban rögzített állományra számított értékkel. A magyarországi teljes állományra kevesebbet 14,11-et, míg a 2016-os referencia állományra többet 19,16-ot számítottunk. A pedigrételjességre vonatkozó harmadik mutató a teljes ismert ősi sorok száma, aminek átlagos érték 4,16 (0-7). A magyarországi teljes állomány 3,77-es értéke elmarad ettől, amire magyarázat az Anghy Csaba által mentett állomány ismeretlen származása. A 2016-os referencia állomány 5,50-es értéke felé emelkedik a kelet-európai adatbázis állományénak, vagyis a nemzedékváltásokkal a magyar állomány pedigrételjessége javult.

Más szerzők által kapott értékekkel összehasonlítva a teljes generációs ekvivalens mutatóra lényegesen kisebbet számítottak ROYO et al. (2007) asturcón pónikra 2,97 generációt. PJONTEK et al. (2012) szlovák hucul populációra leírt 7,1 generációja szinte egybe esik a kelet-európai állományéval. MACKOWSKI et al. (2015) a lengyel hucul állományra nagyobbat (8,72-t) kaptak. VOSTRÁ-VYDROVÁ et al. (2016) kétszer akkora (15,1 generáció) mutatót számítottak a hosszú történelmi múltú ó-kladrubi

lovakra. DUNNER et al. (1998) az asturcón pónikra 2,35 generációs maximálisan ismert nemzedékek közöltek, mely lényegesen alatta marad az általunk számítottaknak. Hasonló értéket kaptak PJONTEK et al. (2012) a szlovákiai hucul állományra (17,54 generáció). Lényegesen hosszabb PJONTEK et al. (2012) shagya arabra leírt 34,82 nemzedékes mutatója. A teljes ismert ősi sorra TEEGEN et al. (2008) trakehneni lovaknál (1,86 generációt) kisebb értéket adtak meg. Hasonlót közöltek az általunk kapotthoz PJONTEK et al. (2012) a szlovák hucul populációra (4,29 generációt). BOKOR et al. (2013) az angol telivérekre nagyobb mutatót (6,69 generáció) számítottak.

Az idő előrehaladtával elmondható, hogy a pedigrelteljességek egyre hosszabbak és teljesebbek, ami a származások gondos vezetésének köszönhető és ismerete az állattenyésztési kultúrának elengedhetetlen velejárója. Különösen az I. világháború időszaka alatt sok származási lap, tenyésztésre vonatkozó okmány sajnálatos módon elveszett, vagy megsemmisült, ami aztán nehezítette a pontos származási utak leírását és a jelen kutatóinak a valóságosnál kedvezőtlenebb számított eredményeket ad.

Effektív populáció méret

A kelet-európai adatbázis állományának effektív populáció (N_e) mérete 57,78. Ezen érték meghaladja a génmegőrzés tudománya által a fenntarthatóság érdekében kritikusnak vélt 50-es effektív populáció nagyságot. Ennek alapját az a tapasztalat, hogy ekkora effektív populáció mérettel elfogadható szinten lehet tartani a beltenyésztési koefficiens nemzedékenként növekvő értékét. A magyar referencia állományra (2016-ban törzskönyvi ellenőrzés alatt tartott állomány) kapott 52,3-as érték elfogadhatónak tekinthető. Kisebb értékeket kaptak VOSTRÝ et al. (2011) sziléziai nóri lovakra 43,14-et és PJONTEK et al. (2012) a szlovákiai hucul állományára 47,67-et. MACIEL et al. (2014) által számított brazil creole lovakra kapott 95,19-es érték, valamint BOKOR et al. (2013) angol telivér lovak 159,12-es mutatója lényegesen nagyobb az 57,78-tól.

Nemzedékköz

A kelet-európai adatbázis állományában szereplő egyedek nemzedékköz értékeit a 27. táblázatban foglaltuk össze. Az itt szereplő állomány átlagos nemzedékköz értéke 10,35 év. A magyarországi 2016-os referencia állomány és teljes populáció 10,99-es értékei

felette van ($p < 0,001$) a kelet-európai adatbázis állományára számított értéknek. Rövidebb nemzedékköz értéket közöltek munkájukban PIRAULT et al. (2013) a franciaországi lópopulációra 6,3 évet. ÁLVAREZ et al. (2010) a malorkai lovakra nagyobb értéket számítottak (11,1 évet) és PJONTEK et al. (2012) a szlovákiai hucul lovakra 11,14 évet közöltek.

Leghosszabb nemzedékközt a kancaelőállító ménre, kicsivel kevesebbet ménelőállító ménre kaptuk. Sorban, majdnem azonos értékkel követi ezt a kancaelőállító kancákra és ménelőállító kancákra vonatkozó számérték. A kelet-európai adatbázis állományának az összevont mén-utód leszármazási úton szignifikánsan ($p < 0,05$) hosszabbat számítottunk, mint a kanca-utód összevont útra. Ennek magyarázata az, hogy a mének sokkal szigorúbb szelektáláson esnek át, ezáltal a nemzedékköz értékek hosszabbak, mint a kancák eseténben. Szignifikáns különbséget ($p < 0,05$) kaptunk a következő leszármazási utak között: ménelőállító mének és ménelőállító kancák, ménelőállító mének és kancaelőállító kancák, kancaelőállító mének és ménelőállító kancák, valamint kancaelőállító mének és kancaelőállító kancák.

27. táblázat

Nemzedékköz értékek

Szülő-ivadék leszármazási utak	Lovak száma	Nemzedékköz (év)
ménelőállító mén	605	11,27
kancaelőállító mén	2895	11,42
ménelőállító kanca	580	9,27
kancaelőállító kanca	2813	9,28
mén-utód összevont	3500	11,34
kanca-utód összevont	3393	9,27
átlagosan	6893	10,35

Alapító ősök effektív száma, nem alapító ősök effektív száma, nem alapító és alapító ősök effektív számának aránya, alapító ősök genom ekvivalense, alapító ősök genom ekvivalens értékének és az alapító ősök effektív számának aránya

A kelet-európai adatbázis állományára nézve az alapító ősök száma 219 és az alapító ősök effektív száma (f_e) 28. A nem alapító ősök száma 222 és a nem alapító ősök effektív száma 22. A nem alapító ősök és az alapító ősök effektív számának arányából (f_a/f_e)

kapott 0,7857 érték alátámasztja az idők folyamán sajnálatosan érvényesülő palacknyak hatás tényét (az alapító ősök effektív száma nagyobb volt, mint a nem alapító ősök száma). Az alapító ősök genom ekvivalens értéke (f_g) 9,28. A genetikai diverzitás csökkenését alátámasztja az is, hogy az alapító ősök genom ekvivalens értéke kevesebb, mint az alapító és nem alapító ősök effektív száma. Az alpopulációkban (országokban) eltérő értékeket kaptuk, amelyek a következők: Csehország 7,63; Szlovákia 7,12; Románia 6,65; Lengyelország 6,25; Magyarország 6,14; Ausztria 5,88; Németország 4,35. Az alapító ősök genom ekvivalens értékének és az alapító ősök effektív számának aránya (f_g/f_e) 0,331. A kapott érték bizonyítja a populációban bekövetkezett genetikai sodródást, mely az allélfrekvencia véletlenszerű változását jelenti az egyik generációról a másikra, addig folytatódik az allélgyakoriság változása, míg az adott allél kiesik vagy fixálódik, ezzel megváltoztatva az eredeti génkészletet.

A kelet-európai adatbázis állományára számolt értékeket összevetettük az általunk számolt magyarországi 2016-os elemzésben szereplő adatokkal. A referencia állományra (16) és teljes populációra is (23) számított alapító ősök effektív száma, kisebb értéket vett fel, mint a kelet-európai adatbázis állományra kapott érték (28). A 2016-os referencia állomány 16-os értéke és a teljes populáció 20-as értéke alatta marad a kelet-európai adatbázis állománynak a nem alapító ősök effektív számához képest. A kelet-európai adatbázis állománynak nem alapító ősök és alapító ősök effektív számának aránya (f_a/f_e) 0,7857, ettől az értékétől kevesebbet kaptunk a 2016-os referencia állomány értékre (0,6956), míg a teljes populációé valamivel meghaladja (0,8695) azt. A kelet-európai adatokból képezett adatbázis állományának az alapító ősök genom ekvivalens értékét (f_g) (9,28) kicsivel meghaladja a magyar teljes populáció értéke (9,61), míg a 2016-os referencia állományé elmarad ettől (5,79). Az alapító ősök genom ekvivalens értékének és az alapító ősök effektív számának aránya (f_g/f_e) valamivel nagyobb a 2016-os referencia állományban (0,361) és a teljes magyar populációban (0,481), mint a kelet-európai adatbázisban szereplő állománynak (0,331).

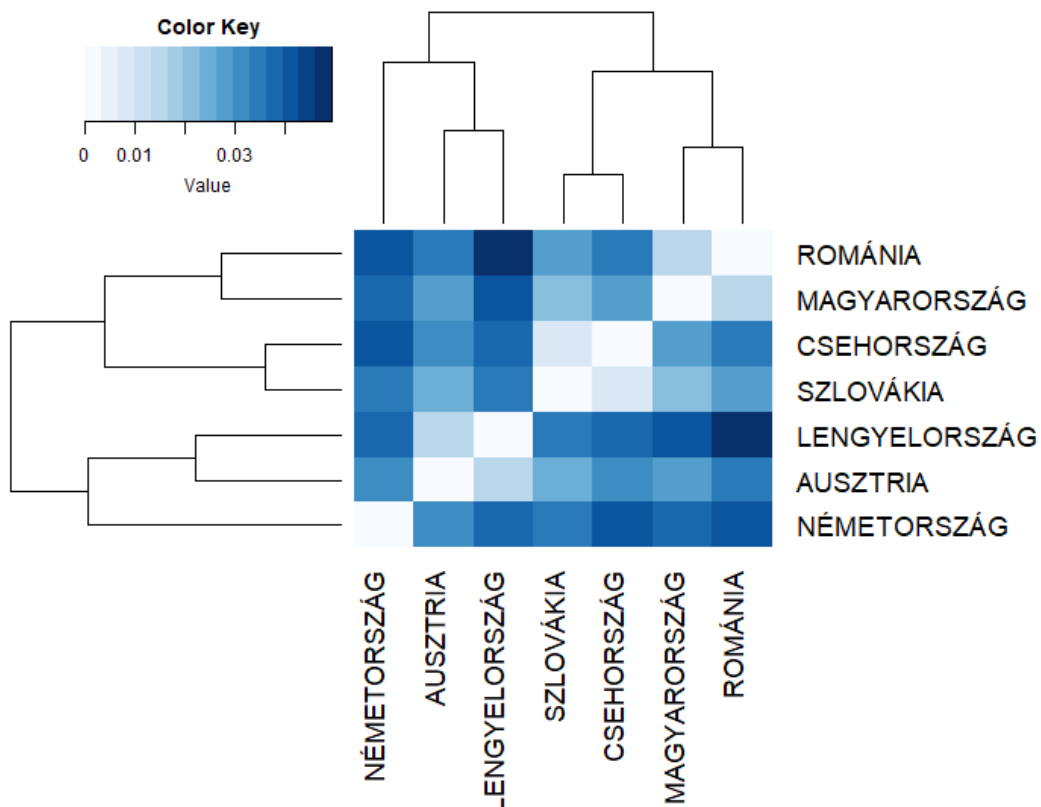
PINHEIRO et al. (2013) az alapító ősök effektív számára sorraia lovaknál 7,46-ot számítottak, ami alatta marad az általunk kapottnak. A hucul fajta szlovákiai állományára kisebb mutatót, 26-ot adtak meg PJONTEK et al. (2012). A lengyel hucul állományra sokkal magasabb értéket (40) írtak le MACKOWSKI et al. (2015). Nem alapító ősök effektív számát 16-nak adták meg MACKOWSKI et al. (2015) és PJONTEK et al. (2012) lengyel és a szlovák hucul állományokra. Ezek kisebbek, mint az általunk számított 22. MACIEL et al. (2014) brazil creole lóra jóval nagyobb, 75-ös értéket kaptak. A nem

alapító ősök effektív számának és alapító ősök effektív számának arányára MACKOWSKI et al. (2015) 0,4-es értéke (hucul lovak) kisebb az általunk számítottól. Az alapító ősök genom ekvivalens értékére az általunk leírtakhoz hasonlót (6 és 10) közöltek MACKOWSKI et al. (2015) a lengyel hucul populációra. DRUML et al. (2009) osztrák nóri fajtájú ígáslovakra (10,63) nagyobbat adtak meg. Az alapító ősök genom ekvivalens értékének és az alapító ősök effektív számának aránya VOSTRÁ-VYDROVÁ et al. (2016) az ó-kladrubi lovakra számolt értéke (0,05) nagyobb az általunk kapott értékkel.

Nei-féle genetikai távolság

A hucul lovat tenyésztő országok adataiból feléptett adatbázis értékelése során az adatbázisban lévő egyedek és az országok állománya közötti Nei-féle genetikai távolságokat vizsgáltuk. A kelet-európai adatbázis állományában lévő egyedekre 0,023426-os értéket kaptunk, ami lényegében a nullához közelít. Szakmailag ez annyit jelent, hogy az allélgyakoriságban sok az azonosság, ami a heterozigóták kevés számára utal.

9. ábra: Nei-féle genetikai távolság értékelés a különböző országok állománya (alpopulációk) között



Az országok közötti távolságot grafikusán is ábrázoltuk (9. ábra). Az ábra színskáláján a világos szín az egymáshoz közelséget, a sötétebb a nagyobb genetikai távolságot jelöli. Genetikailag két legközelebb állomány a cseh és a szlovák. Erre történelmi magyarázat van, hiszen a két nemzet közel 70 évig egy országot jelentett, így a tenyésztésre közös bázis volt jellemző. A két nemzet külön országgá válása következtében előálló nemzeti sajátosságok nem érzékeltetik még a hatásukat, másrészt a HIF (Hucul International Federation) 1992-es alapítása óta az alapító országokban egyeztetett tenyésztéspolitikák folyik.

Ugyancsak kicsi a genetikai távolság az osztrák és a lengyel populáció között. Bár Lucsina és a lucsinai tenyészet a Császári és Királyi (K. u. k) hadsereg irányítása alatt volt és az I. világháború harcai elől a császárvárosba (Kottingbrunnba) menekítették az állományt, ám az Osztrák-Magyar Monarchia utódállamai közül Ausztria nem tartott meg tenyészanyagot az eredeti állományból. Míg az utódállamokban (Ausztria kivételével) 100 év óta folyik a hucul fajta tenyésztése, Ausztriában lényegében 1992-ben indult el újra, elsősorban lengyel eredetű tenyészanyaggal. A 2000-es évektől magyar tenyésztők közvetítésével már Lucsináról származó állomány is került ide, de ez nem tudta megváltoztatni a lengyel állománnyal való szoros genetikai kapcsolatot.

Igen kicsi a genetikai távolság a magyar és a román állomány között. Ez tapasztalati úton ismert volt, de immár tudományos kimutatást is nyert ez. Az 1990-es évek óta szinte folyamatos a Lucsináról érkező import. Ennek segítségével sikerült a magyarországi állományban a kancacsaládok és a méntörzsek számát gyarapítani, ezzel a magyar állomány genetikai diverzitását úgy növelni, hogy a fajtafenntartás során genetikai okból nehézsége ne legyen a fajtafenntartásért felelős tenyésztőszervezetnek.

A lengyel és a román tenyészanyag között a legnagyobb a genetikai távolság. Ausztria kivételével a hucul lovat tenyésztő többi ország állománya távolabb áll a lengyel állománytól, mint bármely más összehasonlítás. Igaz, hogy a lengyel állományba időnként került Lucsináról tenyészanyag, de az ország állományának nagyságában ez felolvadt és genetikailag érdemben nem közeledett ahhoz. Gyakorlati tapasztalatok is megerősítik ezt a tényt. Fenotípusosan is jelentős különbség van a lengyel a román hucul között. Ma a HIF tagországok mindegyike törekszik a fajtaban létező legtöbb kancacsalád birtoklására, ennél fogva a minden irányú migráció egyre erősebb. Érdekes lenne néhány lógeneráció múlva megismételni ezt a kutatást.

Németországban nem jelentős a tenyésztők köre, inkább használják és nem tenyésztik a hucul lovat. Állományuk genetikai összetételét vizsgálva szembetűnő, hogy közel állnak

a lengyelországi, az ausztriai, a szlovákiai, a magyarországi állományhoz és állományszinten minden más ország állományától genetikai értelemben távol állnak.

Wright féle F statisztika

A kelet-európai adatbázisban szereplő lóállomány és a kutatásban szereplő országok állománya közötti és az egyedek közötti differenciáltságot F statisztika segítségével is meghatároztuk.

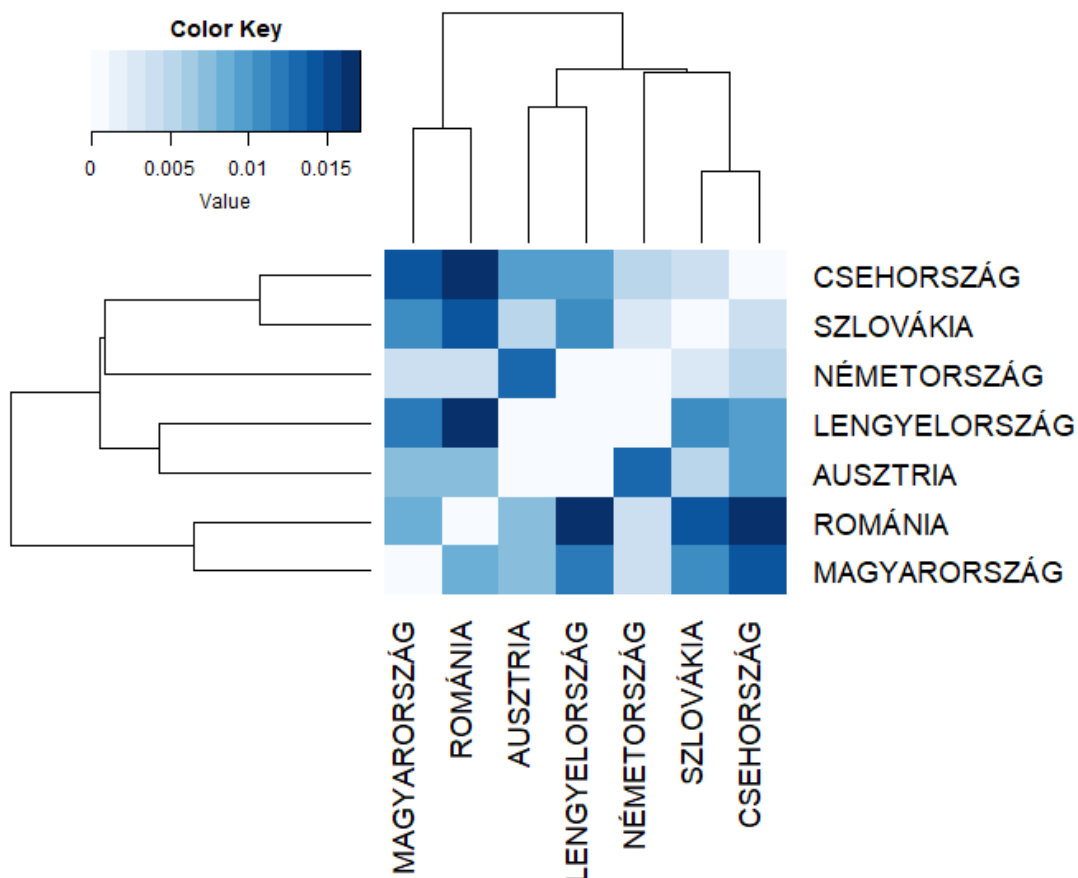
Az alpopulációk (az egyes országok állománya) közötti változatosságra (F_{ST}) 0,02476-os értéket kaptunk. Az eredmény a nullához közelít és 0,05-nél kevesebb értéket vesz fel, így elmondható, hogy csekély mértékű differenciáltság mutatható ki az alpopulációk között.

A teljes adatbázis változatosságára (F_{IT}) 0,01393 értéket számítottunk. A szám pozitív adattartománya a heterozigotizáció mérsékelt voltára (beltenyésztettséget is feltételezve), továbbá a fajtán belüli kismértékű elszigeteltségre/fragmentációra utal.

Az alpopuláción belüli, vagyis az egyedek közötti változatosságra (F_{IS}) - 0,01110-et kaptunk. A mutató negatív tartományba esése a heterozigotizáció többletére utal, ami azt jelenti, hogy az egyedek közötti valós heterozigotizáció gyakorisága nagyobb volt, mint ahogyan azt a Hardy-Weinberg egyensúly alapján várni lehetne.

Az országok közötti genetikai távolságokat F statisztika (F_{ST}) alapján grafikusán is ábrázoltuk (10. ábra). A világos szín a kisebb, míg a sötétebb szín a nagyobb differenciáltságot jelöli a színskálán. Az legnagyobb differenciálódást Románia és Csehország, valamint Románia és Lengyelország között kaptunk. Nagyobb mértékű a differenciálódás Csehország és Magyarország, Románia és Szlovákia, Németország és Ausztria között. A differenciálódás alacsonyabb szintjét láthatjuk Szlovákia és Csehország állománya között (amire a közös múlt ad magyarázatot), valamint Ausztria és Szlovákia tenyésztete között. A német állományban a legkisebb a differenciálódás mértéke, amit a kisebb méretű populáció indokol, egyben utalás az importoktól való elkülönülés hiányára (a saját tenyésztésű nemzedékek száma kevés) A kapott értékek (0,002 és 0,117 közötti) enyhe differenciálódási szintet mutatnak. A 0,05-ös határértéktől elmaradnak el, hiszen a legnagyobb érték is 0,017.

10. ábra: Az országok (alpopulációk) közötti genetikai távolságok F_{ST} statisztikával számolva (F_{ST})



Legnagyobb genetikai hatást kifejtő ősök

A kelet-európai adatbázis állományában szereplő egyedek genetikai változatosságát 222 ős adja, ugyanakkor mindössze 9 mén és 1 kanca felelős a teljes genetikai variabilitás 58,89 százalékáért (28. táblázat). Ez a 10 ős három országban van jelen a hucul fajtát tenyésztő hét országból. Kettő Szlovákiából származik (4612 Cukor Gurgul-5 (9,66%), valamint 51 Hroby V-22 (9,59%)) és együttesen 19,25 százalékban felelősek a genetikai varianciáért. Természetes tényként fogható fel, hogy négy mén és egy kanca a legrégebben alapított lucsinai ménesből került ki és fejtett ki hatást a fajta egészére. A Goral III (8,17%), a Hroby (5,96%), a Goral (4,96%), a 76 Taras kanca (3,06%), és a Miszka I (2,62%). Az I. világháború után törzsalapítónak vált az Ousor (4,49%) is, a genetikai változatosságért nagymértékben felelős ősök közé került. Ezek az egyedek együttesen 29,26 százalékban felelősek a mai hucul állomány genetikai összetételéért. A meglepetés erejével hat, hogy a fajta tenyésztésében mindig nagy szerepet játszó és mára

már az egyik legnagyobb hucul lovat tenyésztő közösséggé vált lengyel tenyésztés mindössze két egyeddel, a 8 Goral Cedryt (5,93%) és a 5199 Orzech (4,45%) gyakorolt nagy hatást a fajtára. Együttes értékük 10,38 százalék.

28. táblázat

A kelet-európai adatbázis állományában szereplő 10 legnagyobb genetikai hatását kifejtő ős

Egyed	Ivar	Születési év	A variabilitás lefedettségének aránya (%)
4612 Cukor Gurgul-5 (Sk)	mén	1953.	9,66
51 Hroby V-22 (Top)	mén	1962.	9,59
Goral III (Lu)	mén	1926.	8,17
Hroby (Bukovina) (Lu)	mén	1895.	5,96
8 Goral Cedryt (Pol) 2829 Cedryt (Pol)	mén	1949.	5,93
Goral (Halicsi) (Lu)	mén	1898.	4,96
Ousor (Lu)	mén	1929.	4,49
5199 Orzech (Pol)	mén	1959.	4,45
76 Taras (Lu)	kanca	-	3,06
Miszka I (Lu)	mén	1883.	2,62
Összesen			58,89

Az egyes országokban található hucul lófajta kancacsaládjainak és méntörzseinek összehasonlítása

A fejezetben tárgyaltak meghatározásához kijelölésre került egy vizsgálati állomány, mely a nemzedékköz átlagos értékének (10,35 év) másfélszerese. Ez azt jelenti, hogy a vizsgálati időintervallum 2000 és 2016 közötti időre terjedt, a vizsgálati állomány az ebben az időintervallumban született egyedekre vonatkozott. Az országonkénti állományok eltérésének szemléltetésére kördiagrammot alkalmaztunk.

Kancacsaládok vizsgálata



7. kép: Prisló X-5 hucul kanca

Fotó: Kopócs Tamás



8. kép: Prisló Málna hucul kanca

Fotó: Haga Zsuzsanna

A vizsgálati időszakban megjelent kancacsaládok száma összesen 42, melyet a 29. táblázatban foglaltuk össze.

Kancacsaládok és adatai

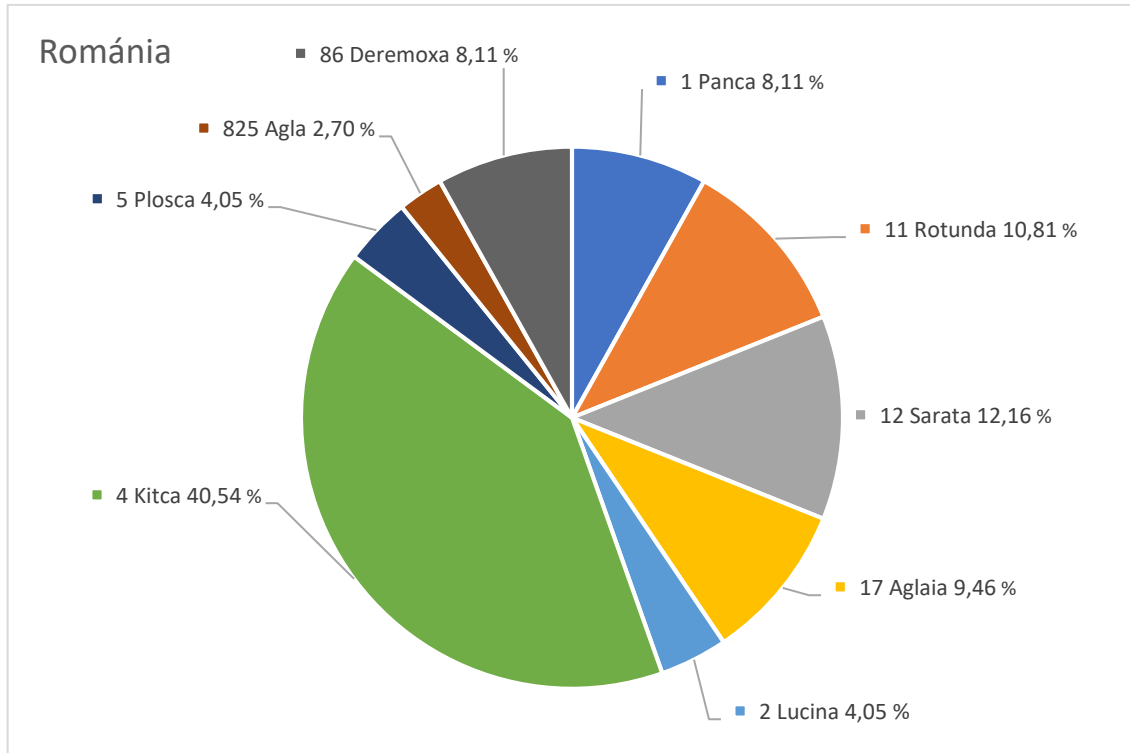
Kancacsalád	Születési év	Születési ország	Kancacsalád	Születési év	Születési ország
1 Panca	1906.	Románia	84 Polonia	1926.	Lengyelország
108 Morza	1948.	Szlovákia	86 Deremoxa	1926.	Románia
11 Rotunda	1910.	Románia	862 Dagmar	1944.	Szlovákia
11 Zuza	1938.	Szlovákia	882 Gelnica	1947.	Szlovákia
111 Rumina	1943.	Szlovákia	90 Machocha	-	Szlovákia
12 Sarata	1913.	Románia	Agatka	-	Lengyelország
17 Aglaia	1917.	Románia	Árvácska	1957.	Magyarország
18 Barna	-	Szlovákia	Aspiráns	1959.	Magyarország
19 Kavka	-	Szlovákia	Bajkálka	1944.	Lengyelország
2 Lucina	1912.	Románia	Bukovina	1935.	Szlovákia
2 Ritka	-	Románia	Czeremcha	1941.	Lengyelország
23 Klapta	1942.	Szlovákia	Jagoda	1937.	Lengyelország
3 Tatarca	1913.	Románia	Laliszka	1945.	Lengyelország
39 Franca	-	Szlovákia	Nakoneczna	1934.	Lengyelország
4 Kitca	1910.	Románia	Reda	1948.	Lengyelország
48 Mulica	1940.	Lengyelország	Szrocza	1947.	Lengyelország
5 Plosca	1906.	Románia	Valuta	-	Szlovákia
70 Sekacka	1945.	Szlovákia	Wolga	1936.	Magyarország, de Lengyelországban alapított kancacsaládot*
71 Róza	-	Szlovákia	Wrona	1934.	Magyarország, de Lengyelországban alapított kancacsaládot*
825 Agla	1941.	Szlovákia	Wydra	1929.	Magyarország, de Lengyelországban alapított kancacsaládot*
84 Hurka	1946.	Szlovákia	Zyrka	-	Lengyelország

*A Magyarországon született Wolga, Wrona és Wydra alapítók lengyelországi kiterbélyesedésére magyarázat, hogy a II. világháború frontja elől Magyarországról menekülve Németországban egy szérumtermelő telepen kötött ki kéttucatnyi hucul ló, ahonnan a lengyelek más fajtákkal együtt többet kimenekítették. Ezután a Wolga, Wrona és Wydra családdá formálódása és kiterbélyesedése Lengyelországban ment végbe.

Románia

Összesen 9 kancacsalád (1 Panca, 11 Rotunda, 12 Sarata, 17 Aglaia, 2 Lucina, 4 Kitca, 5 Plosca, 825 Agla, 86 Deremoxa) képviseli magát a romániai állományban (11. ábra), ezekből egy kivételével (825 Agla) mind lucsinai származású család. A 4 Kitca közel felét, 40,54 százalékát teszi ki az állománynak. További jelentős családok a 12 Sarata (12,16 százalék), a 11 Rotunda (10,81 százalék) és a 17 Aglaia (9,46 százalék). A négy kancacsalád ivadéka a teljes állományt 72,97 százalékban uralja.

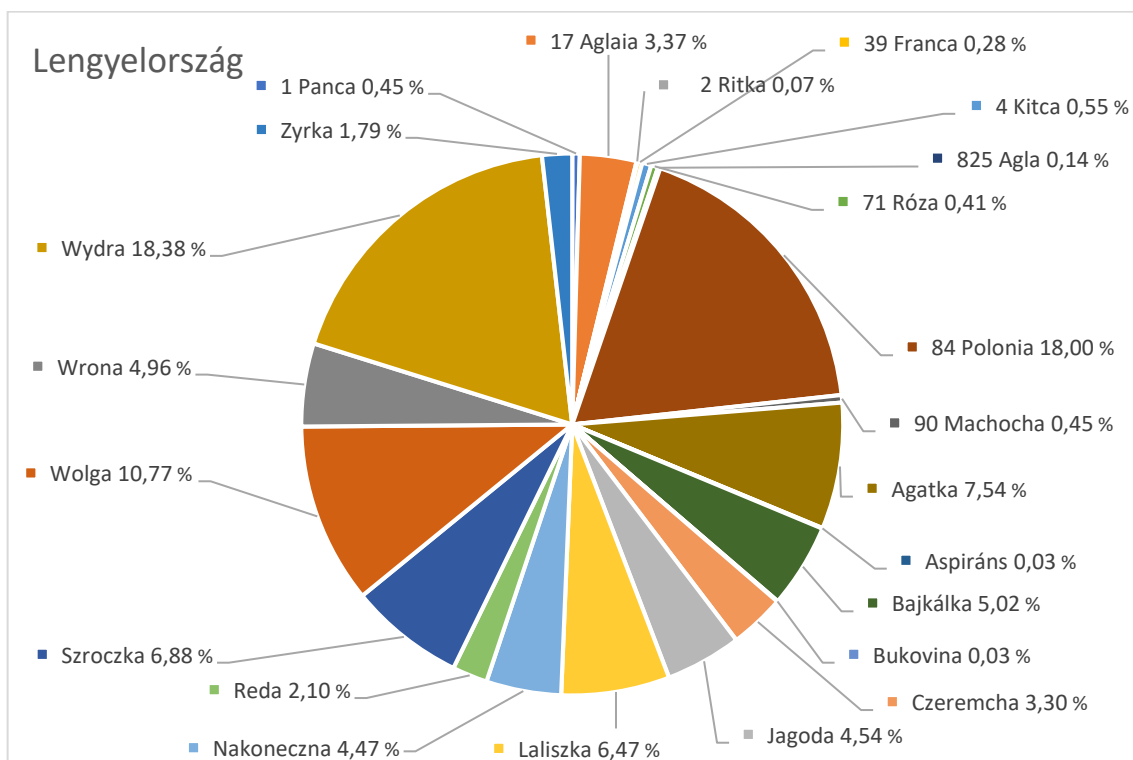
11. ábra: Románia kancacsaládjainak százalékos megoszlása



Lengyelország

Lengyelországban (12. ábra) a Hucul International Federation által elfogadott 42 kancacsaládból 23 kancacsaláddal (1 Panca, 17 Aglaia, 2 Ritka, 39 Franca, 4 Kitca, 71 Róza, 825 Agla, 84 Polonia, 90 Machocha, Agatka, Aspiráns, Bajkálka, Bukovina, Czeremcha, Jagoda, Laliszka, Nakoneczna, Reda, Szrocza, Wolga, Wrona. Wydra, Zyrka) folytatnak tenyésztést. A legelterjedtebb kancacsaládok döntő része lengyel eredetű. Kiemelkedően magas hányadban van jelen a Wydra (18,38 százalék) (érdekes módon ezt, a Wolga és Wrona családokat magyar alapító ősrre vezetik vissza) és 84 Polonia kancacsalád (18 százalék) is. A többi lengyel eredetű kancacsalád az alábbiak szerint követi egymást: Wolga (10,77 százalék), Agatka (7,54 százalék), Szrocza (6,88 százalék) és a Laliszka (6,47 százalék). A hat kancacsalád 68,04 százalékát teszi ki az egészeknek.

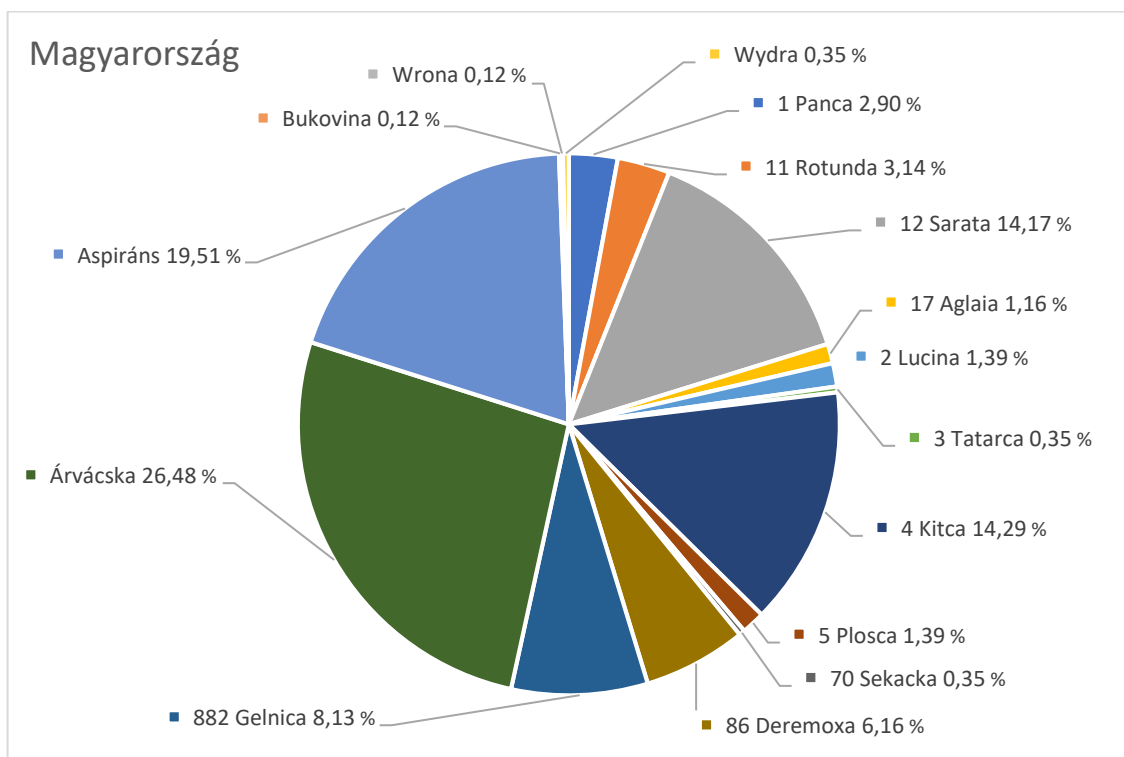
12. ábra: Lengyelország kancacsaládjainak százalékos megoszlása



Magyarország

A HIF által elfogadott 42 kancacsaládból a magyarországi (13. ábra) hucul lóállományban 16 (1 Panca, 11 Rotunda, 12 Sarata, 17 Aglaia, 2 Lucina, 3 Tatarca, 4 Kitca, 5 Plosca, 70 Sekacka, 86 Deremoxa, 882 Gelnica, Árvácska, Aspiráns, Bukovina, Wrona, Wydra) van jelen. Ez kevesebb a többi ország állományához képest, ugyanakkor tekintélyes szám, ha ismerjük a fajta hazai tenyésztéstörténetét. A II. világháború szétzilálta az állományt, a megmentett egyedekből kettő terebélyesedett ki, azt is el kellett fogadtatni a Hucul International Federation tenyésztő bizottságával. Ennek megtörténte után nagy erőfeszítéseket tett a hazai tenyésztőszervezet a diverzitás növelésére, a kancacsaládok számának gyarapítására. Így aztán nem meglepetésszerű, hogy a magyar hucul lóállományban két magyar eredetű kancacsalád képviselői szinte uralják az állományt. Az Árvácska nevű kancacsalád 26,48 százalék, az Aspiráns nevű 19,51 százalékot képvisel az egészen belül. Igen jelentős az aránya a lucsinai eredetű a 4 Kitca (14,29 százalék), a 12 Sarata (14,17 százalék) és a 86 Deremoxa (6,16 százalék) alapítók által képviselt kancacsaládoknak. Számottevő a szlovákiai tenyésztésből származó 882 Gelnica (8,13 százalék). A megnevezett 6 kancacsalád 88,74 százalékkal uralja a magyar tenyésztést.

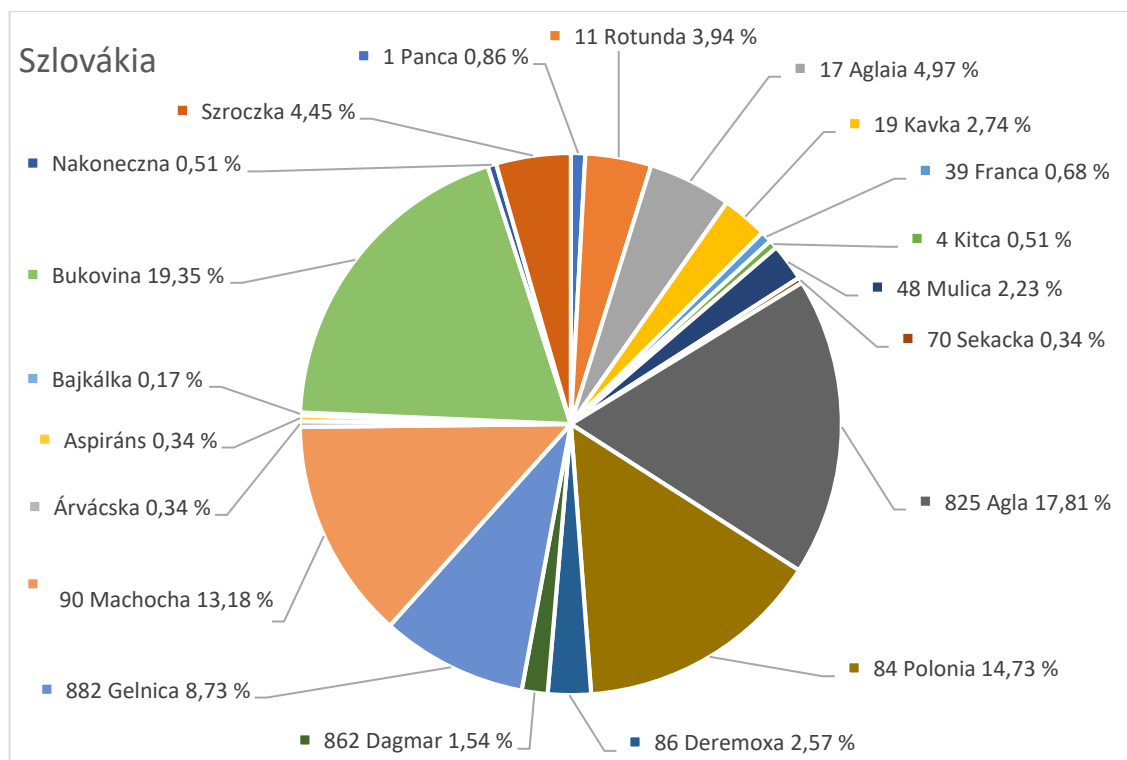
13. ábra: Magyarország kancacsaládjainak százalékos megoszlása



Szlovákia

Szlovákia (14. ábra) sok kancacsaláddal tenyészt. A nála megtalálható 20 kancacsaládból (1 Panca, 11 Rotunda, 17 Aglaia, 19 Kavka, 39 Franca, 4 Kitca, 48 Mulica, 70 Sekacka, 825 Agla, 84 Polonia, 86 Deremoxa, 862 Dagmar, 882 Gelnica, 90 Machocha, Árvácska, Aspiráns, Bajkálka, Bukovina, Nakoneczna, Szrocza) a szlovák eredetűek terebélyesebbek. Ide sorolható a Bukovina (19,35 százalék), a 825 Agla (17,81 százalék), a 90 Machocha (13,18 százalék) és a 882 Gelnica (8,73 százalék) kancacsalád. Leszármazotti létszám tekintetében ezeket a lengyel eredetű 84 Polonia (14,73 százalék) követi. Szlovákia kancacsaládjainak 73,8 százalékát fedi le az előzőekben felsorolt öt család.

14. ábra: Szlovákia kancacsaládjainak százalékos megoszlása

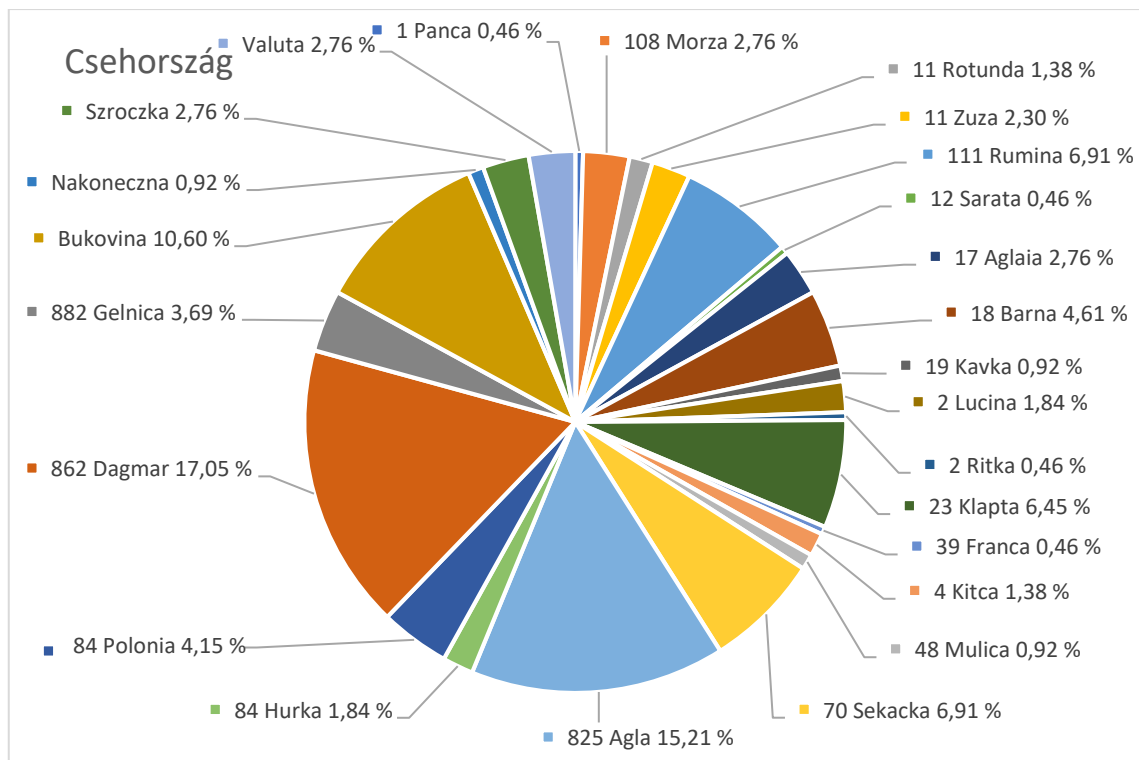


Csehország

Az országok közül a legtöbb kancacsaláddal (25) (1 Panca, 108 Morza, 11 Rotunda, 11 Zuza, 111 Rumina, 12 Sarata, 17 Aglaia, 18 Barna, 19 Kavka, 2 Lucina, 2 Ritka, 23 Klapta, 39 Franca, 4 Kitca, 48 Mulica, 70 Sekacka, 825 Agla, 84 Hurka, 84 Polonia, 862

Dagmar, 882 Gelnica, Bukovina, Nakoneczna, Szroczka, Valuta) Csehországban (15. ábra) tenyésztnek. Az öt legnagyobb létszámmal rendelkező kancacsalád a 862 Dagmar 17,05 százalék, 825 Agla 15,21 százalék, Bukovina 10,60 százalék, 70 Sekacka és 111 Rumina 6,91 százalék. Ezek a teljes állomány 56,68 százalékát teszik ki. A felsorolt kancacsaládok szlovák származásúak, amire a két ország történelmi múltja kellő magyarázatot ad.

15. ábra: Csehország kancacsaládjainak százalékos megoszlása

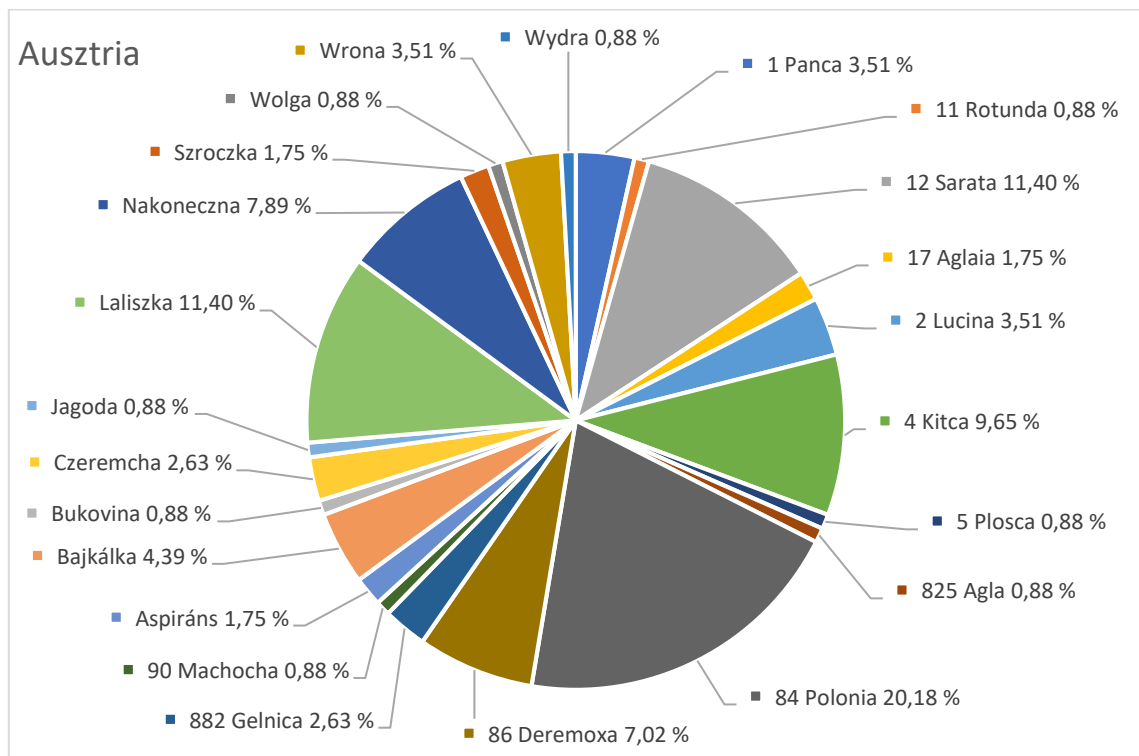


Ausztria

Ausztriában (16. ábra), a hucul fajtát tenyésztő országokban előforduló kancacsaládoknak kicsivel több mint a fele, 23 állt tenyésztésben a vizsgálati fázisban. Ezek a következők: 1 Panca, 11 Rotunda, 12 Sarata, 17 Aglaia, 2 Lucina, 4 Kitca, 5 Plosca, 825 Agla, 84 Polonia, 86 Deremoxa, 882 Gelnica, 90 Machocha, Aspiráns, Bajkálka, Bukovina, Czeremcha, Jagoda, Laliszka, Nakoneczna, Szroczka, Wolga, Wrona és Wydra. A hét országban fellelhető kancacsaládok közül legtöbb egyeddel, ebből következően százalékosan kifejezve a legnagyobb arányban a lengyel eredetű 84 Polonia (20,18 százalék) család képviseli magát. Követi ezt a 12 Sarata (román) és Laliszka (lengyel)

11,4 százalékkal, majd a Nakoneczna (lengyel) (7,89 százalék) és a 86 Deremoxa (7,02 százalék) (román). Ezen 5 kancacsalád az egyedek az előfordulásának 57,89 százalékát teszi ki.

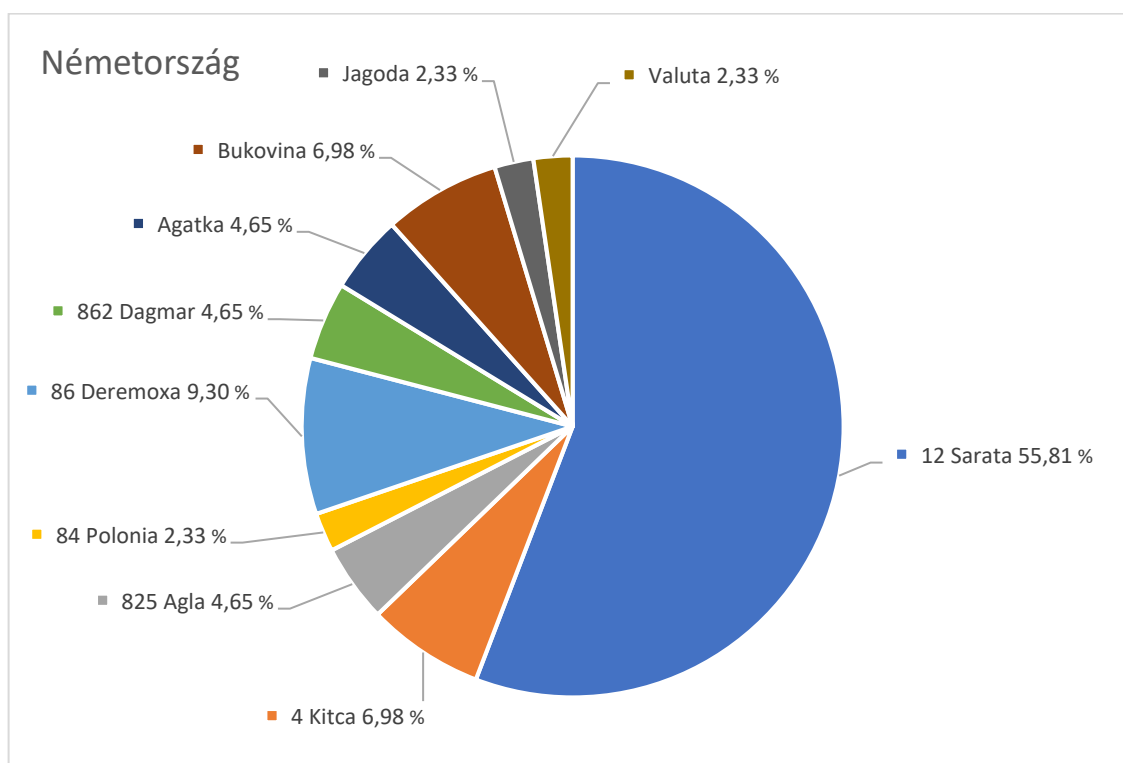
16. ábra: Ausztria kancacsaládjainak százalékos megoszlása



Németország

Németország (17. ábra) késői bekapcsolódása és szerény mértékű a hucul ló tenyésztése eredményezi, hogy mindössze 10 kancacsalád (12 Sarata, 4 Kitca, 825 Agla, 84 Polonia, 86 Deremoxa, 862 Dagmar, Agatka, Bukovina, Jagoda, Valuta) jelent meg az országban. Magyarországon általános vélekedés, hogy a németek elsősorban a lengyelektől vásároltak, amire ez a tudományos vizsgálat rácafélt. A romániai eredetű 12 Sarata kancacsalád a teljes állomány genetikai variabilitásának 55,8 százalékért felelős. Követi a rangsorban a szintén román származású 86 Deremoxa (9,30 százalék). A többi nyolc kancacsaládnak néhány egyede van Németországban.

17. ábra: Németország kancacsaládjainak százalékos megoszlása



Legveszélyeztetettebb kancacsaládok

30. táblázatban összefoglaltuk a kelet-európai adatbázis állományában szerepeltetett, 2000-2016 közötti vizsgálati időszakában megjelent kancacsaládok százalékos részesedéseit. A táblázatból kiderül, melyek a legveszélyeztetettebb kancacsaládok. A legritkább kancacsaládok (részesedésük egy százalék alatti) a vizsgált időszakban: 2 Ritka, 3 Tatarca, 84 Hurka, 11 Zúza, 108 Morza, Valuta, 18 Barna, 71 Róza, 39 Franca, 23 Klapta, 111 Rumina, 48 Mulica, 5 Plosca, 19 Kavka, 70 Sekacka és 2 Lucina. A legnagyobb részesedéssel 84 Polonia (13,38%) kancacsalád volt jelen, ezt követi sorban Wydra és Wolga. Napjainkban a legnagyobb hucul állománnyal Lengyelország rendelkezik, mely a családok százalékos eloszlásában is megjelenik.

**A kelet-európai adatbázis (2000-2016) összesített kancacsaládok százalékos
részesedései**

Kancacsalád	Százalék		Kancacsalád	Százalék
2 Ritka	0,06		86 Deremoxa	1,79
3 Tatarca	0,06		90 Machocha	1,90
84 Hurka	0,08		Czeremcha	2,06
11 Zuza	0,10		882 Gelnica	2,75
108 Morza	0,13		Jagoda	2,79
Valuta	0,15		Bukovina	2,96
18 Barna	0,21		Nakoneczna	3,00
71 Róza	0,25		825 Agla	3,04
39 Franca	0,27		Wrona	3,10
23 Klapta	0,29		17 Aglaia	3,17
111 Rumina	0,31		Bajkálka	3,17
48 Mulica	0,31		12 Sarata	3,52
5 Plosca	0,33		Aspiráns	3,60
19 Kavka	0,38		4 Kitca	3,94
70 Sekacka	0,42		Laliszka	4,19
2 Lucina	0,48		Agatka	4,61
862 Dagmar	1,00		Árvácska	4,79
Zyrka	1,08		Szrocza	4,88
1 Panca	1,13		Wolga	6,54
Reda	1,27		Wydra	11,21
11 Rotunda	1,29		84 Polonia	13,38

Kutatásunk során fény derült arra, hogy a HIF által elfogadott 42 kancacsaládból a 4 Kitca, mindegyik HIF tagországban előfordul. Hat országban tenyésztik az 1 Panca, a 17 Aglaia, a 825 Agla, a Bukovina családokat. Csak Csehországban van jelen a 108 Morza, a 11 Zuza, a 111 Rumina, a 18 Barna és a 84 Hurka családok. Csak Magyarországon fordul már elő a 3 Tatarca kancacsalád és Lengyelországnak is van egy különlegessége a Zyrka kancacsalád. Jellemzően mindegyik HIF tagországban a tenyészkanca állomány felét 4-6 kancacsalád tagjai teszik ki. Az is törvényszerű, hogy a hosszabb

tenyésztésmúltú országokban az adott országokból kikerült alapítók leszármazottjai nagy jelentőséggel bírnak. A fajta veszélyeztetettségének növekedésével a HIF ösztönzésével indult meg a tenyészállatcsere, vagy vásárlás a genetikai variancia növelése, fenntartása érdekében.

A fajta méntörzseinek vizsgálata



9. kép: 5596 Hroby Csatár mén

Fotó: Haga Zsuzsanna



10. kép: 5572 Goral Elemér mén

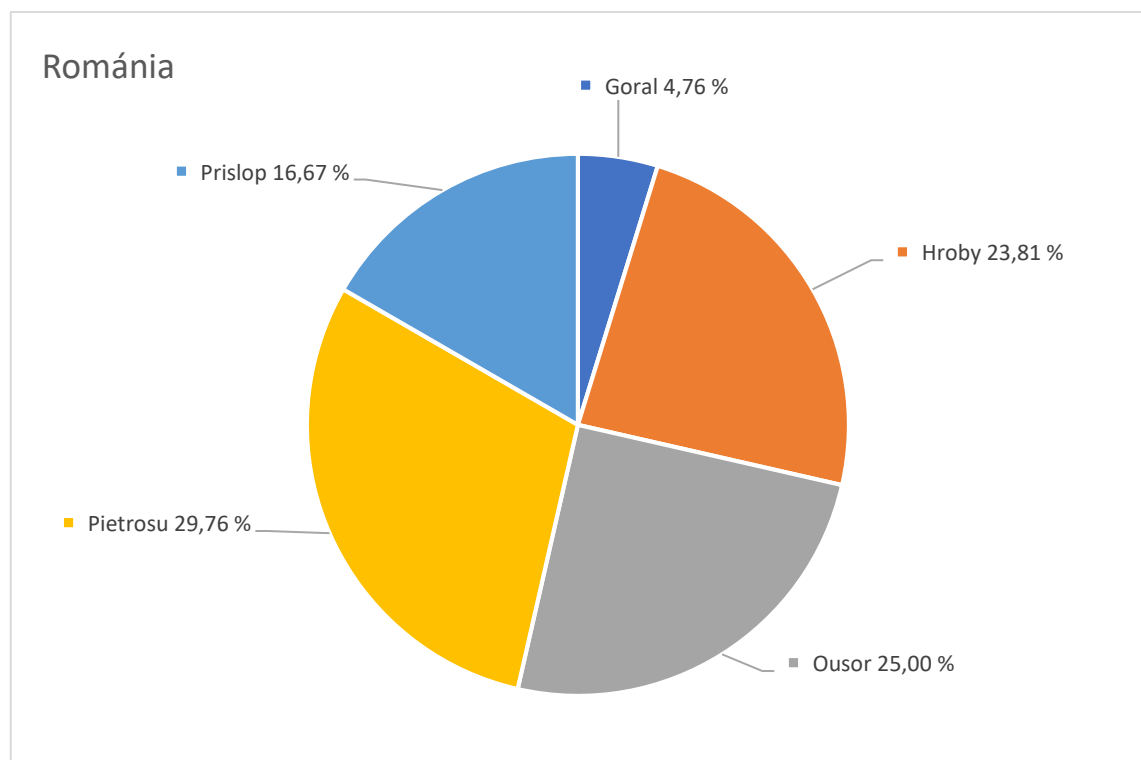
Fotó: Haga Zsuzsanna

A 2000-2016 időtávra vonatkoztatva elvégzett kutatásban a fajta valamennyi törzsalapítója (Hroby (1895), Goral (1898), Gurgul (1927), Ousor (1929), Polan (1929), Pietrosu (1930) és Prislop (1932)) a leszármazottak képében megjelent. Alább ezek helyzete kerül részletezésre:

Románia

Romániában (18. ábra) mindössze 5 törzs volt jelen. Legnagyobb részesedést a Pietrosu 29,76 százaléka tette ki. Közel azonos százalékkal az Ousor (25,00 százalék) és a Hroby (23,81 százalék), majd Prislop (16,67 százalék) követte a sorban.

18. ábra: Románia méntörzseinek százalékos megoszlása

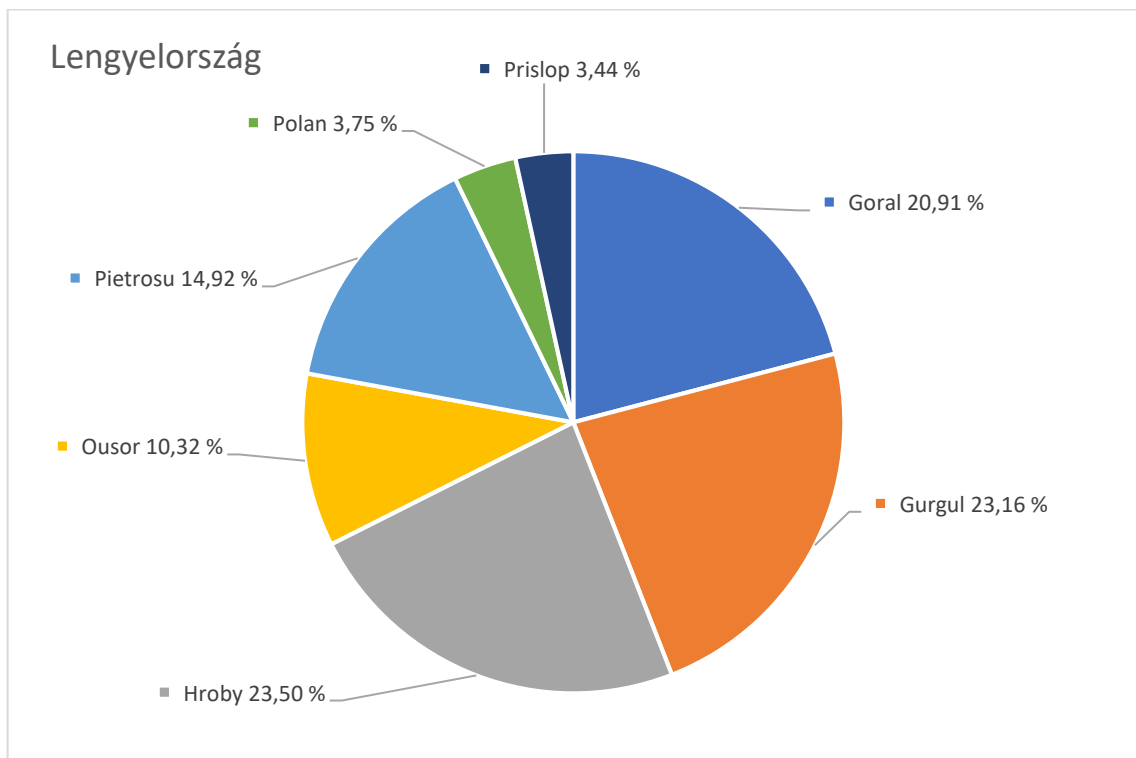


Lengyelország

Mind a hét törzs egyedeivel tenyészt Lengyelország (19. ábra), azonban három törzs leszármazottjai lefedik a ménpark közel 70 százalékát (Hroby 23,50 százalék, Gurgul 23,16 százalék és a Goral 20,91 százalék). A Gurgul törzsön belül igen nagy képviselettel van jelen a 1977-ben született Gurgul Jasmin nevű mén fedezőmén ivadékcsoportja,

beleértve az unokákat és a dédunokákat is. A Pietrosu leszármazottak 14,92 százalékot tesznek ki a ménparkon belül és 10,32 százalék részesedési aránya az Ousor leszármazottaknak.

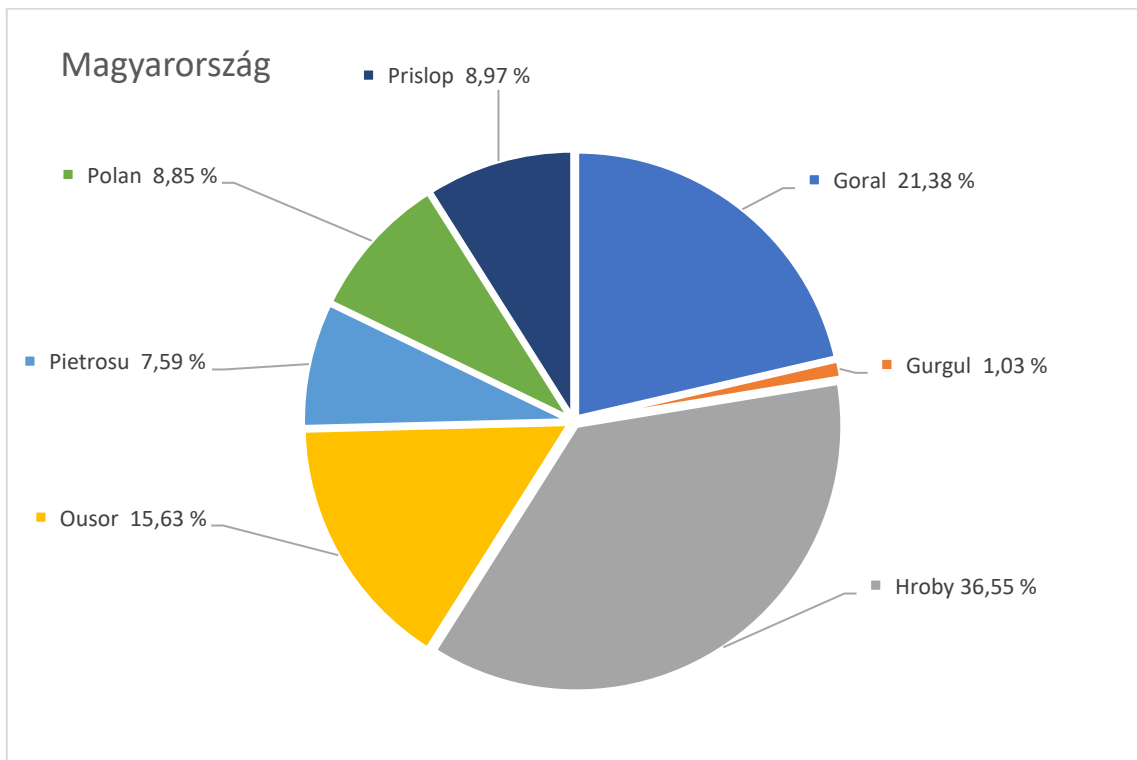
19. ábra: Lengyelország méntörzseinek százalékos megoszlása



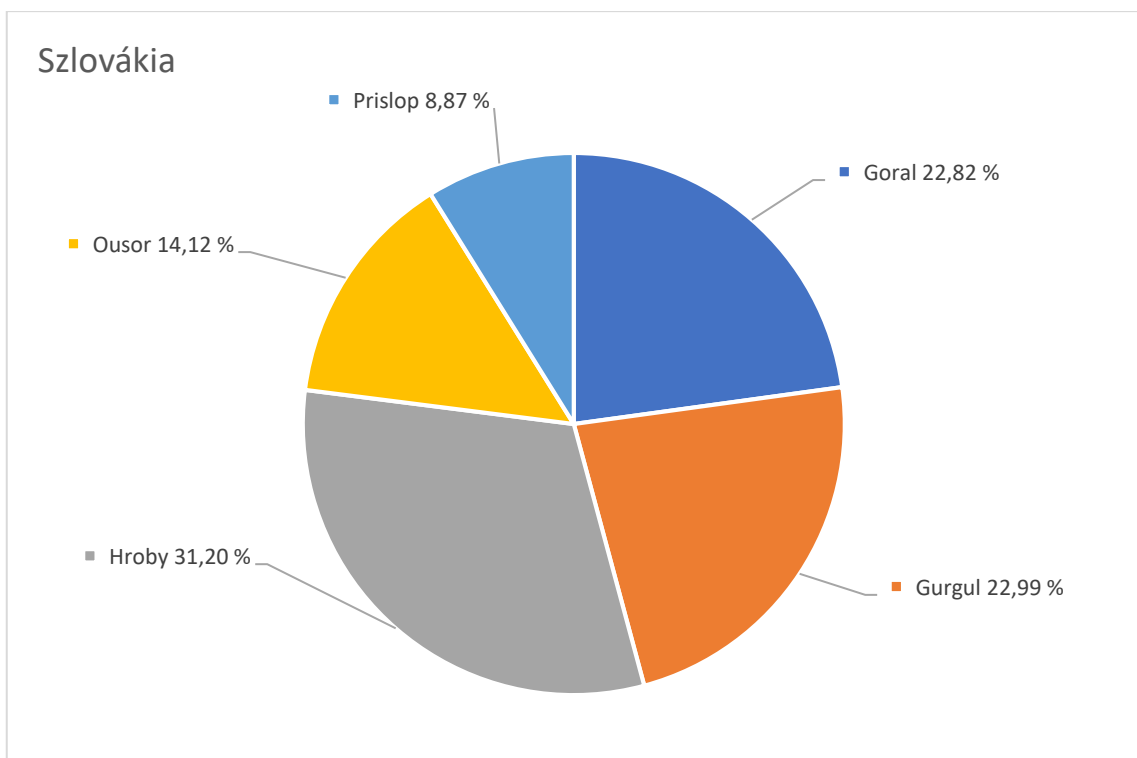
Magyarország

Magyarországon (20. ábra) mind a hét méntörzs megtalálható volt a vizsgált időszakban. Legnagyobb arányt a Hroby törzs (36,55 százalék) képviselt. Sorban követte a Goral törzs 21,38 százalékkal, majd 15,63 százalékkal az Ousor törzs következett. Közel azonos arányban jelentek meg egyedei a Prislop (8,97 százalék), a Polan (8,85 százalék) és a Pietrosu (7,59 százalék) törzseknek. Közöttük érdemi különbséget nem lehetett kimutatni. A Gurgul törzsnek hosszú időn át mindössze egy fedezőmén leszármazottja volt az országban.

20. ábra: Magyarország méntörzseinek százalékos megoszlása



21. ábra: Szlovákia méntörzseinek százalékos megoszlása



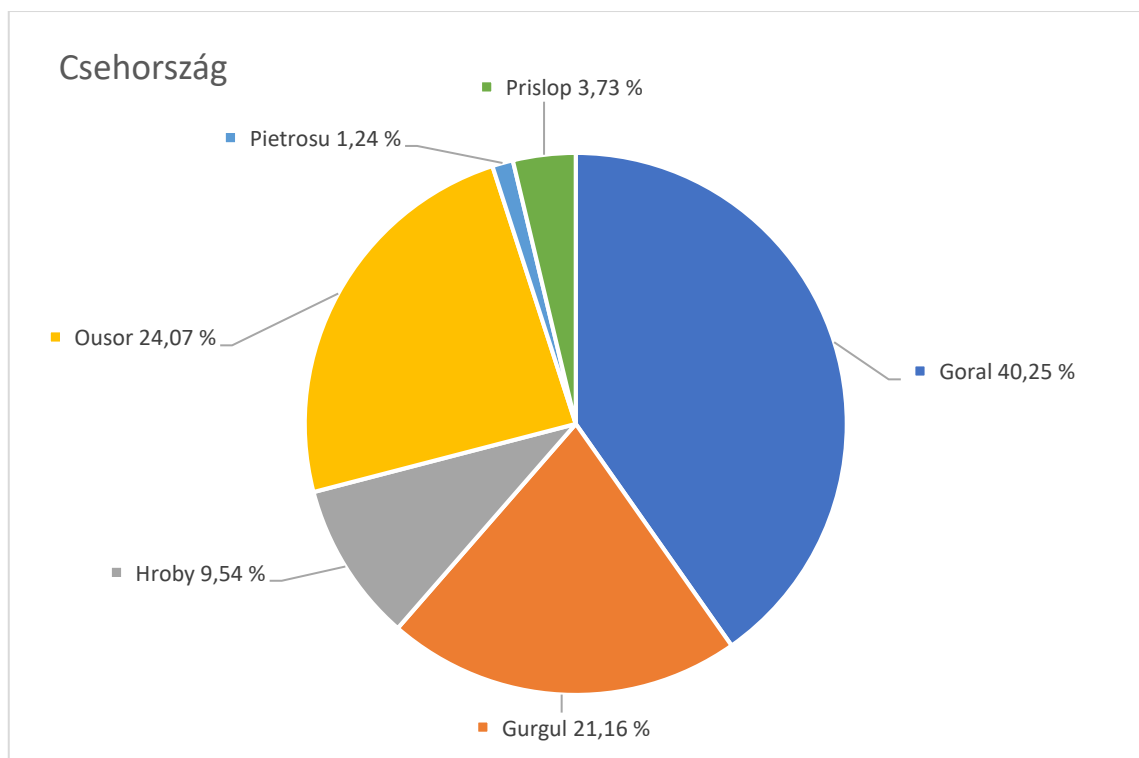
Szlovákia

Szlovákiában (21. ábra) ugyancsak 5 törzsalapító mén leszármazottait tartotta tenyésztésben a vizsgált időintervallumban. Legnagyobb mértékben a Hroby (31,20 százalék), majdnem azonos mennyiséggel a Gurgul (22,99 százalék) és a Goral (22,82 százalék) törzs jelent meg. Az Ousor törzs 14,12 százalékkal és a Prislop törzs 8,87 százalékkal volt jelen. Szlovákia nem tenyészt a Pietrosu és a Polan törzsekkel.

Csehország

Csehországban (22. ábra) a Polan kivételével mindegyik törzs megjelent a tenyésztésben. A legtöbb egyedét szintén a Goral nevű alapítómén leszármazottjai jelentik (40,25 százalék). Az Ousor (24,07 százalék) és a Gurgul (21,16 százalék) törzsek közel azonos arányban vannak jelen. Nem elhanyagolható a Hroby törzs képviselése sem (9,54 százalék). Pietrosu törzs csupán 1,24 százalékkal részesedik a teljes állományból.

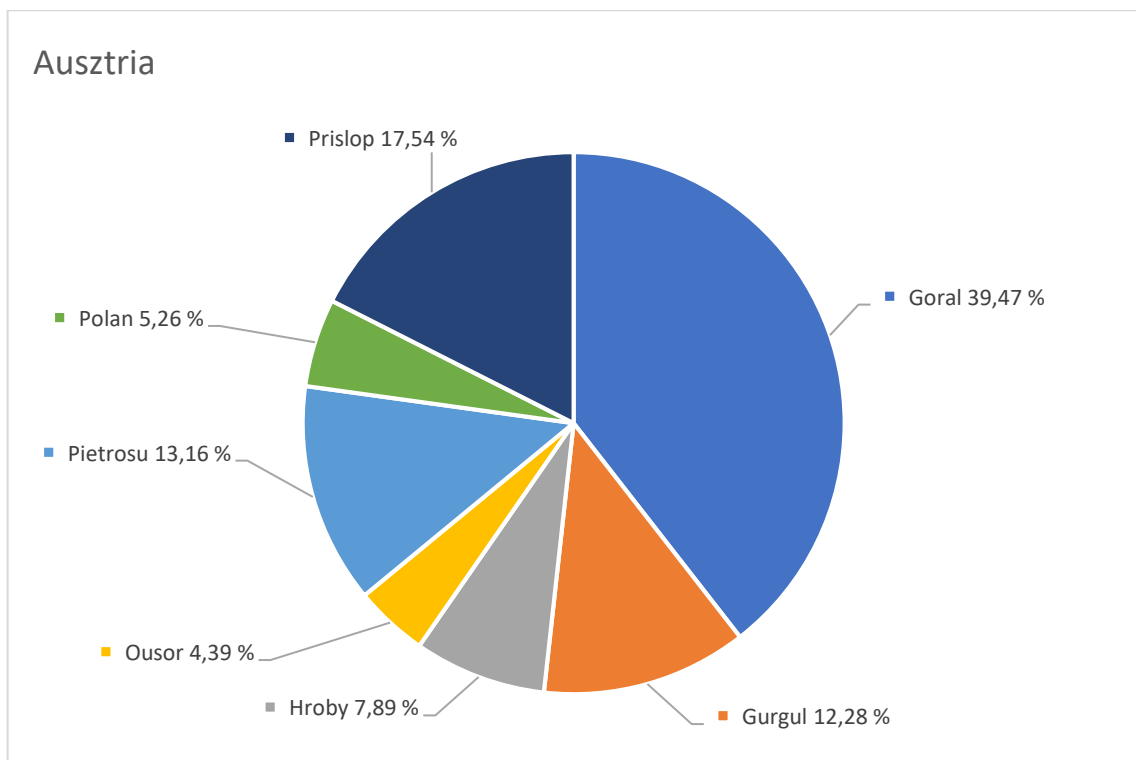
22. ábra: Csehország méntörzseinek százalékos megoszlása



Ausztria

Ausztriában (23. ábra) mind a hét törzs ménjeivel tenyésztnek. A leggyakoribb a Goral törzs (közel 40 százalék), majd a Gurgul (17,54 százalék), a Prislop (12,28 százalék) és végül a Hroby törzs a gyakorisági sorrend 7,89 százalék). Az Ousor (4,36 százalék) törzsbéli mének száma a legkevesebb, de a Polan törzs is mindössze 5,26 százalékkal van jelen.

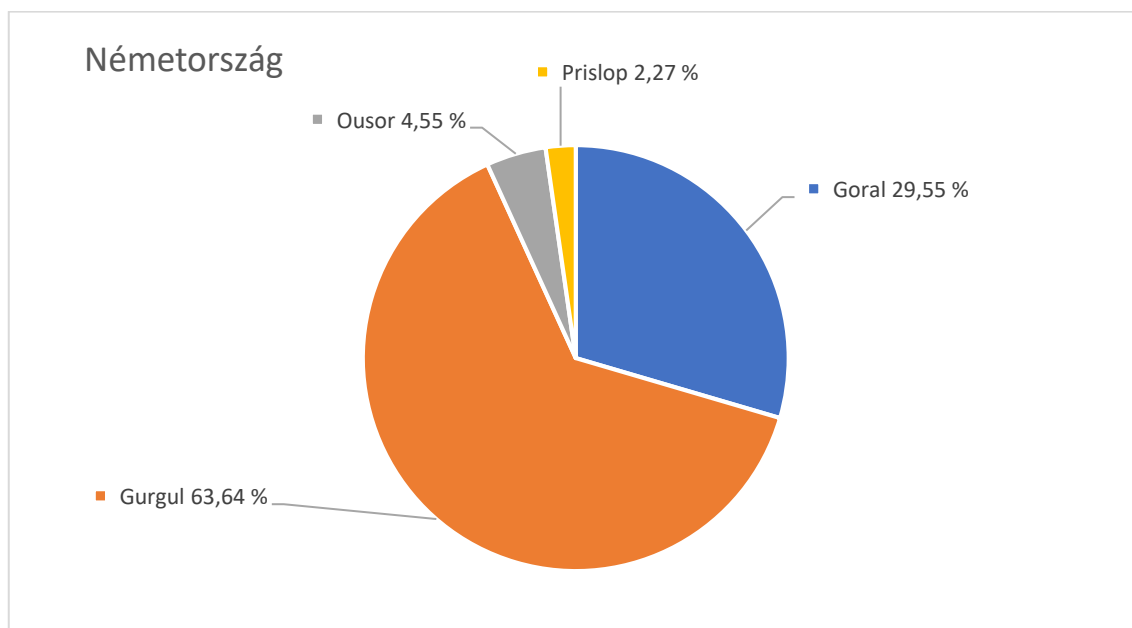
23. ábra: Ausztria méntörzseinek százalékos megoszlása



Németország

Nem írható a véletlen számlájára, hogy Németországban (24. ábra) a hét törzsből csupán négy jelent meg a vizsgálati időszakban és ebből több mint a feléért, 63,64 százalékért egyetlen törzs a Gurgul felelős. A Gurgul mellett még a Goral törzs jelentős (29,55 százalék) és akár alárendeltnek is lehet tekinteni az Ousor (4,55 százalék) és a Prislop (2,27 százalék) törzsek szerepét a tenyésztésben. Nem kétséges viszont, hogy a teljes állomány genetikai sokféleségéhez hozzájárulnak.

24. ábra: Németország méntörzseinek százalékos megoszlása



Legveszélyeztetettebb méntörzsek

Az összesített adatok alapján a legkevesebb egyeddel, 4,23 százalékos részesedéssel a Prislop törzs jelent meg, ezzel a legritkább méntörzsnek mutatkozik. A második legkisebb értéket (7,7 százalék) a Pietrosu törzs érte el. Nem sokkal nagyobbat 9,33 százalékot az Ousor törzs kapta. Tíz százalék feletti értéket számítottunk Gurgul (14,08 százalék), Goral (16,77 százalék) és Polan (17,03 százalék) törzseknek. Legtöbb egyeddel a Hroby törzs képviseltette magát, összesen 30,85 százalékkal, közel egyharmad részesedéssel.

Ausztriában, Magyarországon és Lengyelországban, mind a hét törzs képviselői előfordultak. Csehországban a Polan törzs kivételével hat törzs kapott szerepet az adatbázis tanúsága szerint, rávetítve a vizsgált időszakra. Szlovákiában Pietrosu és Polan törzsek, míg Romániában a Gurgul és Polan törzsek egyedei nem jelentek meg. A kislétszámmal rendelkező Németországban a Goral, Gurgul, Ousor és Prislop törzsek képviseltették magukat. A hét országban összesen a Hroby törzs a legjellemzőbb, feleannyi egyeddel Goral, Polan és Gurgul törzsek követik. Majd az Ousor, Pietrosu és legkevesebbel a Prislop törzs jelent meg.

Összegzés

A kelet-európai adatbázis állományában szereplő egyedek átlagos rokonsági fokként számított 10,77 százalékos értéke nem kedvező. A 6,7 százalékos beltenyésztési együttható sajnos magas, amit nagyon sok egyed (91,01 százalék) beltenyészettségéből következik. Az idő előrehaladtával elmondható, hogy a pedigrelteljességek egyre hosszabbak és teljesebbek, ami a származások gondos vezetésének köszönhető és ismerete az állattenyésztési kultúrának elengedhetetlen velejárója. Sajnálatos módon a háború időszaka alatt sok származási lap, tenyésztésre vonatkozó okmány elveszett, megsemmisült, ami aztán nehezítette a pontos származási utak leírását és a valóságosnál kedvezőtlenebb számított eredményeket adott. Legtávolabb 23 ősi sorra tudtuk visszavezetni a pedigrelrészeket és a teljes ismert ősi sorok maximuma 7 generáció volt. Az effektív populáció méretre a minimális 50 érték felett 57,78 kaptunk, amely a fajta hosszú távú fennmaradása szempontjából megfelelőnek tekinthető. Nemzedékköz értéke 10,35 év. A nem alapító ősök effektív száma 22 és az alapító ősök effektív száma 28, amely értékekből számolt hányados (0,7857) alátámasztja az egykori palacknyak hatás érvényesülését. Az alapító ősök genom ekvivalens értéke a genetikai diverzitás csökkenést, valamint az alapító ősök genom ekvivalens és az alapító ősök effektív számának aránya alátámasztja a populációban bekövetkezett genetikai sodródást. Nagy hangsúlyt fektettünk az alpopulációk (tulajdonképpen az egyes országok állománya) közötti genetikai távolságának felmérésére. Számításaink alapján bebizonyosodott, hogy a Nei-féle genetikai távolság alapján kicsi a genetikai távolság az egész állományban és az országok között is. A történelmi múltat igazolta az általunk kapott ábra, amelyben látható, hogy ha az egykori országok szétválása után megmaradt a kereskedelmi kapcsolat, akkor genetikai értelemben az állományok is közel maradtak egymáshoz, míg ahol az állomány zárttá válni kényszerült, megindult a drift folyamata. Az állományok közötti genetikai távolság egyre nőtt.

Az F statisztikával is sikerült alátámasztanunk az országok közötti diverzitás csekély mértékét. Az országok (szubpopulációk) elemzéséből kiderült, hogy országonként 4-6 kancacsalád felelős az állományok több mint a feléért. Továbbá egyes családok, mind a hét tenyésztő országban, míg mások csak egy-egy országban jelentek meg. Méntörzsek vizsgálatából kiderült, hogy a hét törzs képviselői megjelentek Ausztriában, Magyarországon és Lengyelországban. A többi vizsgált országban kevesebb törzsbéli egyeddel tenyésztettek. Mind családok és mind törzsek esetében egyértelmű

különbségeket láthattunk. A 42 kancacsaládból a vizsgált időszakban a leginkább veszélyeztetett a 2 Ritka, 3 Tatarca, 84 Hurka, 11 Zúza, 108 Morza, Valuta, 18 Barna, 71 Róza, 39 Franca, 23 Klapta, 111 Rumina, 48 Mulica, 5 Plosca, 19 Kavka, 70 Sekacka és 2 Lucina kancacsaládok. A méntörzsek közül a lekisebb mértékben a Prislop és a Pietrosu törzsek vannak jelen. Egy-egy ország további sikeres fajtafenntartása érdekében olyan a tenyészállatok cseréje javasolt, amely törzsek és kancacsaládok az adott állományból hiányoznak. A tenyésztési program körültekintő felépítése, a célpárosítások rendszeres alkalmazása, az effektív populáció méret növelése segítséget nyújthat a fajta biztosabb fennmaradásában.

5 KÖVETKEZTETÉSEK, JAVASLATOK

A vizsgálatból kiderül, hogy az évek folyamán a magyar állomány átlagos rokonsági foka szignifikánsan növekedett ($p < 0,01$) és beltenyésztettsége is módosult ($p = 0,075$). A fajtafenntartás következetes és kitartó tenyésztői munkafolyamatában sem sikerült a rokon egyedek párosítását elkerülni. Továbbá kedvezőtlen, hogy nagymértékű a beltenyésztett egyedek aránya, hiszen magas fokú beltenyésztettség magában hordozhatja a beltenyésztéses leromlást, s az amúgy is veszélyeztetett hucul lófajta hosszú távon való fenntartásának esélyeit csökkenti. A beltenyésztettségi szint növekedési ütemének lassítása egyre nagyobb kihívást fog jelenteni a tenyésztőszervezetek számára.

Ezért javasoljuk a HIF tagországainak tenyészetében lévő, a magyar állományban ritka pedigréjűnek számító egyedekkel, hiányzó kancacsalád tagjaival való párosítások megszervezését.

A kutatásból kiderült és egyben bizonyítja javaslatunkat, miszerint az importok pozitív hatással vannak a genetikai diverzitásra. Az átlagos rokonsági fokot és a beltenyésztettség mértékét csökkentették ($p < 0,01$) a behozott lengyel származású egyedek. Az immigráció következtében, olyan ősök kerültek be az állományba, melyek azelőtt még előtte nem jelentek meg, ezzel gazdagították a génkészletet és egyben alátámasztja a genetikai diverzitás növekedését a hazai állományban. Ilyen egyed a 3139 Polan (Pol) mén. Általa került be Magyarországra a Polan törzs, ezáltal nagy mértékben megváltoztatta a törzsek és még a kancacsaládok közötti genetikai távolságokat. Számtalan ivadékaival, leszármazottjaival a második legmeghatározóbb összé vált a magyar állományban. Bár 2016-os állományban valamelyest csökkent a genetikai lefedettségű részesedése, de a törzsek egyensúlyának megtartása szempontjából, túlzott használata sem javasolt.

A disszertáció másik vonulatából láthatjuk, hogy a kelet-európai állomány beltenyésztett, az ilyen egyedek aránya nagymértékű (91 százalék), és sajnos a beltenyésztettségi szintje magas. Ez megnehezíti a javasolt tenyészállat cseréket, de az egyre pontosabban vezetett származási lapoknak köszönhetően, egyre nagyobb pedigré értékeket kaptunk. Ami lehetővé teszi, azon egyedek kiválasztását, mely párosításából kisebb beltenyésztettségi szintet érhetünk el. Segítséget nyújt továbbá az egyes országok közötti Nei-féle genetikai távolság elemzése, amely rámutat szorosabb vagy távolabbi genetikai kapcsolatokra.

További lehetőséget ad a kancacsaládok és méntörzsek elemzése, amiből kiviláglik, hogy melyik ország (netán országok) rendelkezik (rendelkeznek) a fajta teljes génkészletét felölelő (vagy azt igen jól megközelítő) állománnyal, valamint a fajta legkritkább kancacsaládjait és méntörzseit összefoglaló elmezés is segítséget ad. Ez alapját képezi a megokolt, tervszerű, a génmegőrzés szabályai szerinti tenyésztést támogató tenyészállatimportnak, tenyészállatcserének.

A típusőrzés fontosságára tekintettel kiemelkedő szerepe van a külső és belső tulajdonságokra egyaránt gondot fordító kiválasztásnak.

Javaslatot teszünk a magyar állomány időszakos újbóli vizsgálatát, amellyel felmérhető a bekövetkezett változás és szükség szerint cselekvési terv készíthető. Igen fontos lenne a jól működő nemzetközi regiszter megvalósulása, mert segítséget nyújtana az indokolt vérfrissítésre szánt egyedek kiválasztásában, vagyis a genetikai sokféleség tudatos őrzésében.

A nemzetközi regiszter felépítésekor megkerülhetetlen a származási adatok összevetése, mert a múltban gyakori volt az import egyedeknek honosított nevet adni, s így az azonos származás több lovat is feltüntethet. A duplikációk csökkentik a populációgenetikai számítások pontosságát, végső soron félrevezetik a tenyésztőt, hamisítják a mutatókat, értelmetlenné teszik a fajta hosszú távú fennmaradásáért folytatott küzdelmet.

6 ÚJ TUDOMÁNYOS EREDMÉNYEK

1. A magyar állomány genetikai diverzitásának változása nem szerencsésen alakul, mert a 2002-2016 közötti időintervallumban az állomány átlagos rokonsági foka 11,17 százalékról 12,67 százalékra szignifikánsan ($p < 0,01$) növekedett és az átlagos beltenyésztettségi értéke 6,21 százalékról 7,18 százalékra ($p = 0,075$) módosult. Az alapító ősök effektív száma 26-ról 23-ra csökkent, a nem alapító ősök effektív száma 15-ről 16-ra nőtt. Ez az eredmény alátámasztja a palacknyak hatás bekövetkezését, s nem lehet kétségbe vonni a genetikai sodródást. Kedvező, hogy szignifikánsan növekedett ($p < 0,01$) a nemzedékköz 9,98 évről 10,99 évre, ami időtávlatban és nem állatnemzedékekben kitolja a fajtafenntartás sikerességét.
2. A magyarországi hucul állományba bekerült hét lengyel származású egyeddel addig még hiányzó ősök (és alapító ősök) kerültek be a tenyésztésbe, kedvező hatást gyakoroltak a genetikai diverzitásra és szignifikánsan csökkentették ($p < 0,01$) a referencia állomány átlagos rokonsági fokát, valamint beltenyésztettségét. A Polan törzs bekerülése a hazai populációba megnövelte a törzsek és a kancacsaládok közötti Nei-féle genetikai távolságokat.
3. A kutatásból kiderült, hogy a kelet-európai állományában lévő egyedeknek a kívánatosnál nagyobb az átlagos rokonsági foka, valamint a beltenyésztési együtthatója. Nem alapító ősök effektív számának és alapító ősök effektív számának aránya alátámasztotta bekövetkezett palacknyak hatást. A genetikai diverzitás csökkenését az alapító ősök genom ekvivalense bizonyította.
4. Reményt ad a fajta effektív populáció mérete, mert a kritikusság szempontjából az elméleti határnál kedvezőbb az értéke (57,78). Az országok állománya között kismértékű a Nei-féle genetikai távolság. Az F statisztika arra utal, hogy az egykoron egy tenyésztői központból létrejövő tenyészetek 100 évet követően is szoros genetikai rokonságban maradtak. Az országok állománya között csekély diverzitás.

5. Csupán 4-6 kancacsalád uralja az állományok több mint felét. Egyes kancacsaládok csak egy-egy országban, míg mások a fajtát tenyésztő összes országban előfordulnak. A vizsgált időszak leginkább veszélyeztetett kancacsaládjai a 2 Ritka, 3 Tatarca, 84 Hurka, 11 Zúza, 108 Morza, Valuta, 18 Barna, 71 Róza, 39 Franca, 23 Klapta, 111 Rumina, 48 Mulica, 5 Plosca, 19 Kavka, 70 Sekacka és 2 Lucina.

A fajta hét méntörzse csak Lengyelországban, Magyarországon és Ausztriában található meg. Legkisebb létszámban a Prislop és a Pietrosu méntörzs fordul elő.

7 GYAKORLATBAN ALKALMAZHATÓ EREDMÉNYEK

1. Az elkészült munka segítséget ad a magyarországi hucul lóállomány tenyésztési programjának kidolgozásához, illetve a meglévő tenyésztési program tudatos módosításához. A kutatásból megismert magas beltenyésztési koefficienssel jellemezhető egyedek célpárosítással történő szaporítása, lehetővé teszi az állomány beltenyésztési együttható növekedésének lassítását.
2. Az országok (tenyészetek) közötti Nei-féle genetikai számításaink eredményei segítséget adnak a migráció irányának meghatározásához. A kancacsaládok és méntörzsek helyzetének pontos felmérése céltudatossá teszi a tenyészállatcseréket, vagy egyszerűen csak az immigrációt. A fajtafenntartásért felelős tenyésztőszervezet számára egyértelművé vált, milyen intézkedésekkel tudja megvalósítani az időben kifejezett hosszú fajtafenntartást.
3. A genetikai diverzitás növelésének érdekében minél több kancacsalád és méntörzs felállítása szükséges. A kutatómunka során kiderült, melyik hucul lovat tenyésztő ország tud más országban ritkának számító kancacsalád (de méntörzs is) népesedésének növeléséhez hozzájárulni.
4. A nemzedékváltások kimutatása felhívja a fajtafenntartásért felelős tenyésztőszervezetek figyelmét a rövid idejű nemzedékváltásokra, egyben arra, hogy e vonatkozásban jelentős tartalékkal rendelkeznek. Ha e kutatási eredmény figyelembevételével okosabban tenyésztenek és kitolják a nemzedékváltások idejét, egységnyi időre vetítve csökkenthetik a genetikai diverzitás csökkenésének ütemét.

8 ÖSSZEFOGLALÁS

A kutatás alanya a veszélyeztetett hucul lófajta, amelynek sikeres tenyésztése érdekében Hucul International Federation (HIF) néven nemzetközi szervezet is alakult. A vizsgálat célja populációgenetikai mutatókon keresztül jellemezni ezt az egyedülálló lófajtát. Kiemelt figyelmet fordítottunk a hazai (magyarországi) állomány vizsgálatára, aminek populációgenetikai mutatószámait különböző időpontokra és időintervallumokra jellemző állományon határoztuk meg. A disszertáció másik fontos vonulata lett a hucul lófajtát tenyésztő országokban lévő állományok elemzése, valamint a tenyészetek közötti genetikai diverzitás feltárása.

A vizsgálat alapját egy Access adatbázis képzése adta, amelyben az egyedek származása (genetikai kapcsolódása), születési ideje és helye (országok) kancacsaládja, valamint méntörzse került rögzítésre. Az ehhez szükséges adatokat az egyes országok tenyésztőszervezeteitől kaptam meg, valamint a tenyésztőszervezetek, vagy országok online adatbázisait használtam. Ennek során 9942 adatsor került rögzítésre, amelyre kelet-európai adatbázisként hivatkoztunk. A magyarországi teljes populációt 3026 egyed képezte (1895-2016) és ennek referencia állományát a 2016-ban törzskönyvi ellenőrzésben tartott 336 egyed alkotta. Mintegy monitoringozásként elemzésre került 10 év időkülönbséggel kiadott méneskönyvekben található egyedek fontos populációgenetikai mérőszáma. A felépített adatbázisok az ENDOG program segítségével kerültek elemzésre.

A disszertáció egyik feladata lett feltárni a magyarországi állomány diverzitás változását. Az I. méneskönyvi állomány rokonsági foka 11,17 százalék, míg a II. méneskönyvi állománynak már 12,58 százalék, 2015-ös referencia állománynál 12,7 százalékra növekedett ($p < 0,01$), amit a 2016-os referencia állomány is megtartott (12,67 százalék). Az eredményekből kiderült, hogy a 2002-ben (I. méneskönyv) törzskönyvi ellenőrzésben tartott állomány beltenyésztettségi koefficiens értéke 6,21 százalék, ami közel 10 évvel később (2011) tenyésztett állományon (II. méneskönyv) 6,36 százalékra, a 2015-ben törzskönyvezett egyedeknél 6,8 százalékra, míg 2016-os referencia állománynál már 7,18 százalékra nőtt ($p = 0,075$). A beltenyésztési koefficiens növekedése egyértelműsíti, hogy nem sikerült elkerülni a rokon egyedek párosítását. A mutató növekedési ütemének

lassítása egyre nagyobb kihívást fog jelenteni a fajtafenntartásért felelős tenyésztőszervezetnek, s a fajtafenntartás folyamatában nem kerülhető meg a tenyésztők felelőssége sem.

A nemzedékköz értékek az évek folyamán kis mértékben növekedtek ($p < 0,01$), ami időegységre nézve kedvez a fajtafenntartásnak. Ez a mutató az I. méneskönyvi állománynál 9,98 év, tíz évet követően (II. méneskönyv) 10,63 év, a 2015-ben törzskönyvezett referencia állománynál 10,98 év és a 2016-os referencia állományra nézve 10,99 éves értéket vett fel. A hosszabb nemzedékköz értékek lehetővé teszik egy egyed tovább maradását a tenyésztésben, ezáltal a genetikai sokféleség időintervallum belüli megtartását elősegíti.

Az alapító ősök effektív száma az I. méneskönyvi állománynál 26, míg a továbbiakban egységesen 23-ra csökkent. A nem alapító ősök effektív száma 15-ről 16-ra emelkedett 2016-os referencia állományban. A nem alapító és alapító ősök effektív számának aránya a következők szerint alakult, I. méneskönyvi állományban 0,5769, II. méneskönyvi állományban 0,6521, 2015-ös referencia állományban 0,6521, végül 2016-os referencia állományban 0,6956. Az alapító ősök genom ekvivalens értéke az I. méneskönyvi állományban 6,044-et, a II. méneskönyvi állományban 5,712-t, 2015-ös referencia állományban 5,757-et és 2016-os referencia állományban 5,790-et számítottunk. Az alapító ősök genom ekvivalens értékének és az alapító ősök effektív számának arányára 0,2324-et (I. méneskönyv), 0,2483-at (II. méneskönyv), 0,2503-at (2015-ös referencia állomány) és 0,2517-et (2016-os referencia állomány) kaptunk.

A teljes generációs ekvivalens az I. méneskönyvi állományban 7,13 generáció, a II. méneskönyvi állományban 8,27 generáció, 2015-ös referencia állományban 8,72 generáció és a 2016-os referencia állományban már 8,75 generációs értéket adott. Az évek folyamán egyre pontosabb pedigre vezetésnek köszönhetjük a magasabb értékeket.

A maximálisan ismert nemzedékek értéke az I. méneskönyvi állományban 17,21 generáció, a II. méneskönyvi állományban 18,54 generáció, 2015-ös referencia állományban 19,46 generációra nőtt, majd a 2016-os referencia állományban valamelyest kevesebb volt 19,16 generáció.

A teljes ismert ősi sorainak száma az I. méneskönyvi állományban 4,36 generáció, a II. méneskönyvi állományban már 5,21 generáció, 2015-ös referencia állományban 5,45 generáció és a 2016-os referencia állományban 5,5 generációs értéket vesz fel.

Miután a XIX század utolsó harmadától kezdődően ismertek a származások, minden egyes generációval javul a pedigrelteljesség, ami a számított valamennyi mutatóra nézve megbízhatóbb számításokat tesz lehetővé.

A vizsgálati időszak folyamán kiemelkedően a Goral III (Lu), kisebb mértékben, de más méneket meghaladóan a 3139 Polan (Pol) mén gyakorolt igen nagy hatást a referencia állományokra. A Goral III befolyása a 2002-ben törzskönyvi nyilvántartásban lévő állományhoz képest 10 év alatt tovább növekedett (12,70 százalékról 14,80 százalékra) majd a kutatás kiinduló pontját jelentő 2015. évre tovább emelkedett. Ekkor elérte a 15,28 százalékot. A Goral III. tenyészműködését közel száz év múlva követő 3139 Polan (Pol) mén genetikai hatást kifejtő szerepe az állományra nézve hasonló tendenciájú. Előbb 11,76 százalékban, majd 11,91 százalékban, a 2015-ben törzsi ellenőrzésben tartott állományra nézve 12 százalékot meghaladó mértékben volt felelős az állomány genetikai diverzitásáért. Ezt követően szerepük már csökkent, a mének sorrendisége átrendeződött.

A PhD munka jelentős fejezetének tekintjük a lengyel importok hatásának vizsgálatát az ország állománya diverzitására nézve. A nyomon követés a magyarországi 2015-ös referencia állományon történt. Az átlagos rokonsági fok 13,69 százalékról 12,7 százalékra módosult ($p=0,196$). Az immigráció hatására a referencia állomány beltenyésztési koefficiense értéke 9,06 százalékról 6,8 százalékra mérséklődött ($p<0,01$). A teljes generációs ekvivalens értéke megnövekedett (5,62-ről 6,06-ra $p<0,01$) a lengyel tenyészetekből vásárolt lovak hatására. Számszakilag a maximálisan ismert nemzedékek száma is növekedett ($p<0,01$), (19,04 nemzedékről 19,46 nemzedékre), de a mutató mégis a lengyel és magyar állomány e tekintetben való azonosságát jelzi. A migráció révén 22 nemzedékről 23 nemzedékre növekedett a pedigre hosszúság, de a teljes ismert ősi sorok száma 5,55 generációról 5,4 generációra csökkent ($p<0,15$). Nemzedékköz átlagos értéke rövidült ($p=0,005$) (11 év nélküle és 10,98 év vele).

Az alapító ősök effektív száma és a nem alapító ősök effektív száma a lengyel egyedek hatására emelkedett 19-ről 23-ra és 14-ről 15-re. Ezen értékek is alátámasztják, hogy az immigráció által újabb, eddig még a magyar állományból hiányzó ősök kerültek be, ezzel gazdagítva a génkészletet.

A disszertáció másik vonulata volt a kelet-európai hucul állomány populációgenetikai jellemzőit feltárni, valamint az országok (tenyészetek) közötti genetikai kapcsoltságot kimutatni. A kelet-európai adatbázis állományában rögzített lovak átlagos rokonsági foka

10,77 százalék és beltenyésztési együtthatója 6,7 százalék. Ha ezek az értékek nem is aggasztók, semmi esetre sem kedvezők. Talán csak az effektív populáció méretre 57,78-as mérőszáma kedvező a fajtafenntartási folyamatra.

A teljes generációs ekvivalens 7,07 generáció, a maximálisan ismert nemzedékek száma 16,34 generáció és a teljes ismert ősi sorok száma 4,16 generáció. A pedigrelteljességek egyre jobbak és hosszabbak lettek az idő múlásával. A pedigrében legtávolabb 23 nemzedékig lehetett nyomon követni a származást és maximum 7 generáció a teljes ismert ősi sorok száma.

Nemzedékköz értéke 10,35 év. A nem alapító ősök effektív száma 22 és az alapító ősök effektív száma 28, kettő hányadosa (0,7857) alátámasztja a hucul állományban bekövetkezett palacknyak hatást. Az alapító ősök genom ekvivalens értéke (9,28) valamint az alapító ősök genom ekvivalens és az alapító ősök effektív számának aránya (0,331) genetikai sodródásra utal.

Az országok állománya közötti genetikai kapcsoltsági vizsgálatból kiderült, hogy mind az országok között, mind az állományon belül kicsi a Nei-féle genetikai távolság.

Kivételt képez Csehország és Szlovákia állománya, ahol kicsi a genetikai távolság, míg a román állomány, amelyik politikai okból a migrációt minden irányban elutasítja, a genetikai sodródás révén egyre távolabb kerül a többtől.

Az „F” statisztika szintén alátámasztja az országok állománya közötti jelentős genetikai kapcsoltságot. A kutatómunka rávilágított arra, hogy a 4-6 kancacsalád lefedi az állományok több mint felét. Néhány kancacsalád csak egy-egy országban fordul elő, illetve mindegyik országnak van jellemző kancacsaládja. Abban az értelemben is, hogy uralja az adott ország állományát és abban az értelemben is, hogy csak ott fordul elő. Néhány kancacsalád mindegyik hucul lovat tenyésztő országban előfordult. A vizsgált időszakban a leginkább veszélyeztetett kancacsaládok a 2 Ritka, 3 Tatarca, 84 Hurka, 11 Zúza, 108 Morza, Valuta, 18 Barna, 71 Róza, 39 Franca, 23 Klapta, 111 Rumina, 48 Mulica, 5 Plosca, 19 Kavka, 70 Sekacka és 2 Lucina.

A méntörzsek képviselőitében is sajátos törvényszerűségek érvényesülnek. Ausztriában, Magyarországon és Lengyelországon mind a hét törzs ma élő egyedei jelen vannak. Legkevesebb arányt képviselnek a Prislop és a Pietrosu méntörzsek.

Az országonkénti kancacsalád és méntörzseloszlások lehetőséget nyújtanak tenyészállatok cseréjére, ezáltal az állományok vérfrissítésére.

9 SUMMARY

The subject of the research is the endangered horse breed, Hucul, for the conservation of which, the Hucul International Federation (HIF) is responsible at the international level. The aim of the study was to characterize the unique Hucul breed by using population genetic indicators. Not only the Hungarian Hucul breed population but that of the traditional breeding countries were also examined. Besides the analysis of the mentioned populations, it was also an aim of the study to explore the genetic connections among them. The population genetic indicators of the Hungarian Hucul population refer to different dates and time intervals.

The research work was based on an Access database, in which the pedigree (genetic connections), the date and place of birth (country) of each horse, its mare family and stallion line were registered. Data were collected either directly from the breeding associations, or, they were downloaded from the online database of each of the breeding associations of the breeding countries (Austria, Czech Republic, Hungary, Poland, Romania, and Slovakia). Altogether, 9,942 data series were recorded, and they were referred to as Eastern-European database. The Hungarian Hucul population was composed of 3,026 individuals (1895-2016). The reference population was represented by 336 individuals registered in the studbook of 2016. Relevant population genetic indicators estimated for the population registered in the studbooks of 2002 and 2011 were compared to each other. Databases were analyzed by using the ENDOG software.

One of the aims of the research work was to explore how genetic diversity has changed in the Hungarian Hucul population over the years. In the reference population of 2002 (Stud-Book I), the average relatedness was computed to 11.17%, while in the reference population of 2011 (Stud-Book II) it was estimated at 12.58%. It increased ($p < 0,01$) to 12.7% in the reference population of 2015, after that it remained at the same level in the reference population of 2016 (12.67%).

The inbreeding coefficient of the Hucul population registered in the studbook of 2002 (Stud-Book I) was estimated at 6.21%. The inbreeding coefficient of the Hungarian Hucul population showed an increasing ($p = 0,075$) tendency, with estimated percentages of 6.35% in 2011 (Stud-Book II), 6.8% (in the reference population of 2015), and 7.18% (in

the reference population of 2016). The increase in the inbreeding coefficient makes it clear that the mating of related individuals was not avoided. It is going to be an increasing challenge for the breeding associations responsible for conserving the breed to slow down the rate of inbreeding. The responsibility of breeders in conserving the breed is either inevitable.

The generation interval slightly increased ($p < 0,01$) over the years that, per unit of time, is favorable to the conservation of the breed. The generation interval in the reference population in 2002 (Stud-Book I) was estimated at 9.98 years. In the reference population of 2011 (Stud-Book II), it increased to 10.63 years. In the reference population of 2015 and in the reference population of 2016, the generation interval increased, even more, it was estimated at 10.98 and 10.99 years, respectively. The longer the generation interval, the longer a breeding animal is active in the breeding, which facilitates the conservation of genetic diversity within the interval.

The effective number of founders in the reference population in 2002 (Stud-Book I) was 26, while it decreased to 23 in the following years. The effective number of ancestors increased from 15 to 16 in the population registered in the reference population of 2016. The ratio of the effective number of ancestors and the effective number of founders was 0.5769 in the reference population of 2002 (Stud-Book I), 0.6521 in the reference population of 2011 (Stud-Book II), 0.6521 in the reference population of 2015 and 0.6956 in the reference population of 2016. The calculated founder genome equivalent was estimated at 6.044 in the reference population of 2002 (Stud-Book I), 5.712 in the reference population of 2011 (Stud-Book II), 5.757 in the reference population of 2015 and 5.790 in the reference population of 2016. The ratio of founder genome equivalents and the effective number of founders was computed to 0.2324 in the reference population of 2002 (Stud-Book I), 0.2483 in the reference population of 2011 (Stud-Book II), 0.2503 in the reference population of 2015 and 0.2517 in the reference population of 2016.

The equivalent complete generations was estimated at 7.13 in the reference population of 2002 (Stud-Book I), 8.27 in the reference population of 2011 (Stud-Book II), 8.72 in the reference population of 2015 and 8.75 generations in the reference population of 2016. The revealed increase in the equivalent complete generations can be explained by the growing number of generations of the breeding history.

The maximum number of generations showed an increasing tendency first, and then it became lower again. It was 17.21 in the reference population of 2002 (Stud-Book I),

18.54 in the reference population of 2011 (Stud-Book II), 19.46 in the reference population of 2015 and 19.16 generations in the reference population of 2016.

The number of full generations traced was 4.36 in the reference population of 2002 (Stud-Book I), 5.21 in the reference population of 2011 (Stud-Book II), 5.45 in the reference population of 2015 and 5.5 generations in the reference population of 2016.

Since pedigrees are known since the last third of the 19th century, the pedigree completeness improves through each generation. Higher pedigree completeness allows more reliable estimations of each population genetic indicator.

During the examination period, in particular, the stallion Goral III (Lu) made a huge impact on the reference population. Other than him, also the stallion 3139 Polan (Pol) had a significant impact on the reference population, although in less extent than Goral III (Lu). Within 10 years, the impact of Goral III increased from 12.70% to 14.80% in the population registered in the studbook of 2002 and 2011, respectively. To 2015, his genetic impact became even higher. In 2015, he was responsible for 15.28% of the gene pool. After nearly 100 years, a similar tendency was identified. The genetic impact of 3139 Polan (Pol) in the pedigrees was estimated at 11.76% in 2002 and 11.91% in 2011. In the population registered in the studbook of 2015, he was responsible for more than 12% of the genetic diversity. From 2016 on, the genetic impacts of both Goral III and 3139 Polan (Pol) became lower. The ranking of stallions, on the basis of the percentage of their share from genetic diversity, changed.

The genetic impact estimation of the breeding animals imported from Poland on the genetic diversity of the Hungarian Hucul population is considered to be a very important chapter of the Ph.D. dissertation. Monitoring was made on the Hungarian reference population of 2015. The average relatedness lowered ($p=0,196$) from 13.69% to 12.7%. Due to the immigration, the inbreeding coefficient of the reference population decreased ($p<0,01$) from 9.06% to 6.8%. The equivalent complete generations increased (from 5.62 to 6.06 generations $p<0,01$) by breeding with the individuals imported from Poland. Although the maximum number of generations grew (from 19.04 to 19.46 generations), the indicator revealed the very similarity of the Polish and Hungarian populations. Due to the migration, the length of pedigrees increased from 22 to 23 generations, but the number of full generations decreased from 5.55 to 5.4 generations. The average generation interval was estimated at 11 years without the breeding stock imported from Poland, and it was calculated to 10.98 years after inclusion of the imported individuals in

the breeding of the Hungarian Hucul population. Shortly, the generation interval became shorter ($p=0,005$).

Due to breeding with the imported breeding animals, the effective number of founders and the effective number of ancestors increased from 19 to 23 and from 14 to 15, respectively. The findings confirm that, due to the imported individuals, new founders, earlier not present, were coming to the Hungarian Hucul population that contributed to the enrichment of its gene pool.

Other than the examination of the Hungarian Hucul population, the other main focus of the research work was to characterize the Eastern-European Hucul population on the basis of population genetic indicators and to explore genetic connections among the populations of the breeding countries. The average relatedness and the inbreeding coefficient of breeding animals recorded in the Eastern-European database were estimated at 10.77% and 6.7% respectively. Even if these values are not alarming, they are not favorable at all. Perhaps, there is only the effective population size (57.78) that is favorable to the conservation of the breed.

The equivalent complete generations, the maximum number of generations and the number of full generations traced were estimated at 7.07, 16.34 and 4.16 generations, respectively. Throughout time, the completeness of pedigrees became better and longer. The maximum number of generations, up to which a pedigree could be traced back, was 23. The maximum number of full generations was 7.

The generation interval was computed to 10.35 years. The effective number of ancestors (22), the effective number of founders (28) and the ratio of the effective number of ancestors and the effective number of founders (0.7857) confirm the bottleneck effect that occurred in the Hucul population. The founder genome equivalents (9.28), and the ratio of the founder genome equivalents and the effective number of founders (0.331) refer to genetic drift.

The examinations on genetic connections among the populations of the breeding countries revealed that the Nei's standard genetic distance was small not only among the breeding countries but also within a population.

The Nei's standard genetic distance is even smaller in the populations of the Czech Republic and Slovakia. The Hucul population in Romania, where migration, out of political reasons, is refused, becomes, due to genetic drift, further and further away from the populations of other breeding countries.

The “F” statistics, too, confirms a significant genetic relatedness among the populations of the breeding countries. The research work revealed that 4-6 mare families are responsible for more than 50% of the population. Some mare families are found only in a specific country, and each country has a typical mare family. A “typical” mare family can not only be found in a specific country, but it also dominates the population of that specific country. Some mare families are present in each of the breeding countries. The most endangered mare families in the analyzed period were 2 Ritka, 3 Tatarca, 84 Hurka, 11 Zúza, 108 Morza, Valuta, 18 Barna, 71 Róza, 39 Franca, 23 Klapta, 111 Rumina, 48 Mulica, 5 Plosca, 19 Kavka, 70 Sekacka, and 2 Lucina.

The representation of stallion lines shows characteristic patterns, too. In Austria, Hungary, and Poland, all seven stallion lines are present. The least populous stallion lines are that of Prislop and Pietrosu. The distribution of stallion lines and mare families among the countries allows the exchange of breeding animals among the populations, through which the populations can benefit from new blood.

10 IRODALOMJEGYZÉK

1. ABAY P. – BODOLAI I. – KERESZTESNÉ MATASCH E. – MIHÓK S. (2002): Hucul Méneskönyv I-II. kötet. Póni és Kislótenyésztők Országos Egyesülete, Debrecen. 133.
2. ABERLE, K. – WREDE, J. – DISTL, O. (2003a): Analyse der Populationsstruktur des Schwarzwälder Kaltblutpferdes. Berliner und Münchener Tierärztliche Wochenschrift. 116. 333-339.
3. ABERLE, K. – WREDE, J. – DISTL, O. (2003b): Analyse der Populationsentwicklung des Schleswiger Kaltbluts. Züchtungskunde. 75. 163-175.
4. ABERLE, K. – WREDE, J. – DISTL, O. (2004): Analyse der Populationsstruktur des Süddeutschen Kaltbluts in Bayern. Berliner und Münchener Tierärztliche Wochenschrift. 117. 57-62.
5. ACHMANN, R. – CURIK, I. – DOVC, P. – KAVAR, T. – BODO, I. – HABE, F. – MARTI, E. – SÖLKNER, J. – BREM, G. (2004): Microsatellite diversity, population subdivision and gene flow in the Lipizzan horse. Animal Genetics. 35. 4. 285-292.
6. AVDI, M. – BANOS, G. (2008): Genetic diversity and inbreeding in the Greek Skyros horse. Livestock Science. 114. 2-3. 362-365.
7. ÁLVAREZ, J. – ROYO, L.J. – PÉRRERZ-PARDAL, L. – FERNÁNDEZ, I. – PAYERAS, L. – GOYACHE, F. (2010): Assessing losses of genetic variability in the endangered Mallorquí horse. Czech Journal of Animal Science. 55. 10. 456-462.
8. BALLOU, J.D. – LACY, R.C. (1995): Identifying genetically important individuals for management of genetic variation in pedigreed populations. In: Population management for survival and recovery: analytical methods and strategies in small population management. Szerk. BALLOU, J.D. – GILPIN, M. – FOOSE, T.J. Columbia University Press, New York, 76-111.
9. BARTOLOMÉ, E. – CERVANTES, I. – VALERA, M. – GUTIÉRREZ, J.P. (2011): Influence of foreign breeds on the genetic structure of the Spanish Sport Horse population. Livestock Science. 142. 1-3. 70-79.
10. 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.
11. BHATNAGAR, A.S. – EAST, C.M. – SPLAN, R.K. (2011): Inbreeding and Founder Contributions of the Norwegian Fjord Horse in North America. Abstracts / *Journal of Equine Veterinary Science*. 31.5-6. 230-356.
 12. BIEDERMANN, G. – CLAR, U. – FINKE, A. – BICKEL, M. (2002): Analyse der Population des Rheinisch-Deutschen Kaltbluts. *Züchtungskunde*. 74. 237-249.
 13. BIEDERMANN, G. – HAHN, A. – RÜBESAM, K. – UPHAUS, H. (2005): Das Englische Vollblut – genetische Analyse der Population in Deutschland. *Züchtungskunde*. 77. 5. 327-340.
 14. BOICHARD, D. – Maignel, L. – VERRIER, É. (1997): The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. *Genetics Selection Evolution*. 29. 5-23.
 15. BOICHARD, D. (2002): PEDIG: A FORTAN package for pedigree analysis suited for large populations. In: *Proceedings of 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*. 2002 August 19-23. Montpellier, France, Communication, 28-13.
 16. BOKOR Á. – JÓNÁS D. – NAGY I. – BOKOR J. – SZABARI M. (2013): Pedigree analysis of Hungarian Thoroughbred population. *Livestock Science*. 151. 1. 1-10.
 17. BOROWSKA, A. – WOLC, A., – SZWACZKOWSKI, T. (2011): Genetic variability of traits recorded during 100-day stationary performance test and inbreeding level in Polish warmblood stallions. *Archiv Tierzucht*. 54. 4. 327-337.
 18. CABALLERO, A. – TORO, M.A. (2000): Interrelations between effective population size and other pedigree tools for the management of conserved populations. *Genetics Research*. 75. 331-343.
 19. CERVANTES, I. – MOLINA, A. – GOYACHE, F. – GUTIÉRREZ, J.P. – VALERA, M. (2008a): Population history and genetic variability in the Spanish Arab Horse assessed via pedigree analysis. *Livestock Science*. 113. 1. 24-33.
 20. CERVANTES, I. – GOYACHE, F. – MOLINA, A. – VALERA, M. – GUTIERREZ, J.P. (2008b): Application of individual increase in inbreeding to estimate effective sizes from real pedigrees. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 125. 301-310.

21. COLE, J.B. (2007): PyPedal: A computer program for pedigree analysis. *Computers and Electronics in Agriculture*. 57. 1. 107-113.
22. COLLEAU, J.J. (2002): An indirect approach to the extensive calculation of relationship coefficients. *Genetics Selection Evolution*. 34. 4. 409-421.
23. CUNNINGHAM, E.P. – DOOLEY, J.J. – SPLAN, R.K. – BRADLEY, D.G. (2001): Microsatellite diversity, pedigree relatedness and the contributions of founder lineages to Thoroughbred horses. *Animal Genetics*. 32. 6. 360-364.
24. 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.
25. 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.
26. DOBSON, L. – MCCUISTION, K.C. – LUKEFAHR, S.D.– MOORE, S. – DELANEY, D. – LEE, J. (2010): Historic Genetic Characterization of King Ranch Quarter Horses. *The Professional Animal Scientist*. 26. 1. 1-8.
27. DOHY J. (1989): Az állattenyésztés genetikai alapjai. *Mezőgazdasági Kiadó*, Budapest, 128-141.
28. DOHY J. (1999): Genetika állattenyésztőknek. *Mezőgazda Kiadó*, Budapest, 177-179.
29. DUNNER, S. – CHECA, M.L. – GUTIÉRREZ, J.P. – MARTIN, J.P. – CAÑON, J. (1998): Genetic analysis and management in small populations: the Asturcon pony as an example. *Genetics Selection Evolution*. 30. 397-405.
30. DURU, S. (2017): Pedigree analysis of the Turkish Arab horse population: structure, inbreeding and genetic variability. *Animal*. 11. 1449-1456.
31. DRUML, T. – BAUMUNG, R. – SÖLKNER, J. (2009): Pedigree analysis in the Austrian Noriker draught horse: genetic diversity and the impact of breeding for coat colour on population structure. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 126. 5. 348-356.
32. FALCONER, D.S. – MACKAY, T.F. (1996): Introduction to Quantitative genetics. 4th edition. John Wiley & Sons Inc. New York, 480.

33. FRANKHAM, R. – BALLOU, J.D. – BRISCOE, D.A. (2002): Introduction to conservation genetics. Cambridge University Press, Cambridge, United Kingdom, 617.
34. FRANKHAM, R. (2003): Genetics and conservation biology. *Comptes Rendus Biologies*. 326. S22-S29.
35. FORNAL, A. – RADKO, A. – PIESTRZYŃSKA-KAJTOCH, A. (2013): Genetic polymorphism of Hucul horse population based on 17 microsatellite loci. *Acta Biochica Polonica*. 60. 4. 761-765.
36. GANDINI, G.C. – BAGNATO, A. – MIGLIOR, F. – PAGNACCO, G. (1992): Inbreeding in the Italian Haflinger horse. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 109. 1-6. 433-443.
37. GAFFINEY, B. – CUNNINGHAM, E.P. (1988): Estimation of genetic trend in racing performance of Thoroughbred horses. *Nature*. 332. 722-723.
38. GÁSPÁRDY A. – JÁVORKA L. – VÖLGYI-CSÍK J. (2003): Nemzedékköz és nemzedékváltás. *Mezőhír*. 3. 94-96.
39. GHARAHVEYSI, S. – IRANI, M. (2011): Inbreeding Study on the Iranian Arab Horse Population. *World Journal of Zoology*. 6. 1. 01-06.
40. GLAZEWSKA, I. – JEZIERSKI, T. (2004): Pedigree analysis of Polish Arabian horses based on founder contributions. *Livestock Production Science*. 90. 2-3. 293-298.
41. GLOWATZKI-MULLIS, M.L. – MUNTWYLER, J. – PFISTER, W. – MARTI, E. – RIEDER, S. – PONCET, P.A. – GAILLARD, C. (2005): Genetic diversity among horse populations with a special focus on the Franches-Montagnes breed. *Animal Genetics*. 37. 1. 33-39.
42. GROENEVELD, E. – WESTHUIZEN, B.V.D. – MAIWASHE, A. – VOORDEWIND, F. – FERRAZ, J.B.S. (2009): POPREP: a generic report for population management. *Genetics and Molecular Research*. 8. 3. 1158-1178.
43. GUTIÉRREZ, J.P. – GOYACHE, F. (2005): A note on ENDOG: a computer program for analysing pedigree information. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 122. 3. 172-176.
44. GUTIÉRREZ, J.P. – ROYO, L.J. – ÁLVAREZ, I. – GOYACHE, F. (2005): Molkin v2.0: a computer program for genetic analysis of populations using molecular coancestry information. *Journal of Heredity*. 96. 6. 718-721.

45. GUTIÉRREZ, J.P. – CERVANTES, I. – GOYACHE, F. (2009): Improving the estimation of realized effective population sizes in farm animals. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 126. 327-332.
46. HAMANN, H. – DISTL, O. (2008): Genetic variability in Hanoverian warmblood horses using pedigree analysis. *Journal of Animal Science*. 86. 7. 1503-1513.
47. HEDRICK, P.W. (2000): *Genetics of populations*. 2nd edition. Jones and Bartlett Publishers, Boston, 553.
48. HORNÝ, M. – KOVALČÍK, E. – KOVALČÍK, J. (2007): *Plemenná kniha Huculských Koní, 2002-2007*. Národný Žrebčín Topoľčianky, s. p., Topoľčianky, 190.
49. HUČKO, V. (1996): *Plemenná kniha Huculských Koní, Zväzok II 1985-1995*. Národný Žrebčín Topoľčianky, Slovenská Republika. Vytlačili Nitrianske tlačiarne, a.s., Nitra, 63.
50. HUGASON, K. – ARNASON, T. – JONDMUNDSSON, J. (1985): A note on the fertility and some demographical parameters of Icelandic Toelter horses. *Livestock Production Science*. 12. 2. 161-167.
51. JALÍNEK, J. (2002): *Plemenná kniha huculského koně ČR, I. část, Plemenná klisny, Svazek 1*. Asociace chovatelů huculského koně Česká republika, Pardubice, 141.
52. JAMES, J.W. (1962): The spread of genes in random mating control population. *Genetical Research*. 3. 1-10.
53. JAMES, J.W. (1971): The founder effect and response to artificial selection. *Genetical Research*. 16. 241-250.
54. JAMES, J.W. (1972): Computation of genetic contributions from pedigrees. *Theoretical and Applied Genetics*. 42. 272-273.
55. JAMES, J.W. (1977): A note on selection differentials and generation length when generations overlap. *Animal Production*. 24. 109-112.
56. JANSEN, C – JANSEN, P. (2009): Optimate Huzulendatenbank des Club Hucul.
57. KOENENA, E.P.C. – ALDRIDGE, L.I. – PHILIPSSON, J. (2004): An overview of breeding objectives for warmblood sport horses. *Livestock Production Science*. 88. 1-2. 77-84.
58. LACY, R.C. (1989): Analysis of founder representation in pedigrees: founder equivalents and founder genome equivalents. *Zoo Biology*. 8. 111-123.

59. LANGLOIS, B. (1976): Estimation de quelques paramètres démographiques du Pur Sang Anglais en France. *Annales De Genetique Et De Selection Animale*. 8. 3. 315-329.
60. LANGLOIS, B. (1980): Heritability of racing ability in Thoroughbreds - a review. *Livestock Production Science*. 7. 6. 591-605.
61. LÁMFALUSY K.N. (2012): A szilvásváradi lipicai ménés 14 import ménjének és 46 ivadékának a beltenyésztési vizsgálata. (B.Sc. tézis). Debreceni Egyetem, Debrecen.
62. MACCLUER, J. – BOYCE, B. – BUKE, L. – WEITZKAMP, D. – PFENNIG, A. – PARSONS, C. (1983): Inbreeding and pedigree structure in Standardbred horses. *Journal of Heredity*. 74. 6. 394-399.
63. MACCLUER, J.W. – VAN DE BERG, J.L. – READ, B. – RYDER, O.A. (1986): Pedigree analysis by computer simulation. *Zoo Biology*. 5. 147-160.
64. MACIEL, F.C. – BERTOLI, C.D. – BRACCINI, N.J. – COBUCI, J.A. – PAIVA, S.A. – MCMANUS, C. (2014): Population structure and genealogical analysis of the Brazilian Creole horse. *Animal Genetic Resources*. 42. 1-11.
65. MACKOWSKI, M. – MUCHA, S. – CHOLEWINSKI G. – CIESLAK J. (2015): Genetic diversity in Hucul and Polish primitive horse breeds. *Archives Animal Breeding*. 58. 1. 23-31.
66. MAHON, G.A.T. – CUNNINGHAM, E.P. (1982): Inbreeding and the inheritance of fertility in the Thoroughbred mare. *Livestock Production Science*. 9. 6. 743-754.
67. MAIGNEL, L. – BÉOICHARD, D. – VERRIER, E. (1996): Genetic variability of French dairy breeds estimated from pedigree information. *Interbull Bulletin*. 14. 49-54.
68. MEDEIROS, B.R. – BERTOLI, C.D. – GARBADE, P. – MCMANUS, C.M. (2014): Brazilian Sport Horse: pedigree analysis of the Brasileiro de Hipismo breed. *Italian Journal of Animal Science*. 13. 657-664.
69. MEUWISSEN, T.I. – LUO, Z. (1992): Computing inbreeding coefficients in large populations. *Genetics Selection Evolution*. 24. 305-313.
70. MIHÓK S. (2005): *Registru Genialogie Iepe Mame (I-VII. vol.)*. A lucsinai hucul ménés törzskönyveinek kancaoldalán elvégzett kivonatolása (I-VII. kötet). KÉZIRAT

71. MIHÓK S. (2011): Hucul Méneskönyv I-II-III. kötet. Póni és Kislótenyésztők Országos Egyesülete, Debrecen, 384.
72. MIHÓK S. (2014): A hucul. A Magyar Lótenyésztők Országos Szövetsége és a Mezőgazda Kiadó közös kiadása, Budapest, 251.
73. MOUREAUX, S. – VERRIER, É. – RICARD, A. – MÉRIAUX, J.C. (1996): Genetic variability within French race and riding horse breeds from genealogical data and blood marker polymorphisms. *Genetics Selection Evolution*. 28. 83-102.
74. NÁRODNÝ ŽREBČIN S. P. TOPOLEČIANKY. (2001): Plemenná Kniha Huculských Koní, 1995-2001. Tlač M Print, Zlaté Moravce, 76.
75. O'TOOLE, H. – BROPHY, P. – KELLHERL, D. – ALDRIDGE, L. – QUINN, K. (2001): Characterisation of the Irish draught horse population in Ireland. Irish Draught Horse Society, Dublin, Ireland.
76. PECSENYE K. (2006): Populációgenetika. Pars Kft, Nagykovácsi, 401.
77. PIERAGOSTINI, E. – RIZZI, R. – BRAMANTE, G. – ROSATI, A. – PERROTTA, G. – CAROLI, A. (2005): Genetic study of Murgese horse from genealogical data and microsatellites. *Italian Journal of Animal Science*. 4. 2. 197-202.
78. PINHEIRO, M. – KJÖLLERSTRÖM, H.J. – OOM, M.M. (2013): Genetic diversity and demographic structure of the endangered Sorraia horse breed assessed through pedigree analysis. *Livestock Science*. 152. 1. 1-10.
79. PIRAULT, P.– DANVY, S. – VERRIER, E. – LEROY, G. (2013): Genetic Structure and Gene Flows within Horses: A Genealogical Study at the French Population Scale. *Plos One*. 8. 4. e61544.
80. 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.
81. 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.
82. POSTA, J. – KOMLÓSI, I. – MIHÓK, S. (2006): Pedigree analysis of Hungarian Sport Horses. *Animal Welfare, Ethology and Housing Systems*. 2. 3. 182-188.
83. RĂDULESCU, G. H. (1957): *Calcul huțul din R. P. R.* Editura Agro-Silvică de Stat, București, 137.

- 84.** ROYO, L.J. – ÁLVAREZ, I. – GUTIÉRREZ, J.P. – FRENANDEZ, I. – GOYACHE, F. (2007): Genetic variability in the endangered Asturcón pony assessed using genealogical and molecular information. *Livestock Science*. 107. 2-3.162-169.
- 85.** RSTUDIO TEAM (2015). RStudio: Integrated Development for R. RStudio, Inc., Boston, MA URL <http://www.rstudio.com/>.
- 86.** SARGOLZAEI, M. – IWAISKAI, H. – COLLEAU, J.J. (2006): CFC: a tool for monitoring genetic diversity. In: *Proceedings of 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*. 2006. August 13-18. Belo Horizonte, Brazil, Communication 27-28.
- 87.** SEVINGA, M. – VRIJENHOEK, T. – HESSELINK, J.W. – BARKEMA, H.W. – GROEN, A.F. (2004): Effect of inbreeding on the incidence of retained placenta in Friesian horses. *Journal of Animal Science*. 82. 4. 982-986.
- 88.** SIDERITS, M. – BAUMUNG, R. – FUERST-WALTL, B. (2013): Pedigree analysis in the German Paint Horse: Genetic variability and the influence of pedigree quality. *Livestock Science*. 151. 2-3. 152-157.
- 89.** SILVA FARIA, R.A. – MERCHI MAIORANO, A – ARRIGUCCI BERNARDES, P – LUIS PEREIRA, G – BERCHIOL SILVA, M.G. – ABDALLAH CURI, R. – II VASCONCELOS SILVA, J.A. (2018a): Assessment of pedigree information in the Quarter Horse: Population, breeding and genetic diversity. *Livestock Science*. 214. 135-141.
- 90.** SILVA FARIA, R.A. – ANDRADE VICENTE, A.P. – DUARTE GUEDES DOS SANTOS, R.I. – MARCHI MAIORANO, A. – ABDALLAH CURI, R. – LOYOLA CHARDULO, L.A. – II VASCONCELOS SILVA, J.A. (2018b): Genetic diversity of Lusitano horse in Brazil using pedigree information. *Journal of Equine Veterinary Science*. 69. 149-158.
- 91.** SÖLKNER, J. – FILIPCIC, L. – HAMPSHIRE, N. (1998): Genetic variability of populations and similarity of subpopulations in Austrian cattle breeds determined by analysis of pedigrees. *Animal Science*. 67. 2. 249-256.
- 92.** SCHURINK, A. – ARTS, D.J.G. – DUCRO, B.J. (2012): Genetic diversity in the Dutch harness horse population using pedigree analysis. *Livestock Science*. 143. 2-3. 270-277.

- 93.** TAVEIRA, R.Z. – MOTA, M.D.S. – OLIVEIRA, H.N. (2004): Population parameter in Brazilian Thoroughbred. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 121. 6. 384-391.
- 94.** TEEGEN, R. – EDEL, C. – THALLER, G. (2008): Population structure of the Trakehner Horse breed. *Animal*. 3. 1. 6-15.
- 95.** THIRUVENKADAN, A.K. – KANDASAMY, N. – PANNEERSELVAM, S. (2009): Inheritance of racing performance of Thoroughbred horses. *Livestock Science*. 121. 2-3. 308-326.
- 96.** TOMCZYK-WRONA, I. (2004a): *Linie Genealogiczne polskich koni huculskich*. Drukarnia Czteryłitery, Krośniewice, 350.
- 97.** TOMCZYK-WRONA, I. (2004b): *Księga stadna koni rasy huculskiej, (Khc) Tom VIII*. Polski Związek Hodowców Koni. Warszawa, 421.
- 98.** YAMASHITA, J. – OKI, H. – HASEGAWA, T. – HONDA, T. – NOMURA, T. (2010): Demographic analysis of breeding structure in Japanese Thoroughbred population. *Journal of Equine Science*. 21. 2. 11-16.
- 99.** VALERA, M. – MOLINA, A. – GUTIÉRREZ, J.P. – GÓMEZ, J. – GOYACHE, F. (2005): Pedigree analysis in the Andalusian horse: population structure, genetic variability and influence of the Carthusian strain. *Livestock Production Science*. 95. 1-2. 57-66.
- 100.** VANRADEN, P.M. (1992): Accounting for inbreeding and crossbreeding in genetic evaluation of large populations. *Journal of Dairy Science*. 75. 11. 3136-3144.
- 101.** VICENTE, A.A. – CAROLINO, N. – GAMA, L.T. (2012): Genetic diversity in the Lusitano horse breed assessed by pedigree analysis. *Livestock Science*. 148. 1. 16-25.
- 102.** VÍGH ZS. – CSATÓ L. – NAGY I. (2008): A pedigréanalízisben alkalmazott mutatószámok és értelmezésük. *Szakirodalmi áttekintés. Állattenyésztés és Takarmányozás*. 57. 6. 549-564.
- 103.** VOLENEC, J. – PETRKY', L. – BAUS~, F. – CERMAN, J. (1995): Breeding coldblooded horses in Bohemia, Moravia and Silesia. In: 46th Annual Meeting of the European Association for Animal Production. 1995. September 4-7. Czech Republic, Prague. Netherlands, 1995. Wageningen Academic Publishers.

- 104.** VOSTRÝ, L. – ČAPKOVÁ, Z. – PŘIBYL, J. – HOFMANOVÁ, B. – VYDROVÁ, H.V. – MACH, K. (2011): Population structure of Czech cold-blooded breeds of horses. *Archiv Tierzucht*. 54. 1. 1-9.
- 105.** VOSTRÁ-VYDROVÁ, H. – VOSTRÝ, L. – HOFMANOVÁ, B. – VESELÁ, Z. – SCHMIDOVÁ, J. – MAJZLÍK, I. (2015): Population studies of Czech Hucul horses. *Poljoprivreda*. 21. 1. 41-43.
- 106.** VOSTRÁ-VYDROVÁ, H. – VOSTRÝ, L. – HOFMANOVÁ, B. – KRUPA, E. – ZAVADILOVÁ, L. (2016): Pedigree analysis of the endangered Old Kladruber horse population. *Livestock Science*. 185. 17-23.
- 107.** WRIGHT, S. (1922): Coefficients of inbreeding and relationship. *American Naturalist*. 56. 330-333.
- 108.** WRIGHT, S. (1931): Evolution in Mendelian populations. *Genetics*. 16. 97-159.
- 109.** WRIGHT, S. (1965): The interpretation of population structure by F - statistics with special regard to systems of mating. *Evolution*. 19. 395-420.
- 110.** WRIGHT, S. (1978): *Evolution and the Genetics of Population. Variability Within and Among Natural Populations*. The University of Chicago Press, Chicago, 590.
- 111.** 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.

11 PUBLIKÁCIÓK AZ ÉRTEKEZÉS TÉMAKÖRÉBEN



**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/350/2019.PL
Tárgy: PhD Publikációs Lista

Jelölt: Somogyvári Enikő
Neptun kód: PHQYCA
Doktori Iskola: Állattenyésztési Tudományok Doktori Iskola
MTMT azonosító: 10050603

A PhD értekezés alapjául szolgáló közlemények

Idegen nyelvű tudományos közlemények hazai folyóiratban (4)

1. **Somogyvári, E.**, Posta, J., Mihók, S.: Genetic connectedness of breeding populations of Hucul breeder countries.
Danub. Animal Genet. Resour. 4, 25-30, 2019. ISSN: 2498-5910.
2. **Somogyvári, E.**, Posta, J., Mihók, S.: The impact of Polish breeding animals on the genetic structure of the genetic structure of the Hungarian Hucul horse population.
Állatteny. Takarm. 67 (3), 125-136, 2018. ISSN: 0230-1814.
3. **Somogyvári, E.**, Posta, J., Mihók, S.: The effect of immigration on some population genetic parameters of the Hungarian Hucul population.
Agrártud. Közl. 73, 91-96, 2017. ISSN: 1587-1282.
4. Mihók, S., **Somogyvári, E.**, Posta, J.: Some population genetics parameters of the present Hungarian Hucul Horse population.
Agrártud. Közl. 69, 15-22, 2016. ISSN: 1587-1282.

Idegen nyelvű tudományos közlemények külföldi folyóiratban (1)

5. **Somogyvári, E.**, Posta, J., Mihók, S.: Genetic analysis of the Hungarian population of endangered Hucul horses.
Czech J. Anim. Sci. 63 (6), 237-246, 2018. ISSN: 1212-1819.
DOI: <http://dx.doi.org/10.17221/54/2017-CJAS>
IF: 1.008

Magyar nyelvű konferencia közlemények (1)

6. **Somogyvári, E.**, Posta, J., Hardon, G., Mihók, S.: Hucul méntörzsek vizsgálata.
In: LVII. Georgikon Napok. Szerk.: Nagy Zita Barbara, Pannon Egyetem, Georgikon Kar, Keszthely, 353-358, 2015. ISBN: 9789639639829





Idegen nyelvű konferencia közlemények (3)

7. **Somogyvári, E.**, Posta, J., Mihók, S.: Changes in genetic diversity in the Hucul breeding stock in Hungary.
Danub. Animal Genet. Resour. 2, 40-46, 2017. ISSN: 2498-5910.
8. **Somogyvári, E.**, Posta, J., Mihók, S.: Analysis of inbreeding and average relationship of the present Hungarian Hucul Horse population.
Danub. Animal Genet. Resour. 1, 58-63, 2016. ISSN: 2498-5910.
9. **Somogyvári, E.**, Posta, J., Hardon, G., Mihók, S.: Evaluation of Hucul horse strains.
In: 26th International DAGENE Symposium 2015 : 17th - 19th June, 2015 Hotel Vita, Terme Dobrna, Slovenia : Proceedings. Eds.: Mojca Simčič, Daša Jevšinek Skok, University of Ljubljana, Biotechnical Faculty, Department of Animal Science, Ljubljana, 109-115, 2015. ISBN: 9789616204705

Magyar nyelvű absztrakt kiadványok (1)

10. **Somogyvári, E.**, Posta, J., Hardon, G., Mihók, S.: Hucul méntörzsek vizsgálata.
In: LVII. Georgikon Napok = 57th Georgikon Scientific Conference : Kivonat-kötet : Programfüzet, valamint az elhangzó és poszter előadások rövid kivonatainak gyűjteménye. Szerk.: Nagy Zita Barbara, Pannon Egyetem, Georgikon Kar, Keszthely, 103, 2015. ISBN: 9789639639812

A közlő folyóiratok összesített impakt faktora: 1,008

A közlő folyóiratok összesített impakt faktora (az értekezés alapjául szolgáló közleményekre): 1,008

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, 2019.10.21.



12 KÖSZÖNETNYILVÁNÍTÁS

Köszönettel tartozom témavezetőmnek **Dr. Mihók Sándornak**, aki az évek folyamán segítette munkámat és szakmailag támogatta a disszertáció elkészültét. Megismertetett a hucul lovat tenyésztő országok (HIF) tagjaival, ezáltal lehetővé tette számomra, hogy a dolgozat elkészültéhez szükséges adatokat megkapjam és ezekből számításaimat elkészíthessem.

Köszönöm **Dr. Posta Jánosnak** a szakmai támogatását, segítségét a program használatok megtanulásában és az angol szakszövegek elkészítésében.

Köszönettel tartozom családomnak, férjemnek **Maleskovits Dávidnak** a folyamatos biztatásért, fiamnak **Maleskovits Márknak**, aki sok erőt adott a disszertáció elkészültében. Ezen kívül édesanyámnak **Somogyvári Zoltánnénak**, hogy végig kísérte és támogatta munkámat.

13 MELLÉKLETEK

1. táblázat

Populációgenetikai mutatók változása a 2002-es és 2011-es 2015-ös és 2016-os állományokban

Populációgenetikai mutatók	2002-es állomány	2011-es állomány	2015-ös állomány	2016-os állomány
Átlagos rokonsági fok	11,17	12,58	12,7	12,67
Beltenyésztési együtttható	6,21	6,36	6,8	7,18
Teljes generációs ekvivalens	7,13	8,27	8,72	8,75
Maximálisan ismert nemzedékek	17,21	18,54	19,46	19,16
Teljes ismert ősi sorok	4,36	5,21	5,45	5,5
Nemzedékköz	9,98	10,63	10,98	10,99
Alapító ősök effektív száma	26	23	23	23
Nem alapító ősök effektív száma	15	15	15	16
Nem alapító ősök effektív számának és az alapító ősök effektív számának aránya	0,5769	0,6521	0,6521	0,6956
Alapító ősök genom ekvivalens értéke	6,044	5,712	5,757	5,790
Az alapító ősök genom ekvivalens értékének és az alapító ősök effektív számának aránya	0,2324	0,2483	0,2503	0,2517

**A legnagyobb genetikai hatást kifejtő ősök a 2002-es és 2011-es 2015-ös és
2016-os állományokban**

Egyed	Ivar	Születési év	Variabilitás lefedettségének aránya (%)			
			2002-es állomány	2011-es állomány	2015-ös állomány	2016-os állomány
Goral III (Lu)	mén	1926.	12,70	14,81	15,28	15,18
3139 Polan (Pol)	mén	1984.	11,76	11,91	12,10	10,36
162 Ousor 02-7 Turek (Murány)	mén	1969.	11,13	7,27	5,08	4,95
Hroby VIII (Lu)	mén	1933.	6,82	8,16	8,25	8,53
2967 Ousor VI-61 Tornádó (Lu)	mén	1980.	5,80	-	-	-
3254 Hroby Jóság	kanca	1969.	4,96	-	-	-
224 Gurgul V-11	kanca	1971.	4,89	-	-	-
117 Goral X (Top) Goral VII-1 (Lu)	mén	1957.	4,88	-	-	-
2539 Bravij (Ukr)	mén	1984.	4,41	-	-	-
307 Gurgul V-30 Lucka (Sk)	kanca	1976.	3,78	-	-	-
Ousor (Lu)	mén	1929.	-	6,15	7,10	7,14
Pietrosu II (Lu)	mén	1937.	-	5,93	6,12	6,45
Pietrosu VIII (Lu)	mén	1967.	-	4,52	4,45	4,80
Hroby XXI (Lu)	mén	1983.	-	4,30	-	-
85 Manaila (Lu)	kanca	1924.	-	-	3,44	3,56
Hroby (Bukovina)	mén	1895.	-	3,10	3,88	3,93
Goral I (Lu)	mén	1907.	-	2,82	3,06	3,11



1. *kép:* 3 Hroby I-1 mén archív kép
Fotó: Waltner Berta

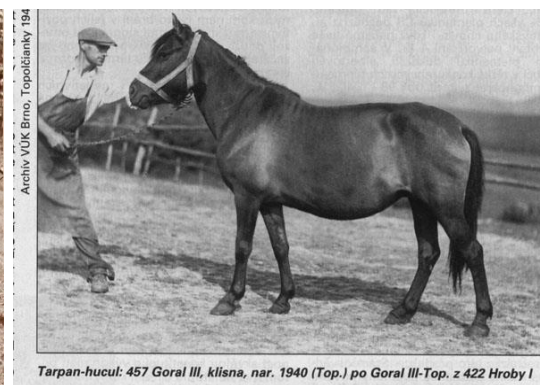


Archív VUK Brno, Tuří Remety 1930
Arabizovaný hucul: 141 Hroby I-2, klisna, nar. 1919 (Waldhof) po Hroby I-Luc., Top. z 61 Goral

2. *kép:* 141 Hroby I mén
Fotó: lengyel tenyésztők szívességéből



3. *kép:* Goral I mén archív kép
Fotó: Waltner Berta



Archív VUK Brno, Topolčianky 1940
Tarpan-hucul: 457 Goral III, klisna, nar. 1940 (Top.) po Goral III-Top. z 422 Hroby I

4. *kép:* 457 Goral III mén
Fotó: lengyel tenyésztők szívességéből



5. *kép:* Polan Ordas kanca
Fotó: Aggteleki Nemzeti Park szívességéből



6. *kép:* jellemző hucul lószínek
Fotó: Kistapolcsányi Nemzeti Ménes szívességéből

14 NYILATKOZATOK

NYILATKOZAT

Ezen értekezést a Debreceni Egyetem Állattenyésztési Tudományok Doktori Iskola keretében készítettem, a Debreceni Egyetem doktori (Ph.D.) fokozatának elnyerése céljából.

Debrecen, 2019.....

.....

a jelölt aláírása

NYILATKOZAT

Tanúsítom, hogy Somogyvári Enikő doktorjelölt 2014-2017 között a fent megnevezett Doktori Iskola keretében irányításommal végezte munkáját. Az értekezésben foglalt eredményekhez a jelölt önálló alkotó tevékenységével meghatározóan hozzájárult, az értekezés a jelölt önálló munkája. Az értekezés elfogadását javasolom.

Debrecen, 2019.....

.....

a témavezető aláírása