

Doktori (PhD) értekezés tézisei

**A HUCUL LÓFAJTA
POPULÁCIÓGENETIKAI ÉRTÉKELÉSE**

Somogyvári Enikő

Témavezető: Dr. Mihók Sándor C.Sc.

professor emeritus



DEBRECENI EGYETEM

Állattenyésztési Tudományok Doktori Iskola

Debrecen, 2019.

1 A doktori értekezés előzményei és célkitűzései

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 tenyész-körzetből, 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.

A huculföld 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 előtt szinte a teljes magyarországi hucul ló állomány 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. 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 lucsínai 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 törzsből tenyészállatok kerültek felállítására.

Mára 300 feletti a kancalétszám és 37 a tenyészmének 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 lovakról, 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 Prislop törzseket állították fel, emellett a kancák számát is gyarapították és odafigyeltek a párosításokra.

Lengyelországban 1924 után a köztenyésztés megszervezése után 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 szállíttatta, 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 lótenyésztés. Kistapolcsányban a fajtatiszta egyedekkel vitte tovább a vonalat, a keresztezett egyedeket nem használta fel. Csehország is törekedett a fajtatiszta vonalak felállítására.

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

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

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 Anyag és módszer

2.1 Anyag

A számítások alapját egy Access adatbázisba tömörített halmaz szolgáltatja, amely 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, Zvázok 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 Genialogie Iepe Mame (I-VII. vol.) A lucsinai hucul ménes törzskönyveinek kancaoldalon 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 állományt 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, ménké 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.

2.2 Módszer

Átlagos rokonsági fok (average relatedness)

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

PhD munkámban az átlagos rokonsági fok meghatározására COLLAU (2002) képletét alkalmaztuk, tekintettel arra is, hogy az ENDOG program is ezt használja. A számítási módja $c' = (1/n) 1'A$, ahol c' sorvektorban c_i a rokonsági mátrix egyedhez tartozó sorának átlaga, és A a rokonsági mátrix, mérete $n \times n$.

Beltenyésztési együttható (inbreeding coefficient)

A beltenyésztettség meghatározására beltenyésztési együtthatót számítottunk, aminek pontossága függ a pedigre 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 Σ 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 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).
- 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 ős ismert.

Effektív populációméret (effective population size)

Az effektív populáció méret 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:

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

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

$$N_e = \frac{1}{2\Delta F_y L}, \text{ ahol } \Delta F_y \text{ a populáció beltenyésztettségének évenkénti növekedése, } L \text{ pedig}$$

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 $\overline{N_e} = \frac{1}{2\Delta F}$ formulával.

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 „tenyész utódjai” születése között eltelt idő, vagyis a szülőpárok – tovább szaporodó (effektív) utódaik számával súlyozott – átlagéletkora az utódok megszületésekor.

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 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 östől származik.

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

Azon ősök minimális létszáma, amellyel magyarázható a populáció teljes genetikai diverzitása. 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. 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: $f_a = 1 / \sum_{j=1}^f q_j^2$, 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 létszámának 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.

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

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.

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 és az alapító ősök effektív létszámának aránya (f_g/f_e) megmutatja, hogy a vizsgált állományban fellépett-e a genetikai drift (BOICHARD et al., 1997). Az f_g/f_e arányszám növekedése a genetikai sodródás csökkenésére, míg az f_g/f_e arányszám csökkenése a genetikai sodródás növekedésére utal.

Genetikai távolság

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 $D^{ij} = D_{ij} - \left[\frac{(D_{ii} + D_{jj})}{2} \right] = \left[\frac{(f_{ii} + f_{jj})}{2} \right] - f_{ij}$ képlettel határozhatjuk meg, ahol f_{ij} az i és j vonalak közötti páronkénti leszármazási együttható (coancestry coefficient).

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 $F_{IS} = \frac{\bar{f} - \tilde{f}}{1 - \tilde{f}}$

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

A mátrix módban megadott genetikai távolságokat többváltozós statisztikai módszerekkel például klaszter analízissel is lehet grafikusan 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).

3 Eredmények

3.1 A magyarországi hucul lóállomány genetikai diverzitás változása a vizsgált évek folyamán (2002, 2011, 2015, 2016)

A disszertáció egyik célja a magyarországi állomány genetikai diverzitás változásának vizsgálata, különböző időpontokban, különböző fordulópontokban. Összefoglalásra és összehasonlításra kerültek a 2002-es, 2011-es, 2015-ös és a 2016-os referencia állományok, amelyek pontosabb képet mutatnak a magyar állomány állapotáról, az évek alatt bekövetkezett változásáról, segítséget nyújtanak az elkövetkezendő időszak követendő tenyésztési elveihez, mindezt a fajta védelmének alárendelve. 2002-ben kiadott Hucul Méneskönyv I-II, a 2011-ben megjelent Hucul Méneskönyv I-II-III., valamint a 2015-ben és 2016-ben törzskönyvi ellenőrzésben tartott egyedeket jelöltük ki referencia állományként.

Átlagos rokonsági fok

Az I. méneskönyvben szereplő egyedek rokonsági foka 11,17 százalék, míg a II. méneskönyvben megjelenő állományra már közel másfél százalékkal magasabb értéket kaptunk (12,58 százalék). Négy évvel később 2015-ös referencia állományban, viszonylag kisebb emelkedést tapasztaltunk 12,7 százalék lett. Ezkövető évben (2016-os referencia állománynál) minimális csökkenés látható, mely kedvezőnek mondható az állomány szempontjából, értéke 12,67 százalék. Az évek folyamán szignifikáns növekedést ($p < 0,01$) kaptunk.

Beltenyésztési együttható

Az I. méneskönyvben szereplő állomány beltenyésztési koefficiens értéke 6,21 százalék. Értéke az évek folyamán sajnálatos módon fokozatosan növekedett, mert a 10 évvel később (II. méneskönyv) vizsgált állományban 6,36 százalékra, újabb öt év múlva (2015-ben törzskönyvi ellenőrzésben tartott állomány) már 6,8 százalékra emelkedett. Tizenötéves időtávban (2002-2016) egy százalékkal növekedett ($p = 0,075$) a beltenyésztési koefficiens értéke (6,21-ről 7,18-ra). A mutató növekedése egyértelműsíti, hogy nem sikerült elkerülni a rokon egyedek párosítását. Az azonos származású allélek növekedési ütemének lassítása egyre nagyobb kihívást fog jelenteni a fajtafenntartásért felelős tenyésztőszervezetnek, de a fajtafenntartás folyamatában nem kerülhető meg a tenyésztők felelőssége sem.

Pedigrételjesség

A pedigrételjesség értékek három mutatójának változása az alábbiakban részletezettek szerint következett be: A teljes generációs ekvivalens értéke I. méneskönyvben megjelenő egyedeknek 7,13 generáció, amely a II. méneskönyvi adatoknál több mint egyel magasabb értéket adott (8,27 generáció). A 2015-ös referencia állományban tovább növekedett a teljes generációs ekvivalens (8,72 generáció). 2016-os referencia állomány értéke csökkent, közelítve az I. méneskönyvi állományét, 8,75-öt kaptunk ebben az évben. A generációs ekvivalens növekedése a tenyésztéstörténet növekvő nemzedékeivel magyarázható, a 2016-ban elemzésnek kitett állomány esetében a mutató csökkenése kevésbé hosszú származású importtal magyarázható.

Hasonló változásokat tapasztaltunk a maximálisan ismert nemzedékek számában, mint a teljes generációs ekvivalensnél. Az I. méneskönyvben lévő állományé 17,21 generáció, a következő kiadású méneskönyvben közzétett törzskönyvi ellenőrzésben tartott hucul lovagnál már 18,54 generációra növekedett. Majd néhány évvel később 2015-ös referencia állományban tovább nőtt, és az érték elérte a 19,46 generációt. Az egy évvel későbbi referencia állományban valamelyest kevesebb (19,16 generáció) volt.

A teljes ismert ősi sorok száma az első vizsgálati évben (I. méneskönyvi állomány) 4,36 generáció, a II. méneskönyvi állományé 5,21 generációra nőtt. Nyilván generációváltásokkal magyarázható, hogy 2015-ös referencia állománynál 5,45 generációra emelkedett a mutató értéke, és értelemszerűen minden újabb generáció belépésével javul ennek a mutatónak az értéke. A kutatás során (2016-os referencia állomány) további növekedést lehetett érzékelni (5,5 generáció).

Miután a XIX század utolsó harmadától kezdődően ismertek a származások, minden egyes generációval javul a pedigré-teljesség, ami a számított valamennyi mutatóra nézve megbízhatóbb számításokat tesz lehetővé. Az évek elteltével a pedigrételjesség értékek természetesen hosszabbak, teljesebbek lettek, jelezve a továbbra is fontosnak tartott származásvezetéseket.

Nemzedékköz

A nemzedékköz értékek az évek folyamán kis mértékben ($p < 0,01$) növekedtek. Ennél a fajtánál is tetten érhető az a tenyésztői-, főleg fajtafenntartói törekvés, hogy a védett, veszélyeztetett állományoknál növeljék a nemzedékközt, csökkentve ezzel az időegységre számítható beltenyésztettséget, kedvezve ezzel a fajtafenntartási tevékenységnek. A 2002-

ben kiadott I. méneskönyvben a tenyészkancák száma nem érte el százat, ekkor a nemzedékköz 9,98 év, a 10 évvel későbbi II. méneskönyv kettőszáz körüli állományánál 10,63 évre emelkedett. A folyamat nem állt meg, hiszen a védett fajtnál a nemzedékváltás nem kell együtt járjon szelekciós előrehaladás növekedéssel, így a nemzedékváltás késleltethető. A 2015-ben kijelölt referencia állományra 10,98 évet, 2016-ban törzskönyvi ellenőrzésben lévőkre 10,99 évet számítottunk. A hosszabb nemzedékköz értékek lehetővé teszik egy-egy egyed hosszabb tenyésztésben maradását, ezáltal a genetikai sokféleség időintervallum belüli megtartását.

Alapító ősök effektív száma (f_e), nem alapító ősök effektív száma (f_a), nem alapító és alapító ősök effektív számának aránya (f_a/f_e), alapító ősök genom ekvivalense (f_g), alapító ősök genom ekvivalens értékének és az alapító ősök effektív számának aránya (f_g/f_e)

Az alapító ősök effektív számára az I. méneskönyvi állományban 26-ot kaptunk, az évek előre haladtával ez a mutató egységesen 23-ra csökkent. Az I. méneskönyvi állományhoz képest megváltozott az alapító ősök száma, kevesebb alapító ős határozta meg a referencia állományokat. A nem alapító ősök effektív száma az I. méneskönyvi, a II. méneskönyvi adatoknál és 2015-ös referencia állományban 15, ezen érték 2016-os referencia állománynál megemelkedett 16-ra. Az utolsó vizsgálati évben bekövetkezett növekedés, egy újabb egyed nagyobb kihasználtságát jelenti, több ivadékkal járult hozzá a 2016-os törzskönyvi ellenőrzésben tartott referencia állományban. A nem alapító és alapító ősök effektív számának aránya I. méneskönyvben szereplő egyedekre 0,5769-et, következő méneskönyvi adatokra 0,6521-et, 2015-ös referencia állományban 0,6521-et és 2016-ös referencia állományban 0,6956-ot kaptunk. Az arányszám alátámasztja, hogy a populációban a palacknyak hatás érvényesült. Az alapító ősök genom ekvivalens értékek változása a következőképpen alakult: az I. méneskönyvi adatoknál 6,044, II. méneskönyvi adatoknál 5,712, 2015-ös referencia állománynál 5,757 és 2016-os referencia állománynál 5,790. Az értékek mutatják az allélvesztéset a referencia állományokban. Az ezekből számolt genetikai sodródás értékére (alapító ősök genom ekvivalens értékének és az alapító ősök effektív számának aránya) 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, mely a genetikai diverzitás csökkenésére utal. A lengyel eredetű tenyészállatok hatása a magyarországi hucul loállomány populációgenetikai jellemzőire 2015. évi törzskönyvi nyilvántartás alapján.

3.2 A lengyel eredetű tenyészállatok hatása a magyarországi hucul lóállomány populációgenetikai jellemzőire 2015. évi törzskönyvi nyilvántartás alapján

A fejezet célja a magyarországi hucul lóállomány genetikai szerkezetének értékelése, pedigre adatok alapján, populációgenetikai módszerekkel, különös tekintettel a lengyelországi tenyészállatok génszerkezetet módosító hatására.

Átlagos rokonsági fok

Az immigráció nélküli teljes populációra számított átlagos rokonsági fok értéke 10,45 százalék, melyet az importok 10,55 százalékra módosították ($p=0,196$). 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, az lengyel tenyésztésből származók bevonásával az érték 12,7 százalékra csökkent ($p<0,01$).

Beltenyésztési együtttható

A genetikai variabilitás növelésének és a beltenyésztettség mérséklésének szinte egyetlen járható útját választotta Magyarországon a fajtafenntartásért felelős tenyésztőszervezet, amikor állományban ritka pedigréjűnek tekinthető egyedeket, itt hiányzó kancacsaládok és méntörzsek képviselőit állította tenyésztésbe. A kutatás során számítást végeztünk a teljes populáció (3002 egyed) átlagos beltenyésztési együttthatójára és a referencia populáció beltenyésztési együttthatójára nézve. Az 1895 és 2015 időtávot felölelő teljes populációé 5,65 százalék, a 318 egyedet magába foglaló referencia állományé, 6,8 százalékos értéket vett fel. A növekmény sajnálatos, mert a fajta magyarországi állományának emelkedő ($p<0,01$) a beltenyésztettségére hívja fel a figyelmet. Kiszámításra került az immigráció nélküli állomány beltenyésztési együttthatója is, aminek eredménye nem meglepő, de szakmailag különösen fontos, mert a teljes populáció átlagos beltenyésztési együttthatóját 5,83 század százalékról 5,65 százalékra módosították ($p=0,067$) az importok. 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.

Pedigrételjesség

Az immigráció nélküli teljes populációban a teljes generációs ekvivalens értékére átlagosan 5,62 (az értékek 0 (alapítók) és 10,36 között mozogtak) nemzedéket számítottunk, míg az immigrációval együtt ezen érték szignifikánsan megnövekedett ($p<0,01$) 6,06 nemzedékre (az értékek 0 (alapítók) és 10,46 között váltakoztak). Referencia állomány értéke változatlan ($p=0,48$) maradt a Lengyelországból származó egyedek behozatalával, melyekre 8,72 nemzedéket (az értékek 4,42 és 10,46 között mozogtak) kaptunk.

A referencia állományban és teljes populációban 23 generáció a leghosszabb ismert ősi sor. (referencia állományban 16 és 23, teljes populációban 0 (alapító) és 23 között változott). 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-es 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 immigráció nélküli referencia állománynak 95 százalékban, immigrációval bővítettben 97 százalék arányban 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 bővültek 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.

Nemzedékköz

Nemzedékköz átlagos értéke minimálisan rövidült ($p=0,005$) az immigráció hatására (11 év nélküle és 10,98 év vele). Ez arra mutat rá, hogy a tenyésztők a más országokból

származó vérfrissítés kedvező hatását széles körben igyekeztek élvezni. A diverzitásnövekedés ára a nemzedékköz csökkenése lett.

Az immigráció nélküli populációban (11,88) és az importokkal kiegészítve (12,11 év) a leghosszabb nemzedékköz értéket a kancaelőállító ménekre számítottunk. Ezt követi sorban mind két populációban ménelőállító ménnek (11,39 év importokkal, 11,47 év nélkül). Ezek után a mént előállító anyák nemzedékköze (10,15 importokkal, 10,35 nélkül) következik és a legrövidebb értéket a kancaelőállító anyák (9,90 importokkal, 10,13 nélkül) esetében kaptunk. Importokkal és nélküle szignifikánsan ($p < 0,01$) hosszabb nemzedékközt számítottunk az összevont mén-utód (11,98 importokkal, 11,80 nélkül) leszármazási utakon, mint a kanca-utód (9,94 importokkal, 10,17 nélkül) utakon. Ennek magyarázata az, hogy a ménnek sokkal szigorúbb szelektáláson mennek át, ezáltal a nemzedékköz értékek hosszabbak, mint a kancák eseténben. Továbbá mindkét populációban szignifikáns ($p < 0,01$) különbség igazolódott be a következő leszármazási utak között: a ménelőállító ménnek és a ménelőállító kancák, a ménelőállító ménnek és a kancaelőállító kancák, kancaelőállító ménnek és ménelőállító kancák, valamint a kancaelőállító ménnek és kancaelőállító kancák között.

Alapító ősök effektív száma (f_e), nem alapító ősök effektív száma (f_a), alapító és alapító ősök effektív számának aránya (f_a/f_e), alapító ősök genom ekvivalense (f_g), alapító ősök genom ekvivalens értékének és az alapító ősök effektív számának aránya (f_g/f_e)

Az importok nélküli teljes populációban az alapító ősök száma 149, amit a vérfrissítésként kezelhető importok nem tudtak megváltoztatni. 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 ugyanaz a genetikai diverzitás érhető el, mint 149-cel. 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-ról 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. Az alapító ősök genom ekvivalens értéke (f_g) a referencia állomány és a teljes populációnak az immigráció hatására megváltozott 4,778-ról 5,757-re és 9,568-ról 9,478-ra. 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-ról 0,4308-ra és a referencia állományban 0,2514-ről 0,2503-ra változott. Ezen értékek alátámasztják az állományban bekövetkezett genetikai sodródást. Az immigráció által újabb, eddig még a magyar állományból hiányzó ősök kerültek be, ezzel gazdagítva a génkészletet, egyértelmű pozitív hatása bebizonyosodott.

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

Az anyag és módszer fejezetében leírt források alapján készült el Ausztria, Csehország, Lengyelország, Magyarország, Németország, Románia, Szlovákia hucul állományának egyedeit tartalmazó adatbázis. Ennek során 9942 adatsor került rögzítésre, amire a továbbiakban kelet-európai adatbázis néven hivatkozunk.

Átlagos rokonsági fok

Az átlagos rokonsági fok 10,77 százalékos értéke szintén nem kedvező mértékű. A két szélsőérték 0,01 és 17,93 százalék.

Beltenyésztési együttható

A kelet-európai adatbázis állományában szereplő egyedek 6,7 százalékos (0 és 36,02 százalék közötti szélsőértékekkel) beltenyésztési együtthatója magasabb a várt beltenyésztési együttható 1,70 százalékos értékénél. E sajnálatos tény a fajtát képviselő egyedek nagy számának (91,01 százalék) beltenyésztettsége is alátámasztja.

Pedigrételjesség

A kelet-európai adatbázisban szereplő állományra háromféle pedigrételjesség értéket számítottunk. Ennek a mesterségesen képzett populációnak a teljes generációs ekvivalens átlagos értéke 7,07 (0 és 10,48 szélső értékekkel). A kelet-európai adatbázis állományának 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. A pedigrelteljességre vonatkozó harmadik mutató a teljes ismert ősi sorok száma, aminek átlagos értéke 4,16 (0-7). 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 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 populációméret (N_e)

A kelet-európai adatbázist felépítő állomány 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 és modellezés képezi, ami szerint ekkora effektív populáció mérettel elfogadható szinten lehet tartani a beltenyésztési koefficiens nemzedékenként növekvő értékét

Nemzedékköz

Nemzedékköz átlagos értéke 10,35 év. Leghosszabb nemzedékközt a kancaelőállító ménre (11,42 év), kicsivel kevesebbet ménelőállító ménre (11,27 év) kaptuk. Sorban, majdnem azonos értékkel követi ezt a kancaelőállító kancákra (9,28 év) és ménelőállító kancákra (9,27) vonatkozó számérték. A kelet-európai adatbázis állományának összevont mén utód (11,34) leszármazási úton szignifikánsan ($p < 0,05$) hosszabbat számítottunk, mint a kanca utód (9,27) összevont útra. Ennek magyarázata az, hogy a ménnek sokkal szigorúbb szelektáláson mennek át, ezáltal a nemzedékköz értékek hosszabbak, mint a kancák eseténben. Szignifikáns különbséget ($p < 0,05$) kaptunk a következő leszármazási utak között: ménelőállító ménnek és ménelőállító kancák, ménelőállító ménnek és kancaelőállító kancák, kancaelőállító ménnek és ménelőállító kancák, valamint kancaelőállító ménnek és kancaelőállító kancák.

Alapító ősök effektív száma (f_e), nem alapító ősök effektív száma (f_a), nem alapító és alapító ősök effektív számának aránya (f_a/f_e), alapító ősök genom ekvivalense (f_g), alapító ősök genom ekvivalens értékének és az alapító ősök effektív számának aránya (f_g/f_e)

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 hányadosából kapott (f_a/f_e) 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.

Genetikai távolság

Nei-féle genetikai távolság

A kelet-európai adatbázis állományában lévő egyedekre vonatkozóan a Nei-féle genetikai távolságra 0,023426-os értéket kaptunk. Ez a számlényegében a nullához közelít. Szakmailag ez annyit jelent, hogy az allélgyakoriságban sok az azonosság, ami a heterozigóták kevés számára utal.

Az országok közötti távolságot grafikusan is ábrázoltuk (1. ábra). Az ábra színskáláján a világos szín az egymáshoz közelséget, a sötétebb a nagyobb genetikai távolságot jelöli. Genetikailag két legközelebbi 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 1992-es alapítása óta az alapító országokban egyeztetett tenyésztéspolitikát folytatnak.

Ugyancsak kicsi a genetikai távolság az osztrák és a lengyel populáció között. Bár Lucsina és a lucsinai tenyésztet a Császári és Királyi (K. u. k.) hadsereg irányítása alatt volt és az I. világháború harcai elől a császárvárosba (Kottingbrunnba) menekítették az állományt, ám

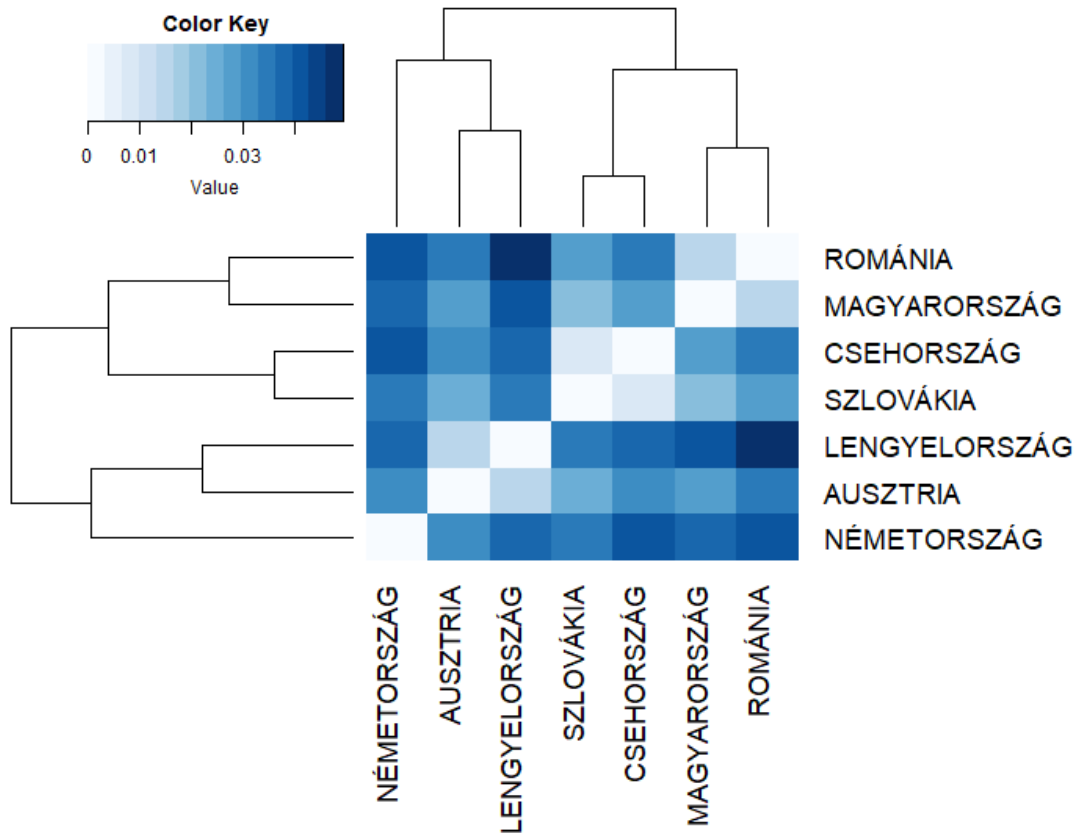
az Osztrák-Magyar Monarchia utódállamai közül Ausztria nem tartott meg tenyészanyagot az eredeti állományból. Míg az utódállamokban (Ausztria kivételével) 100 év óta folyik a hucul fajta tenyésztése, Ausztriában lényegében 1992-ben indult el újra, elsősorban lengyel eredetű tenyészanyaggal. A 2000-es 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 bármelymás 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.

Németországban nem jelentős a tenyésztők köre, inkább használják és nem tenyésztik a hucul lovat. Állományuk genetikai összetételét vizsgálva szembetűnő, hogy közel állnak lengyelországi, az ausztriai, a szlovákiai, a magyarországi állományhoz és állományszinten minden más ország állományától genetikai értelemben távol állnak.

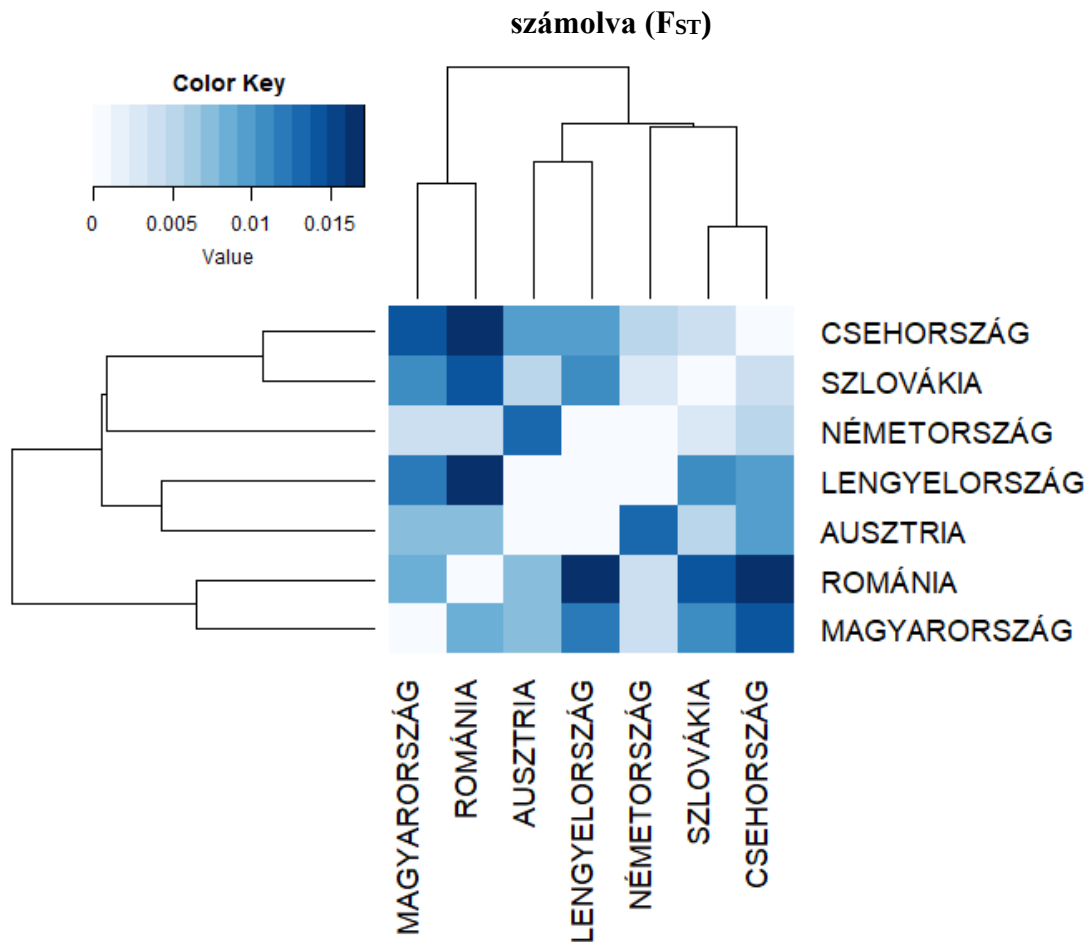
1. ábra: Nei-féle genetikai távolság értékelés a különböző országok állománya (alpopulációk) között



Wright féle F statisztika

A kelet-európai adatbázisban szereplő állomány 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 heterozigotitás mérsékelt voltára (beltenyésztettséget is feltételezve), továbbá a faján 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 heterozigóták többletére utal, ami azt jelenti, hogy az egyedek közötti valós heterozigóta gyakorisága nagyobb volt, mint ahogyan azt a Hardy-Weinberg egyensúly alapján várni lehetne.

2. ábra: Az országok (alpopulációk) közötti genetikai távolságok F statisztikával



Az országok közötti genetikai távolságokat F statisztika (F_{ST}) alapján grafikusán is ábrázoltuk (2. ábra). 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 között (amire a közös múlt ad magyarázatot), valamint Ausztria és Szlovákia 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.

Az egyes országokban található hucul lófajta kancacsaládjainak és méntörzseinek összehasonlítása

A vizsgálati állomány a nemzedékköz átlagos értékének (10,35 év) másfélszerese alapján (15,25 év) került kijelölésre. Ez azt jelenti, hogy a vizsgált időintervallum 2000 és 2016

között időre terjedt, a vizsgálati állomány az ebben az időintervallumban született egyedekre vonatkozott. Az országokénti állományok eltérésének szemléltetésére táblázatokat alkalmaztunk.

Kancacsaládok vizsgálata

A vizsgálati időszakban megjelent kancacsaládok száma összesen 42, melyeket a 1. táblázatban foglaltunk össze.

1. táblázat

Kancacsaládok százalékos megoszlása országoként

Kancacsalád	Csehország	Ausztria	Szlovákia	Románia	Németország	Magyarország	Lengyelország
1 Panca	0,46%	3,51%	0,86%	8,11%		2,90%	0,45%
108 Morza	2,76%						
11 Rotunda	1,38%	0,88%	3,94%	10,81%		3,14%	
11 Zuza	2,30%						
111 Rumina	6,91%						
12 Sarata	0,46%	11,40%		12,16%	55,81%	14,17%	
17 Aglaia	2,76%	1,75%	4,97%	9,46%		1,16%	3,37%
18 Barna	4,61%						
19 Kavka	0,92%		2,74%				
2 Lucina	1,84%	3,51%		4,05%		1,39%	
2 Ritka	0,46%						0,07%
23 Klapta	6,45%						
3 Tatarca						0,35%	
39 Franca	0,46%		0,68%				0,28%
4 Kitca	1,38%	9,65%	0,51%	40,54%	6,98%	14,29%	0,55%
48 Mulica	0,92%		2,23%				
5 Plosca		0,88%		4,05%		1,39%	
70 Sekacka	6,91%		0,34%			0,35%	
71 Róza							0,41%
825 Agla	15,21%	0,88%	17,81%	2,70%	4,65%		0,14%
84 Hurka	1,84%						
84 Polonia	4,15%	20,18%	14,73%		2,33%		18,00%
86 Deremoxa		7,02%	2,57%	8,11%	9,30%	6,16%	
862 Dagmar	17,05%		1,54%		4,65%		
882 Gelnica	3,69%	2,63%	8,73%			8,13%	
90 Machocha		0,88%	13,18%				0,45%
Agatka					4,65%		7,54%
Árvácska			0,34%			26,48%	
Aspiráns		1,75%	0,34%			19,51%	0,03%
Bajkálka		4,39%	0,17%				5,02%

Kancacsalád	Csehország	Ausztria	Szlovákia	Románia	Németország	Magyarország	Lengyelország
Bukovina	10,60%	0,88%	19,35%		6,98%	0,12%	0,03%
Czeremcha		2,63%					3,30%
Jagoda		0,88%			2,33%		4,54%
Laliszka		11,40%					6,47%
Nakoneczna	0,92%	7,89%	0,51%				4,47%
Reda							2,10%
Szrocza	2,76%	1,75%	4,45%				6,88%
Valuta	2,76%				2,33%		
Wolga		0,88%					10,77%
Wrona		3,51%				0,12%	4,96%
Wydra		0,88%				0,35%	18,38%
Zyrka							1,79%

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, ezekből egy kivételével (825 Agla) mind lucsinai származású család. A 4 Kitca közel felét, 40,54%-át teszi ki az állománynak. További jelentős családok a 12 Sarata (12,16%), a 11 Rotunda (10,81%) és a 17 Aglaia (9,46%). A négy kancacsalád ivadéka a teljes állományt 72,97 százalékban uralja.

Lengyelország

Lengyelországban a HIF 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%) (érdekes módon ezt, a Wolga és Wrona családokat magyar alapító ősre vezetik vissza) és 84 Polonia kancacsalád (18%) is. A többi lengyel eredetű kancacsalád az alábbiak szerint követi egymást: Wolga (10,77%), Agatka (7,54%), Szrocza (6,88%) és a Laliszka (6,47%). A hat kancacsalád 68,04 százalékát teszi ki az egésznek.

Magyarország

A HIF által elfogadott 42 kancacsaládból a magyarországi 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, a fajta hazai tenyésztéstörténetét. A II. világháború szétzilálta az állományt, a megmentett egyedekből kettő terebélyesedett ki, azt is el kellett fogadtatni a HIF 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%, az Aspiráns nevű 19,51%-ot képvisel az egészen belül. Igen jelentős az aránya a lucsinai eredetű a 4 Kitca (14,29%), a 12 Sarata (14,17%) és a 86 Deremoxa (6,16%) alapítók által képviselt kancacsaládoknak. Számottevő a szlovákiai tenyésztésből származó 882 Gelnica (8,13%). A megnevezett 6 kancacsalád 88,74 százalékkal uralja a magyar tenyésztést.

Szlovákia

Szlovákia 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%), a 825 Agla (17,81%), a 90 Machocha (13,18%) és a 882 Gelnica (8,73%) kancacsalád. Leszármazotti létszám tekintetében ezeket a lengyel eredetű 84 Polonia (14,73%) követi. Szlovákia kancacsaládjainak 73,8 százalékát fedi le az előzőekben felsorolt öt család.

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, Szrocza, Valuta) Csehországban tenyésztene. Az öt legnagyobb létszámmal rendelkező kancacsalád a 862 Dagmar 17,05%, 825 Agla 15,21%, Bukovina 10,60%, 70 Sekacka és 111 Rumnia 6,91%. Ezek a teljes állomány 56,68 százalékát teszik ki. A felsorolt kancacsaládok szlovák származásúak, amire a két ország történelmi múltja kellő magyarázatot ad.

Ausztria

Ausztriában a hucul fajtát tenyésztő országokban előforduló kancacsaládoknak kicsivel több mint a fele, 23 kancacsalád 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, Szrocza, 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%) család képviseli magát. Követi ezt a 12 Sarata (román) és Laliszka (lengyel) 11,4 százalékkal, majd a Nakoneczna (lengyel) (7,89%) és a 86 Deremoxa (7,02%) (román). Ezen 5 kancacsalád az egyedek az előfordulásának 57,89 százalék át teszi ki.

Németország

Németország 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 rácsafolt. A romániai eredetű 12 Sarata kancacsalád a teljes állomány genetikai variabilitásának 55,8 százaléért felelős. Követi a rangsorban a szintén román származású 86 Deremoxa (9,30%). A többi nyolc kancacsaládnak néhány egyede van Németországban.

Legveszélyeztetettebb kancacsaládok

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

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 méntörzseinek vizsgálata

A 2000-2016 időtávra vonatkoztatva elvégzett kutatásban a fajta valamennyi törzsalapítója (3. táblázat) (Hroby (1895), Goral (1898), Gurgul (1927), Ousor (1929), Polan (1929), Pietrosu (1930) és Prislop (1932)) a leszármazottak képében megjelent.

Méntörzsek százalékos megoszlása országoként

Méntörzsek	Csehország	Ausztria	Szlovákia	Románia	Németország	Magyarország	Lengyelország
Goral	40,25%	39,47%	22,82%	4,76%	29,55%	21,38%	20,91%
Gurgul	21,16%	12,28%	22,99%		63,64%	1,03%	23,16%
Hroby	9,54%	7,89%	31,20%	23,81%		36,55%	23,50%
Ousor	24,07%	4,39%	14,12%	25,00%	4,55%	15,63%	10,32%
Pietrosu	1,24%	13,16%		29,76%		7,59%	14,92%
Polan		5,26%				8,85%	3,75%
Prislop	3,73%	17,54%	8,87%	16,67%	2,27%	8,97%	3,44%

Románia

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

Lengyelország

Mind a hét törzs egyedeivel tenyészt Lengyelország, azonban három törzs leszármazottjai lefedik a ménpark közel 70 százalékát (Hroby 23,50%, Gurgul 23,16%, Goral 20,91%). 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.

Magyarország

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

Szlovákia

Szlovákiában ugyancsak 5 törzsalapító mén leszármazottait tartotta tenyésztésben a vizsgált időintervallumban. Legnagyobb mértékben a Hroby (31,20%), majdnem azonos

menyiséggel a Gurgul (22,99%) és a Goral (22,82%) jelent meg. Az Ousor 14,12%-kal és a Prislop 8,87%-kal volt jelen.

Csehország

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

Ausztria

Ausztriában mind a hét törzs ménjeivel tenyésztettek. A leggyakoribb a Goral törzs (közel 40%), majd a Gurgul (17,54%), a Prislop (12,28%) és végül a Hroby (7,89%). Az Ousor (4,36%) törzsbéli mének száma a legkevesebb, de a Polan is mindössze 5,26%-kal van jelen.

Németország

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

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 nagyobb 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 egyedi 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, fele annyi egyeddel Goral, Polan és Gurgul törzsek követik. Majd az Ousor, Pietrosu és legkevesebbel a Prislop törzs jelent meg.

4 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 állományban lévő egyedeknek a kívánatosnál nagyobb az átlagos rokonsági foka, valamint a beltenyésztési együttthatója. 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.

5 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 együtttható 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 tenyészállatcserét, 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 okszerűen tenyésztenek és kitolják a nemzedékváltások idejét, egységnyi időre vetítve csökkenthetik a genetikai diverzitás csökkenésének ütemét.

6 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. 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.
3. 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.
4. 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.
5. COLLEAU, J.J. (2002): An indirect approach to the extensive calculation of relationship coefficients. *Genetics Selection Evolution*. 34. 4. 409-421.
6. FALCONER, D.S. – MACKAY, T.F. (1996): *Introduction to Quantitative genetics*. 4th edition. John Wiley & Sons Inc. New York, 480.
7. GÁSPÁRDY A. – JÁVORKA L. – VÖLGYI-CSÍK J. (2003): Nemzedékköz és nemzedékváltás. *Mezőhír*. 3. 94-96.
8. 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.
9. 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.
10. HORNÝ, M. – KOVALČÍK, E. – KOVALČÍK, J. (2007): *Plemenná Kniha Huculských Koní, 2002-2007*. Národný Žrebčin Topoľčianky, s. p., Topoľčianky, 190.
11. HUČKO, V. (1996): *Plemenná Kniha Huculských Koní, Zväzok II 1985-1995*. Národný Žrebčin Topoľčianky, Slovenská Republika. Vytlačili Nitrianke tlačiarne, a.s., Nitra, 63.

12. JALÍNEK, J. (2002): Plemenná kniha huculského koně ČR, I. část, Plemenná klisny, Svazek 1. Asociace chovatelů huculského koně Česká republika, Pardubice, 141.
13. JAMES, J.W. (1977): A note on selection differentials and generation length when generations overlap. *Animal Production*. 24. 109-112.
14. JANSEN, C – JANSEN, P. (2009): Optimate Huzulendatenbank des Club Hucul.
- 15.
16. MAIGNEL, L. – BÉOICHARD, D. – VERRIER, E. (1996): Genetic variability of French dairy breeds estimated from pedigree information. *Interbull Bulletin*. 14. 49-54.
17. MEUWISSEN, T.I. – LUO, Z. (1992): Computing inbreeding coefficients in large populations. *Genetics Selection Evolution*. 24. 305-313.
18. MIHÓK S. (2011): Hucul Méneskönyv I-II-III. kötet. Póni és Kislótenyésztők Országos Egyesülete, Debrecen, 384.
19. NÁRODNÝ ŽREBČIN S. P. TOPOLEČIANKY. (2001): Plemenná Kniha Huculských Koní, 1995-2001. Tlač M Print, Zlaté Moravce, 76.
20. RĂDULESCU, G. H. (1957): *Calul huțul din R. P. R.* Editura Agro-Silvică de Stat, București, 137.
21. TOMCZYK-WRONA, I. (2004a): Linie Genealogiczne polskich koni huculskich. Drukarnia Czteryliery, Krośniewice, 350.
22. TOMCZYK-WRONA, I. (2004b): Księga stadna koni rasy huculskiej, (Khc) Tom VIII. Polski Związek Hodowców Koni. Warszawa, 421.
23. VANRADEN, P.M. (1992): Accounting for inbreeding and crossbreeding in genetic evaluation of large populations. *Journal of Dairy Science*. 75. 11. 3136-3144.
24. WRIGHT, S. (1922): Coefficients of inbreeding and relationship. *American Naturalist*. 56. 330-333.
25. WRIGHT, S. (1965): The interpretation of population structure by F -statistics with special regard to systems of mating. *Evolution*. 19. 395-420.

7 Publikációs jegyzék



**DEBRECENI
EGYETEM**

**DEBRECENI EGYETEM
EGYETEMI ÉS NEMZETI KÖNYVTÁR**

H-4002 Debrecen, Egyetem tér 1, Pf.: 400
Tel.: 52/410-443, e-mail: publikaciok@lib.unideb.hu

Nyilvántartási szám: DEENK/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 tudománymetriai ellenőrzését a tudományos adatbázisok és a Journal Citation Reports Impact Factor lista alapján elvégezte.

Debrecen, 2019.10.21.

