

## A generációs intervallum, a beltenyésztettség és a pedigrelteljesség vizsgálata a hazai haflingi lóállományban

Gaál Zsófia Eszter , Posta János 

*Debreceni Egyetem, Állattudományi, Biotechnológiai és Természetvédelmi Intézet, Állattenyésztési Tanszék, 4032 Debrecen, Böszörményi út 138.*

*Received/Érkezett: 05. 11. 2024.  
Accepted/Elfogadva: 09. 12. 2024.*

**Összefoglalás:** Egy adott populáción belül a genetikai variabilitásnak és a génáramlásnak megbecslése nélkülözhetetlen a már meglévő genetikai állományhoz tartozó szelekciós program kidolgozása előtt. Vizsgálatunkban a hazai haflingi állományt – a 2023. évvel bezárólag Magyarországra importált, majd tenyésztőszervezeti nyilvántartásba vett egyedek, illetve azok tenyészállattá minősített leszármazottai – a pedigrelteljesség, a generációs intervallum, a genetikai variabilitás, a legmeghatározóbb egyedek hozzájárulásának mértéke, az átlagos rokonsági fok, valamint a beltenyésztettség értékelésével jellemeztük. A származási adatokat a Póni és Kislótenyésztők Országos Egyesülete bocsátotta rendelkezésünkre. A származási adatokat az Endog és GRain szoftverekkel értékeltük. A referencia állományban a maximálisan ismert nemzedékek száma meghaladta a 26 generációt. A leghosszabb generációs intervallumot 9,09 év a tenyészkanca - kancacsikó leszármazási úton tapasztaltuk. A teljes állomány átlagos rokonsági fok értéke 11,57%, míg a referencia populációban 14,33%. A 2023-ban aktív haflingi állomány beltenyésztettségének az értéke 9,56%.

**Kulcsszavak:** generációs intervallum, beltenyésztettség, pedigrelteljesség

## Evaluation of the pedigree data of the Hungarian Haflinger population

Zsófia Eszter Gaál , János Posta 

*University of Debrecen, Institute of Animal Science, Biotechnology and Nature Conservation Department of Animal Husbandry, 138. Böszörményi str, H-4032 Debrecen*

**Abstract:** Estimating genetic variability and gene flow within a given population is essential before developing the selection program of the breed. Factors which might have a significant impact on the population structure and demographic composition could be revealed in this way. In our study, the local Haflinger population – individuals imported to Hungary up to 2023 and registered at the breeding organization, as well as their offspring that were classified as breeding animals – was characterized by evaluating the pedigree

completeness, generation interval, genetic variability, the contribution of the most important ancestors, average relatedness and inbreeding level. The pedigree data was supplied by the Association of Pony and Small Horse Breeders'. Pedigree data of the registered population was analysed using Endog and GRain softwares. In the reference population, the maximum number of known generations exceeded 26 generations. The longest generation interval (9.09 years) was calculated for the mare-to-daughter lineage. The average relatedness of the total population was 11.57%, while it was 14.33% for the reference population. The inbreeding coefficient of the active Haflinger population in 2023 was 9.56%.

**Keywords:** generation interval, inbreeding, pedigree completeness

## Bevezetés

Az emberiség jól felfogott érdeke, hogy védekezzen a genetikai változatosság csökkenése ellen, valamint a kialakult kultúrfajták minél szélesebb körének a megőrzése. A tenyésztői tevékenység során minden egyes génváltozatra nagy szükség lehet, így fokozott figyelmet kell fordítani a jelenleg rendelkezésre álló genetikai alapok megtartására. A beltenyésztettség minimalizálása az árutermelő állományokban, nagy egyedszámú világfajták esetében is fontos.

Az állományok genetikai hátterének és összetételének a felderítése a származási adatok alapján pedigreanalízissel is lehetséges, amelynek megbízható elvégzéséhez minimum 3-4 teljes generáció ismerete elengedhetetlen (Vígh et al., 2008).

Korábban több hazai állományra is végeztek hasonló kutatásokat (Bokor et al., 2013, Klein et al., 2022). A haflingi fajtánál Gandini et al. (1992) és Sabbioni et al. (2007) az olasz, míg Druml (2012) az osztrák állományra vonatkozóan végzett elemzéseket.

Jelen munkánk célkitűzése a Magyarországra behozott, valamint itt született egyedek populációgenetikai mutatóknak vizsgálata a pedigrelteljesség, a generációs intervallum, a genetikai variabilitás, valamint a beltenyésztettség alapján.

## Anyag és módszer

A vizsgálat alapját a 2023. évvel bezárólag Magyarországra importált, majd tenyésztő-szervezeti nyilvántartásba vett egyedek, illetve azok tenyészállattá minősített leszármazottai adták. A származási adatokat a Póni és Kislótenyésztők Országos Egyesülete biztosította rendelkezésünkre. Az alapítókig és az utolsó ismert ősig való visszakövetéshez nemzetközi adatbázisokat ([www.allbreedpedigree.com](http://www.allbreedpedigree.com), [www.fnverlag.de/fn-erfolgsdaten/pferd](http://www.fnverlag.de/fn-erfolgsdaten/pferd), [www.rimondo.com](http://www.rimondo.com)), valamint Preinerstorfer (2009) munkáját is felhasználtuk.

A teljes állományt felölelő adatbázis összesen 4341 egyedből állt. A 2023-as évben aktív, tenyésztésben lévő egyedek száma 88, ezeket az egyedeket vettük alapul referencia állományként.

A pedigrelteljességet több módon is meghatároztuk. A maximálisan ismert generációk száma megadja, az adott egyedtől legtávolabbi generációba eső ismert ősének nemzedék-számát. A teljes ismert ősi sorok száma kifejezi, hogy bármelyik egyed származása mennyi teljes generációra nézve ismert (Maignel et al., 1996). Így az a legtávolabbi generáció, amelyikben az összes ős ismert. A teljes generációs ekvivalens megadja, hogy átlagosan mennyi generációnyi információ áll rendelkezésre az egyedről az adatbázisban (Faria et al., 2018).

A generációs intervallum megmutatja a szülők átlagos életkorát azon utódaik születésekor, amelyek részt vesznek a következő generáció létrehozásában. Négyféle leszármazási úton számítottuk ki: a ménelőállító mén, kancaelőállító mén, ménnevelő kanca, kancanevelő kanca egyedek között. A négyféle leszármazási útvonal megfelelő nemzedékköz értékeit kétmintás t-próbával is összehasonlítottuk.

A populáció beltenyésztését többféleképpen jellemeztük. A Wright-féle beltenyésztetési együttható mellett a Kalinowski-módszerével (Kalinowski et al., 2000) a beltenyésztési együtthatót két részre osztottuk attól függően, hogy az azonos allélok már a múltban is homozigóta állapotba kerültek (F\_Kal), vagy az utóbbi nemzedékekben váltak be (F\_Kal\_új). Ennek értékelése a beltenyésztéses leromlás vizsgálatokor lehet fontos.

Az elemzés során használt mutatók kiszámítását az ENDOG 4.8 (Gutiérrez és Goyache, 2005) és a GRain 2.2 (Doekes et al., 2020) szoftverek használatával végeztük.

## Eredmények és értékelésük

A referencia populációba tartozó egyedekre számított pedigrelteljességet az 1. táblázat tartalmazza. A maximálisan ismert nemzedékek száma meghaladja a 26 generációt. Az általunk kapott érték elmarad Pjontek et al. (2012) shagya-arab lovakra számított értékeihez képest. A maximálisan ismert generációk száma lényegesen magasabb a Sabbioni et al. (2007) olaszországi haflingi állományra számított értékénél, míg hasonló mértéket mutat a Bokor et al. (2013) angol telivérekre közölt értékeivel. Klein et al. (2022) mezőhegyesi lófajtákra közölt értékei az általunk számítottnál lényegesen magasabbak. A hazai haflingi állomány 6,34 teljesen ismert generációval rendelkezik. A teljesen ismert nemzedékek száma meghaladja a Sabbioni et al. (2007) tanulmányában és a Klein et al. (2022) által közölt értékeket, míg hasonló Bokor et al. (2013) angol telivérekre közölt értékeihez. Az általunk becsült teljes generációs ekvivalens értéke magasabb Preinerstorfer (2009) és Druml et al. (2016) osztrák haflingi állományokra közölt értékeinél. Klein et al. (2022) mezőhegyesi lófajtákra közölt értékei az általunk közöltekénél magasabbak.

1. táblázat. A fajta referencia populációjának pedigrelteljesség értékei (generációk)

Mutató(1)	Érték(2)
Maximálisan ismert generációk száma(3)	26,51
Teljesen ismert ősi sorok száma(4)	6,34
Teljes generációs ekvivalens 5)	11,76

Table 1. Pedigree completeness values of the reference population of the breed  
parameter (1), value (2), maximum number of generations (3), number of complete generations (4), complete generation equivalent (5)

A négyféle leszármazási úton meghatározott generációs intervallum értékeket a 2. táblázat mutatja be. A haflingi populációban a leghosszabb generációs intervallumot 9,09 évet a tenyészkanca–kancacsikó leszármazási úton tapasztaltuk. Az egymást követő generációk között a legrövidebb időt a mén–méncsikó leszármazási úton kaptuk, 8,16 év. Számításaink szerint a kancákat közel egy évvel hosszabb ideig tartották tenyésztésben. A ménnevelő ménekre számított értékek és az egyes kanca leszármazási utak értékei kö-

zött szignifikáns eltérést tapasztaltunk ( $P < 0,05$ ). A kancanevelő kancákra számított értékeink hasonlóak Gandini et al. (1992, 1997) közléseihez, a többi leszármazási útra számított értékeink rövidebbek. Az általunk kapott értékeknél lényegesen hosszabb generációs intervallumot közöltek Sabbioni et al. (2007) olaszországi haflingi állományra vonatkozóan. Becsléseink szerint a nemzedékváltás a haflingi fajtában gyorsabb, mint angol telivérek (Bokor et al., (2013), illetve mezőhegyesi lófajtákra (Klein et al., 2022) közölt értékek.

### 2. táblázat. A különböző leszármazási utakon meghatározott generációs intervallumok

Leszármazási utak(1)	N	Generációs intervallum(2)	Közéérték hibája(3)
Ménelőállító mén(4)	910	8,16 <sup>c</sup>	0,14
Kancaelőállító mén(5)	2293	8,83 <sup>ab</sup>	0,09
Ménnevelő kanca(6)	781	8,63 <sup>b</sup>	0,14
Kancanevelő kanca(7)	2049	9,09 <sup>a</sup>	0,09
Átlagosan(8)	6033	8,79	0,06

<sup>ab</sup>: A különböző betűk szignifikáns ( $P < 0,05$ ) eltéréseket jelentenek

Table 2. Generation intervals calculated in the various parent-offspring pathways *pathway (1), generation interval (2), standard error (3), sire-to-male progeny (4), sire-to-female progeny (5), dam-to-male progeny (6), dam-to-female progeny (7), mean (8)*

<sup>ab</sup>: Different letters shows significant ( $P < 0.05$ ) differences

### 3. táblázat. Az ősök változékonyságát leíró mutatók

Mutató(1)	Teljes állomány(2)	Referencia állomány(3)
Alapító ősök száma (Nf)(4)	490	412
Nem alapító ősök száma (Na)(5)	449	85
Alapító ősök effektív száma (fe)(6)	35	32
Nem alapító ősök effektív száma (fa)(7)	16	13
Nem alapító ősök effektív számának és az alapító ősök effektív számának aránya (fa/fe)(8)	0,46	0,41

Table 3. Parameters describing the variability of ancestors

*parameter (1), total population (2), reference population (3), number of founders (4), number of ancestors (5), effective number of founders (6), effective number of ancestors (7), ratio of effective number of founders and effective number of ancestors (8)*

A Magyarországra bekerült haflingi lóállomány őseire vonatkozóan a 3. táblázat nyújt áttekintést. Az alapító ősök számában a teljes és a jelenleg aktív tenyészállomány között alig tapasztalható eltérés. A nem alapító ősök tényleges száma az aktív populáció esetében lényegesen kevesebb egyeddel írható le. Az alapító ősök effektív száma az alapító ősök

számához hasonlóan közel megegyező. Az effektív és a valós számok közötti igen nagymértékű különbség miatt a genetikai variabilitás jelentős mértékű csökkenésére következtethetünk. Ennek feloldása a tenyészállatok (elsősorban fedezőmének, ménjelöltek) folyamatos behozatala, ami a vélhető minőségi javulás miatt előnyös lehet, de egyben jelentős anyagi teher is a tenyésztők számára. Az általunk számított értékek alacsonyabbak, mint Klein et al. (2022) mezőhegyesi lófajtákra valamint Bokor et al. (2013) angol telivérekre közölt értékei. A nem alapító ősök effektív számának és az alapító ősök effektív számának aránya jelentős palacknyak hatásra utal, ami haflingi fajta esetében a szelekció eredménye is lehet.

A 4. táblázat a fajta beltenyésztettségének értékeit mutatja különféle számítási módok alapján. A teljes állomány átlagos rokonsági fok értéke 11,57%, míg a referencia populációban 14,33%. A két állományban az eltérés szinte nem számottevő. Ezek magasabbak, mint Pjontek et al. (2012) lipicai (3,73) és shagya arab (3,08), valamint Duru et al. (2012) arab telivér (9,5) lovakra kapott értékei. A 2023-ban aktív haflingi állomány beltenyésztettségének az értéke 9,56%. A teljes populációnál számított értékhez képest a referencia állomány esetében növekedést tapasztaltunk. Gandini et al. (1992) alacsonyabb értékeket számítottak az olaszországi haflingi állományra, ahol a legnagyobb beltenyésztettséget az 1925-1933 közötti időszakra tették. A Wright-féle beltenyésztési együttható Kalinowski-féle szétbontásakor látható, hogy a beltenyésztettség nagyobb arányban régről jövő, a közelmúltban homozigóta állapotba került allél párok aránya kisebb. Ez a tendencia hasonló Klein et al. (2022) mezőhegyesi lófajtáknál tapasztalt eredményeihez.

4. táblázat. A fajta beltenyésztettségének alakulása (%)

Mutató(1)	Teljes állomány(2)	Referencia állomány(3)
Átlagos rokonsági fok(4)	11,57	14,33
Wright-féle(5)	6,35	9,56
Kalinowski-féle (F_Kal)(6)	3,98	7,57
Új Kalinowski-féle (F_Kal_új)(7)	2,37	1,99

Table 4. Inbreeding level of the breed parameter (1), total population (2), reference population (3), average relatedness (4), Wright's inbreeding (5), Kalinowski inbreeding coefficient (6), Kalinowski new inbreeding coefficient (7)

## Következtetések és javaslatok

A pedigrelteljesség során kiszámított értékek a referencia populációra vonatkozóan, a maximálisan ismert generációk száma 26. Meglepő módon a leghosszabb generációs intervallumot (9,09 év) a tenyészkanca - kancacsikó leszármazási úton, míg a legrövidebbet a mén-előállító mén (8,16 év) leszármazási úton kaptuk. Bizonyítottnak látszik, hogy a fajta zárt törzskönyv mellett is a jelenlegi állomány beltenyésztettsége nagyobb arányban a fajta kialakításkor végzett szoros rokontenyésztés eredménye, napjainkra kevésbé jellemző.

## Köszönetnyilvánítás

A tanulmány a Kulturális és Innovációs Minisztérium EKÖP-24-2-DE-75 kódszámú egyetemi kutatói ösztöndíj programjának a Nemzeti Kutatási, Fejlesztési és Innovációs alaphól finanszírozott szakmai támogatásával készült.

## Irodalomjegyzék

- Bokor, Á., Jónás, D., Bart, D., Nagy, I., Bokor, J., Szabari, M. (2013): Pedigree analysis of the Hungarian Thoroughbred population. *Livestock Science*, 151, 1–10. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2012.10.010>
- Doekes, H.P., Curik, I., Nagy, I., Farkas, J., Kövér, Gy., Windig, J.J. (2020): Revised calculation of kalinowski's ancestral and new inbreeding coefficients. *Diversity*, 12, 155. <https://doi.org/10.3390/d12040155>
- Duru, S. (2017): Pedigree analysis of the Turkish Arab horse population: structure, inbreeding and genetic variability. *Animal*, 11, 1449–1456. <https://doi.org/10.1017/S175173111700009X>
- Druml T. (2012): Genetisches (Un)Gleichgewicht. *Pferderevue*, 11, 48–53.
- Faria, R.A.S., Maiorano, A.M., Bernardes, P.A., Pereira, L.G., Silva, M.G.B., Curi, R.A., Vasconcelos Silva, J.A. (2018): Assessment of pedigree information in the Quarter Horse: population, breeding and genetic diversity. *Livestock Science*, 214, 135–141. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2018.06.001>
- Gandini, G.C., Bagnato, A., Miglior, F., Pagnacco, G. (1992): Inbreeding in the Italian Haflinger horse. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 109, 433–443. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0388.1992.tb00424.x>
- Gandini, G.C., Samore, A., Pagnacco, G. (1997): Genetic contribution of the Arabian to the Italian Haflinger horse. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 114, 457–464. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0388.1997.tb00532.x>
- Gutiérrez, J.P., Goyache, F. (2005): A note on ENDOG: a computer program for analysing pedigree information. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 122, 172–176. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0388.2005.00512.x>
- Kalinowski, S.T., Hedrick, P.W., Miller, P.S. (2000): Inbreeding depression in the Speke's Gazelle captive breeding program. *Conservation Biology*, 14, 1375–1384. <https://doi.org/10.1046/j.1523-1739.2000.98209.x>
- Klein, R., Oláh, J., Mihók, S., Posta, J. (2022): Pedigree-based description of three traditional Hungarian horse breeds. *Animals*, 12, 2071. <https://doi.org/10.3390/ani12162071>
- Maignel, L., Boichard, D., Verrier, E. (1996): Genetic variability of French dairy breeds estimated from pedigree information. *Interbull Bulletin*, 14, 49–54.
- Pjontek, J., Kadlecik, O., Kasarda, R., Horny, M. (2012): Pedigree analysis in four Slovak endangered horse breeds. *Czech Journal of Animal Science*, 57(2), 54–64. <https://doi.org/10.17221/5132-CJAS>
- Preinerstorfer, A. (2009): Pedigree Analyse beim österreichischen Haflinger. Masterarbeit. Universität für Bodenkultur, Wien.
- Sabbioni, A., Beretti, V., Trezzi, M.F., Superchi, P. (2007): Genetic variability and population structure in the Italian Haflinger horse from pedigree analysis. *Annali della Facoltà di Medicina Veterinaria di Parma*, 27, 199–210
- Vígh Zs., Csató L., Nagy I. (2008): A pedigré analízisben alkalmazott mutatószámok és értelmezésük. *Szakirodalmi áttekintés. Állattenyésztés és Takarmányozás*, 57(6), 549–564

A műre a Creative Commons 4.0 standard licenc alábbi típusa vonatkozik: CC-BY-NC-ND-4.0.

This work is licensed under a Creative Commons Attribution-NonCommercial-NoDerivatives 4.0 International License.

