

A PEDIGRÉANALÍZISBEN ALKALMAZOTT MUTATÓSZÁMOK ÉS ÉRTELMEZÉSÜK

SZAKIRODALMI ÁTTEKINTÉS

VIGH ZSÓFIA – CSATÓ LÁSZLÓ – NAGY ISTVÁN

ÖSSZEFOGLALÁS

A Szerzők a szakirodalom alapján vizsgálták a pedigréanalízis elméleti hátterét, gyakorlati végrehajtásának feltételeit és az elemzés során meghatározandó paramétereket (beltenyésztési együttható, átlagos rokonsági fok, pedigré teljesség, generációs intervallum, effektív populációméret, alapító ősök effektív létszáma, nem alapító ősök effektív létszáma, nem alapító ősök és alapító ősök effektív létszámának aránya, alapító ősök genom ekvivalens értéke, nem alapító ősök genom ekvivalens értéke és nem alapító ősök effektív létszámának aránya).

A szakirodalomban fellelhető különböző hivatkozások alapján ló, szamár, szarvasmarha, juh, sertés, kutya és nyúl állatfajok adatain – PEDIG vagy ENDOG szoftverekkel – végzett pedigréanalízisek során számolt paramétereket elemezték, melyekből megállapítható, hogy a beltenyésztési együttható érzékeny a pedigré hosszára és teljességére, ezért a populáció genetikai változatosságának jellemzésére célszerű más mutatókat használni (átlagos rokonsági fok, alapító ősök effektív létszáma és nem alapító ősök effektív létszáma). Meghatározták továbbá, hogy mely paramétereket célszerű együtt értelmezni. A beltenyésztettségi szint jelentős növekedése esetén célszerű azokat a programokat használni, melyekkel (a szelekciós haladás csökkenése nélkül) minimalizálni lehet a beltenyésztési rátát.

SUMMARY

Vigh, Zsófia, Ms. – Csató, L. – Nagy, I.: APPLICATION PEDIGREE ANALYSIS IN THE ANIMAL BREEDING PROGRAMS (REVIEW)

Authors based on the literature studied the theoretical background of the pedigree analysis, the possibilities of application and the parameters available for the analysis (inbreeding coefficient, average relatedness, pedigree completeness, generation interval, effective population size, effective number of founders, effective number of ancestors, ratio of the effective number of ancestors and effective number of founders, effective number of founder genome, ratio of the effective number of founder genome and effective number of founders).

The study reviewed the results of pedigree analyses carried out – using PEDIG or ENDOG softwares – in different horse, donkey, cattle, sheep, pig, dog and rabbit populations. It can be concluded that the inbreeding coefficient is sensitive to the length and completeness of the pedigree therefore the use of other parameters (average relatedness, effective number of founders and effective number of ancestors) can be suggested to describe the genetic diversity of the population. Moreover the combi-native use of these parameters was also presented.

In case of the substantial increase of the level of inbreeding, the usage of the softwares minimizing the inbreeding rate (without decrease of selection response) is feasible.

BEVEZETÉS

Az állattenyésztők legfontosabb feladata nagy genetikai értékű állományok létrehozása és fenntartása. Ehhez ismerni kell a populációk genetikai hátterét és összetételét, mely információk a származás ismeretében pedigréanalízissel vagy pedig genetikai markerek segítségével nyerhetők. E két lehetőség közül, *Baumung és Sölkner* (2003) szimulációs vizsgálatának eredménye szerint kedvezőbb a geneológiai analízist alkalmazni, ha megbízható származás áll rendelkezésre. Közleményükben az is olvasható, hogy egy marker alapú genetikai elemzéshez legalább 100 mikroszatellit markerre lenne szükség. Tehát a pedigréanalízis mellett szól, hogy feltételrendszere sokkal egyszerűbb és költségkímélőbb, hiszen elvégzéséhez nincs szükség laboratóriumi vizsgálatokra, csupán számítógépen rögzített származási adatok és megfelelő számítógépes kapacitás kell hozzá, ami manapság már sehol sem jelenthet problémát és többletköltséget. A populációk genetikai változatosságának megismerése az utóbbi években növekvő érdeklődésre tett szert (*Wooliams és mtsai*, 2002). Ennek ismeretében információhoz jutunk az állat őseiről, oldalági rokonairól is, melynek segítségével fontos számításokat végezhetünk el a populáció genetikai szerkezetének és változékonyságának megállapítására (*Maignel és mtsai*, 1996). A genetikai változatosságnak a veszélyeztetett vadon élő és háziasított populációk fennmaradását segítő génmegőrzési programokban van jelentős szerepe, a gazdasági állatfajok esetében pedig különféle mutatók számolására használjuk, melyek ismeretében alacsonyan tartható az állomány beltenyésztettségi szintje (*Sonnesson és Meuwissen*, 2000). A származás alapján becsülhető a tenyészték és a beltenyésztettségi szint, megállapítható az egyed populáción belüli vonalba vagy családba való tartozása, feltérképezhető rokon kapcsolatai, továbbá nyomon követhetők bizonyos nagyhatású gének és genetikai defektusok (örökletes rendellenességek) nemzedékenkénti előfordulásai (*Chai*, 1969; *Maki és mtsai*, 2001).

A pedigréanalízis elméleti alapjait *Wright* (1931), *James* (1962, 1971, 1972), *MacCluer és mtsai* (1986) és *Lacy* (1989) írták le, gyakorlati alkalmazása pedig több mint tíz éve folyik rutinszerűen, *Boichard és mtsai* (1997) módszerének megjelenése óta. Azóta számos külföldi és magyar szerző számol be különféle ló, szarvasmarha, juh, sertés, szamár és kutya populációk pedigréanalízisének eredményéről.

Az elmúlt években számos programot írtak pedigréanalízis végzésére. Elsőként a francia *Boichard* (2002) jelentette meg FORTRAN programnyelven írt PEDIG programcsomagját, mely főképpen nagy pedigrek elemzésére szolgál és több alprogramból áll. Ezt követően közölte *Gutiérrez és Goyache* (2005) az ENDOG nevű, Visual Basic nyelven írt szoftvert, ami elsődlegesen kisebb populációk genetikai analízisére készült. A harmadikként megjelenő, Visual C++-ban írt – pedigréanalízisre használatos – program *Sargolzaei és mtsai* (2006) munkája, a PyPedal-t pedig *Cole* (2007) írta Python programozói nyelven. Említést érdemel még *Kinghorn* (1994) Pedigree Viewer-e, mely a származás grafikus ábrázolására is alkalmas. Bár jelen dolgozatnak nem célja a genetikai markerek alapján végzett elemzések áttekintése, mégis megemlítjük a MolKin-t (*Gutiérrez és mtsai*, 2005b), mely az ENDOG szoftver molekuláris adatokon alapuló ekvivalense.

A szakirodalmi áttekintéshez felhasznált közleményekben a hivatkozott szerzők a PEDIG és az ENDOG programokat használták.

Jelen szakirodalmi áttekintés célja a magyar és külföldi szerzők által különböző állatfajokon végzett pedigréanalízis eredményeinek egymással való összevetése és azok értékelése paraméterenként.

A pedigréanalízis során meghatározásra kerülő fontosabb mutatók:

Beltenyésztési együttható (F, Wright, 1922): Beltenyésztésről akkor beszélünk, ha rokon egyedek párosodnak egymással. A rokonok részben azonos alléleket hordoznak, ezért utódaik nagyobb valószínűséggel lesznek homozigóták, mint véletlenszerű párosodás mellett. A beltenyésztési együttható annak a valószínűsége, hogy egy adott lokusz két alléja származásilag azonos. A nagymértékben homozigóta egyedek szervezetének élettani puffercapacitása csökkent, ezért környezeti labilitásuk nagyobb, alkalmazkodóképességük kisebb. Mindez – főként, ha káros hatású recesszív allélok homozigóta állapotban való manifesztációjával párosul – a beltenyésztési leromlásban jut kifejezésre (Dohy, 1989). Emiatt nagyon fontos, hogy a populáció nagy hányadát kitevő nőivarú állomány a lehető legnagyobb mértékben heterozigóta (outbred) genetikai felépíttségű legyen (Dohy, 1999).

A fent említett programok a beltenyésztési együtthatót Wright (1922) metodikája alapján számolják, mely szerint adott (X) egyed beltenyésztési koefficiense:

$$F_x = \sum (1/2)^{n+n'+1} \times (1+F_A)$$

ahol A az X egyed apai és anyai származási láncában levő közös ős, n és n' az X egyed és A ős közötti generációk száma az apai (n), illetve az anyai (n') ágon, F_A a közös ős beltenyésztési koefficiense. A \sum jel az X egyed apai és anyai származási láncában levő összes közös ősre és leszármazási útra vonatkozó összegzést jelenti. A beltenyésztési együttható függ a pedigré hosszától és teljességétől (Boichard és mtsai, 1997), tehát minél teljesebb és több nemzedékre visszavezethető pedigré áll rendelkezésre, annál megbízhatóbb a koefficiens. A program(csoomag)ok ezt a paramétert VanRaden (1992) és/vagy Meuwissen és Luo (1992) által készített algoritmus alapján számolják, ami egy rokonsági mátrix számítása. A különböző szerzők által megállapított együtthatókat az átlagos rokonsági fokkal, a pedigré teljességgel, a generációs intervallummal és az effektív populációmérettel együtt az 1–3. táblázatban közöljük.

Átlagos rokonsági fok (AR, Dunner és mtsai, 1998; Gutiérrez és mtsai, 2003): A populáció bármely egyedére nézve az átlagos rokonsági fok annak a valószínűsége, hogy a teljes populációt jellemző pedigréből véletlenszerűen kiválasztott allél az egyedhez tartozik. A beltenyésztési együtthatóval együtt értékeljük, viszont hiányos és/vagy rövid pedigré esetén önállóan is jellemzi a populáció szerkezetét. Emellett az alpopulációk beltenyésztettségi szintjének összehasonlítására használatos. Ha nagyobb, mint a beltenyésztési együttható fele, akkor nem sikerült elkerülni a rokon egyedek párosítását. Ezt a paramétert csupán az ENDOG használja.

Pedigré teljesség (CGE, Maignel és mtsai, 1996): Azt fejezi ki, hogy bármely egyed származása hány teljes generációra nézve ismert (teljes generáció ekvivalens). A paraméter számítása során a generációnként ismert ősök arányát összeadjuk. A pedigréanalízis elvégzéséhez legalább 3–4 generáció teljes ismerete kívánatos a korrekt eredmény elérése érdekében. A beltenyésztési együtthatók összevetése akkor értelmezhető, ha ez a paraméter is rendelkezésre áll és hasonló, mert minél teljesebb a pedigré, annál megbízhatóbb a becsült beltenyésztési együttható.

Generációs intervallum (GI, James, 1977): A szülők átlagos életkora azon ivadékok megszületésekor, amelyek részt vesznek a következő generáció létrehozásában. Fajonként és fajtánként biológiailag meghatározott. A generációs intervallumot a programok négy leszármazási úton számolják: apa–fiú, apa–lány, anya–fiú, anya–lány, a regisztrált egyedek és azok apjának és anyjának születési dátumát felhasználva.

Gáspárdy és mtsai (2003) szerint a generációintervallum a szülő születése és a „tenyésztődjai” születése között eltelt idő, vagyis a szülőpárok – továbbzaporo-dó (effektív) utódaik számával súlyozott – átlagéletkora az utódok megszületésekor.

Effektív populációméret (Ne, Wright, 1931; Pirschner, 1968; Falconer és MacKay, 1996): Az ún. effektív szám legtöbbször kisebb a tényleges számnál, mely abból adódik, hogy a háziállatok tenyésztésében az ősök értékelése igen eltérő nagyságú családokhoz vezet. A valós populáció beltenyésztési rátája megegyezik egy annál kisebb, ám ideális szerkezetű populációéval. Ez utóbbi populációban lévő egyedek száma jelenti az effektív populációméretet. A beltenyésztési ráta (ΔF_y) alapján bármely populációban az effektív populációméret (Ne):

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

ahol $\Delta F_y = (F_t - F_{t-1}) / (1 - F_{t-1})$, a populáció beltenyésztettségének évenkénti növekedése, L pedig a generációs intervallum.

Az effektív populációméret rövid pedigréből nem becsülhető pontosan (Te Brake és mtsai, 1994). Rövidnek az 5 teljes generáció ekvivalenst el nem érő pedigré tekintjük (Gutiérrez és Goyache, 2005).

Frankham és mtsai (2002) szerint kritikus effektív populációméretnek tekinthető az 50-es effektív létszám. Ez a szám az állattenyésztők gyakorlati tapasztalatán alapul, akik azt figyelték meg, hogy a szaporaságot érintő szelekció ellensúlyozhatja a beltenyésztési leromlást, amennyiben a beltenyésztési ráta generációként kisebb mint 1% ($\Delta F = 1/2N_e$). Csökkenésében szerepet játszik a szülők egyenletlen ivareloszlása (beltenyésztettségi szint növekedése).

Az 1–3. táblázatokban látható, hogy a legmagasabb beltenyésztési együtthatót, 10,81-et Zechner és mtsai közölték 2002-ben lipicai ló pedigréanalízise kapcsán. Ezt az értéket a közölt legteljesebb pedigréből becsülték, amelynek pedigré teljessége 15,2. Kiemelkedően jó, 14,61-es pedigré teljességről számoltak még be Bokor és mtsai (2008) magyarországi angol telivér állományban, 8,16-os beltenyésztési együtthatóval. A pedigréanalízis kapcsán közölt beltenyésztési együtt-

1. táblázat

Ló és szamár fajták esetében közölt beltenyésztési együtthatók (%), átlagos rokonsági fokok (%), pedigré teljességek és generációs intervallumok (év)

Szerző és fajta	F (%)	AR (%)	CGE	GI (év)
<i>Cervantes és mtsai</i> (2008) spanyol arab ló(1)	7,0	9,1	5,7	–
<i>Glazewska és Jezierski</i> (2004) lengyel arab ló(2)	3,06–5,31	–	–	♀: 10,24–12,6 ♂: 8,64–13,92
<i>Gutiérrez és Goyache</i> (2005) katalán szamár(3)	3,36	3,76	1,96	–
<i>Moureaux és mtsai</i> (1996) angol telivér(4)	1,02	–	–	10,6
francia ügető(5)	1,86	–	–	11,8
arab ló(6)	3,08	–	–	9,7
anglo-arab(7)	1,17	–	–	11,5
selle français(8)	0,7	–	–	11,7
<i>Poncet és mtsai</i> (2006) Frenches-Montagnes ló(9)	6,0	–	12,3–12,4	8,7
<i>Posta és mtsai</i> (2006) magyar sportló (10)	7,9	–	–	10,24
<i>Royo és mtsai</i> (2007) asturcon ló(11)	4,7	9,2	2,97	–
<i>Valera és mtsai</i> (2005) andalúz ló(12)	8,48	12,25	–	–
<i>Zechner és mtsai</i> (2002) lipicai ló(13)	10,81	–	15,2	–

Table 1.: Inbreeding coefficients (F, %), average relatedness (AR, %), pedigree completeness (CGE) and generation intervals (GI, year) of different horse and donkey populations

Spanish Arab horse (1), Polish Arabian horse (2), Catalanian donkey (3), English thoroughbred (4), French trotter (5), Arabian thoroughbred (6), Anglo-Arabian (7), Selle français (8), Frenches-Montagnes horse (9), Hungarian sporthorse (10), Asturcon pony (11), Andaluzian horse (12), Lipizzan horse (13)

hatók ló és szamár állatfajban 0,7 és 10,81, szarvasmarha esetében 0,2 és 7,06, sertés állatfajban 1,13 és 3,15, kutya állatfajban 3,3 és 6 közöttiek.

A közölt pedigré teljességek az állatfajok esetében 0,81 és 15,2 közötti számok. A táblázatban nem szerepelnek *Hagger* (2005) eredményei, aki három brown-swiss alpopulációban 8,1, 9,6 és 7,4-es pedigré teljességet számolt, az általa megállapított generációs intervallum 5,25.

Az 1–3. táblázatban szereplő, különböző teljességű pedigrékből becsült beltenyésztési együtthatók alakulása látható az 1. ábrán. Az értékek elhelyezkedéséből kitűnik, hogy egy-két kivételtől eltekintve, a jobb minőségű pedigréből nagyobb beltenyésztési együtthatókat számoltak a szerzők.

A lovakra megállapított generációs intervallum 8,64 és 13,92 év közötti, szarvasmarhára 3,75 és 6,71 év, húshasznú juhokra 2,97–4,3 év, sertésekre 2,5 és 3,15 év, kutyákra pedig 3,2 és 5,6 év. *Komlósi és mtsai* (2007) 2,9–5,24 éves generációs intervallumot számoltak magyar merinó állományban, a leszármazási utaktól függően. A táblázatban azok a generációs intervallumok láthatók, melyet a szerzők a négy leszármazási út átlagolásával kaptak.

2. táblázat

setében közölt beltenyésztési együtthatók (%), átlagos rokonsági évek, generációs intervallumok és effektív populációméret

F (%)	AR (%)	CGE	GI (év)	Ne
2,82	-	2,52	-	21
0,99	-	1,73	-	41
2,09	-	5,33	-	104
1,2	-	-	5,3	-
0,2	-	-	5,4	-
1,09	0,73	1,53	4,08	36
1,55	0,68	1,56	4,55	35
0,48	0,26	1,08	4,30	89
2,50	0,10	2,23	5,70	40
0,25	0,35	0,81	5,52	95
2,20	0,30	1,22	4,93	27
1,60	1,58	2,97	6,08	123
3,13	1,70	1,73	3,75	21
1,7	-	6,15	-	-
-	-	3,83	-	106
-	-	2,82	-	2500
-	-	4,04	-	56
-	-	3,78	-	27
-	-	3,47	-	208
-	-	4,19	-	125
-	-	5,02	-	47
-	-	4,75	-	46
0,54	-	4-6	6,17	-
0,57	-		6,71	-
2,19	-		6,03	64
1,31	-		6,09	-
1,35	-		6,54	127
1,49	-		6,66	75
3,61		2,88		255,97
6,76		3,13		110,92
7,06		2,26		19,91

folytatás a következő oldalon

A 2. táblázat folytatása

Szerző és fajta	F (%)	AR (%)	CGE	GI (év)	Ne
<i>Sorensen és mtsai</i> (2005)					
dán holstein	3,9	–	7,20	4,6; 5,0	49
dán jersey	3,4	–	7,36	4,7; 5,2	53
dán vörös(5)	1,4	–	6,77	4,8; 5,0	47
<i>Goyache és mtsai</i> (2003)					
Xalda juh(6)	1,54	1,79	1,09	2,97	24,8
<i>Huby és mtsai</i> (2003)					
6 francia húsjuh fajta(7)	1–3	–	6,7; 2,3; 6,7; 4,7; 4,2; 4,1	4,1; 4,3; 3,4; 4,1; 3,9; 3,4	120–360

Table 2.: Inbreeding coefficients (F%), average relatedness (AR%), pedigree completeness (CGE), generation intervals (GI, year) and effective population size of different cattle and sheep populations Austrian breeds (1), Spanish cattle breeds with local importance (2), German Holstein-Frizien population(3), Italian cattle breeds (4), Danish Holstein/Jersey/Red (5), Xalda sheep(6), French meet-sheep breeds (7)

A generációs intervallum az apai és az anyai leszármazási utakban különböző és függ a termékenyítési módtól is. *Mc Parland és mtsai* (2007) különböző szarvasmarha fajtákban 1,32 évvel hosszabbnak találták az apai leszármazási utat, *Goyache és mtsai* (2003) ezzel szemben az anyai utat számolták hosszabbnak 0,4 évvel. Ennek oka a mesterséges és természetes termékenyítési módban keresendő. Azokban a fajtákban, ahol a mesterséges termékenyítés elterjedt, általánosan hosszabb az apai leszármazási út, mert a spermát a tenyészállat selejtezése után akár még évekkel is fel lehet használni.

Sok populációban rendelkezésre álló adat a **beltenyésztési ráta** (ΔF), de ezek összehasonlítása nem feltétlenül korrekt, mert ezt a szerzők többféleképpen adhatják meg, úgy mint évenként, több éves periódusonként, vagy generációnként. Viszont a beltenyésztettségi szint alakulása így követhető nyomon, ezért ez egy nagyon fontos paraméter, amit a szelekciós programok tervezésekor figyelembe kell venni. Ha a beltenyésztési ráta növekszik és az effektív populációméret kisebb mint 50, akkor célszerű olyan programokat használni, melyekkel minimalizálni lehet a beltenyésztési rátát és maximalizálni a szelekciós haladást (*Melgarejo és mtsai*, 2000; *Meuwissen*, 2002; *Gyovai*, 2006). Az ebből számított effektív populációméreteken a különböző domesztikált állatfajok esetében nagy különbségek figyelhetők meg. Az esetek többségében ez a paraméter a tényleges populációméretnél jóval kisebb, a kritikus 50 alatt van. A mutató azonban csak a zárt populációk esetében megbízható, mert az import tenyészállat vagy sperma a beltenyésztési rátát jelentősen csökkenti, ami az effektív populációméret nagyságrendekkel történő növekedését okozhatja. Erre jó példa a *Maignei és mtsai* (1996) által Pie Rouge des Plaines (PRP) fajta esetében számított igen nagy effektív populációméret (2. táblázat).

Alapító ősök effektív létszáma (*fe*, *James*, 1972; *Lacy*, 1989): Alapító ősök azok az egyedek, melyeknek mindkét szülője már ismeretlen a pedigrében. A populáció teljes génkészlete visszavezethető az alapító ősökig, melyek különböző mértékben járulnak hozzá az állomány genetikai diverzitásához. Ezt a mutatót a szoftver konvertálja oly módon, mintha az alapító ősök egyenlő mértékben járul-

3. táblázat

**Sertés, nyúl és kutya fajták esetében közölt beltenyésztési együtthatók (%),
pedigré teljességek, generációs intervallumok és effektív populációméretek**

Szerző és fajta	F (%)	CGE)	GI (év)	Ne
<i>Baumung és mtsai</i> (2002) osztrák nagyfehér(1)	1,43	7,85	–	–
osztrák lapály(2)	1,13	6,20	–	181
pietrain	1,34	5,74	–	415
<i>Janssens és mtsai</i> (2005) belga lapály(3)	3,15	9	2,5	–
pietrain	2,36	8,8	3,15	–
<i>Glazewska</i> (2008), lengyel kopó(4)	7,1–37	–	4,32	–
<i>Leroy és mtsai</i> (2006), 9 francia kutyafajta(5)	12,4; 3,9; 5,4; 7,2; 3,3; 6,0; 4,1; 4,5; 4,0	3,5; 6,3; 8,1; 6,1; 6,0; 5,9; 6,2; 8,2; 5,2	4,7; 3,8; 4,4; 4,9; 3,3; 5,6; 3,2; 4,6; 4,9	20; 76; 53; 33; 147; 40; 88; 70; 82
Gyovai (2006), Pannon fehér nyúl(6)	5,56	10,91	1,32; 1,15; 1,2	52

Table 3.: Inbreeding coefficients (F%), pedigree completeness (CGE), generation intervals (GI, year) and effective population size (Ne) of different pig, dog and rabbit populations Austrian Large White (1), Austrian Landrace (2), Belgian Landrace (3), Polish Foxhound (4), French houndbreeds (5), Pannon White rabbit (6)

nának hozzá a genetikai változatossághoz, ezért az alapító ősök effektív létszáma kisebb, mint az alapító ősök létszáma. Ez a paraméter kevésbé érzékeny a pedigré teljességére, mint a beltenyésztési együttható (Boichard és mtsai, 1997).

A különböző állatfajok esetében közölt alapító ősök effektív létszáma a nem alapító ősök effektív létszámával, e kettő arányával, az alapító ősök genom ekvivalens értékével és az Ng/fe arányával együtt a 4–6. táblázatban láthatók.

1. ábra: Különböző populációk beltenyésztési együtthatóit a pedigré teljesség függvényében

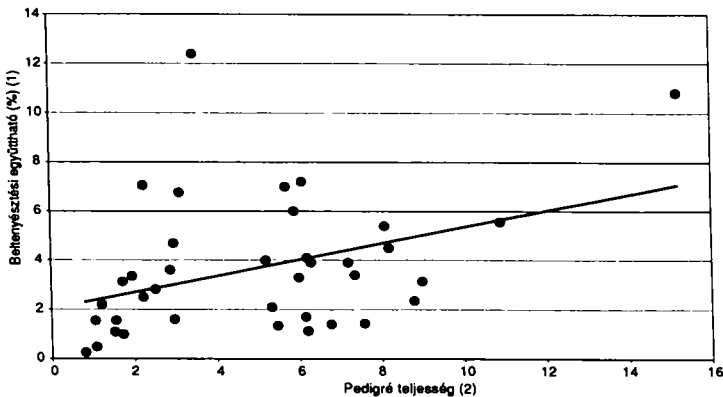


Fig. 1.: Mean inbreeding coefficients of different populations according to complete generation inbreeding coefficients % (1), complete generation equivalent (2)

4. táblázat

Ló és szamár fajták esetében közölt alapító ősök effektív létszáma (*fe*), nem alapító ősök effektív létszáma (*fa*), ezek aránya (*fa/fe*), alapító ősök genom ekvivalens értéke (*Ng*) és az *Ng/fe* arány

Szerző és fajta	<i>fe</i>	<i>fa</i>	<i>fa/fe</i> (%)	<i>Ng</i>	<i>Ng/fe</i> (%)
<i>Cervantes és mtsai</i> (2008) spanyol arab ló(1)	38,6	19	49,2	–	–
<i>Gutiérrez és mtsai</i> (2005a) katalán szamár(2)	70,6	27	38,2	–	–
<i>Poncet és mtsai</i> (2006) Frenches-Montagnes ló(3)	68,7–75,7	19–20	26,4–27,6	–	–
<i>Royo és mtsai</i> (2007) asturcon ló(4)	18,1	13	71,8	–	–
<i>Valera és mtsai</i> (2005) andalúz ló(5)	39,6	16,5	41,7	–	–
<i>Zechner és mtsai</i> (2002) lipicai ló(6)	48,2	26,6	54,4	6,0	12

Table 4.: Effective number of founders (*fe*), effective number of ancestors (*fa*), ratio of the effective number of ancestors and effective number of founders (*fa/fe*), effective number of founder genome (*Ng*), ratio of the effective number of founder genome and effective number of founders (*Ng/fe*) of different horse and donkey populations as in Table 1. (1,3,9,11,12,13)

Spanish Arab horse (1), Catalonien donkey (2), Frenches-Montagnes horse (3), Asturcon pony (4), Andaluzian horse (5), Lipizzan horse (6)

Nem alapító ősök effektív létszáma (*fa*, Boichard és mtsai, 1997): Azon ősök minimális létszáma (nem feltétlenül alapító ős), amellyel magyarázható a populáció teljes genetikai diverzitása. A nem alapító ősöket a populációhoz történő genetikai hozzájárulásuk alapján választjuk ki, azonban mivel egyes egyedek nem feltétlenül alapító ősök, ezért a rokonsági kapcsolatok miatt a genetikai hozzájárulások között átfedések lehetnek (ezek összessége több lehet, mint 100%). Ezért a nem alapító ősök esetében a marginális hozzájárulásukat vesszük figyelembe (a genetikai hozzájárulásoknak az átfedés-mentes részét használjuk).

A nem alapító ősök létszáma alacsonyabb (vagy egyenlő) az alapító ősök effektív létszámánál.

Nem alapító ősök effektív létszámának és az alapító ősök effektív létszámának aránya (*fa/fe*): A két szám aránya jelzi, hogy a „palacknyak” effektus mennyire jellemző a vizsgált populációra. Palacknyak effektusnak hívjuk a populáció létszámának és ezáltal a génkészletének beszűkülését. Ha *fe* nagyobb mint *fa*, akkor a palacknyak effektus szerepet játszott a populáció fennállása folyamán.

Alapító ősök genom ekvivalens értéke: (*Ng*, Chevalet és Rochambeau, 1986; MacCluer és mtsai, 1986; Lacy, 1989): Azt mutatja, hogy az alapító ősök által meghatározott populációban egy adott allélnek mennyi a fennmaradási valószínűsége (a referencia populációban). A paraméter kiszámításához sztochasztikus módszerre („gene dropping”) van szükség. Minden alapító ős két egyedi alléit kap („n” ős esetében ez összesen 2n egyedi alléi), majd a mendeli szegregációt a

5. táblázat

Szarvasmarha és juh fajták esetében közölt alapító ősök effektív létszáma (fe), nem alapító ősök effektív létszáma (fa), ezek aránya (fa/fe), alapító ősök genom ekvivalens értéke (Ng) és az Ng/fe arány

Szerző és fajta	fe	fa	fa/fe (%)	Ng	Ng/fe (%)
<i>Baumung és Sölkner</i> (2002), 3 osztrák fajta(1)					
Tux-Zillertal	21,0	14,2	67,6	9,7	46
Carinthian Blond	29,9	29,0	96,98	22,6	75
Original Pinzgau	65,4	32,1	49,1	19,5	29
<i>Gutiérrez és mtsai</i> (2003) 8 helyi jelentőségű spanyol húsmarha fajta(2)					
Alistana	265	56	21,1	–	–
Asturiana de la Montana	119	83	69,7	–	–
Asturiana de los Valles	846	163	19,2	–	–
Avilena-Negra Iberica	68	59	86,8	–	–
Bruna dels Pirineus	48	40	83,3	–	–
Morucha	130	105	80,8	–	–
Pirenaica	153	58	37,9	–	–
Sayaguesa	116	25	21,5	–	–
<i>Maignel és mtsai</i> (1996)					
Abondance	69	25	36,2	17,3	25
Pie Rouge des Plaines (PRP)	96	64	66,7	49,6	51
Brown Swiss	84	28	33,3	19,3	22
Tarentaise	50	17	34	15,2	30
Simmental	75	33	44	24,4	32
Montbéliarde	146	63	43,2	35,8	24
Normande	132	40	30,3	21,6	16
Holstein	140	43	30,7	30,4	21
<i>Mc Parland és mtsai</i> (2007)					
Charolais	357	58	16,2	42	11
Limousin	316	82	25,9	58	18
Hereford	55	35	36,6	25	45
Angus	150	35	23,3	24	16
Simmental	160	40	25	26	16
Holstein-Fries	112	40	35,7	24	21
<i>Pérez-Torrecillas és mtsai</i> (2002),					
Chianina(4)	220,6	95,9	43,5	53,9	24
Maremma	142,8	120,2	84,2	79,6	56
Mucca Pisana	12,0	11,9	99,2	10,1	84
<i>Sorensen és mtsai</i> (2005),					
dán holstein	70	20,6	29,4	11,9	0,17
dán jersey	115,7	23,8	20,6	11,4	0,09
dán vörös(5)	207,2	34,6	16,7	21,7	0,10
<i>Goyache és mtsai</i> (2003), Xalda juh(6)	81,1	40,2	46,6	–	–
<i>Huby és mtsai</i> (2003) 6 francia húsjuh fajta(7)	85; 291; 233; 185; 52; 123	35; 144; 112; 69; 40; 49	41,1; 49,5; 48,1; 3,3; 76,9; 39,8	–	–

Table 5.: Effective number of founders (fe), effective number of ancestors (fa), ratio of the effective number of ancestors and effective number of founders (fa/fe), effective number of founder genome (Ng), ratio of the effective number of founder genome and effective number of founders (Ng/fe) of different cattle and sheep populations as in Table 2. (1,2,4,5,6,7)

6. táblázat

Sertés, nyúl és kutya fajták esetében között alapító ősök effektív létszáma (*fe*), nem alapító ősök effektív létszáma (*fa*), ezek aránya (*fe/fa*), alapító ősök genom ekvivalens értéke (*Ng*) és az *Ng/fe* arány

Szerző és fajta	<i>fe</i>	<i>fa</i>	<i>fa/fe</i> (%)	<i>Ng</i>	<i>Ng/fe</i> (%)
<i>Baumung és mtsai</i> (2002) osztrák nagyfehér(1) osztrák lapály(2) Pietrain	334 267 285	78,8 59,2 88,6	23,6 22,2 31,1	37,6 32,9 55,1	11 12 19
<i>Janssens és mtsai</i> (2005) belga lapály(3) pietrain	♂:124,8; ♀:126,8 ♂:327; ♀:369,9	♂:43,5; ♀:51,9 ♂:104; ♀:155,5	♂:34,9; ♀:40,9 ♂:31,8; ♀:42	♂:17,3; ♀:19,8 ♂:44,8; ♀:64,78	♂:14; ♀:16 ♂:14; ♀:18
<i>Leroy és mtsai</i> (2006), 9 francia kutya fajta(5)	6,9; 91,3; 75,9; 51,10; 67,5; 20,7; 47,5; 70,7; 51,4	6,7; 40,2; 36,5; 16,7; 37,0; 13,1; 28,9; 33,3; 34	97; 44; 48; 31; 55; 63; 61; 47; 66	–	–
Kerdiles- Rochambeau (2002) 2 francia nyúl vonal(6) 1077 2066	30 15	– –	– –	2.4 1.9	08 12

Table 6.: Effective number of founders (*fe*), effective number of ancestors (*fa*), ratio of the effective number of ancestors and effective number of founders (*fa/fe*), effective number of founder genome (*Ng*), ratio of the effective number of founder genome and effective number of founders (*Ng/fe*) of different pig, dog and rabbit populations as in Table 3. (1–3, 5, 6) French rabbit lines (6)

pedigré alapján szimuláljuk egy előre meghatározott ismétlésszámmal (pl. 10 000-szer). Ezt követően a szimulációk összesítésével az allélek várható aránya ismertté válik. Ez a mérőszám minden olyan hatást figyelembe vesz, mely a génkészlet csökkenésében szerepet játszott, ezért az *Ng* érték általában kisebb, mint az *fe* és az *fa*. (*Söikner és mtsai*, 1998)

Az alapító ősök genom ekvivalens értéke közvetlenül összehasonlítható az *fe* és *fa*-val.

Ng/fe: A populációkban fennálló drift (génsodródás) kifejezésére használatos arány. A génsodródás a szaporodás során véletlenszerűen bekövetkező allélgyakorlás változás a populációban.

A különböző paraméterek definícióiból kiindulva a 4–6. táblázatokban a különböző populációk genetikai diverzitása jól látszik, elsősorban az *fa/fe* arányból. Az értékek összehasonlítása során kitűnik, hogy melyek azok az állományok, melyeknek a génkészlete jobban beszűkült a többihez képest. Ilyen például a *Gutiérrez és mtsai* (2003) által vizsgált 8 helyi jelentőségű spanyol húsmarha fajta közül az Asturiana de los Valles, az Alistana és a Sayaguesa, valamint a *Mc Parland és mtsai* (2007) által elemzett Charolais fajta, továbbá a *Baumung és mtsai*, 2002-es közleményében szereplő osztrák nagyfehér és lapály fajták. Az alapító ősök genom ekvivalens értékének értelmezésekor nem szabad figyelmen kívül hagyni az állomány

2. ábra: Alapító ősök genom ekvivalens értékének alakulása a pedigré teljesség függvényében

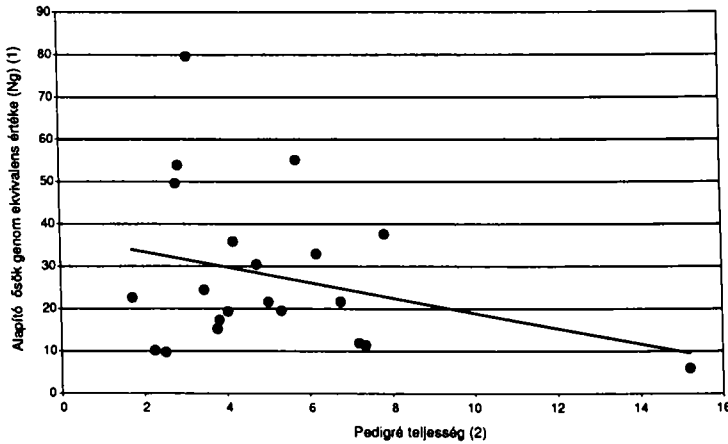


Fig. 2.: Mean effective number of founder genome of different populations according to complete generation equivalent
 effective number of founder genom (1), complete generation equivalent (2)

megállapított teljes generáció ekvivalensét, mert ez a paraméter is érzékeny a pedigré hosszára és teljességére, mint ahogy azt a 2. ábrán feltüntettük.

Az Ng/fe arányból kiszámolt génsodródás mértéke követi az fa/fe tendenciáját, azzal arányosan változik.

KÖVETKEZTETÉSEK

- A beltenyésztési együttható nagyon érzékeny a pedigré hosszára és teljességére, ezért az öt teljes generáció ekvivalensnél rövidebb származással rendelkező populációt célszerű egyéb paraméterekkel jellemezni, úgy mint átlagos rokonsági fok, alapító ősök effektív létszáma, nem alapító ősök effektív létszáma
- A beltenyésztési együtthatót az átlagos rokonsági fokkal és a pedigrételjességgel együtt célszerű értelmezni
- Az alapító ősök genom ekvivalens értéke is a pedigrételjességgel együtt értékelendő, mert szintén érzékeny a pedigré teljességére és hosszára
- Amennyiben a pedigréanalízis alapján arra lehet következtetni, hogy a beltenyésztettségi szint jelentősen növekszik (effektív populációméret <50), akkor célszerű azokat a programokat használni, melyekkel maximalizálni lehet az átlomány szelekciós haladását és minimalizálni a beltenyésztési rátát (Melgarejo és mtsai, 2000; Meuwissen, 2002; NKFP, 2007).

IRODALOM

- Baumung, R. – Sölkner, J.* (2002): Analysis of pedigrees of Tux-Zillertal, Carinthian Blond and Original Pinzgau cattle population in Austria. *J. Anim. Breed. Genet.*, 119. 175–181.
- Baumung, R. – Sölkner, J.* (2003): Pedigree and marker information requirements to monitor genetic variability. *Genet. Sel. Evol.*, 35. 369–383.
- Baumung, R. – William, A. – Fischer, C. – Sölkner, J.* (2002): Pedigree analysis of pig breeds in Austria. 7th World Congr Genet Appl Livest Prod. Montpellier, France
- Boichard, D. – Maignel, L. – Verrier, É.* (1997): The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. *Genet. Sel. Evol.*, 29–23.
- Boichard, D.* (2002) PEDIG: A FORTAN package for pedigree analysis suited for large populations. In: Proc 7th World Congr. Appl. Livest. Prod. Montpellier, France, Comm. 28–13
- Bokor, Á. – Sebestyén, J. – Szabari, M. – Stefler, J.* (2008): Inbreeding in the Hungarian Thoroughbreds. Agrár és Vidékfejlesztési Szemle. Közlésre elfogadva
- Canon, J. – Gutiérrez, J.P. – Dunner, S. – Goyache, F. – Vallejo, M.* (1994): Herdbook analyses of the Asturiana beef cattle breeds. *Genet. Sel. Evol.*, 26. 65–75.
- 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. *Livest. Sci.*, 113. 24–33.
- Chai, C.K.* (1969): Effects of inbreeding in rabbits. *J. Hered.*, 60. 64–70.
- Chevalet, C. – de Rochambeau, H.* (1986): Variabilité génétique et controle des souches consanguines. *Sci. Tech. Anim. Lab.*, 11. 251–257.
- Cole, J.B.* (2007): PyPedal: A computer program for pedigree analysis. *Computers and Electronics in Agriculture*, 57. 107–113.
- Dohy, J.* (1989). Az állattenyésztés genetikai alapjai. Mezőgazdasági Kiadó, Budapest, 128–141.
- Dohy, J.* (1999): Genetika állattenyésztőknek. Mezőgazda Kiadó, Budapest, 177–179.
- Dunner, S. – Checa, M.L. – Gutiérrez, J.P. – Martín, J.P. – Cano, N.J.* (1998): Genetic analysis and management in small populations: the Asturcon pony as an example. *Genet. Sel. Evol.*, 30. 397–405.
- Falconer, D.S. – MacKay, T.F.* (1996). Introduction to Quantitative genetics, 4th ed. John Wiley +Sons Inc., New York
- Frankham, R., – Ballou, J.D. – Briscoe, D.A.* (2002): Introduction to conservation genetics. Cambridge University Press, Cambridge, UK, 617.
- Gáspárdy, A. – Jávorka, L. – Völgyi-Csík, J.* (2003): Nemzedékköz és nemzedékváltás. Mezőhír, 3. 94–96.
- Glazewska, I.* (2008): Genetic diversity in Polish hounds estimated by pedigree analysis. *Livest. Sci.*, 113. 296–301.
- Glazewska, I. – Jezierski T.* (2004): Pedigree analysis of Polish Arabian horses based on founder contributions. *Livest. Prod. Sci.*, 90. 293–298.
- Goyache, F. – Gutiérrez, J.P. – Fernández, I. – Gomez, E. – Alvarez, I. – Díez, J. – Royo, L.J.* (2003): Using pedigree information to monitor genetic variability of endangered populations: the Xalda sheep breed of Asturias as an example. *J. Anim. Breed. Genet.*, 120. 95–105.
- Gutiérrez, J.P. – Altarriba, J. – Díaz C. – Quintanilla, R. – Canon, J. – Piedrafita, J.* (2003): Genetic analysis of eight Spanish beef cattle breeds. *Genet. Sel. Evol.*, 35.
- Gutiérrez, J.P. – Goyache, F.* (2005). A note on ENDOG: a computer program for analysing pedigree information. *J. Anim. Breed. Genet.*, 122: 172–176.
- Gutiérrez, J.P. – Marmi, J. – Goyache, F. – Jordana, J.* (2005a): Pedigree information reveals moderate to high levels of inbreeding and a weak population structure in the endangered Catalanian donkey breed. *J. Anim. Breed. Genet.*, 122. 378–386.
- Gutiérrez, J.P. – Royo, L.J. – Álvarez, I. – Goyache, F.* (2005b): MolKin v2.0: a computer program for genetic analysis of populations using molecular coancestry information. *J. Hered.*, 96. 718–721.
- Gyovai, P.* (2006): Szelekció hatása a beltenyésztettségre házinyúlban. XXVIII. OTDK Agrártudományi Szekció, Debrecen, 40.
- Hagger, C.* (2005): Estimates of genetic diversity in the brown cattle population of Switzerland obtained from pedigree information. *J. Anim. Breed. Genet.*, 122. 405–413.
- 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. *Genet. Sel. Evol.*, 35. 637–655.
- James, J.W.* (1962): The spread of genes in random mating control population. *Genet. Res.*, 3. 1–10.
- James, J.W.* (1971): The founder effect and response to artificial selection. *Genet. Res.*, 16. 241–250.

- James, J.W. (1972): Computation of genetic contributions from pedigrees. *Theor. Appl. Genet.*, 42. 272–283.
- James, J.W. (1977): A note on selection differentials and generation length when generations overlap. *Anim. Prod.*, 24. 109–112.
- 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 Ann. Meeting of EAAP, Uppsala, Sweden, *Com. Anim. Genet.*, Session G2. 39.
- Kerdiles, V. – De Rochambeau, H. (2002): A genetic description of two selected strains of rabbits. *J. Anim. Breed. Genet.*, 119. 25–33.
- Kinghorn, B.P. (1994). Pedigree Viewer – a graphical utility for browsing pedigreed data sets. 5th World Cong.Gen. Appl. of Lives. Prod. Guelph, 22. 85–86.
- Komlósi, I. – Sáfár, L. – Hajduk, P. – Domanovszky, Á. (2007): A magyar merinó populációszerkezetének jellemzése az ellenőrzött tenyészetek alapján. XLIX. Georgikon Napok, Keszthely,
- Lacy, R.C. (1989): Analysis of founder representation in pedigrees: founder equivalents and founder genome equivalents. *Zoo Biol.*, 8. 111–123.
- Leroy, G. – Rognon, X. – Varlet, A. – Joffrin, C. – Verrier, E. (2006): Genetic variability in French dog breeds assessed by pedigree data. *J. Anim. Breed. Genet.*, 123. 1–9.
- MacCluer JW, – Van de Berg JL, – Read B, Ryder OA (1986): Pedigree analysis by computer simulation. *Zoo Biol.*, 5. 147–160.
- Maignel L. – Boichard D. – Verrier E. (1996): Genetic variability of French dairy breeds estimated from pedigree information. *Interbull Bull.*, 14. 49–54.
- Maki, K – Groen, A.F. – Liinamaa, A.-E. – Ojala, M. (2001): Population structure, inbreeding trend and their association with hip and elbow dysplasia in dogs. *Anim. Sci.*, 73. 217–228.
- Mc Parland, S. – Kearney, J.F. – Rath, M. – Berry, D.P (2007): Inbreeding trends and pedigree analysis of Irish dairy and beef cattle populations. *J. Anim. Sci.*, 85. 322–331.
- Melgarejo, I. – Valera, M. – Molina, A. – Rodero, A. (2000): Gescab: software para el caballo español. (Gescab: software for the andalusian horse). *Arch. Zootec.*, 49. 125–133.
- Meuwissen, T.H.E. (2002): Gencont: an operational tool for controlling inbreeding in selection and conservation schemes. CD, Proc. 7th World Congr. Genet. Appl. Livestock Prod., Montpellier, France, Communication No. 28–20.
- Meuwissen T.I. – Luo Z. (1992): Computing inbreeding coefficients in large populations. *Genet. Sel. Evol.* 24. 305–313.
- 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. *Genet. Sel. Evol.*, 28. 83–102.
- NKFP-4/057/2004. (2007): Állatnemesítési programok hatékonyságának javítása. Témavezető: Bodó, I.
- Pérez-Torrecillas, C. – Bozzi, R. – Negrini, R. – Filippini, F. – Giorgetti, A. (2002): Genetic variability of three Italian cattle breeds determined by parameters based on probabilities of gene origin. *J. Anim. Breed. Genet.*, 119. 274–279.
- Pirchner, F. (1968): Populáció genetika az állattenyésztésben. Mezőgazdasági Könyvkiadó, Budapest, 60–66.
- Poncet, P.A. – Pfister, W. – Muntwyler, J. – Glowatzki-Mullis, M.L – Gaillard, C. (2006): Analysis of pedigree and conformation data to explain genetic variability of the horse breed Franches-Montagnes. *J. Anim. Breed. Genet.*, 123. 114–121.
- Posta, J. – Komlósi, I. – Mihók, S. (2006): Pedigree analysis of Hungarian Sport Horses. *Animal welfare, etológia és tartástechnológia*, 2. 182–187.
- 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. *Livest. Sci.*, 107. 162–169.
- Sargolzaei, M. – Iwaskai, H. – Colleau, J.J. (2006): CFC: a tool for monitoring genetic diversity. In: Comm. 27–28 in Proc. 8th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod. Belo Horizonte, Brazil.
- Sonesson, A. – Meuwissen, T. (2000): Mating schemes for optimum contribution selection with constrained rates of inbreeding. *Genet. Sel. Evol.*, 32. 231–248.
- Sorensen, A.C. – Sorensen, M.K. – Berg, P. (2005): Inbreeding in Danish Dairy Cattle Breeds. *J. Dairy Sci.*, 88. 1865–1872.
- Sölkner, J. – Filipic, L. – Hampshire, N. (1998): Genetic variability of populations and similarity of subpopulations in Austrian cattle breeds determined by analysis of pedigrees. *Anim. Sci.*, 67. 249–256.

- Te Braake M.F.H. – Groen A.F. – Van Der Lught A.W.* (1994): Trends in inbreeding in Dutch Black and White dairy cattle. *J. Anim. Breed. Genet.*, 111. 356–366.
- Valera, M. – Molina, A. – Gutiérrez, J.P. – Gómez, J. – Goyache, F.* (2005): Pedigree analysis in the Andalusian horse: population structure, genetic variability and influence of the Carthusian strain. *Livest. Prod. Sci.*, 95.57–66.
- VanRaden, P.M.* (1992): Accounting for inbreeding and crossbreeding in genetic evaluation of large populations. *J. Dairy Sci.*, 75. 3136–3144.
- Vassallo, J.M – Díaz, C. – Garcia-Medina, J.R.* (1986): A note on the population structure of the Avilena breed of cattle in Spain. *Livest. Prod. Sci.*, 15. 285–288.
- Wooliams JA. – Pong-Wong R. – Villaneueva B.* (2002): Strategic optimisation of short and long term gain and inbreeding in MAS and non-MAS schemes, in: *Proc. 7th World Cong. Genet. Appl. Livest. Prod.*, Montpellier, INRA, Castanet-Tolosan, France, CD-Rom, comm. No. 23_02.
- Wright S.* (1922): Coefficients of inbreeding and relationship. *The American Naturalist*, 56. 330–38.
- Wright S.* (1931): Evolution in Mendelian populations. *Genetics*, 16. 97–159.
- 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. *Livest. Prod. Sci.*, 77. 137–146.

Érkezett: 2008 február
Szerzők címe: Kaposvári Egyetem, Állattudományi Kar
Authors' adress: University of Kaposvár, Faculty of Animal Science.
H-7400 Kaposvár, Guba S. u. 40.
e-mail: vigh.zsofia@ke.hu; vigh.zsofia@sic.hu
tel: +36(82)505-800
fax: +36(82)320-167