

A SZŐKE MANGALICA FAJTÁK GENETIKAI SZERKEZETÉNEK ÉRTÉKELÉSE



Készítette:

Dr. Posta János

Debrecen

2013

Tartalomjegyzék

| | |
|--|----|
| 1. Bevezetés..... | 3 |
| 2. Szakirodalmi áttekintés | 5 |
| 2.1 A mangalica sertés | 5 |
| 2.2 Pedigréanalízis a sertéstenyésztésben..... | 6 |
| 2.3 Pedigréanalízis egyéb gazdasági állatfajok esetében..... | 7 |
| 3. Anyag és módszer | 9 |
| 3.1 A vizsgálati adatbázis bemutatása | 9 |
| 3.2 Alkalmazott mérőszámok és szoftverek | 9 |
| 4. Eredmények és azok értékelése..... | 11 |
| 4.1 A vizsgált állomány megoszlása..... | 11 |
| 4.2 A generációs intervallum értékelése | 11 |
| 4.3 A pedigrételjesség értékelése..... | 12 |
| 4.4 A genetikai eredet értékelése | 13 |
| 4.5 Az állomány beltenyésztettségének értékelése | 16 |
| 4.6 A teljes állományban leginkább beltenyésztett egyedek származásának elemzése... 18 | |
| 4.7 A referencia-állományban leginkább beltenyésztett egyedek származásának elemzése | 19 |
| 4.8 Az vonalak közötti genetikai távolság értékelése | 19 |
| 4.9 Az ivadékszám értékelése az állományban..... | 21 |
| 5. Következtetések és javaslatok..... | 28 |
| 6. Szakirodalom jegyzék | 29 |
| 7. Mellékletek..... | 33 |

1. Bevezetés

Az állattenyésztők tevékenységük kezdete óta a termelési színvonal növelésére, a genetikailag minél értékesebb állományok létrehozására törekednek. A termelési színvonal emelésével párhuzamosan azonban a genetikai változatosság nagyon könnyen beszűkül, ami a genetikai sokszínűség csökkenéséhez is vezet. A tenyészcélok és a fogyasztói igények megváltozásával korábban nagy népszerűségnek örvendő, esetleg gazdaságilag is jelentős fajták egyedszáma kritikus mértékben lecsökkent, így azok veszélyeztetetté váltak.

A genetikai változatosság csökkenése elleni fellépés az állattenyésztés jól körülhatárolható érdeke. Soha nem tudható ugyanis, hogy egy most gazdasági szempontból kevésbé jelentősnek tartott tulajdonság, vagy allél a jövőben nem válhat-e mégis fontossá. Továbbá ezek a több évszázaddal ezelőtt kitenyésztett fajták történelmileg, és kultúrtörténetileg is fontosak, ami újabb indokot szolgáltat a megőrzésükre.

A génmegőrzés, a veszélyeztetett fajták megmentésének fontosságát Magyarország a világon az elsők között ismerte fel. Elkezdték a táj- és természetvédelmi körzetek kialakítását a nemzeti parkok létrehozását, génmegőrzési programokat indítottak. Így a régi magyar fajták, bár egyedszámukból adódóan veszélyeztetett kategóriába kerültek, de mégis fennmaradhattak. 1961-ben kezdődött a régi fajták védelme Magyarországon. A hivatalos génmegőrzési program eleinte csak a létszám fenntartásra szorítkozhatott. Ezeknek a programoknak, és az elhivatott állattenyésztő szakembereknek köszönhető többek között a magyar szürke szarvasmarha, és a mangalica sertés megmaradása és a mára megnövekedett állomány nagysága is. A génmegőrzési munkában azonban nem feltétlenül a teljesítmény növelése a cél. A szelekció hatására ugyanis az állományban megszűnik a genetikai egyensúly, a génállomány fokozatos szűkülése következik be. A génmegőrzés feladata ezzel szemben a lehető legnagyobb genetikai variabilitás fenntartása. A genetikai sokféleség megőrzésének több módszere létezik, a legelfogadottabb jelenleg a nemzetközi gyakorlatban használatos FAO rendszer (BODÓ, 1991). Ennek lényege, hogy 100-nál kisebb nőivarú létszám nem tartható fenn normális körülmények között tartósan, emiatt az ilyen populációk létszámát növelni kell. 100 és 1000 közötti nőivar viszont normális ivararány mellett fenntartható, akkor, ha a géntartalék-védelem szabályait betartva folyik a tenyésztés.

Az állattenyésztési nemesítési munka során a tenyészcél ismerete, annak egyértelmű megfogalmazása rendkívül fontos. Ez teszi lehetővé a tenyésztési célkitűzés elérését segítő

szelekciót. Ez eltérő lehet, ami függ a fajtól, fajtától, sőt a hasznosítási iránytól, az előállítani kívánt állati terméktől is. Természetesen a tenyészcél a gazdasági körülmények, a fogyasztói szokások megváltozásával jelentősen módosulhat. Erre jó példa lehet a sertés, ahol XIX. században zsírsertés előállítása volt a cél, majd a hús aránya került előtérbe. Napjainkban viszont fogyasztói igény mutatkozik a sovány/zsírsegevény hús helyett a zsírral jól átszótt, ún. „márványozott” húskra, amely egy újabb tenyészcél lehet.

A különböző állatpopulációk, állatfajták közötti elkülönülés nagyon fontos. Az állattenyésztésben elsősorban a fajtákat tekintjük alapegységnek. Fontos azonban, hogy amennyiben a fajtákon belül elkülönülő tájfajták, típusok alakultak ki, azokat is igyekezzünk fenntartani. A génmegőrzésre szoruló fajták esetében a populáción belüli genetikai variabilitás, valamint a génáramlás megbecsülése nélkülözhetetlen a rendelkezésre álló genetikai állományhoz illeszkedő szelekciós program kidolgozása előtt. A populáció szerkezetének és demográfiai összetételének elemzése az állomány genetikai szerkezetéről fontos adatokat szolgáltat a tenyésztés irányítói számára.

Több gazdasági állatfajtában, így a mangalica sertésnél is, a tenyésztők nagy jelentőséget tulajdonítanak az alapító apaállatokra visszavezethető genealógiai vonalaknak. Egy-egy ilyen vonal megszűnése egyben az általa hordozott génállomány elvesztését is jelenti. A genealógiai vonalak között bizonyos mértékben egyensúlyt lehet fenntartani a rokontenyésztés lehetségszerű távoltartásával. A génmegőrzés szempontjából hasznosabb, sőt ajánlott lehet agenealógiai vonalakat (tervszerű párosításokkal és következetes szelekcióval) tenyészvonalakká fejleszteni.

A szőke mangalica állományban is hozzátartoznak a fajta identitásához a genealógiai vonalak. Az ismert 25 vonalból napjainkra már csak kilenc maradt fent. Ezek: Bácska, Bátor, Betyár, Halmaj, Hortobágy, Pécs, Pusztá, Rudi, Vasvár.

Jelen munkában az ellenőrzés alatt lévő hazai szőke mangalicaállomány pediganalízisét végeztük el. A célkitűzések között szerepelt a fajta alapítói számának meghatározása, valamint, hogy ezek milyen mértékben befolyásolták a fajta genetikai variabilitását. A generációs intervallumot több származási úton is meg kívántuk határozni. Ezen kívül a fajta beltenyésztettségét, a pedigreljességet, populáció struktúrájában bekövetkezett változásokat, valamint az ivadékszám megoszlását is értékeltük.

2. Szakirodalmi áttekintés

A populáción belüli genetikai variabilitás, valamint a génáramlás megbecslése nélkülözhetetlen a rendelkezésre álló genetikai állományhoz illeszkedő szelekciós program kidolgozása előtt. A populáció szerkezetének és demográfiai összetételének elemzése az állomány genetikai szerkezetére lényeges hatással bíró mozzanatokot tárhat fel. A számítástechnika fejlődésével, majd a különböző szoftverek megjelenésével (BOICHARD, 2002; GUTIÉRREZ – GOYACHE, 2005) alkalmazása rutinszerűvé vált, és az utóbbi évtizedekben több szerző is beszámolt különböző állatfajokba (sertés, ló, szarvasmarha, juh, kutya) tartozó populációk genetikai szerkezetének értékeléséről.

2.1 *A mangalica sertés*

A török hódoltság utáni időkben a városokban jelentőssé vált a sertészsír és a sertéshús iránti kereslet, így az áruvá vált hizott sertés értékesítése jelentős jövedelmet biztosított. Ezért megnövekedett a szalonna, és a zsír utáni kereslet is. Festetics Imre is erre végeztetett szelekciót állományában. Később, József nádor tiszántúli (kisjenői) uradalmában sumadia sertésekkel végeztek keresztezést a zsírtermelő képesség előmozdítására. A XIX. század utolsó harmadára általánossá vált tenyésztése, leginkább a „jenői” fajta, azaz a szőke mangalica vált uralkodóvá (KOVÁCS, 2006). SZABÓ (2006) a mangalica köztenyésztésből visszaszorulásának három fő okát jelölte meg. Az egyik a kis szaporaság, a másik a túlzott mértékű zsírosodási hajlam, ami a fogyasztói igények megváltozásával vált kedvezőtlené. A harmadik pedig az előzőek miatt bekövetkező fajtaváltás és az iparszerű telepek létrejötte. A mangalica sertés négy színváltozatban volt ismert: szőke, vörös, fekete és fecskehasú. Napjainkra a fekete kipusztult, a többi változat eltérő állomány nagyságban ugyan, de biztonságosan létezik.

Létszáma a mélyponton, 1973-ban már csak 39 koca volt. Azóta géntartaléknak tekintjük, és védelme szervezeten folyik (BODÓ, 2002). Napjainkban a fajta kezelését, népszerűsítését az 1994-ben megalakult Mangalicatenyésztők Országos Egyesülete koordinálja.

ZSOLNAI et al. (2006) és RADNÓCZY et al. (2006) a különböző színváltozatok közötti rokonsági kapcsolatokat mikroszatellit markerek felhasználásával értékelték. Megállapításaik

szerint a három színváltozat genetikailag különböző, így azok különböző fajtáknak tekinthetők.

Eredményeik szerint a szőke és a fecskehasú mangalica áll egymáshoz közelebb, míg a vörös mangalica mindkettőtől távolabb helyezkedik el a markerekkel végzett vizsgálatok alapján.

EGERSZEGI et al. (2003) szerint Európa több országában is tenyésztenek mangalicákat. Tanulmányuk alapján jelentős állományok találhatóak Svájcban, Németországban és Ausztriában, továbbá kisebb egyedszámban, de Románia és az egykori Jugoszlávia területén is fellelhetőek állományok.



1. kép: Szőke mangalica tenyészkoca (Fotó: Dr. Szabó P.)

2.2 Pedigréanalízis a sertés tenyésztésben

A pedigré értékelése a sertés fajban egyéb gazdasági állatfajokkal összehasonlítva kevésbé kiterjedt irodalommal rendelkezik. A következőkben felvonultatott irodalmak a nagy létszámú, gazdasági jelentőséggel bíró fajták mellett kisebb létszámú, génmegőrzés szempontjából fontosakat is értékelnek.

BAUMUNGet al. (2002) osztrák nagyfehér és lapály, valamint pietrain fajták származási adatait dolgozták fel. A beltenyésztési együtthatók 1,13 és 1,43, míg a pedigrelteljesség 5,74 és 7,85 között változott. Az osztrák lapályra és a pietrain-re az effektív populációméretet is kiszámították.

JANSSENSet al. (2006) belga lapály és pietrain pedigrelket értékelték. Számításaik szerint a beltenyésztési együttható 3,15 és 2,36, pedigrelteljesség pedig 9 és 8,8 volt. Az átlagos generációs intervallumokat is meghatározták a két fajtára.

Mindkét kutatócsoport fontosnak tartotta az alapító és nem alapító ősök effektív létszámának, valamint az alapító ősök genom ekvivalens értékének kiszámítását.

BAUMUNG–PREVOST (2010) az osztrák turopolje sertések származási adatait vizsgálták. Nyomon követték az állomány beltenyésztettségének változását, a pedigrelteljességet, az effektív populációméretet, valamint az alapító ősöknek agenetikai variabilitáshoz való hozzájárulását.

PREVOST (2010) osztrák mangalica állomány genetikai értékelését végezte el. A 2004 és 2007 között született egyed pedigrelteljességére 2,54-es értéket számított. Meghatározta az alapítók (156), valamint az effektív alapítók számát (70,6) is.

DRUMLet al. (2012) több Kelet-közép-európai sertésfajta(köztük osztrák és szerb mangalica állományok) genetikai diverzitását, genetikai szerkezetét és genetikai távolságát értékelték marker alapú vizsgálataikkal. Elemzéseik szerint az osztrák és a szerb mangalica állományok álltak egymáshoz legközelebb.

A román mangalica állomány genetikai értékeléséről ZĂHAN et al. (2009) adtak áttekintést. Értékelésük két vörös mangalica állományból vett szőrminták mikroszatellit markerek alapján történő elemzésén alapult. Nagyfokú heterogenitást és alacsony beltenyésztettséggel álltak mindkét állományban, amit a magyar és osztrák állományokból történt tenyészállat-importokhatásával magyaráztak.

2.3 Pedigréanalízis egyéb gazdasági állatfajok esetében

A különböző lófajták származási adatainak értékelése tekinthető leginkább feldolgozottnak. Angol telivérek tudományos igényű értékelése fellelhető francia (MOUREAUXet al., 1996) és magyar állományokra (BOKORet al., 2013) is. Mindkét tanulmányban meghatározták a generációs intervallumokat, a pedigrelteljességet, az állomány beltenyésztettségét, valamint az alapító ősöket is vizsgálták. Az angol telivérek mellett arab lovak (CERVANTESet al., 2008;

GLAZEWSKA–JEZIERSKI, 2004; MOUREAUX et al., 1996), továbbá nemzetközi (ZECHNER et al., 2002) és helyi jelentőségű fajták (ROYO et al., 2007) pedigréjének elemzése is egyaránt kiterjedt irodalommal rendelkezik. A közétett eredményekben a pedigrelteljesség (2,97-15,2), és a beltenyésztettségi együttható (1,02-10,81) is tág határok között változik.

A szarvasmarha-fajtákra közétett kutatási eredmények között is megtalálhatóak a világfajták helyi részpopulációit értékelő (MC PARLAND et al., 2007; SORENSEN et al., 2005), valamint a helyi jelentőségű fajtákat bemutató tanulmányok is (BAUMUNG–SÖLKNER 2002; GUTIÉRREZ et al. 2003; MAIGNE et al., 1996).

Juhfajtákra számított mutatókat magyar merinó (KOMLÓSI et al., 2007), illetve francia húsjuh fajtákra (HUBY et al., 2003) vonatkozóan találhatunk.

A fenti állatfajokban is a beltenyésztettségi együttható, a generációs intervallum, valamint a pedigrelteljesség kiszámítása volt a középpontban.

3. Anyag és módszer

3.1 *A vizsgálati adatbázis bemutatása*

Az elemzés alapjául szolgáló származási adatokat Mangalicatenyésztők Országos Egyesülete bocsátotta rendelkezésünkre. A pedigre mindösszesen 19.156 egyed származási adatait tartalmazta. A legkorábbi származási adattal rendelkező sertések 1980-ban születtek. Az adatbázisban 2011-el bezárólag szerepelnek az Egyesületnél regisztrált sertések. A genetikai szerkezet értékelésére referencia-állományként a 2011-ben született egyedeket választottuk.

3.2 *Alkalmazott mérőszámok és szoftverek*

Az állományban előforduló homozigotizás jellemzésére több mérőszám is alkalmazható. A széles körben ismert beltenyésztési együttható adott lókuszon a származásilag azonos gének arányát fejezi ki. A beltenyésztési együttható pontossága függ a pedigre hosszától és teljességétől (BOICHARD et al., 1997). Az átlagos rokonsági fok annak a valószínűségét mutatja meg, hogy a teljes populációt jellemző pedigreből véletlenszerűen kiválasztott allél az egyedhez tartozik. A beltenyésztési együtthatóval együtt értékelhető, viszont hiányos és/vagy rövid pedigre esetén önállóan is jellemzi a populáció szerkezetét. Emellett az átlagos rokonsági fok az alpopulációk beltenyésztettségi szintjének összehasonlítására is használatos. Ha nagyobb, mint a beltenyésztési együttható fele, akkor nem sikerült elkerülni a rokon egyedek párosítását (GUTIÉRREZ et al., 2003).

A pedigre-teljesség kifejezi, hogy az egyedek származása hány teljes generációra nézve teljesen ismert (teljes generáció ekvivalens). A mérőszám számítása során a generációnkénti ismert ősök arányát összesítik. Számításakor a pedigreben legalább 3-4 generáció teljes ismerte lenne szükséges.

A generációs intervallumot négyféle leszarmazási úton (apa–fiú, apa–lány, anya–fiú, anya–lány) számítottuk ki a nyilvántartott egyedek, valamint azok szüleinek születési dátuma alapján. Ez az érték a szülők átlagos életkorát mutatja utódaik születésekor.

Az effektív populációmérettel az állomány genetikai variabilitását jellemeztük. A mérőszám meghatározását két módszerrel végeztük el. Először az adott évben ivadékkal rendelkező a tenyészkánok (N_m) és a tenyészkocák (N_f) száma alapján alábbi formula alapján:

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

A mérőszám meghatározásához második lépésként a beltenyésztési együtthatót vettük alapul a következő képlet segítségével:

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

ahol ΔF_y a populáció beltenyésztettségének évenkénti növekedése, L pedig a generációs intervallum.

Az alapító ősök száma azokat az ősöket mutatja meg, 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 száma ezt korigálja 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).

A vonalak közötti genetikai kapcsolatokat a Nei-féle távolsággal jellemeztük. A vonalak közötti Nei-féle távolságot $D^{ij} = D_{ij} - [(D_{ii} + D_{jj})/2] = [(f_{ii} + f_{jj})/2] - f_{ij}$ képlettel határoztuk meg, ahol f_{ij} az i és j vonalak közötti páronkénti leszármazási együttható.

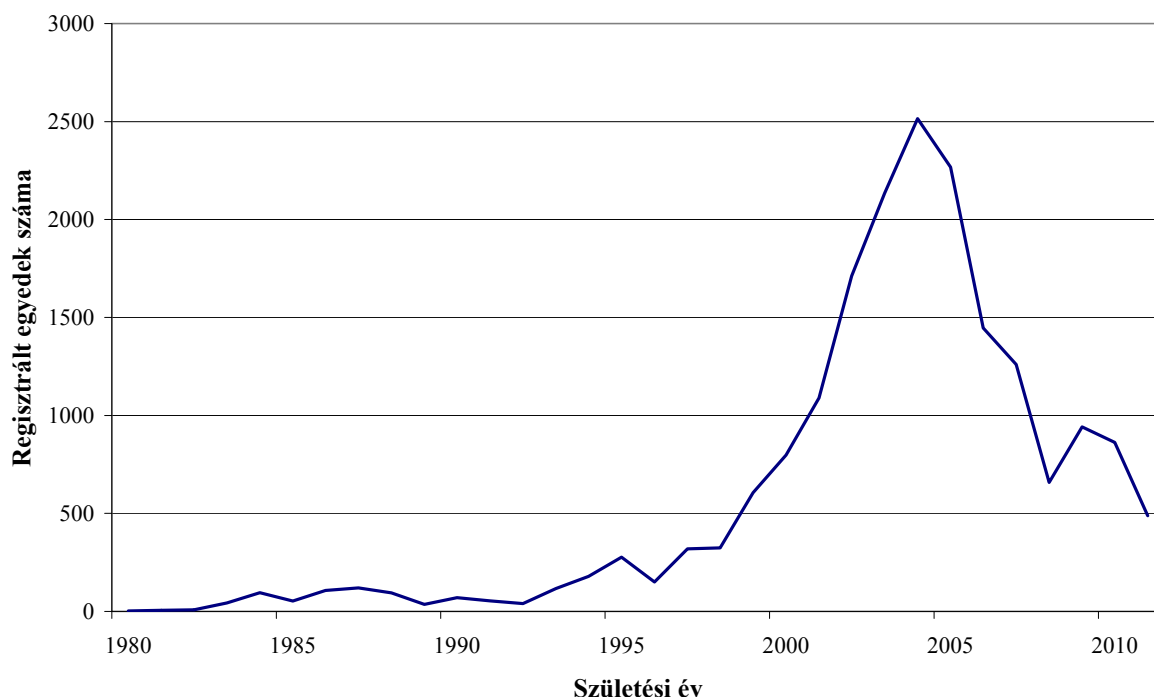
A regisztrált szőke mangalica állományt a pedigré-teljességgel, a generációs intervallummal, az alapítók (effektív) számával, a jelentősebb ősök variabilitást lefedő arányával, továbbá a beltenyésztési együtthatóval jellemeztük.

Valamennyi jellemzőt az ENDOG (GUTIÉRREZ – GOYACHE, 2005) és a Poprep (GROENEVELD et al., 2009) szoftvercsomagok alkalmazásával becsültük.

4. Eredmények és azok értékelése

4.1 A vizsgált állomány megoszlása

Az elemzett, 1980 és 2011 közötti adatokat felölelő, nyilvántartásban szereplő regisztrált szőke mangalicák születési évenkénti megoszlását az 1. ábra szemlélteti. Jól látható, hogy az ezredforduló után meredeken emelkedett a született egyedek száma, azonban ez a tendencia 2005-ben megfordult, és a regisztrált születések száma visszaesett évi 1000 alá. Ennek egyik oka az lehet, hogy a fajtatiszta létszám napjainkra már jelentősen megnőtt, másrészt gazdasági megfontolásból egyre több egyed vesz részt az árutermelő keresztezésekben, amelynek adatai nem szerepelnek az elemzett adatbázisban.



1. ábra: A regisztrált egyedek száma születési évenként

4.2 A generációs intervallum értékelése

A leghosszabb generációs intervallumot a kanelőállító kanok esetében tapasztaltuk (1. táblázat). Az egymást követő nemzedékek közötti legrövidebb távolságot a kocanevelő kocákra vonatkozóan számítottuk. A négyféle szülő-ivadék leszármazási út megfelelő generációs intervallumait páronként kétmintás t -próbával összehasonlítva a kanelőállító és a

koca-előállító kanok között szignifikáns eltérést tapasztaltunk ($P < 0,05$). Hasonló eredményre jutottunk a kannevelő, illetve a kocanevelő kocák esetében is ($P < 0,05$). A (feltételezetten átlagosnál jobb teljesítményű) kanelőállító kanokat átlagosan hat hónappal, míg a kannevelő kocákat három hónappal tovább tartották tenyésztésben, mint a koca-előállító és kocanevelőtársaikat. A kocanevelő kocákra, a kocaelőállító kanokra vonatkozó, valamint az átlagos értékeink elmaradtak JANSSENS et al. (2005) belga lapály állományra számított generációs intervallumánál (2,5), azonban a pietrain sertésekre közétett adatai (3,15) meghaladták az általunk számított valamennyi értéket.

1. táblázat

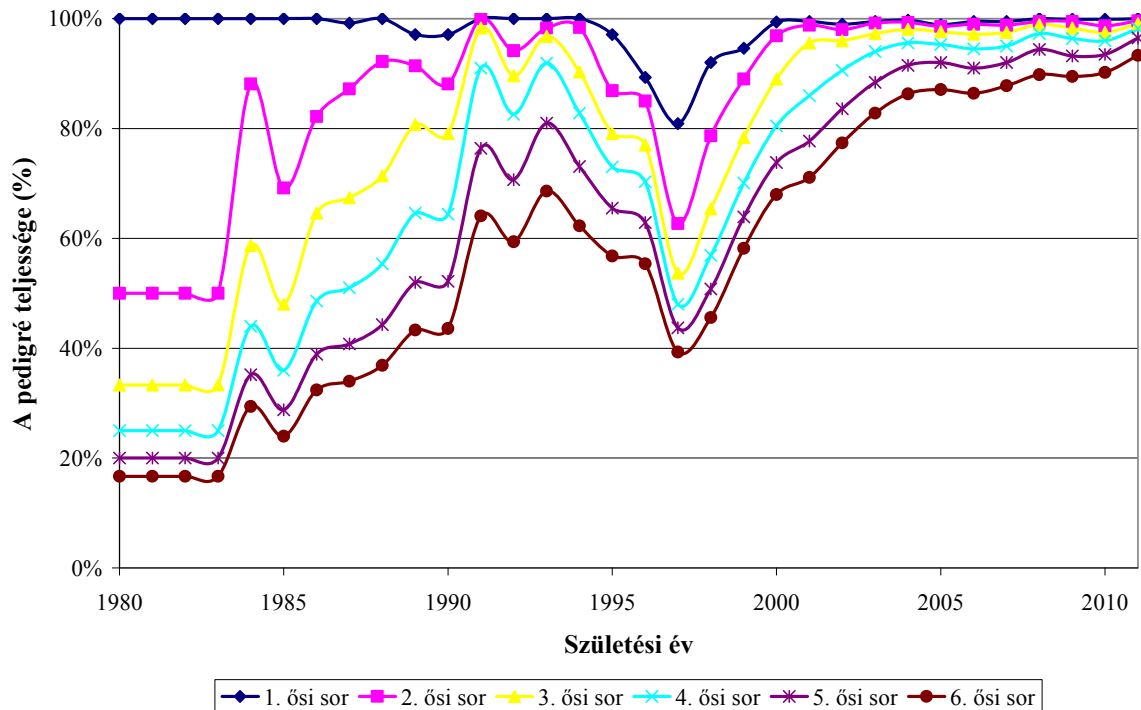
A szőke mangalica generációs intervallumai a négyféle szülő–ivadék származási út alapján

| Szülő-ivadék alternatívák | Ivadékok száma | Generációs intervallum | A generációs intervallum középértékének hibája |
|----------------------------------|-----------------------|-------------------------------|---|
| Kanelőállító kan | 493 | 2,99 | 0,090 |
| Koca-előállító kan | 5191 | 2,47 | 0,019 |
| Kannevelő koca | 491 | 2,57 | 0,059 |
| Kocanevelő koca | 5169 | 2,32 | 0,016 |
| Átlagosan | 11344 | 2,43 | 0,012 |

4.3 A pedigrelteljesség értékelése

A 2. ábra születési évenkénti bontásban mutatja be a származás ismertségét. A pontos adatrögzítés eredményeként a 2010 és 2011-ben született malacok 90%-ot meghaladó részének még a hatodik ősi sorban is ismert valamennyi őse. A származási adatok ismeretében az 1995 és 2000 közötti időszakban egy jelentős törés következett be, ezt azonban hamar sikerült korrigálni. Az átlagos pedigrelteljesség a teljes állomány esetében 6, míg a referencia-állományra vonatkozóan 8,15. Ezek az értékek elmaradnak JANSSENS et al. (2005) belga lapály (9) és pietrain (8,8) sertésekre számított értékeitől. A teljes állományra számított mutatónk BAUMUNG et al. (2002) osztrák pietrain populációra vonatkozó értékénél (5,74) magasabb, azonban elmarad az osztrák nagyfehér (7,85) és osztrák lapály (6,2) fajtákra számítottaktól. A referencia-állományra számolt értékünk nagyobb a BAUMUNG et al. (2002)

kutatásában szereplő valamennyi fajta pedigrelteljességétől. A teljes állomány számított átlagos pedigrelteljesség 3,13.



2. ábra: A születési évenkénti pedigrel-teljesség

A teljes összehasonlításhoz más gazdasági állatfajokkal történő összehasonlítás is hozzátartozik. A szőke mangalica állományra számított értékeink messze elmaradnak a több évszázados szigorú tenyésztői múlttal bíró lipicai (15,2; ZECHNER et al., 2002) és angol telivér (15,64; BOKOR et al., 2013) állományokra meghatározottaknál.

4.4 A genetikai eredet értékelése

A 2. táblázat áttekintést nyújt az értékelt szőke mangalica állomány genetikai szerkezetéről. Jól látható, hogy a jelenlegi referencia populáció genetikai lefedettsége lényegesen kevesebb össel jellemezhető, ami jelentős génvesztésre utal. A 2011-ben született egyedek teljes változatosságát mindössze 94 egyeddel le lehet fedni, ami fokozott figyelmet kíván a tenyésztőktől.

2. táblázat.**A szőke mangalica állomány genetikai eredetének koncentrációja**

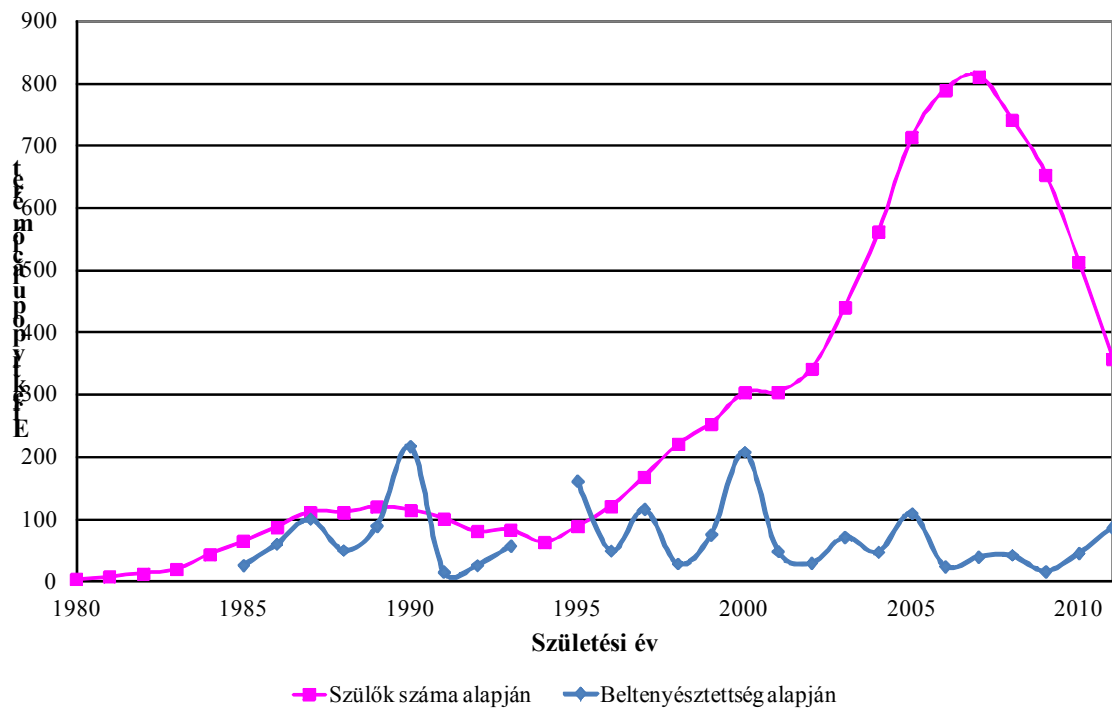
| A genetikai variabilitás lefedettségének aránya | Teljes állomány | Referencia állomány |
|--|------------------------|----------------------------|
| 50% | 9 | 7 |
| 70% | 19 | 13 |
| 100% | 412 | 94 |

Az alapító ősök effektív létszáma 55, a nem-alapító ősöké 26 a teljes állományban. A referencia-populációban az alapító ősök létszáma 45, míg a nem-alapító ősöké 19 (3. táblázat). Nem-alapító ősök effektív létszámának és az alapító ősök effektív létszámának aránya mindkét számítási módnál arra utal, hogy a fajta történetében a génkészlet beszűkült, „palacknyak” effektus lépett fel. A számított értékeink messze elmaradnak BAUMUNGet al. (2002) osztrák nagyfehér, osztrák lapály és pietrain fajtákra (fe: 267-334; fa: 59,2-88,6), valamint JANSSENS et al. (2005) belga lapályra és pietrain-re (fe: 124,8-369,9; fa: 43,5-155,5) számított értékeinél.

3. táblázat.**A alapító és nem-alapító ősök száma a szőke mangalica állományban**

| Mutató | Alapító ősök létszáma (fe) | Nem-alapító ősök létszáma (fa) | fa/fe (%) |
|---------------------|-----------------------------------|---------------------------------------|------------------|
| Teljes állomány | 55 | 26 | 47,27 |
| Referencia állomány | 45 | 19 | 42,22 |

Az effektív populációméret változását kétféleképpen, a születési éveket, illetve a beltenyésztettség változását alapul véve is vizsgáltuk (3. ábra). Mivel a szőke mangalica esetében zárt populációról van szó, így a beltenyésztettség évenkénti változásából számított effektív populációméret is figyelembe vehető. Amikor az évenkénti beltenyésztettség nem változott, a mutató számítása nem lehetséges. Ez okozta az 1994-es évben hiányzó értéket. Az adott évi szülők számából kiinduló számítás nagy ingadozásait az állomány méretének kilengései okozhatták.



3. ábra: Az effektív populációméret változása

4. táblázat

A teljes szőke mangalica állomány genetikai variabilitásához legnagyobb arányban hozzájáruló ősök leírása

| Egyed azonosítója | Ivara | Születési év | Variabilitás lefedettségének aránya (%) |
|-------------------|-------|--------------|---|
| 789914 | 1 | - | 3,977 |
| 792651 | 1 | - | 3,777 |
| 792657 | 1 | - | 3,547 |
| 788831 | 1 | - | 3,095 |
| 795228 | 2 | 1995 | 3,021 |
| 783217 | 2 | - | 2,799 |
| 1417491 | 1 | - | 2,594 |
| 1417499 | 2 | - | 2,594 |
| 788851 | 2 | 1982 | 2,398 |
| 793532 | 1 | 1993 | 2,372 |

Az alapító ősök hatását először a teljes állományra mutatjuk be (4. táblázat). A tíz jelentősebb ős között hat kan és négy kocát találunk. A legjelentősebb ős 3,9%-os lefedettségi aránnyal egy kan. A viszonylag alacsony értékek a populáció fenntartása szempontjából előnyösnek tekinthetők.

A 5. táblázatban a referencia-populációnak választott egyedekre vonatkoztatva mutatjuk be a genetikai variabilitásért leginkább felelős ősöket. A 2011-ben született egyedekre hét kan és három koca gyakorolta a legnagyobb hatást. A 4,7%-os lefedettségi arány az állomány genetikai variabilitásának fenntartása szempontjából kedvező lehet.

5. táblázat

A szőke mangalica referencia-állomány genetikai variabilitásához legnagyobb arányban hozzájáruló ősök leírása

| Egyed azonosítója | Ivara | Születési év | Variabilitás lefedettségének aránya (%) |
|-------------------|-------|--------------|---|
| 789914 | 1 | - | 4,763 |
| 795228 | 2 | 1995 | 4,429 |
| 792657 | 1 | - | 4,005 |
| 792651 | 1 | - | 3,826 |
| 788831 | 1 | - | 3,526 |
| 793511 | 1 | 1997 | 3,416 |
| 783257 | 1 | - | 3,204 |
| 795234 | 2 | 1995 | 3,163 |
| 795277 | 1 | 1998 | 3,163 |
| 788851 | 2 | 1982 | 2,935 |

4.5 Az állomány beltenyésztettségének értékelése

A teljes állomány legmagasabb beltenyésztési együtthatóval bíró egyedeit az 6. táblázatban mutatjuk be. Meglepetésnek tűnik, hogy a 41,72 százalékos beltenyésztettségű együtthatójú „788188” kan mellett valamennyi egyed nőivarú. A „789426” azonosítójú kan ivadékai két különböző tenyészetben termelő kocáktól, míg a „788177” azonosítójú kan leginkább

beltenyésztett leszármazottjai ugyanabban a tenyészetben található két kocától származnak. A szélsőségesen magas együttthatók azonban felvetik a kérdést, hogy ezekben az esetekben tervezett párosításokról van szó nagy genetikai értékű ősökre, vagy esetleg más van a háttérben? Sajnos féltő, hogy nem tervezett és tudatos, hanem a véletlen következményei voltak ezek a párosítások.

A teljes állomány átlagos beltenyésztettsége 3,86%-os. Ez az érték lényegesen magasabb BAUMUNGet al. (2002) osztrák nagyfehér (1,43), osztrák lapály (1,13) és pietrain (1,34) állományokra, és JANSSENSet al. (2005) belga lapály (3,15) és pietrain (2,36) fajtákra számított értékeitől. Az utóbbi vizsgálatokat nagy egyedszámú, ún. világfajtákkal végezték, míg a mangalica egy génmegőrzésre szoruló zárt, a fajta méretét tekintve pedig kis populációt reprezentál.

6. táblázat.

A legmagasabb beltenyésztettségi együttthatójú egyedek a teljes állományban

| Azonosító | Ivar | Apja | Anyja | Születési dátum | Telepkód | Beltenyésztettség mértéke (%) |
|-----------|------|--------|---------|-----------------|----------|-------------------------------|
| 1830416 | 2 | 786756 | 1752396 | 2010.06.02 | 15407 | 45,74 |
| 788188 | 1 | 789426 | 788165 | 2003.07.20 | 5159 | 41,72 |
| 788177 | 2 | 789426 | 788165 | 2002.07.04 | 5159 | 41,72 |
| 788262 | 2 | 789426 | 788165 | 2004.10.09 | 5159 | 41,72 |
| 1554347 | 2 | 791036 | 791101 | 2004.11.07 | 8104 | 41,48 |
| 791133 | 2 | 791036 | 791102 | 2004.07.24 | 14187 | 41,48 |
| 1555132 | 2 | 791036 | 791101 | 2004.11.07 | 8104 | 41,48 |
| 791132 | 2 | 791036 | 791102 | 2004.07.24 | 14187 | 41,48 |
| 1547827 | 2 | 791036 | 791101 | 2004.11.07 | 8104 | 41,48 |

A referencia-állomány leginkább beltenyésztett egyedeit a 7. táblázat mutatja be. Mindenképpen szükséges kiemelni, hogy a bemutatott egyedek mindegyike nőivarú. A 2011-ben született egyedek között az együtttható maximális mértéke 7,36%, a 488 egyed közül mindössze hat olyan malacot találtunk, amelyek szülei nem rendelkeznek közös ősökkel.

A referencia-állomány átlagos beltenyésztettsége 3,81%-os, ami megegyezik a teljes állományra számított értékkel, és ugyancsak meghaladja BAUMUNGet al. (2002) osztrák

nagyfehér (1,43), osztrák lapály (1,13) és pietrain (1,34) állományokra, valamint JANSSEN Set al. (2005) belga lapály (3,15) és pietrain (2,36) fajtákra számított értékeitől.

7. táblázat.

A legmagasabb beltenyésztettségi együtthatójú egyedek a szőke mangalica referencia-állományban

| Azonosító | Ivar | Apja | Anyja | Születési dátum | Telepkód | Beltenyésztettség mértéke (%) |
|-----------|------|---------|---------|-----------------|----------|-------------------------------|
| 1831774 | 2 | 785351 | 1797341 | 2011.03.12 | 4423 | 7,36 |
| 1831229 | 2 | 1752778 | 1721411 | 2011.02.24 | 14164 | 7,01 |
| 1833340 | 2 | 1797346 | 1624640 | 2011.12.26 | 14186 | 6,50 |
| 1822510 | 2 | 1754817 | 1801101 | 2011.05.23 | 3180 | 6,13 |
| 1822517 | 2 | 1754817 | 1801101 | 2011.05.23 | 3180 | 6,13 |
| 1815027 | 2 | 1754815 | 784257 | 2011.02.10 | 3180 | 6,05 |
| 1815025 | 2 | 1754816 | 784217 | 2011.01.10 | 3180 | 6,05 |
| 1815035 | 2 | 1754816 | 784217 | 2011.01.10 | 3180 | 6,05 |
| 1815084 | 2 | 1754816 | 784217 | 2011.01.10 | 3180 | 6,05 |
| 1815097 | 2 | 1754816 | 784217 | 2011.01.10 | 3180 | 6,05 |
| 1815099 | 2 | 1754816 | 784217 | 2011.01.10 | 3180 | 6,05 |

4.6 A teljes állományban leginkább beltenyésztett egyedek származásának elemzése

A teljes állomány vizsgálatakor több szélsőségesen magas beltenyésztettségű egyedet is találtunk (6. táblázat). Az azonos párosításból született malacok esetében egy egyeden keresztül mutatjuk be részletesen a származást. A legmagasabb beltenyésztési együtthatójú „1830416” származása az 1. mellékletben látható. A származást közelebbről megvizsgálva látható, hogy az apát négy alkalommal is a lányaival párosították.

A „789426” kant és a „788165” kocát három alkalommal is párosították egymással. Az ebből a párosításból született ivadékok származását a 2. melléklet szemlélteti. Ebben az esetben is apa-lánya párosításról van szó, amit a származási adatok tanúsága szerint háromszor ismételték meg.

A „791036” kannak a „791101” és a „791102” kocáktól születtek igen szorosan beltenyésztett ivadékaik. A 3. és 4. mellékletekben bemutatott származási adatokból kitűnik, hogy a kocák édestestvérek, így mindkét esetben apa-lánya párosításról van szó. A rokontenyésztettséget fokozza, hogy mindkét koca édestestvér párosításból származik.

4.7 A referencia-állományban leginkább beltenyésztett egyedek származásának elemzése

A 2011-ben született egyedek beltenyésztettsége lényegesen alacsonyabb, mint a ltejes állomány esetében előforduló szélsőséges értékek (7. táblázat). A „1831774” egyed származását az 5. mellékletben mutatjuk be. A két szülő származásában több közös ős is fellelhető. Az apai nagyapa és az anyai nagyapa apja ugyanabból a párosításból származik. Ugyancsak megegyezik az egyik apai és az egyik anyai dédszülő apja is.

A „1831229” egyed származását a 6. melléklet szemlélteti. A viszonylag magas beltenyésztettség ellenére az öt nemzedékre visszatekintő származási lapon közös őseket nem találtunk. Ez a távoli ősek közötti egyezőségre utal, aminek oka valószínűleg a kiindulási kisebb állomány nagyság lehet.

A 7. mellékletben a „1833340” azonosítójú egyedet mutatjuk be. Közös ősek a harmadik ősi sorban bukkannak fel, az apai nagymama és az anyai nagyapa apja egyezik meg.

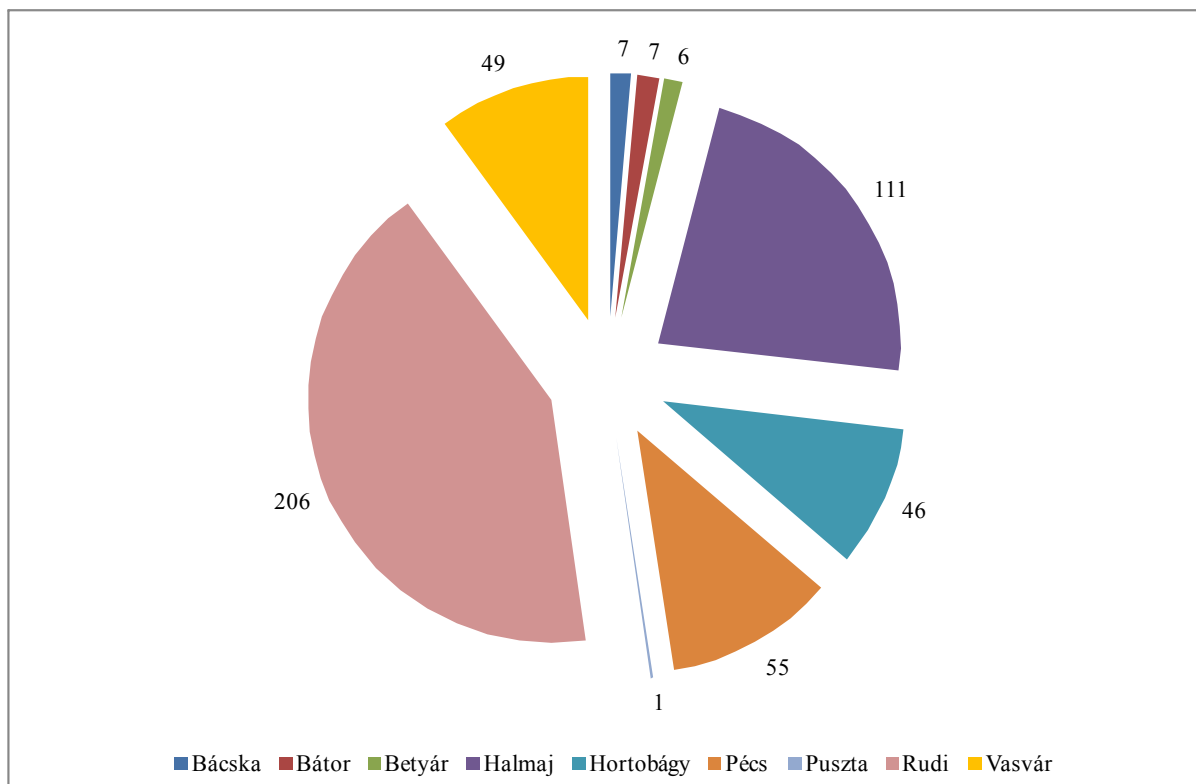
A „1822510” azonosítójú egyed, bár a beltenyésztettsége 6,13%, csak az ötödik ősi sorban találunk közös őst (8. melléklet). A becsült beltenyésztettsége arra utal, hogy a származási lapon már nem szereplő ősek között kell keresnünk a közös egyedet.

A 9. melléklet a „1815025” azonosítójú koca származását mutatja be. A közös ős (789930) ebben az esetben az apai származásharmadik, és az anyai származás negyedik ősi sorában lelhető fel.

4.8 Az vonalak közötti genetikai távolság értékelése

A 2011-ben született egyedek vonalankénti megoszlását szemlélteti a 4. ábra. A génmegőrzés szempontjából mindegyik vonal fenntartása kívánatos lenne, a lehetőségekhez képest egyenlő arányban képviseltetve azokat a fajtán belül. A rendelkezésre álló adatok szerint a vonalak között nagyfokú egyenlőtlenség tapasztalható, a széles körben használt „Rudi” és „Halmaj” vonalak mellett több vonalba alig tartozott ivadék a referencia-állományban. Különösen

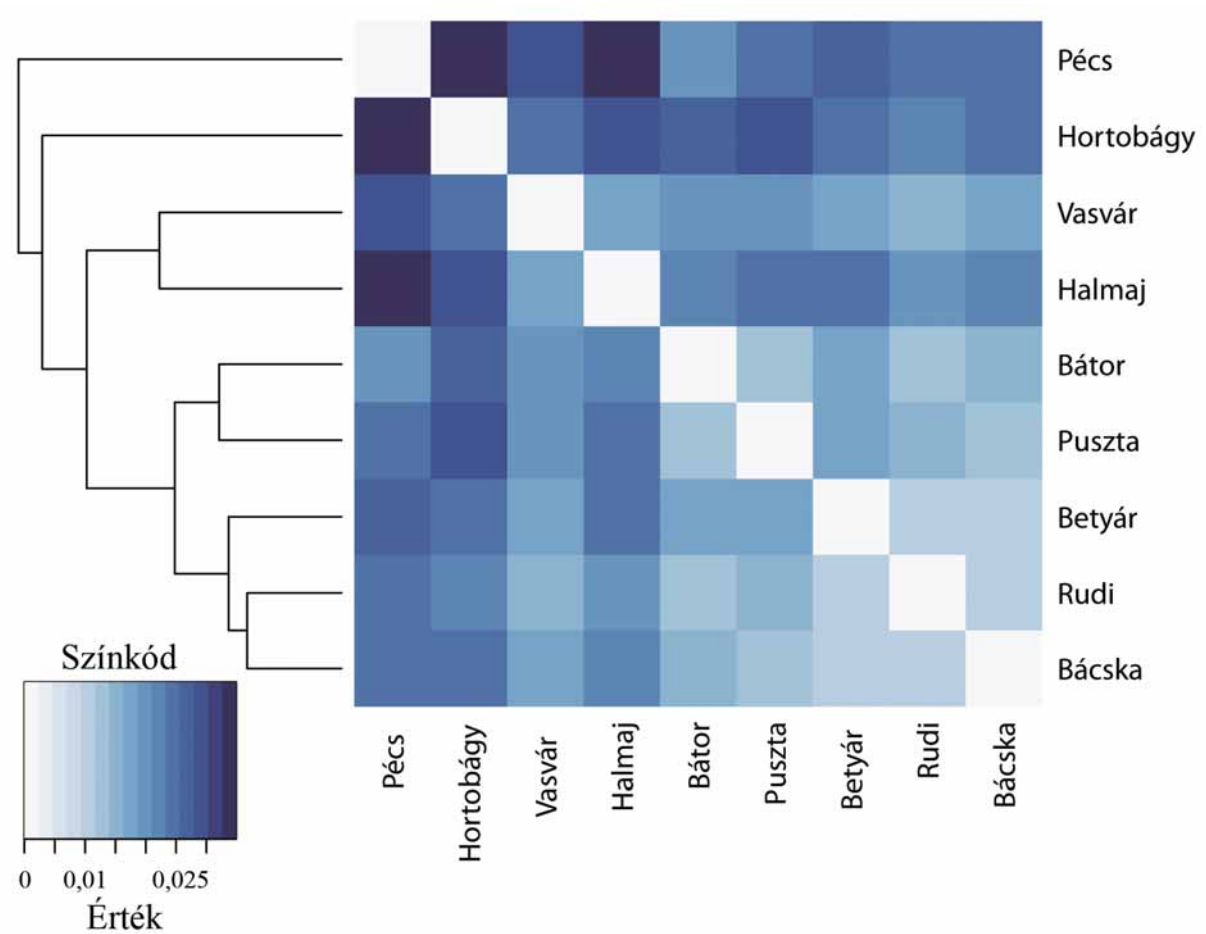
figyelni szükséges a „Pusztá” vonalra, de a 6-7 ivadékkal szereplő „Betyár”, „Bátor” és „Bácska” vonalak állapota is aggodalomra ad okot.



4. ábra: A vonalakba sorolható ivadékok megoszlása a referencia populációban

A 2011-ben aktív tenyészkánok vonalai közötti genetikai távolságot az 5. ábrán mutatjuk be. A színskálán a világos szín az alacsony távolságot, míg a sötétebb árnyalat a nagyobb genetikai távolságot jelöli. A legnagyobb távolságot a „Péc” és a „Halmaj” (0,0341), valamint a „Péc” és a „Hortobágy” (0,0349) vonalak között becsültük. Egymáshoz legközelebb a „Bácska”, „Betyár” és „Rudi” vonalak („Bácska”–„Betyár”: 0,0104; „Bácska”–„Rudi”: 0,0099 és „Betyár”–„Rudi”: 0,0113) tartoznak. Ezt megerősíti a dendogramos ábrázolás is, amely szerint a „Péc” vonal a származási adatok alapján a 2011-ben aktív többi vonaltól a legtávolabbra sorolható be.

A teljes állományra vonatkozóan a 10. mellékletben mutatjuk be a vonalak közötti genetikai távolságokat. A mellékletben a már kipusztult vonalakat is bemutatjuk. Egymáshoz legközelebb ebben az esetben is a „Bácska” és a „Rudi” vonalak vannak, míg egymástól legtávolabbi két már kipusztult vonal, az „Igal” és a „Solt” (0,222), található, ami a dendogramos ábrázolásban is jól látható.

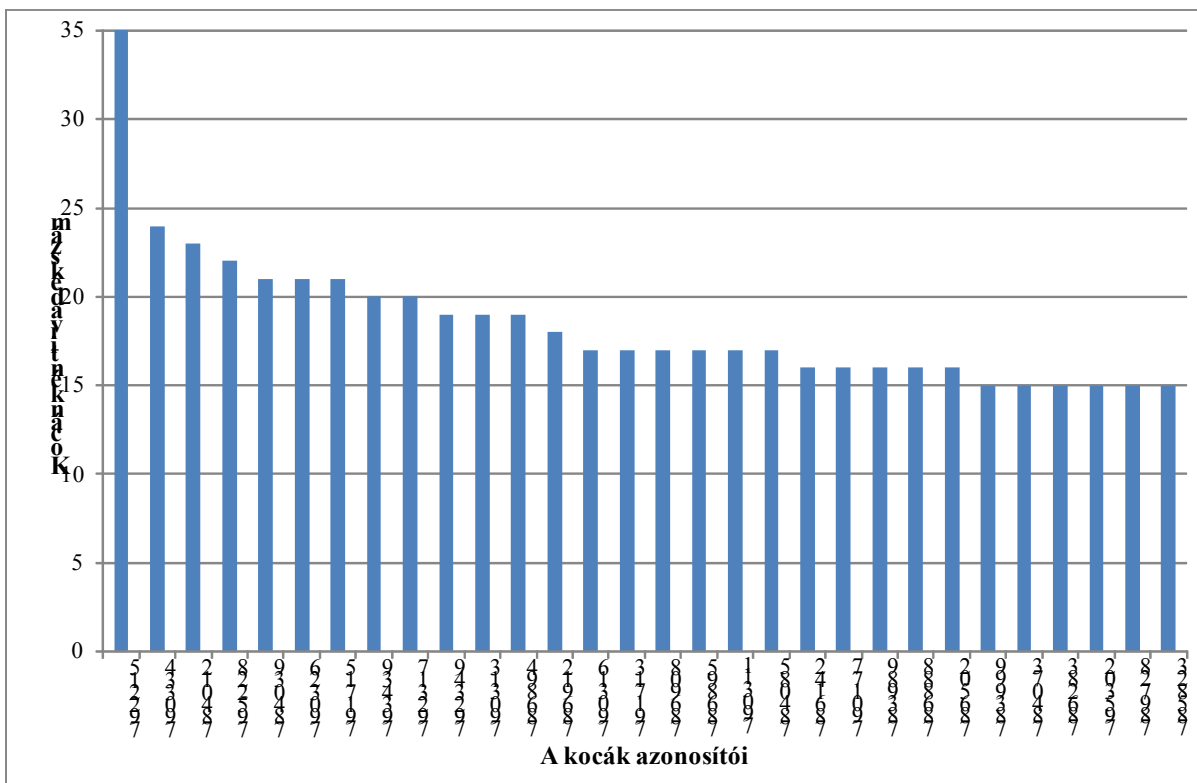


5. ábra: A 2011-ben ivadékkal rendelkező vonalak közötti Nei-féle genetikai távolságok

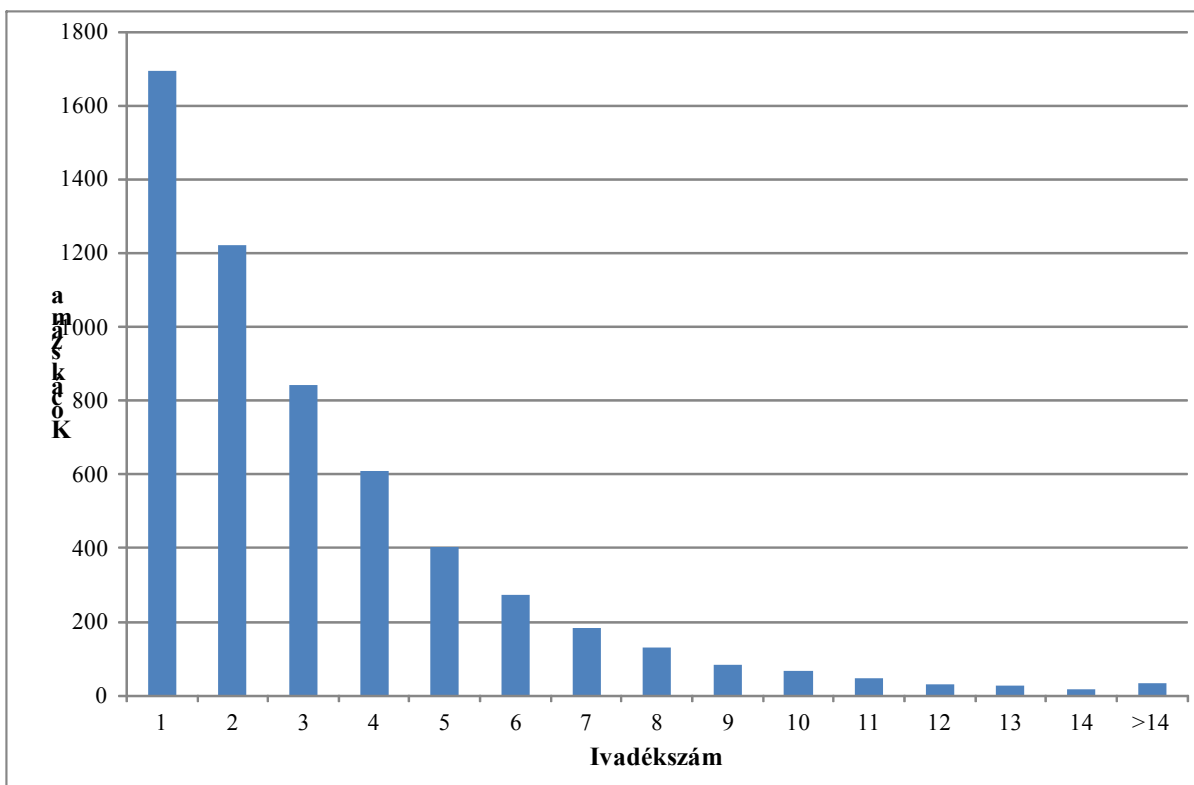
4.9 Az ivadékszám értékelése az állományban

A génmegőrzési feladatok ellátásakor fontos az állomány sokféleségének, genetikai variációjának fenntartása. FALCONER–MACKAY (1996) szerint *ideális feltételek* esetén a potenciális szülőknek egyenlő esélyük van részt venni a következő nemzedék kialakításában. Ez a gyakorlatban nem valósul meg, így az egyes párosításokból kiválasztott ivadékok száma nagyon változó lehet. Ennek csökkentéséhez segítséget nyújthat, ha a továbbtenyésztésre szánt egyedek kiválasztásakor igyekeznek minél több párosításból meghagyni utódot, és elkerülni egy-egy tenyészállat túlzott szerephez jutását.

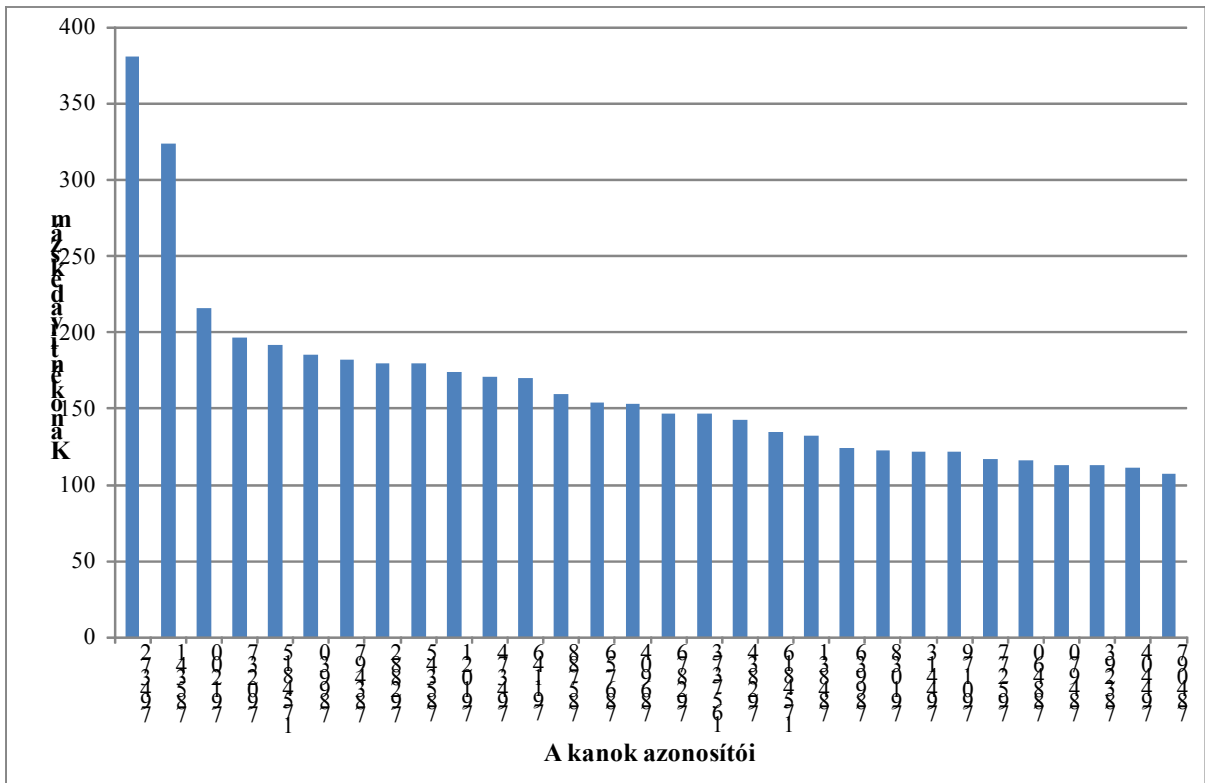
A 30 legtöbb ivadékkal bíró kocákat a 6. ábrán mutatjuk be. A legtöbb ivadékkal a „792215” azonosítójú koca szerepel a nyilvántartásban. A második legtöbb utódot a „790334” számú kocától nyerték.



6. ábra: A legtöbb ivadékkal rendelkező kocák megoszlása



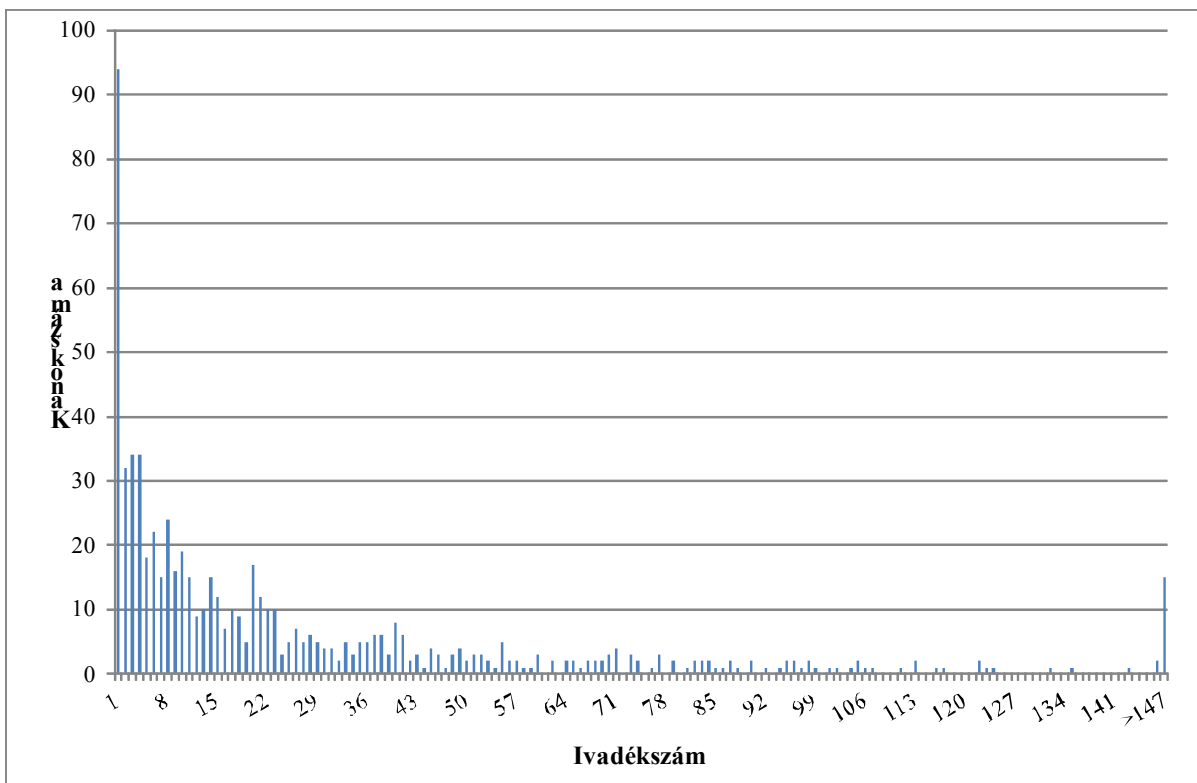
7. ábra: A kocánkénti ivadékszám megoszlása



8. ábra: A legtöbb ivadékkal rendelkező kanok megoszlása

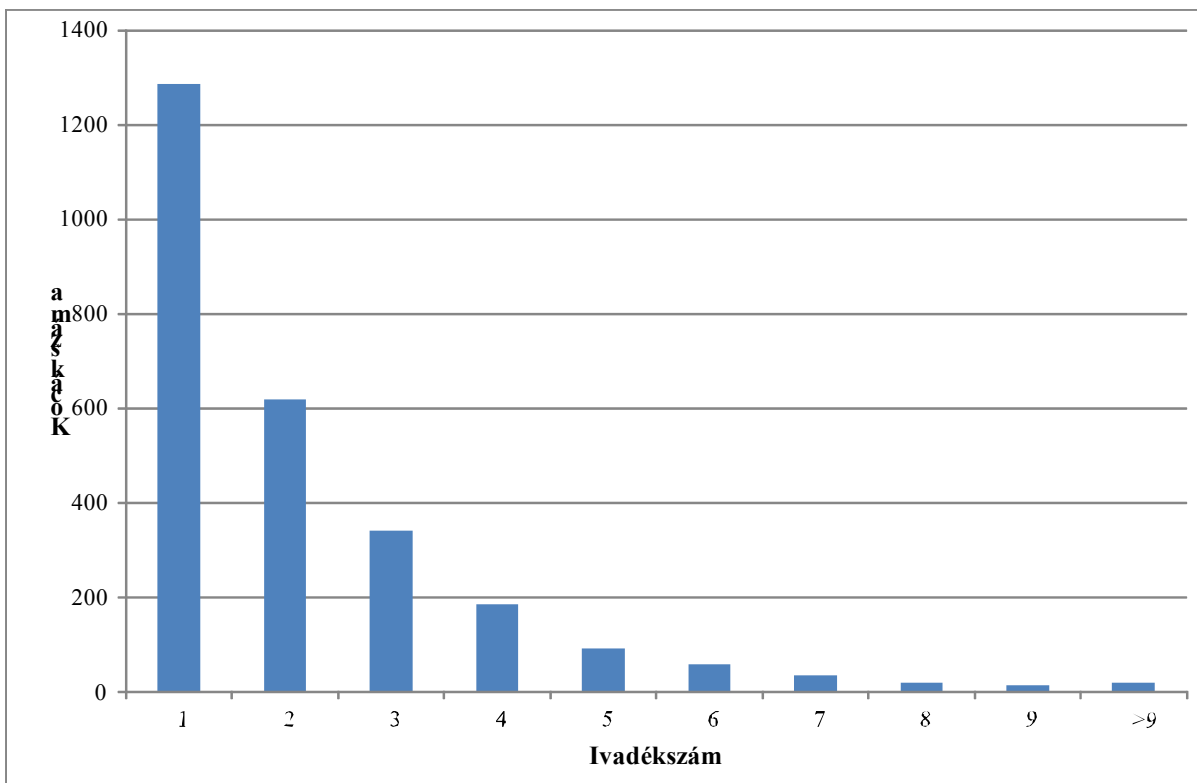
A kocánkénti ivadékszám (7. ábra) a fajtában folytatott szelekcióról is szolgáltat adatokat. A nyilvántartott kocák 30%-a mindössze egy, 22%-a pedig két ivadékkal szerepelt. Tíznel több ivadéka csak a kocaállomány 1%-ának volt a kiindulási adatbázis szerint.

A 30 legtöbb ivadékkal bíró kanokat a 8. ábra szemlélteti. A legtöbb ivadékkal a „794372”-ös azonosítójú, a „Rudi” vonalba tartozó kan szerepelt a nyilvántartásban. A második legtöbb ivadékot a „785341” számú, „Vasvár” vonalú kantól nyerték. Mindkét kantól több mint 300 nyilvántartott utód szerepelt a kiindulási adatbázisban.

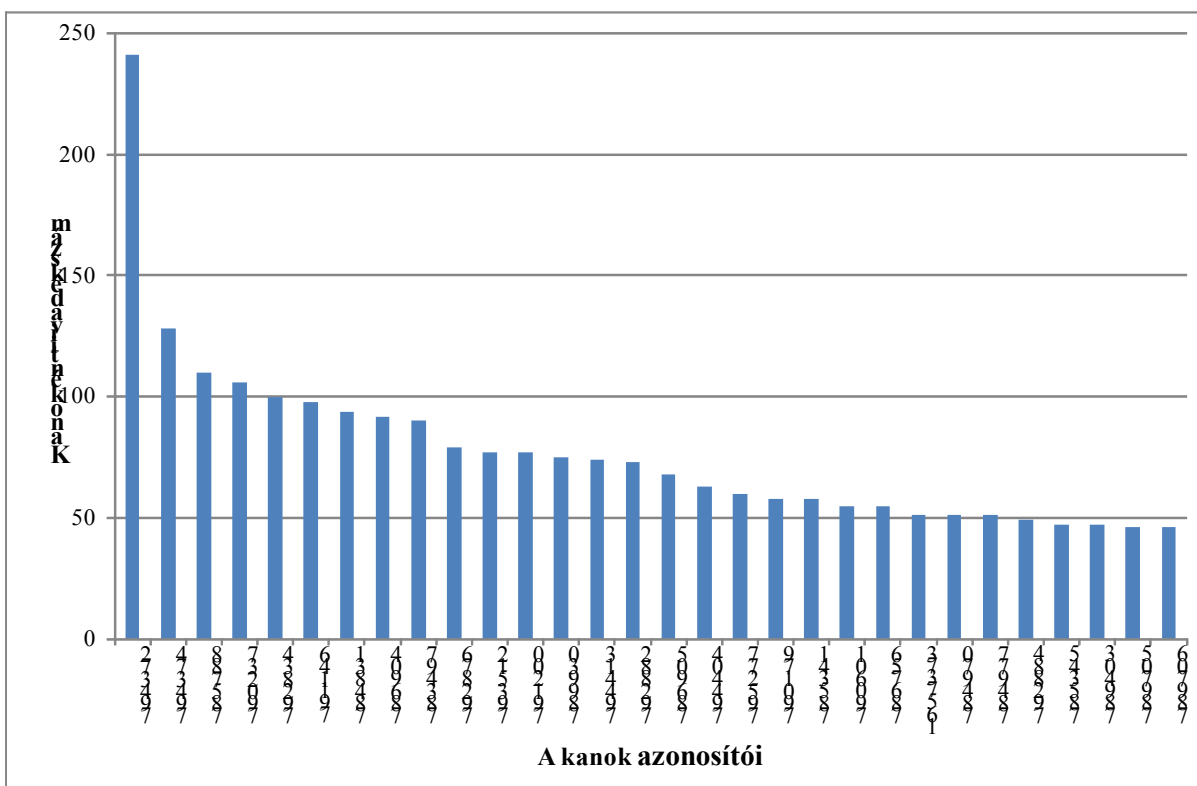


9. ábra: A kanonkénti ivadékszám megoszlása

A kanonkénti ivadékszámot a 9. ábrán mutatjuk meg. A kocáknál közöltekhez hasonlóan a nyilvántartott kanok jelentős részének (14%-ának) mindössze egy, további 15%-ának pedig kettő-négy ivadéka szerepelt a nyilvántartásban. Száznál több ivadékkal csak a kanok elhanyagolható részerendelkezett tenyészteljesítménye értékelésekor.

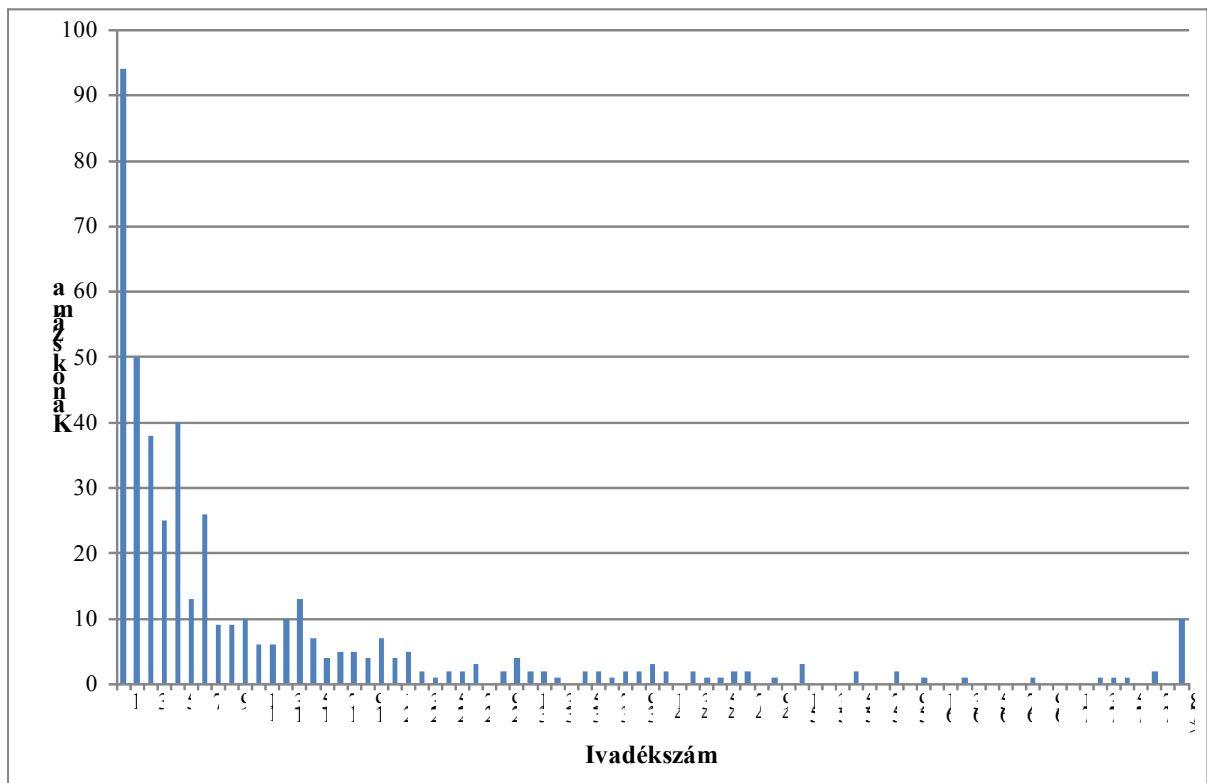


11. ábra: A kocánkénti továbbtenyésztésre kiválasztott ivadékszám megoszlása



12. ábra: A legtöbbtovábbtenyésztésre kiválasztott ivadékkal rendelkező kanok megoszlása

A 30 legtöbb továbbtenyésztésre kiválasztott utóddal rendelkező kant a 12. ábra mutatja be. Közel 250 utódot választottak ki továbbtenyésztésre az egyébként is a legtöbb ivadékkal a bíró „794372”-ösazonosítójú tenyészkantól. A második legtöbb utódot a „794374” számú, „Bácska” vonalú kantól választották ki továbbtenyésztésre. Száznál több ivadékot választottak még ki a „785788” („Vasvár” vonalú) és a „790237” („Bácska” vonalú) azonosítójú tenyészkantoktól.



13. ábra: A kanonkéntitovábbtenyésztésre kiválasztott ivadékszám megoszlása

A továbbtenyésztésre kiválasztott utódotok számának kanonkéntimegoszlását a 13. ábrán mutatjuk meg. A nyilvántartott kanok mintegy 20%-ának mindössze egy, további 11%-ának pedig két utóda kapott szerepet a tenyésztésben. Ötvennél több utódot a nyilvántartásban szereplő tenyészkantok 5,5%-ától választottak ki továbbtenyésztésre.

5. Következtetések és javaslatok

A vizsgált szőke mangalica állományban a különböző leszármazási utakon számított generációs intervallum 2,32 és 2,99 között változott. A legrövidebb nemzedékközt a kocanevelő kocák, míg a leghosszabbat a kanelőállító kanok esetében számítottuk.

A állomány genetikai variabilitásáért a teljes állományban 412, míg a referencia-populációban 94 egyed felelős. A variabilitás 50%-áért a teljes állományban 9, a referencia-állományban 7 egyed felelős. A teljes állomány és a referencia-állomány genetikai variabilitásához egyaránt a „789918” azonosítójú kan járult hozzá a legnagyobb mértékben (3,97%, illetve 4,76%).

A teljes állomány értékelésekor több szélsőségesen rokontenyésztett (40% fölötti beltenyésztettségű) egyedet is találtunk. Jellemző a többször is megismételt szülő-ivadék párosítás. A referencia-állományban a szoros rokontenyésztés nem jellemző, azonban a 488 egyed közül mindössze hat nem beltenyésztett. A szoros rokontenyésztettség megakadályozása a telepektől nagyobb körültekintést és tenyésztői fegyelmet igényel.

Vizsgálataink szerint a genealógiai vonalak között nagyfokú egyenlőtlenség tapasztalható. A széles körben használt „Rudi” és „Halmaj” vonalak mellett a „Pusztá”, de a 6-7 ivadékkal szereplő „Betyár”, „Bátor” és „Bácska” vonalak állapota is aggodalomra ad okot.

A még meglévő kilenc vonal között a legnagyobb Nei-féle genetikai távolságot a „Hortobágy” és a „Pécs” vonalak között találtuk (0,034918), a már kipusztult vonalakat is figyelembe véve az „Igal” és a „Solt” vonalak vannak egymástól a legtávolabb (0,222). Egymáshoz legközelebb minkét esetben a „Bácska” és a „Rudi” vonalak vannak (0,00992).

A kocák közül a „792215”, míg a kanok közül a „794372”-ös azonosítójú állat szerepel a legtöbb ivadékkal a nyilvántartásban. A nyilvántartott kocák 30%-a, a kanok 14%-a mindössze egy ivadékkal szerepel. A legtöbb továbbtenyésztésre kiválasztott utóddal a „795228”-as azonosítójú koca és a „794372”-ös azonosítójú tenyészkan szerepel a nyilvántartásban.

6. Szakirodalom jegyzék

- 1) **BAUMUNG, R. – PREVOST, B.: 2010.** Founder Analysis Of The Austrian Turopolje Population. 9th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. Leipzig, Germany PP3-40.
- 2) **BAUMUNG, R. – SÖLKNER, J.: 2002.** Analysis of pedigrees of Tux-Zillertal, Carinthian Blond and Original Pinzgau cattle population in Austria. Journal of Animal Breeding & Genetics. 119. 175–181p.
- 3) **BAUMUNG, R. – WILLIAM, A. – FISCHER, C. – SÖLKNER, J.: 2002.** Pedigree analysis of pig breeds in Austria. 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. Montpellier, France, 03-20.
- 4) **BODÓ I.: 1991.** A géntartalékok megőrzése az állattenyésztésben. MTA disszertáció, Budapest
- 5) **BODÓ I.: 2002.** A biológiai sokféleség megőrzése a magyar házi állatfajtákban. Agrártudományi Közlemények, Acta Agraria Debreceniensis. 2002/9. 16-27p.
- 6) **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. 29–23p.
- 7) **BOICHARD, D.: 2002.** PEDIG: A FORTAN package for pedigree analysis suited for large populations. 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. Montpellier, France, 28–13p.
- 8) **BOKOR Á. – JÓNÁS D. – DUCRO, B. – NAGY I. – BOKOR J. – SZABARI M.: 2013.** Pedigree analysis of the Hungarian Thoroughbred population. Livestock Science. 151. 1–10p.
- 9) **CERVANTES, I. – MOLINA, A. – GOYACHE, F. – GUTIÉRREZ, J.P. – VALERA, M.: 2008.** Population history and genetic variability in the Spanish Arab Horse assessed via pedigree analysis. Livestock Science. 113. 24–33p.
- 10) **DRUML, T. – SALAJPAL, K. – DIKIC, M. – UROSEVIC, M. – GRILZ-SEGER, G. – BAUMUNG R.: 2012.** Genetic diversity, population structure and subdivision of local Balkan pig breeds in Austria, Croatia, Serbia and Bosnia-Herzegovina and its practical value in conservation programs. Genetics Selection Evolution. 44:5
- 11) **EGERSZEGI I. – RÁTKY J. – SOLT I. – BRÜSSOW, K.P.: 2003.** Mangalica - an indigenous swine breed from Hungary (Review). Archiv für Tierzucht. 46.3. 245-256p.

- 12) **FALCONER, D.S. – MACKAY, T.F.:** 1996. Introduction to Quantitative genetics, 4th ed. John Wiley + Sons Inc., New York
- 13) **GLAZEWSKA, I. – JEZIERSKI T.:** 2004. Pedigree analysis of Polish Arabian horses based on founder contributions. *Livestock Production Science*. 90. 293–298p.
- 14) **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): 1158-1178p.
- 15) **GUTIÉRREZ, J.P. – ALTARRIBA, J. – DÍAZ C. – QUINTANILLA, R. – CANON, J – PIEDRAFITA, J.:** 2003. Genetic analysis of eight Spanish beef cattle breeds. *Genetics Selection Evolution*. 35. 43-63p.
- 16) **GUTIÉRREZ, J.P. – GOYACHE, F.:** 2005. A note on ENDOG: a computer program for analysing pedigree information. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 122. 172-176p.
- 17) **HUBY, M. – GRIFFON, L. – MOUREAUX, S. – DE ROCHAMBEAU, H., – DANCIN-BURGE, C. – VERRIER, É.:** 2003. Genetic variability of six French meat sheep breeds in relation to their genetic management. *Genetics Selection Evolution*. 35. 637–655p.
- 18) **JANSSENS, S. – DEPUYDT, J. – SERLET, S. – VANDEPITTE, W.:** 2005. Genetic variability in pigs assessed by pedigree analysis: the case of Belgian Landrace NN and Pietrain in Flanders. 56th Annual Meeting of EAAP, Uppsala, Sweden, *Com. Anim. Genet.*, Session G2. 39p.
- 19) **KOMLÓSI I. – SÁFÁR L. – HAJDUK P. – DOMANOVSKY Á.:** 2007. A magyar merinó populáció szerkezetének jellemzése az ellenőrzött tenyészetek alapján. XLIX. Georgikon Napok, Keszthely
- 20) **KOVÁCS J.:** 2006. A mangalica fajta múltja, szerepe Magyarország XIX. és XX. századi állattenyésztésében. *Állattenyésztés és Takarmányozás*. 55.3. 195-202p.
- 21) **MAIGNEL L. – BOICHARD D. – VERRIER E.:** 1996. Genetic variability of French dairy breeds estimated from pedigree information. *Interbull Bulletin*. 14. 49–54p.
- 22) **MC PARLAND, S. – KEARNEY, J.F. – RATH, M. – BERRY, D.P.:** 2007. Inbreeding trends and pedigree analysis of Irish dairy and beef cattle populations. *Journal of Animal Science*. 85. 322–331p.

- 23) **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. 83–102p.
- 24) **PREVOST, R.:** 2010. Genetische Diversität der österreichischen Mangalitza und Turopolje Schweine Populationen. M.Sc. Thesis. Universität für Bodenkultur, Wien.
- 25) **RADNÓCZY L. – ZSOLNAY A. – FÉSŰS L. – SZABÓ P.:** DNS mikroszatellit vizsgálat a mangalica sertésfajtákban. In.: Génmegőrzés „Hagyományos háziállatfajták genetikai és gazdasági értékének tudományos feltárása”. 2006. Szerk. MIHÓK S. Debrecen, 56-63.p.
- 26) **ROYO, L.J. – ÁLVAREZ, I. – GUTIÉRREZ, J.P. – FERNÁNDEZ, I. – GOYACHE, F.:** 2007. Genetic variability in the endangered Asturcón pony assessed using genealogical and molecular information. *Livestock Science*. 107. 162–169p.
- 27) **SORENSEN, A.C. – SORENSEN, M.K. – BERG, P.:** 2005. Inbreeding in Danish Dairy Cattle Breeds. *Journal of Dairy Science*. 88. 1865–1872p.
- 28) **SZABÓ P.:** 2006. A mangalica reneszánsza. *Állattenyésztés és Takarmányozás*. 55.3. 203-216p.
- 29) **VÍGH ZS. – CSATÓ L. – NAGY I.:** 2008. A pedigréanalízisben alkalmazott mutatószámok és értelmezésük. Szakirodalmi áttekintés. *Állattenyésztés és Takarmányozás*. 57.6. 549-564p.
- 30) **ZĂHAN, M. – RAICA, P. – MICLEA, V. – MICLEA, I. – RENAUVILLE, R. – DUTERME, O. – MIHĂILESCU, M. – NAGY, AL.:** 2009. Results concerning genetic characterization of Mangalita breed using microsatellite markers. *Zootehnie și Biotehnologii*. 42. 1. 136-140p.
- 31) **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. 137–146p.

32) **ZSOLNAI A. – RADNÓCZY L. – FÉSŰS L. – ANTON I.:2006.**Do Mangalica Pigs of Different Colours Really Belong to Different Breeds? Archiv für Tierzucht. 49.5. 477-483.

| Azonosítója: 791133 | Neme | koca | | |
|-------------------------------------|--------------------------------------|----------------------------|-----------------------|----------------------------|
| Apa 791036 2002.01.01. | { 794362 1998.12.27. | { 789403 790311 | { 789336 789371 | |
| | | | | { 785823 1998.07.01. |
| | { 785794 1997.11.28. | { 789930 789896 | { 789703 789731 | |
| | | | | { 790334 1998.06.14. |
| | { 790179 2000.06.08. | { 794362 785823 | { 789403 790311 | |
| | | | | { 790176 2000.05.17. |
| | { 791036 2002.01.01. | { 794362 785823 | { 789403 790311 | |
| | | | | { 791037 2002.01.01. |
| | Anya 791102 2003.06.13. | { 790179 2000.06.08. | { 789930 789896 | |
| | | | | { 790176 2000.05.17. |
| { 791036 2002.01.01. | { 794362 785823 | { 789403 790311 | { 789930 789896 | |
| | | | | { 791037 2002.01.01. |

| Azonosítója: 1831774 | Neme | koca |
|--|---|--|
| <p>785351 2004.08.29.</p> <p>Apa</p> | <p>789403 1995.05.02.</p> <p>790316 1995.06.06.</p> <p>789930 1994.08.26.</p> <p>792139 1997.06.09.</p> | <p>789220 789275</p> <p>789319 789295</p> <p>789707 789726</p> <p>789706 789720</p> <p>794232 789673</p> <p>783257 789674</p> <p>789703 789731</p> <p>789930 792213</p> <p>792215 789336</p> <p>789371 789805</p> <p>789795 -</p> <p>-</p> |
| <p>794368 1999.01.21.</p> <p>784767 2000.03.16.</p> <p>Anya</p> | <p>794367 1999.01.21.</p> <p>1643242 2006.11.01.</p> <p>790257 2002.10.23.</p> <p>1643246 2006.06.06.</p> | <p>789336 789371</p> <p>789805 789795</p> <p>789703 789731</p> <p>789930 792251</p> <p>789403 790316</p> <p>-</p> <p>-</p> <p>789597 790008</p> <p>790302 790319</p> <p>789703 789731</p> <p>785945 784847</p> |

| Azonosítója: 1831229 | Neme | koca |
|---|---|---|
| <p>1601593</p> <p>2006.06.10.</p> <p>1685875</p> <p>2007.03.12.</p> | <p>785341</p> <p>2004.04.24.</p> <p>791925</p> <p>2004.06.01.</p> <p>785939</p> <p>1999.04.03.</p> <p>785426</p> <p>2004.12.22.</p> | <p>786037</p> <p>784857</p> <p>792458</p> <p>790934</p> <p>789936</p> <p>785634</p> <p>789930</p> <p>785186</p> |
| <p>Apa</p> <p>1752778</p> <p>2009.03.18.</p> | <p>789703</p> <p>1989.05.02.</p> <p>789731</p> <p>1990.04.19.</p> <p>787028</p> <p>1999.01.24.</p> <p>784838</p> <p>2001.01.19.</p> | <p>785788</p> <p>786909</p> <p>787029</p> <p>785628</p> <p>783497</p> <p>792349</p> <p>792882</p> <p>787180</p> <p>789705</p> <p>789766</p> <p>789897</p> <p>789941</p> <p>789703</p> <p>789731</p> <p>787028</p> <p>784829</p> <p>792740</p> <p>792760</p> <p>794284</p> <p>794194</p> <p>-</p> <p>-</p> <p>789111</p> <p>794179</p> <p>-</p> <p>-</p> <p>790304</p> <p>795228</p> <p>789403</p> <p>790316</p> <p>789894</p> <p>789974</p> |
| <p>Anya</p> <p>1721411</p> <p>2008.04.11.</p> | | |

| Azonosítója: 1833340 | Neme | koca |
|----------------------|-------------|--------|
| 1705275 | 790257 | 789597 |
| 2007.10.02. | 2002.10.23. | 790008 |
| } | 1643244 | 790302 |
| | 2006.05.01. | 790319 |
| 785218 | - | - |
| 2003.03.08. | - | - |
| } | 786037 | 789914 |
| | 2000.01.31. | 789842 |
| 784810 | 786909 | 790304 |
| 2000.07.26. | 794360 | 795228 |
| } | 785788 | 789403 |
| | 786909 | 790311 |
| 786037 | 785890 | 789936 |
| 2000.01.31. | 785788 | 789974 |
| 784857 | 785788 | 789914 |
| 2001.03.06. | 786909 | 789842 |
| } | 791146 | 790304 |
| | 2002.03.06. | 795228 |
| 787330 | 787029 | 793511 |
| 2004.04.19. | 785628 | 786910 |
| } | 794404 | 789918 |
| | 790687 | 789890 |
| 787393 | 794404 | 790115 |
| 2001.10.24. | 790687 | 794361 |
| } | 794301 | 790344 |
| | 786049 | 790356 |
| | 794301 | 789403 |
| | 786049 | 790311 |
| | | 786905 |
| | | 786940 |

Azonosítója: 1815025

| | Neme | koca | |
|--|-------------|-------------|--------|
| | { | 789703 | { |
| | | | 789673 |
| | { | 789731 | { |
| | | | 783257 |
| | { | 795277 | { |
| | | | 789674 |
| | { | 784844 | { |
| | | | 795234 |
| | { | 784936 | { |
| | | | 794360 |
| | { | 786356 | { |
| | | | 787074 |
| | { | 791036 | { |
| | | | 789936 |
| | { | 791039 | { |
| | | | 787031 |
| | { | 789930 | { |
| | | | 794372 |
| | { | 785639 | { |
| | | | 787075 |
| | { | 800401 | { |
| | | | 790179 |
| | { | 789804 | { |
| | | | 790176 |
| | { | 790115 | { |
| | | | 789703 |
| | { | 794361 | { |
| | | | 789731 |
| | { | 794374 | { |
| | | | 783293 |
| | { | 787042 | { |
| | | | 789741 |
| | { | | - |
| | | | - |
| | { | | 789706 |
| | | | 789732 |
| | { | | 789936 |
| | | | 789873 |
| | { | | 789403 |
| | | | 790311 |
| | { | | 789403 |
| | | | 790313 |
| | { | | 790304 |
| | | | - |

| | |
|-------------|-------------|
| 789930 | 1704201 |
| 1994.08.26. | 2008.01.05. |
| 785344 | 1717442 |
| 2004.05.21. | 2007.03.26. |
| 787622 | |
| 2002.12.27. | |
| 1555131 | |
| 2004.07.11. | |
| 785794 | 790256 |
| 1997.11.28. | 2002.09.07. |
| 790326 | 784049 |
| 1997.09.29. | 2002.10.22. |
| 794413 | |
| 2000.12.04. | |
| 792318 | |
| 2000.09.06. | |

Apa

1754816
2009.03.01.

Anya

784217
2004.03.09.

