

A BELTENYÉSZTÉS HATÁSA A KÜLÖNBÖZŐ ÁLLATFAJOK SZAPORASÁGI, TERMELÉSI ÉS MORFOLÓGIAI TULAJDONSÁGAIRA

SZAKIRODALMI ÁTTEKINTÉS

GYOVI PETRA – NAGY ISTVÁN

ÖSSZEFOGLALÁS

A szerzők szakirodalmi közlések alapján vizsgálták a beltenyésztési leromlás elméleti hátterét, hatását és annak mértékét a különböző tulajdonságcsoportokra vadon élő, fogságban tartott, de nem házasított, illetve házasított állat-populációkban tapasztaltak alapján. A beltenyésztés legsúlyosabb hatásai a fitness, majd a termelési tulajdonságokban tapasztalható, és kismértékű vagy közvetett hatásai figyelhetők meg egyes morfológiai tulajdonságokban.

A megadott beltenyésztési együtthatók főleg pedigre alapon számolódtak, de származási adatok hiányában, molekuláris markerek használatával lehetőség nyílik a pontos származás kiderítésére és így a vadon élő populációk beltenyésztési együtthatójának meghatározására is.

Az áttekintett szakirodalom alapján láthatók, hogy a tulajdonságokban tapasztalt különböző leromlást nagymértékben befolyásolja, hogy a populációban milyen mértékű az átlagos beltenyésztési együttható növekedésének üteme. A vizsgálatban figyelembe kell venni azt, hogy mekkora a populáció kezdeti beltenyésztési együtthatója. A leromlás genetikai alapjának kutatásakor kiderült, hogy annak mértéke eltérő lehet az alapító őskökre nézve, tehát fontos tényező az, hogy az egyed mely ősköztől kapott allélra válik homozigótává.

SUMMARY

Gyovai, P. – Nagy, I.: IMPACT OF INBREEDING FOR THE FITNESS GROWTH AND MORFOLOGY TRAITS OF VARIOUS SPECIES (REVIEW)

The theoretical basis of inbreeding depression and its impact on the various trait groups were examined by the authors based on the literature. The detrimental effects of inbreeding were described for wild, captive (non-domesticated) and domesticated populations of various species. The most severe effects of inbreeding were observed for fitness and for growth traits while its impact on morphological traits was small. The provided inbreeding coefficients were mainly calculated using genealogy information but in case of its lack the use of molecular markers is also suitable for determining ancestry thus for obtaining inbreeding level of a population.

Based on the literature the observed depression is highly dependent from the inbreeding rate of the population. Analysis of the inbreeding depression has to consider the inbreeding level of the population at the beginning of the study. Analyses the genetic bases of the inbreeding depression revealed that the magnitude of the depression was highly variable across the different founders therefore from the viewpoint of the inbred individual it is vital to know the exact founder from which the individual received the alleles identical by descent.

BVEZETÉS

A gazdasági állatfajok tenyésztésében a nemesítés eredménye szempontjából meghatározó jelentőségű az alkalmazott párosítási módszer, majd az erre alapozott tenyésztési eljárás. A párosítás fogalmán a következő generáció szüleinek kijelölését, kiválasztását értjük. Ebből következően a továbbtenyésztésre kiválasztott egyedek párosítása határozza meg a populációban kialakuló allél- és genotípus-gyakoriságokat, tágabb értelmezésben az állomány tenyész- és haszonértékét. A párosítás célja tehát nem más, mint a számunkra legkedvezőbb allélgyakoriság kialakítása a populációban, azaz a meglévőnél értékesebb, a tenyésztői és a piaci igényeket jobban kielégítő utódok létrehozása (Szabó, 2004).

A párosítások tervezése és végrehajtása gyakorlatilag a tenyésztési eljárások megválasztását jelenti. Az állattenyésztés széles körű – sok fajra, fajtára és típusra kiterjedő – gyakorlatban alkalmazott, illetve alkalmazható párosítási rendszer igen összetett és napjainkban is fejlődik. A legrégebben használatos rendszerezés szerint a tenyésztési eljárásokat két nagy csoportra oszthatjuk: a fajtatiszta tenyésztésre és a keresztezésre. Mindkét csoportba több módszer tartozik, amelyeknek a nemesítés lehetőségeitől függően további változatai is előfordulnak. A tenyésztési – párosítási eljárások rendszerezésének egy másik módszere a párosítandó egyedek genotípusos és fenotípusos hasonlósága, illetve különbözősége lehet. Ebben az esetben a kiindulási alap a véletlenszerű párosítás, amikor az állomány genetikai egyensúlyban van, a genotípus gyakorisága nem változik. A véletlenszerű párosítást alapul véve a hasonló egyedek párosítása (homogén párosítás) az ivadékok homozigotizását, a különböző egyedek párosítása (heterogén párosítás) az ivadékok heterogenitását növeli. Ennek megfelelően a párosítási eljárások két csoportját különböztetjük meg: a homozigotizást növelő és a heterozigotizást növelő párosításokat (Szabó, 2004).

Jelen szakirodalmi áttekintésben a fajtatiszta tenyésztésen belül, a homozigotizást növelő párosítási módszerek közül, a beltenyésztés káros hatásait vizsgáltuk a vadon élő, a fogságban tartott, de nem házasított, illetve házasított állatpopulációkban.

BELTENYÉSZTÉS

Beltenyésztést folytatunk, ha a populációt genetikai értelemben zárt állományként tekintjük, tehát nem történik génimmigráció. A beltenyésztés következtében nemzedékről nemzedékre csökken a heterozigóta és növekszik a homozigóta allélpárokkal rendelkező egyedek száma. Meghatározott (fajonként eltérő) idő elteltével, mikor a párosítandó egyedeknek már számottevő mennyiségű származásilag azonos génje van, megnő a genotípusos és fenotípusos hasonlóságuk és a beltenyésztés rokontenyésztésbe megy át. Tehát származásilag azonos génekkel rendelkező, vagyis genetikai értelemben egymással rokon egyedek párosztatása a rokontenyésztés. Két egyed rokoni kapcsolata az állattenyésztés gyakorlatában azt jelenti, hogy egy vagy több közös ősük volt, amely közös ősüktől mindketten azonos géneket örökölhettek, ebből következően génkészletük egy része származásilag azonos lehet. A rokonság fokát a származásilag potenciálisan azonos

génhányad nagysága határozza meg, ez pedig a rokonok és a közös ős vagy ősök közötti nemzedékek számától függ (Dohy, 1999; Szabó, 2004).

A rokontenyésztés a beltenyésztésnek egy magasabb foka. Mindkét eljárás (a bel- és rokontenyésztés) azonos irányba: a homozigotitás növekedése felé hat. Különbösg köztük csupán a származásilag azonos gének homozigotitás mértékében van. Ennek számszerű kifejezésére a legelterjedtebb mérőszám a Wright-féle beltenyésztési együttható (F). Az F-érték a származásilag azonos gének (allélok) homozigóta állapotban fixálódó hányadát fejezi ki a populáció átlagában, vagyis a beltenyésztés hatására milyen mértékben nőtt a homozigóta allélpárok aránya az ivadékokban (Dohy, 1999; Szabó, 2004).

A BELTENYÉSZTÉS CÉLJA ÉS KEDVEZŐ HATÁSAI

A beltenyésztés célja a kívánatos gének homozigóta formában való rögzítése (fixálása) a populációban. Ennek két alapvető genetikai hatása van: egyrészt a homozigotitás növekedése, illetve a heterozigotitás csökkenése, másrészt az eredeti állományokon belül egymástól genetikailag jelentősen különböző részállományok, ún. beltenyésztett vonalak (családok) kialakítása.

A beltenyésztés előidézzi a genetikai variancia megváltozását: a vonalakon belül mérséklődik, a vonalak között növekszik a genetikai variancia. Célyszerűen beltenyésztett vonalak keresztezésével a tenyésztő előnyt tud szerezni a heterozigóta F_1 ivadékok genotípusos és fenotípusos egyöntetűségéből, ha az állományt a piacon azonos időben és közel azonos súlyban szükséges értékesíteni. A tenyésztő másik előnye, hogy két beltenyésztett vonal keresztezéséből, domináns génhatás esetén, a nem rokontenyésztett szülők teljesítményét felülmúló heterozigóta ivadékok származnak. További előny az is, hogy valószínűsíti a káros recesszív gének egy lókusztá kerülését, így lehetővé válik az ilyen géneket hordozó egyedek selejtezése (Szabó, 2004).

BELTENYÉSZTÉSI LEROMLÁS

A beltenyésztéssel nem csak kívánatos, hanem nemkívánatos géneket is felhalmozhatunk, és homozigóta állapotban fixálhatjuk a populációban (Szabó, 2004).

A beltenyésztés káros hatásai már századok óta ismertek. Darwin (1868; 1876) egyértelműen leírta a beltenyésztés okozta leromlást, 57 növényfajt vizsgált, 52 nemzetségből és 30 családból. A beltenyésztett növények átlagosan alacsonyabbak voltak, kisebb volt a súlyuk, később virágoztak és kevesebb magot hoztak. Az önbeporzó növények átlagosan 41% csökkenést mutattak a maghozamban és 13%-os visszaesést a magasságban. A beltenyésztés elméleti alapjait Wright (1921) dolgozta ki, de ezt követően számos közlemény foglalkozott a kérdéskör, illetve a beltenyésztés káros hatásaival (Dickerson és mtsai, 1954; Freeden, 1956; Chai, 1966; Falconer, 1971).

A témával kapcsolatos egyre fokozódó érdeklődést azonban a génmegőrzés (konzervációs biológia) önálló tudománnyá válása és növekvő jelentősége magyarázza (Frankel és Soule, 1981, Szalay és Bodó, 2007).

Beltenyésztesi leromlást okozhat a homozigotizáció növekedése vagy a heterozigotizáció csökkenése (Crow, 1948). Az előbbi eredményeképpen, a beltenyészített egyedekben, a káros recesszív allélok egyre növekvő számban jelennek meg és csökkentik azok fitneszt. Az utóbbi pedig csökkenti a beltenyészített egyedek fitneszt azon a lókuszon, ahol heterozigóta fölény alakul ki a homozigótával szemben (Allendorf és Luikart, 2007).

A populáció létszámának csökkenése, zárt állományokban növeli a beltenyészítés mértékét. Tenyésztett fajtákban, a beltenyészítés eredményét, a reprodukciós, fitnesz és termelési tulajdonságok átlagában történő csökkenést, a beltenyészési leromlással fejezzük ki. Ennek káros hatásait felismerték már a Mendeli öröklődés alapjainak megfogalmazása előtt. A laboratóriumi és a házasított állatfajoktól származó elsőbű bizonyítékok ellenére nagy szkepticizmus fogadta azt a felvetést, mely szerint a beltenyészítés okozta leromlás megjelenhet a vadon élő állatokban is, azonban 44-ből 41 esetben magasabb mortalitást tapasztaltak a beltenyészített anyák ivadékaiban (a nem beltenyészített anyákhoz viszonyítva). A teljes testvér párosztatásból származó utódokban átlagosan 33%-kal csökkent a fiatalok túlélése aránya (Ralls és mtsai, 1988). Ez volt az első meggyőző bizonyíték arra, hogy a beltenyészítésnek káros hatása van számos génmegőrzés szempontjából jelentős vadonélő (nem fogásban tartott) fajra (Frankham és mtsai, 2002), és ezt számos fajban kimutatták (Falconer és Mackay, 1996; Hedrick és Kalinowski, 2000; Keller és Waller, 2002).

A beltenyészítésnek más-más hatása van a különböző tulajdonságokra. A leromlás leggyakrabban olyan tulajdonságokon fejeződik ki, melyek közeli kapcsolatban vannak a fitnesszel, valamint a reprodukcióval (pl.: a lerakott tojások száma, az utód túlélő képessége, ejakulációs térfogat, termékenység, növény magasság). De bemutatták már különböző teljesítmény-vizsgálatok széles skáláján keresztül is, mint a növekedési ráta, túlélés, betegségekkel szembeni ellenállóképesség, fajon belüli versenyképesség, valamint a környezeti stresszel szemben mutatott tolerancia (Falconer és Mackay, 1996; Crnokrak és Roff, 1999). De Rose és Roff (1999) megállapították, hogy azok a tulajdonságok, melyek kevésbé kapcsolódnak a fitneszhez, pl.: a kifejlett kori testtömeg, kisebb mértékben vagy egyáltalán nem mutatnak direkcionális dominanciát. A beltenyészítés hatása továbbá azonos tulajdonságra is eltérő lehet a különböző fajok között, de az azonos fajok különböző populációi között is (Tornhill, 1993; Frankham és mtsai, 2002). Újabb tanulmányokban felmerült, hogy a beltenyészési leromlás különböző lehet az alapító ősökre vonatkozóan, valamint a populációk egyes vonalai között (Miglior és mtsai, 1994; Pray és Goodnight, 1995; Lacy és mtsai, 1996; Rodrigáñez és mtsai, 1998; Gulisija és mtsai, 2006). A beltenyészési leromlás variabilitása akkor jelentkezik, ha az ősekben (vagy vonalakban) változó számú káros recesszív allél található (genetikai teher) (Köck és mtsai, 2009).

A BELTENYÉSZTÉSI LEROMLÁS OKAI

A beltenyészési leromlás genetikai alapját két fő hipotézis magyarázhatja. Az egyik a részleges dominancia, a másik pedig az overdominancia hipotézis. Az, hogy ezek közül melyik a fontosabb oka a leromlásnak, még a mai napig vitatott (Karkainen és mtsai, 1999).

A részleges dominancia rögzíti a beltenyésztési leromlást, mint káros recesszív allélok kifejeződése a homozigóta lókuszon. A beltenyésztés növeli a homozigóták gyakoriságát és ezért a káros recesszív allélok, melyek rejtettek a heterozigótákban, egyre inkább kifejeződnek. Ha az utód a terheltséget okozó allélra lesz homozigóta, akkor azon az egyedben jelentkeznek a terheltség tünetei. *Szendró és Kovács* (1987) nyúlállományokban, a két leggyakrabban előforduló örökletes rendellenességet a metszőfogak túlnövését okozó *brachygnathia superior*-t, valamint a lábak szétcsúszását okozó *luxatio femoris congenitalis*-t, vizsgálták új-zélandi fehér és kaliforniai fajtájú nyúlállományokon. A terheltséget hordozó szülőktől született almok adatainak elemzése mindkét rendellenesség esetén bizonyította a 3:1-es hasadási arányt. Ennek alapján megállapították, hogy a viszonylag alacsony szintű fenotípusos megjelenés ellenére, a vizsgált állományokban, magas a heterozigóta (fejlődési rendellenességet hordozó) egyedek aránya és a káros allél gyakorisága. A homozigóta recesszív egyedek tenyésztésből történő kizáráásával, még 10 generáció után is csak felére csökkenthető a káros allél gyakorisága. Ezek gyakoriságának hatékony csökkentése a heterozigóta – a rendellenességet rejtetten hordozó – egyedek selejtezésével érhető el, ami azt jelenti, hogy ha egy alomban rendellenes fogú egyed van, akkor annak szüleit, valamint édes- és féltestvéreit is ki kell zárni a tenyésztésből. Így néhány generáció után csökken a rendellenesség előfordulása.

Az overdominancia hipotézis szerint a heterozigóta mindkét homozigóta fölöttei fölényében fejeződik ki, azonban a beltenyésztés miatt lecsökkent heterozigóta gyakoriság, csökkenti az dominancia megjelenésének lehetőségét (*Köck és mtsai*, 2009). Az előbbieken kívül egy harmadik hipotézis is ismert, mely részben úgy definiálja a beltenyésztési leromlást, mint a lókuszok közötti meghibásodott episztatikus kölcsönhatások következményét (*Templeton és Read*, 1994).

BELTENYÉSZTÉSI LEROMLÁS A FITNESZ (SZAPORASÁG, TERMÉKENYSÉG, ÉLETKÉPESSÉG) TULAJDONSÁGOKBAN

Az 1970-es években bizonyították először, hogy a beltenyésztés a fitness tulajdonságok jelentős leromlását okozza a veszélyeztetett fajok fogságban tartott populációiban (*Ralls és mtsai*, 1979; *Ralls és mtsai*, 1988).

Moura és mtsai (2000) botucatu nyúlajtában végzett vizsgálataik alapján megállapították, hogy az anyák beltenyésztési együtthatójának 10%-os növekedése az élve született fiókák számát 0,805-del csökkentette (1. táblázat). A fiókák beltenyésztési együtthatójának 10%-os növekedése átlagosan további 0,589 fiókéval csökkentette a választási alomlétszámot. A vizsgálat érdekessége, hogy az anyák beltenyésztési együtthatójának növekedése pozitív hatással volt az átlagos választási súlyra. Véltetően ez közvetett hatása lehetett annak, hogy az alomlétszám lecsökkent.

Chai (1969) beltenyésztett nyúlalomban szintén vizsgálták az átlagos születési és választási alomlétszámot, de *Moura és mtsai* (2000) által kapott eredményekhez képest jóval nagyobb leromlást tapasztaltak (1. táblázat). A különbség egyik oka az lehet, hogy vizsgálataival szemben, *Chai* (1969) gyors beltenyésztést folytatott annak érdekében, hogy a populáció megközelítse a 100%-os

**A szaporasági tulajdonságokra vonatkozó beltenyésztési együtthatók
és a hozzájuk tartozó leromlás annak 10%-os növekedése esetén**

Szerző és faj/fajta (1)	Tulajdonság (2)	Átlagos beltenyésztési együttható, % (3)	Leromlás (10%) (4) (f)
<i>Moura és mtsai</i> (2000) botucatu nyúl (5)	élve született fiókák száma (15)	7,17	-0,805 fióka/alom (28)
	választási alomlétszám (16)		-0,589 fióka/alom (28)
	választási alomsúly(17)		-211 g/alom (29)
	átlagos választási súly (18)		+29,1 g/alom (29)
	szoptatás alatti elhullás (19)		-0,0079 fióka/alom (28)
<i>Chai és mtsai</i> (1969) beltenyésztett nyúlvonal (6)	átlagos születési és választási alomlétszám (20)	97	-0,78 fióka/alom (28)
<i>Laike és Ryman</i> (1991) farkas (7)	anyák szaporasága(a)	25	-0,27 farkaskölyök/év (30)
	szülőpárok szaporasága(b)		-0,38 farkaskölyök/év (30)
<i>Holt és mtsai</i> (2005a) egér (8)	átlagos alomlétszám (21)	64	-0,72 fióka/alom (28)
<i>Holt és mtsai</i> (2005b) egér (8)	anya súlya pározataskor (22)	45	-0,27 g
	élve született egérfiókák száma (15)		-0,72 fióka/alom (28)
<i>Köck és mtsai</i> (2009) osztrák nagy fehér hűssertés (9) (anyai (d))	alomlétszám (23)	2,02	-0,21 malac/alom (31)
	élve született malacok száma (15)		-0,19 malac/alom (31)
	választott malacok száma (16)		-0,16 malac/alom (31)
<i>Köck és mtsai</i> (2009) osztrák nagy fehér hűssertés (9) (alom (e))	élve született malacok száma (15)	2,23	-0,1 malac/alom (31)
	választott malacok száma (16)		-0,19 malac/alom (31)
<i>Köck és mtsai</i> (2009) osztrák lapálysertés(10) (anyai (d))	választott malacok száma (16)	0,93	-0,21 malac/alom (31)
<i>Köck és mtsai</i> (2009) osztrák lapálysertés(10) (alom (e))	alomlétszám (23)	1,24	-0,26 malac/alom (31)
	élve született malacok száma (15)		-0,25 malac/alom (31)
	választott malacok száma (16)		-0,29 malac/alom (31)
<i>Rodríguez és mtsai</i> (1998) nagy fehér hűssertés (11) (anyai (d))	alomlétszám (23)	21,9	-1,897 malac/alom (31)
	élve született malacok száma (15)		-1,7 malac/alom (31)
<i>Rodríguez és mtsai</i> (1998) nagy fehér hűssertés (11) (alom (e))	alomlétszám (23)	23,1	-2,726 malac/alom (31)
	élve született malacok száma (15)		-3,947 malac/alom (31)
<i>Farkas és mtsai</i> (2007) magyar lapálysertés (12) (anyai (d))	élve született malacok száma (15)	2,689(c)	-0,113 malac/alom (31)
	vermehességi idő (24)		+0,009 nap (32)
<i>Farkas és mtsai</i> (2007) magyar lapálysertés (12) (alom (e))	élve született malacok száma (15)	3,117(c)	-0,114 malac/alom (31)
	vermehességi idő (24)		+0,092 nap (32)
<i>Farkas és mtsai</i> (2007) magyar nagy fehér hűssertés (13) (anyai (d))	élve született malacok száma (15)	1,797(c)	-0,198 malac/alom (31)
	vermehességi idő (24)		-0,041 nap(32)
<i>Farkas és mtsai</i> (2007) magyar nagy fehér hűssertés (13) (alom (e))	élve született malacok száma (15)	2,466(c)	-0,171 malac/alom (31)
	vermehességi idő (24)		+0,074 nap (32)
<i>Márkus és mtsai</i> (2008) magyar holstein-fríz (14)	üresen állási idő (25)	1,88	+7,9 nap (32)
	tejelő napok száma (26)		+6,5 nap (32)
	laktációs tejtermelés (27)		-104 kg tej (33)

(a) átlagos utódszám a reprodukciós évben ahol a reprodukciós év azt az évet jelenti, amikor az anya szociális helyzete lehetővé tette a szaporodását, (b) átlagos utódszám a szülőpárokra vonatkozóan, (c) csak a beltenyésztett állatokra vonatkozóan, (d) a paraméterek a nőivarú szülők beltenyésztettségére vonatkoznak, (e) a paraméterek a nőivarú szülők ivadékaiknak beltenyésztettségére vonatkoznak, (f) a beltenyésztési együttható 10%-os növekedése esetén tapasztalható leromlás nagysága

Table 1.: Observed inbreeding coefficients and inbreeding depression (per 10% increase of the inbreeding coefficient) for reproductive traits

authors and species/breed(1); trait (2); inbreeding coefficient (3); inbreeding depression % (4); botucatu rabbit (5); inbred line of rabbit(6); Captive Wolf (7); mice (8); Austrian Large White pig (9);

az 1. táblázat folytatása

Austrian Landrace pig (10); Large White pig (11); Hungarian Landrace pig (12); Hungarian Large White pig (13); Hungarian Holstein Friesian (14); number born alive (15); number weaned (16); litter weaning weight (17); mean weaning weight (18); litter mortality (19); mean litter size at birth, and at weaning (20); average litter size (21); weight of the dam at mating (22); total number born (23); gestation length (24); days open (25); lactation length (26); 305d milk yield (27); young per litter (28); g per litter (29); offspring per reproductive year (30); piglets per litter (31); days (32); milk kg (33); (a) average progeny number in the reproductive year when the dam was able to reproduce, (b) average progeny number for the pair of parents, (c) only inbred individuals were considered, (d) parameters characterise the inbreeding of the female parents, (e) parameters characterise the inbreeding of the female parents' progeny, (f) magnitude of inbreeding depression supposing 10% increase of the inbreeding coefficient

beltenyésztettségi szintet. A másik oka, hogy Chai (1969) 97%-os, míg az utóbbi (Moura és mtsai, 2000) egy viszonylag alacsony, 7,17%-os beltenyésztési együttható mellett vizsgálták a beltenyésztés okozta leromlásokat.

Holt és mtsai (2005a) 122 generáción keresztül alomlétszámra szelektált egér állományt vizsgáltak. A populáció beltenyésztési együtthatója, elkerülve a teljes testvérek és unokatestvérek párosodását, erre az időpontra elérte a 64%-ot. A vizsgálat elején három különböző vonalból indultak, melyből egyet nagy, egyet pedig kis alomlétszámra szelektáltak, a harmadikat kontroll vonalként használták, melyben nem folytattak szelekciót. Később ezeket keresztezve összesen 8 vonal teljesítményét nézték 3 kísérleti periódusban. A beltenyésztési együttható a keresztezések miatt 0-ról indult és generációnként 0,33–1,19%-kal növekedett. A beltenyésztés okozta leromlás nem volt statisztikailag igazolható, ha az egyes vonalakat és a kísérleti periódusokat külön kezelték, de a vonalak és a kísérleti egységek együttes vizsgálatakor azt tapasztalták, hogy az átlagos alomlétszám 0,72 fiókával romlik, ha a beltenyésztési együttható 10%-ot növekszik (1. táblázat).

Köck és mtsai (2009) osztrák lapály és osztrák nagy fehér hússertéseken folytatott vizsgálataiban a teljes beltenyésztési együtthatót két részre osztották: új és régi beltenyésztésre (1. táblázat). Az „új” az első öt generáció beltenyésztési együtthatóját jelenti, a „rég” pedig a teljes beltenyésztési együttható, ami a rendelkezésre álló pedigrből (41 év) számolható beltenyésztési együttható és az új különbségéből származik. A nagy fehér hússertés és a lapálysertés populációkban is, mind az új és mind a régi beltenyésztési együttható szerint csökkent a malacok életképessége. A becsült beltenyésztés okozta leromlás –0,18 és –0,23 választott malac az új, alomra vonatkozó beltenyésztési együttható 10%-os növekedése, –0,31 és –1,91 választott malac a régi, alomra vonatkozó beltenyésztési együttható növekedésének esetén (1. táblázat). Lapálysertés populációban a régi, alomra vonatkozó beltenyésztés nagyobb leromlást eredményezett, mint az új beltenyésztés. Annak megállapítására, hogy az allél származásától függően változik-e a beltenyésztés hatásának nagysága és iránya, a szerzők részleges (parciális) beltenyésztési együtthatókat számoltak. Valamennyi egyed beltenyésztési együtthatóját felosztották az ősökre vonatkozóan. Mindkét említett fajtában meghatározták a 4–4 (A_LW, B_LW, C_LW, D_LW és A_LR, B_LR, C_LR, D_LR) genetikailag legfontosabbnak ítélt őst és kiszámították ezek részleges beltenyésztési együtthatóját. Az ezekre számított beltenyésztési leromlás nagysága eltérő volt mindkét populációban. Például a D_LW őstől származó 10%-os beltenyésztési együttható átlagosan két malaccal csökkentette a koca élve született malacainak

számát. Ezzel szemben a B_LW és C_LW ősöktől származó azonos mértékű beltenyésztési együttható alig vagy egyáltalán nem okozott leromlást a vizsgált tulajdonságokban.

Rodrigánez és mtsai (1998) valamint Farkas és mtsai (2007) is hasonló tulajdonságokat vizsgáltak lapály és nagy fehér hússertéseken. A vizsgált populációkban nem történt szándékos rokontenyésztés, ezért a beltenyésztettség növekedésének ütemében nagy eltérés nem volt (1. táblázat). A leromlásban tapasztalt különbségeket a beltenyésztettség különböző szintjei magyarázhatják.

Vicente és mtsai (2007) egy portugál sertésfajtán vizsgálták a beltenyésztés okozta leromlásokat az élve született és választott malac tulajdonságokban. A beltenyésztési együttható 10%-os növekedésével az élve született malacok száma 0,28-dal, míg a választott malacoké 0,2 malaccal csökkent.

Ferraz és mtsai (1991) kaliforniai és új-zélandi fehér nyulakon vizsgálták a beltenyésztés hatását szaporasági tulajdonságokra: a vemhesség hossza, a halva született fiókák százalékos aránya, az elhullás választásig valamint a születéskor, a 21. napos korban és a választáskor mért alomlétszám és súly. Az anyai beltenyésztésnek csak a választáskori alomsúlyra volt statisztikailag igazolható hatása, de az eredmények nem sokkal maradtak el a kritikus értéktől a vemhesség hossza, a 21. napos alomlétszám és a választáskori alomlétszám esetében sem. A beltenyésztettségnek egyik tulajdonságban sem volt statisztikailag kimutatható hatása.

Bowman és Falconer (1960) 20 különböző egérvonalal kezdte a beltenyésztést. Mikor a beltenyésztési együttható elérte a 76%-ot, 17 vonal kihalt a 3–4. generáció környékén. A maradék három vonal alacsonyabb beltenyésztettségi szintről indult a kísérlet elején és ennek következtében nem is mutattak semmiféle leromlást, míg a beltenyésztési együttható el nem érte a 80%-ot a 7–8. generáció környékén. Ezt követően két vonalban elkezdődött a leromlás, majd a 10–11. generációban kihaltak. Az egyetlen megmaradt vonal elérte a 98,8%-os beltenyésztettségi szintet és a nem beltenyésztett kontrol vonaléval teljesen megegyező teljesítményt mutatott az átlagos alomlétszámban. Azt a három vonalat, mely túlélte a 81%-os beltenyésztettségi szintet, keresztezték és azt tapasztalták, hogy az alomlétszám almonként 2 fiókéval nőtt a nem beltenyésztett kontrol vonalhoz képest. Az elért heterózis a vonalak közötti szelekciónak tudható be, azaz a beltenyésztett vonalak közül az ún. legjobbakat keresztezték. Mivel azonban a kevésbé jól teljesítő vonalak keresztezését nem vizsgálták, nem zárható ki, hogy jobb keresztezési konstrukciókat kaphattak volna a legjobb vonalak keresztezéséhez képest. A beltenyésztés második, harmadik ciklusa és a keresztezés nem eredményezett további javulást és az első keresztezésben kapott átlagos alomlétszám méretet soha nem érték el újra. Ez annak a következménye, hogy az alkalmazott szelekciós program nem volt hatékony, valamint, hogy a populáció mérete előzőleg lecsökkent. A vonalak viselkedése a beltenyésztés és a keresztezés alatt inkább tűnik egyszerű dominancia eredményének, mint overdominanciának azon a lókuszon, mely az alomméret meghatározásáért felelős (hiszen, ha a fentebb ismertetett három vonal overdomináns lókuszekkel rendelkezett volna a 80%-os beltenyésztettségi szint elérésekor, a beltenyésztési leromlásnak mindenképpen jelentkeznie kellett volna).

Asa és mtsai (2007) fogságban tartott mexikói szürke farkasokat vizsgálva azt találták, hogy a beltenyésztési együttható szintje két spermaminőségi tulajdon-

sággal volt kapcsolatban: a spermium alakjával és mozgásképesységével. Magas negatív korrelációt tapasztaltak a beltenyésztettség szintje és az ejakulátum normál spermium sejt százalékos előfordulása között. A másik, szintén statisztikailag igazolható összefüggést a beltenyésztés és a mozgó spermium százalékos aránya között találták. A beltenyésztettségi szint nem csak a gyenge spermium minőséggel (spermium alakja- és mozgásképesége) volt kapcsolatban, hanem mindkét tulajdonság statisztikailag igazolhatóan kapcsolatban van a reprodukció sikerességével, mivel a hibás spermiumok csökkenthetik a termékenységet. A spermium szerkezete befolyásolhat olyan tulajdonságokat, mint a sebesség és a mozgás iránya (középdarab és farok rész) valamint a petesejtbe történő behatolás képességét, mely kapcsolatban van a termékenységgel olyan más fajokban is, mint például: edmi gazella, dáma gazella, darcos gazella, ibériai gímszarvas (*Gomendio és mtsai*, 2000; *Malo és mtsai*, 2005).

BELTENYÉSZTÉSI LEROMLÁS A NÖVEKEDÉSI ÉS TERMELÉSI TULAJDONSÁGOKBAN

Laikre és Ryman (1991) (2. táblázat). fogságban tartott farkasokon végzett vizsgálataik alapján megerősítették, hogy a csökkent fiatalkori testsúly a beltenyésztésnek köszönhető a svéd származású egyedek között, de még erősebb a bizonyíték arra, hogy csökken a szaporaság és a hosszú hasznos élettartam a finn eredetű génekkel rendelkező egyedek esetében.

White (1972) két kísérletben vizsgálta a beltenyésztés növekedésre gyakorolt hatását egerekben oly módon, hogy különböző szintekig emelte beltenyésztettségét (2. táblázat). Az első kísérletben csak közepes szintig, vagyis 0, 12, 25, és 38%-ig, mely anyák utódainak beltenyésztettsége sorrendben 0, 22, 38 és 50%. A második kísérletben jóval intenzívebb beltenyésztést folytatott, melynek eredményeként az anyák beltenyésztettsége 0, 25, 50 és 73%-ot ért el. Ezen anyák utódainak beltenyésztettsége 0, 38, 59 és 79% volt.

Az első kísérletben a hímivarú egerek 21. napos választási súlya 7,5%-ot, a nőivarúaké 5%-ot, a második kísérletben a hímivarú egerek választási súlya 5,1%-ot, a nőivarúaké mindössze 2%-ot csökkent. A szerző következtetése szerint a beltenyésztettség szintjének 0-ról 50 vagy 60%-ig történő emelkedése nagyobb hatással van a hímivarú egerek választási súlyára, mint a nőivarúakéra. Azonban, ha tovább növelte a beltenyésztettséget, 59-ről 79%-ra a hímivarú fiókák választási súlya további 7,1%-kal csökkent, míg a nőivar esetében egy sokkal erőteljesebb, 11,6%-os csökkenést tapasztalt. Tehát a beltenyésztési együttható szisztematikus emelésének kétségtelenül van egy közvetlen és inkább folyamatos csökkenést okozó hatása a hímivarban, míg a nőivar választási súlya stabil marad az 50–60%-os beltenyésztettségig, de további emelkedés esetén sokkal drasztikusabb leromlás tapasztalható, mint a hímivarban. *White* (1972) végső következtetése e két kísérlet alapján az, hogy bár ivaronként eltérő lehet a különböző beltenyésztettségi szinteken tapasztalható leromlás, de az, a végső szinten, mindkét ivarban azonos mértékű lesz.

Vigh és mtsai (2007) magyar lapálysertés-populáció vizsgálatokor az találták, hogy a beltenyésztési együttható 10%-os növekedésével a sertések szalonna vastagsága 0,084 mm-rel, a karajvastagsága pedig 0,062 mm-rel csökkent (2. táblázat).

2. táblázat

A termelési tulajdonságokra vonatkozó beltenyésztési együtthatók és a hozzájuk tartozó leromlás annak 10%-os növekedése esetén

Szerző és faj/fajta (1)	Tulajdonság (2)	Átlagos beltenyésztési együttható (%) (3)	Leromlás (10%) (4) (d)
<i>Laikre és Ryman</i> (1991) farkas(5)	8. hónapos testtömeg (9)	25	-2,32 kg
<i>Holt és mtsai</i> (2005b) egér (6)	3. hetes súly (10)	45	-0,35 g
	6. hetes súly (11)		-0,29 g
<i>White</i> (1972) egér (6)	I. kísérlet (beltenyésztettségi szint 0–50%) (12) (anyai (b))	10	-0,061 g
	12. napos súly(14)		
	21. napos súly(15)	10	-0,062 g
	I. kísérlet (beltenyésztettségi szint 0–50%) (12) (alom (c))		
	12. napos súly(14)		-0,1 g
	21. napos súly(15)		-0,204 g
	42. napos súly(16)		-0,118 g
	56. napos súly(17)		-0,179 g
	II. kísérlet (beltenyésztettségi szint 0–79%) (13) (anyai (b))	10	-0,084 g
	12. napos súly(14)		-0,071 g
	21. napos súly(15)		-0,117 g
	42. napos súly(16)		-0,110 g
	56. napos súly(17)		
	II. kísérlet (beltenyésztettségi szint 0–79%) (13) (alom (c))	10	-0,1 g
	12. napos súly(14)		-0,180 g
	21. napos súly(15)		-0,264 g
	42. napos súly(16)		-0,196 g
	56. napos súly(17)		-4,01 g
<i>Vigh és mtsai</i> (2008) magyar lapálysertés (7)	átlagos napi tömeggyarapodás(18)	5 (a)	-0,003%
	színhús százaléka(19)		
<i>Ferraz</i> (1993) kaliforniai és új-zélandi fehér nyúl (8)	egyedi vágósúly(20)	25	-11,1% átlagos vágósúly(22)
	karkasz súly(21)		-13,7% átlagos vágósúly(22)

(a) csak a beltenyésztett állatokra vonatkozóan, (b) a paraméterek a nőivarú szülők beltenyésztettségére vonatkoznak (c) a paraméterek a nőivarú szülők ivadékaiknak beltenyésztettségére vonatkoznak, (d) a beltenyésztési együttható 10%-os növekedése esetén tapasztalható leromlás nagysága

Table 2: Observed inbreeding coefficients and inbreeding depression (per 10% increase of the inbreeding coefficient) for growth traits

authors and species/breed (1); trait (2); inbreeding coefficient (3); inbreeding depression % (4); Captive Wolf (5); laboratory mice (6); Hungarian Landrace pig (7); Californian and New Zealand White rabbit (8); weight at 8 month (9); body weight at three weeks of age (10); body weight at six weeks of age (11); experiment I, level of inbreeding 0–50% (12), experiment II, level of inbreeding 0–79% (13); individual body weight at 12 days of age (14); individual body weight at 21 days of age (15); individual body weight at 42 days of age (16); individual body weight at 56 days of age (17); average daily gain (18), lean meat percentage (19), individual weight at slaughter (20), carcass weight (21), mean weight (22) (a) only inbred individuals were considered, (b) parameters characterise the inbreeding of the female parents, (c) parameters characterise the inbreeding of the female parents' progeny, (d) magnitude of inbreeding depression supposing 10% increase of the inbreeding coefficient

Ferraz és mtsai (1993) kaliforniai és új-zélandi fehér nyulakon vizsgálták a beltenyésztés hatását az egyedi testsúlyra választástól vágásig, a vágási testsúlyra valamint a vágási kihozatalra (2. táblázat). A 10. hetes kori testsúly, mint szelekciós kritérium szerepelt a szelekciós programban. Vizsgálataik során azt találták, hogy választáskor, valamint 5. hetes korban a beltenyésztésnek nincs észlelhető hatása, de a 6. héttől a 11. hétig hetente mért testsúlyra már volt statisztikailag igazolható hatás.

A választáskori egyedi súlyban és a 6. hetes súlyban igen kismértékű változékonyság volt tapasztalható, $\pm 20\text{g}$, ami 3,6%-ot jelent az egyedi választási súlyban és 2,6%-ot a 6. hetes kori testsúlyban. Az említett súlyértékeket a beltenyésztés 0 és 25%-os szintje között tapasztalták, de az eltérések statisztikailag nem igazolhatóak.

Az állatok javuló teljesítményét figyelték meg az előbbieken említett tulajdonságokban, amikor a beltenyésztési együththató 0-ról 10%-ra nőtt. Mikor azonban a beltenyésztési együththató e fölé emelkedett, az állatok teljesítménye negatív irányba változott. A beltenyésztés javító hatását mintavételi hibának vagy szelekciós előrehaladásnak tekintik, hiszen a mintában szereplő egyedeket testsúlyra szelektálták. A beltenyésztés szintje és a 10. hetes kori testsúly között szintén hasonló összefüggés volt tapasztalható, azonban e tulajdonság negatív irányú változása csak 15%-os beltenyésztettségi szint mellett jelentkezett. Ez a megfigyelés arra utal, hogy a szelekció és a beltenyésztés között úgynevezett hatáskeveredés léphetett fel. Egy másik lehetséges oka a megfigyelt javulásnak alacsony beltenyésztettségi szint mellett az lehet, hogy a szelekció és a beltenyésztés által a heterozigóták egyes előnyben részesített allélja nagyobb szerephez jutott. 10%-os beltenyésztettségi szint mellett 0,5%-os, míg 25%-os szint mellett 2%-os leromlást tapasztaltak a vágási kihozatalban, de ezek a megfigyelések statisztikailag nem igazolhatóak. A beltenyésztésnek nagyon kis hatása volt a vágósúlyra, de a trend egyértelműen azt mutatta, hogy az együththató növekedésével az egyedi vágósúly csökken.

Ferraz és mtsai (1992) egy másik kísérletben, szintén kaliforniai és új-zélandi nyúlpopulációt vizsgálva azt tapasztalták, hogy a beltenyésztés csökkentette a 10. hetes kori testsúlyt, a vágási testsúlyt, a karkasz súlyát, valamint a fej súlyát. Ezzel szemben a belsőségekre, a bőr súlyára és a vágási kihozatalra nem tudtak kimutatni statisztikailag igazolható leromlást.

BELTENYÉSZTÉSI LEROMLÁS A MORFOLÓGIAI TULAJDONSÁGOKBAN

Igen kevés azoknak a vizsgálatoknak a száma, mely a beltenyésztés okozta leromlást olyan tulajdonságokon vizsgálja, melyek kevésbé kapcsolatosak a fitness vagy a reprodukciós tulajdonságokkal, mint például a morfológiai tulajdonságok. Falconer és Mackay (1996) szerint, míg a fitness tulajdonságok mutatnak leromlást, addig a fitnesszel kevésbé kapcsolatban levő tulajdonságok, mint pl. a morfológiai tulajdonságok, csak kis mértékben vagy egyáltalán nem mutatják azt.

A háziastott állatfajok körében, néhány közlemény alapján bizonyítékot találunk a beltenyésztés káros hatására a morfológiai tulajdonságokban (Von Krosigk és Lush, 1958; Wiener és mtsai, 1992; Gandini és mtsai, 1992; Smith és mtsai, 1998) is. A lótenyésztésben igen fontos szerepe van a morfológiai tulajdonságoknak, például a bemutatókra (Spanyol Lovas Iskola, Bécs) vagy a különböző szakágak legmagasabb szintű versenyekre tenyésztett lovak esetében. Számos lófajta populációmérete viszont annyira lecsökkent, hogy az egymással rokon egyedek párosztatása elkerülhetetlen. Gandini és mtsai (1992) haflingi lovakon a beltenyésztés statisztikailag igazolható negatív hatását találták olyan morfológiai jegyekben, mint a marmagasság és az övméret. Ugyanez a tanulmány beszámol

arról is, hogy a lábszár-körméretekre viszont nem volt szignifikáns hatás. *Klemetsdal* (1998) a beltenyésztésnek a norvég hidegvérű ügető lovak versenyteljesítményére gyakorolt negatív hatását mutatta ki, ami közvetett bizonyítéka lehet a morfológiai tulajdonságokra gyakorolt negatív hatásnak. *Curik és mtsai* (2003) lipicai lovak 27 különböző testméretet vizsgáltak, melyek közül csak a hátsó lábak csúdhosszában volt statisztikailag igazolható hatása a beltenyésztésnek. Az együttható 10%-os növekedése esetén tapasztalták az említett méret 3,5%-os növekedését.

De Rose és Roff (1999) szerint három elméleti magyarázat van arra, hogy a morfológiai tulajdonságokban miért nem mutatkozott erőteljes beltenyésztés okozta leromlás. Az első, hogy morfológiai tulajdonságokban nincs dominancia okozta variancia. A második, hogy a morfológiai tulajdonságoknak volt dominancia okozta varianciájuk, de a dominancia nem volt direkcionális, azaz kiegyenlítették egymást. A harmadik, hogy a morfológiai tulajdonságokhoz kapcsolódott dominancia, de a dominancia okozta variancia mértéke jelentéktelen volt. A háziállatok keresztezési kísérletei során nyert nagyszámú bizonyíték azt jelzi, hogy szignifikáns heterózis hatás sokkal gyakrabban található a fitness tulajdonságokban, mint a morfológiai tulajdonságokban (*Sherdian*, 1981). Továbbá, hogy a variancia komponensek becslése a lovak azonos csoportján, a legtöbb esetben a mérsékeltől a magas kategóriába sorolható, szűken értelmezett örökölhetőségi értékeket eredményezett a legtöbb vizsgált morfológiai tulajdonság esetében (*Zechner és mtsai*, 2001).

Bokor és mtsai (2008) magyarországi angol telivér állományban vizsgálták a beltenyésztés okozta leromlást a versenyteljesítményében. 1998 és 2002 között 1131 ló 17.448 futását vizsgálták 1856 versenyen és a végső, éves, általános handicap súlyt, mint teljesítmény-tulajdonságot vették figyelembe. Az adatok elemzése alapján megállapították, hogy a beltenyésztés mértékének nem volt statisztikailag igazolható hatása az említett tulajdonságra.

BELTENYÉSZTÉS A VADON ÉLŐ POPULÁCIÓKBAN

A beltenyésztés leromlást okozó hatásaira általában a laboratóriumi, háziastíftott vagy a fogságban tartott populációkon keresztül nyerünk információt (*Charlesworth és Charlesworth*, 1987; *Tornhill*, 1993; *Falconer és Mackay*, 1996), olykor azonban vad populációból kapott információra is van példa (*Keller*, 1998; *Slate és mtsai*, 2000a). Arra is találunk bizonyítékot, hogy a beltenyésztés a vadon élő populációkban okozza a legnagyobb leromlást (*Crnokrak és Roff*, 1999) és, hogy a beltenyésztés okozta leromlás kapcsolatban van a környezet heterogenitásával (*Dudash*, 1990), tehát óvatosan kell fogalmaznunk, amikor mesterséges körülmények között végzett vizsgálatokból általános következtetéseket vonunk le. Azonban az is megemlítenő, hogy a beltenyésztésnek a vadpopulációkra gyakorolt káros hatásait, két ok miatt is, igen nehéz megállapítani. Az egyik, hogy ahhoz, hogy egy adott egyednek a beltenyésztési együtthatóját pontosan becsülhessük, részletes származási adatokra van szükség. Származási adatok hiányában molekuláris markerek használatával nyílik lehetőség a pontos származás kiderítésére vadon élő populációkban is, így létezik néhány olyan nagy egyedszámú vadpopuláció, melynek ismert a beltenyésztési együtthatója. A másik prob-

léma, hogy a fitness tulajdonságok mérése, különösen a hosszú átlagos élettartamú fajok esetében igen bonyolult (Endler, 1986).

A különböző molekuláris markerek nagy számban történő megjelenésével lehetőség nyílt a beltenyésztés alternatív módon történő meghatározására. Az eukarióták genomjában számos olyan részt találunk, mely ismétlődő szekvenciákat tartalmaz. A DNS lánc ezen elemeit satellit DNS-nek nevezzük. Ezeken belül találjuk a minisatellit egységeket, melyek 20–60 bázispár hosszú ismétlődő szekvenciák. Egyes lókuszok különböznek az ismétlődő részek számát tekintve, valamint az ismétlések száma is eltér a különböző allélok között. A megfigyelt mutációk egy bizonyos ismétlés számának a csökkenése vagy növekedése volt, ami a mikrosatellit fejlődés „stepwise” modelljéhez vezetett, mely szerint az allél hosszúság fejlődési (evolúciós) információt tartalmaz. Ez abból adódik, hogy a lókuszon található két allél közötti távolság „ D ” (az ismétlődő szekvenciában) kapcsolatba hozható az allélok szétválása óta eltelt idővel. Populáció szinten vizsgálódva Goldstein és mtsai (1995) megállapították, hogy ennek a távolságnak a négyzete (D^2) és számos lókuszra átlagolva ($\bar{D}^2$), lineáris kapcsolatban van azzal az időtartammal, mióta két populáció különvált.

Hasonló logikát alkalmazva, feltételezhető, hogy az egyed szintjén is kifejezhető ez a kapcsolat az $\bar{d}^2$ -del. Az egyedi szinten történő $\bar{d}^2$ kiszámításával mérhetjük a genetikai távolságot, azon gaméták között, melyek létrehozták az egyedet. Hasznos lehet összehasonlítani, hogy milyen az egyedi heterozigotizáció és az egyedi $\bar{d}^2$ érték, ha ezeket azonos mikrosatellit adatokból számoljuk. Az egyed heterozigotizációjának mérésekor a heterozigóta lókuszok arányát kapjuk meg szemben a homozigótákéval és fordított kapcsolatba kellene lenni az aktuális beltenyésztettség mértékével a pedigrében. (Coulson és mtsai, 1998). A $\bar{d}^2$ és egyes fitness tulajdonságok kapcsolatát bizonyították Coulson és mtsai (1998) egy vadon élő gímszarvas-populáció vizsgálatakor. A vizsgált egyedek egy részét újra tipizálták 84 mikrosatellit nézve (Slate és mtsai, 2000b). A Coulson és mtsai (1998) által vizsgált fitness tulajdonságok közül a fiatalok túlélőképessége esetében a korábbi eredményeket nem sikerült igazolni, ezért nem lehet megítélni az $\bar{d}^2$ és az aktuális beltenyésztettség kapcsolatának megbízhatóságát (Slate és Pemberton, 2002).

A $\bar{d}^2$ mellett az egyedek közti rokonsági fok a molekuláris leszármazási együttarthatóval is kifejezhető (f_M). X és Y egyedek közötti molekuláris leszármazási együttartható annak a valószínűsége, hogy véletlenszerűen két allélt – egyedenként egyet – kiválasztva, azok azonosak. Ez a valószínűség minden allélra nézve kiszámítható (f_{Mi}). Több molekuláris marker esetén a leszármazási együttartható az egyes lókuszok esetében számított értékek számtani közepével egyenlő. Két Ibériai sertés vonalat (Guadyerbas és Torbiscal) vizsgálva, melyeknek hosszú és teljes pedigréje volt, a molekuláris és a származási adatok alapján becsült leszármazási együttarthatók közti korreláció szoros volt (0,93). Lényegesen kisebb korrelációkat tapasztaltak azonban, amennyiben az egyes vonalakat külön vizsgálták (0,63; 0,39). A rövid és hiányos pedigréjű xalda juhokban, Álvarez és mtsai (2008) mérsékelten szoros (0,67–0,71) korrelációkat tapasztalt a molekuláris és pedigré alapú leszármazási együttarthatók között. Toro és mtsai (2003) szerint a molekuláris leszármazási együttarthatónak kedvező sajátosságai vannak. Az aktuális populációban megállapított molekuláris és pedigré alapú leszármazási együttarthatók segítsé-

gével az alapító populációra nézve is megbecsülhető a molekuláris leszármazási együttható értéke. Az alapító populációban tapasztalt molekuláris leszármazási együttható értéke a várható homozigotizással egybeesik (Nei, 1973). A paraméter még beltenyésztés esetén is torzítatlan. Ezért alkalmazása javasolható az egyedek közti rokonsági fok mérésére (Toro és mtsai, 2003).

KÖVETKEZTETÉSEK

- Egy populáció átlagos beltenyésztési együtthatójának növekedési üteme (beltenyésztési ráta) nagymértékben befolyásolja az egyes tulajdonságokban tapasztalt leromlás mértékét.
- A beltenyésztés okozta leromlás vizsgálatokor figyelembe kell venni, hogy mekkora volt a populáció beltenyésztési együtthatója a vizsgálat kezdetekor.
- A beltenyésztési leromlás különböző lehet az különböző alapító ősökre nézve, tehát nem mindegy, hogy az egyed mely őstől kapott allélra válik homozigótává.

IRODALOM

- Allendorf, F.W. – Luikart, G. (2007): Conservation and the genetics of populations. Blackwell Publishing, Malden, USA, 642.
- Álvarez, I. – Royo, L. J. – Gutiérrez, J. P. – Fernández, I. – Arranz, J. J. – Goyache, F. (2008): Relationship between genealogical and microsatellite information characterising losses of genetic variability: Empirical evidence from the rare Xalda sheep breed. *Livest. Sci.*, 115. 80–88.
- Asa, C. – Miller, P. – Agnew, M. – Rebolledo, J.A.R. – Lindsey, S.L. – Callahan, M. – Bauman, K. (2007): Relationship of inbreeding with sperm quality and reproductive success in Mexican gray wolves. *Anim. Conserv.*, 10. 3. 326–331.
- Bokor, Á. – Sebestyén, J. – Szabari, M. – Stefler, J. (2008): Inbreeding in the Hungarian Thoroughbreds. *Agrár- és Vidékfejlesztési Szemle*, 3. 1. 64–69.
- Bowman, J.C. – Falconer, D.S. (1960): Inbreeding depression and heterosis of litter size in mice. *Genet. Res.*, 1. 262–274.
- Charlesworth, D. – Charlesworth, B. (1987): Inbreeding depression and its evolutionary consequences. *Ann. Rev. Ecol. Evol. S.*, 18. 1. 237–268.
- Chai, C.K. (1966): Characteristics in inbred mouse populations plateaued by directional selection. *Genetics*, 54. 3. 743–753.
- Chai, C.K. (1969): Effects of inbreeding in rabbits. *J. Hered.*, 60. 2. 64–70.
- Coulson, T.N. – Pemberton, J.M. – Albon, S.D. – Beaumont, M. – Marshall, T.C. – Slate, J. – Guinness, F.E. – Clutton-Brock, T.H. (1998): Microsatellites reveal heterosis in red deer. *Proc. Roy. Soc. Lond. Ser. B.*, 265. 1395. 489–495.
- Crnokrak, P. – Roff, D.A. (1999): Inbreeding depression in the wild. *Heredity*, 83. 3. 260–270.
- Crow, J.F. (1948): Alternate hypotheses of hybrid vigor. *Genetics*, 33. 477–487.
- Curik, I. – Zechner, P. – Sölkner, J. – Achmann, R. – Bodó, I. – Dovac, P. – Kavar, T. – Marti, E. – Brem, G. (2003): Inbreeding, microsatellite heterozygosity, and morphological traits in lipizzan horses. *J. Hered.*, 94. 2. 125–132.
- Darwin, C. (1868): The variation of animals and plants under domestication. John Murray, London, 436.
- Darwin, C. (1876): The effects of cross and self-fertilization in the vegetable kingdom. Appleton, NY, 487.
- De Rose, M.A. – Roff, D.A. (1999): A comparison of inbreeding depression in life-history and morphological traits in animals. *Evolution*, 53. 4. 1288–1292.
- Dickerson, G.E. – Blunn, C.T. – Chapman, A.B. – Kottman, R.M. – Krider, J.L. – Warwick, E.J. – Whatley, J.A.Jr. (1954): Evaluation of selection in developing inbred lines of swine. *Res. Bul. Mo. Agric. Exp. Sta. No.*, 551. 1–58.

- Dohy J. (1999): Genetika állattenyésztőknek. Mezőgazda Kiadó, Budapest, 342.
- Dudash, M.R. (1990): Relative fitness of selfed and outcrossed progeny in a self-compatible, protandrous species, *Sabatia angularis* L. (Gentianaceae): a comparison in tree environments. *Evolution*, 44. 5. 1129–1139.
- Ender, J.A. (1986): Natural selection in the wild. Princeton University Press, Princeton, 354.
- Falconer, D.S. (1971): Improvement of litter size in a strain of mice at a selection limit. *Genet. Res.*, 17. 3. 215–235.
- Falconer, D.S. – Mackay, T.F.C. (1996): Introduction to quantitative genetics, 4th Edn. Longman, Harlow, UK, 464.
- Farkas, S. – Curik, I. – Csató, L. – Csörnyei, Z. – Baumung, R. – Nagy, I. (2007): Bayesian inference of inbreeding effects on litter size and gestation length in Hungarian Landrace and Hungarian Large White pigs. *Livest. Sci.*, 112. 1–2. 109–114.
- Ferraz, J.B.S. – Eler, J.P. – Moretti, A.S.A. – Ghion, E. – Masotti, N. (1993): Effect of inbreeding on growth and slaughter traits of rabbits. *Braz. J. Vet. Res. Anim. Sci.*, 30.1. 55–63.
- Ferraz, J.B.S. – Johnson, R.K. – Eler, J.P. (1991): Effect of inbreeding on reproduction traits of Californian and New Zealand White rabbits. *J. Appl. Rabbit Res.*, 14. 211–217.
- Ferraz, J.B.S. – Johnson, R.K. – Van Vleck, L.D. (1992): Use of animal models to estimate the effects of inbreeding on growth and carcass traits of rabbits. *J. Appl. Rabbit Res.*, 15. 143–157.
- Frankel, O.H. – Soule, M.E. (1981): Conservation and Evolution. Cambridge University Press, Cambridge UK, 366.
- Frankham, R. – Ballou, J.D. – Briscoe, D.A. (2002): Introduction to conservation genetics. Cambridge University Press, Cambridge, UK, 617.
- Freedman, H. (1956): Inbreeding and swine improvement. *Anim. Breed. Abstr.*, 24. 317–325.
- Gandini, G.C. – Bagnato, A. – Miglior, F. – Pagnacco, G. (1992): Inbreeding in the Italian Haflinger horse. *J. Anim. Breed Genet.*, 109. 433–443.
- Goldstein, D.B. – Linares, A.R. – Cavalli-Sforza, L.L. – Feldman, M.W. (1995): An evaluation of genetic distances for use with microsatellite loci. *Genetics*, 139. 463–471.
- Gomendio, M. – Cassinello, J. – Roldan, E.R.S. (2000): A comparative study of ejaculate traits in three endangered ungulates with different levels of inbreeding: fluctuating asymmetry as an indicator of reproductive and genetic stress. *Proc. Roy. Soc. Lond. B.*, 267. 1446. 875–882.
- Gulisija, D. – Gianola, D. – Weigel, K.A. – Toro, M.A. (2006): Between-founder heterogeneity in inbreeding depression for production in Jersey cows. *Livest. Sci.*, 104. 3. 244–253.
- Hedrick, P.W. – Kalinowski, S.T. (2000): Inbreeding depression in conservation biology. *Ann. Rev. Ecol. Evol. S.*, 31.139–162.
- Holt, M. – Meuwissen, T. – Vangen, O. (2005a): Long-term responses, changes in genetic variances and inbreeding depression from 122 generations of selection on increased litter size in mice. *J. Anim. Breed Genet.*, 122. 3. 199–209.
- Holt, M. – Meuwissen, T. – Vangen, O. (2005b): The effect of fast created inbreeding on litter size and body weights in mice. *Genet. Sel. Evol.*, 37. 5. 523–537.
- Karkkainen, K. – Kuittinen, H. – van Treuren, R. – Vogl, C. – Oikari, S. – Savolainen, O. (1999): Genetic basis of inbreeding depression in *Arabis pertaea*. *Evolution*, 53. 5. 1354–1365.
- Keller, L.F. (1998): Inbreeding and its fitness effects in an insular population of sparrows (*Melospiza melodia*). *Evolution*, 52. 1. 240–250.
- Keller, L.F. – Waller, D.M. (2002): Inbreeding effects in wild population. *Trends. Ecol. Evolution*, 17. 5. 230–241.
- Klemetsdal, G. (1998): The effect of inbreeding on racing performance in Norwegian cold-blooded trotters. *Genet. Sel. Evol.*, 30. 4. 351–366.
- Köck, A. – Fürst-Waltl, B. – Baumung, R. (2009): Effect of inbreeding on number of piglets born total, born alive and weaned in Austrian Large White and Landrace pigs. *Arch. Tierzucht*, 52. 1. 51–64.
- Lacy, R.C. – Alaks, G. – Walsh, A. (1996): Hierarchical analysis of inbreeding depression in *Peromyscus polionotus*. *Evolution*, 50. 6. 2187–2200.
- Laikre, L. – Ryman, N. (1991): Inbreeding depression in captive wolf (*Canis lupus*) population. *Conserv. Biol.*, 5. 1. 33–40.
- Malo, A.F. – Garde, J.J. – Soler, A.J. – Garcia, A.J. – Gomendio, M. – Roldan, E.R.S. (2005): Male fertility in natural populations of red deer is determined by sperm velocity and the proportion of normal spermatozoa. *Biol. Reprod.*, 72. 4. 822–829.

- Márkus Sz. – Posta J. – Bognár L. – Komlós I. (2008): A hazai holstein-fríz populáció beltenyésztettségének értékelése. *Acta Agraria Kaposváriensis*, 12. 2. 163–166.
- Miglior, F. – Burnside, E.B. – Hohenboken, W.D. (1994): Heterogeneity among families of Holstein cattle in inbreeding depression for production traits. *Proceedings of the 5th World Congress Genetics Applied Livestock Production*, 18. 479–482.
- Moura, A.S.A.M.T. – Ploastre, R. – Wechsler, F.S. (2000): Dam and litter inbreeding and environmental effects on litter performance in botucatu rabbits. *World Rabbit Sci.*, 8. 4. 151–157.
- Nei, M. (1973): Analysis of genetic diversity in subdivided population. *PNAS* 70. 3321–3323.
- Pray, L.A. – Goodnight, C.J. (1995): Genetic variation in inbreeding depression in the red flour beetle *Tribolium Castaneum*. *Evolution*, 49. 1. 176–188.
- Ralls, K. – Brugger, K. – Ballou, J.D. (1979): Inbreeding and juvenile mortality in small populations of ungulates. *Science*, 206. 1101–1103.
- Ralls, K.J. – Ballou, J. D. – Templeton, A.R. (1988): Estimate of lethal equivalents and the cost of inbreeding in mammals. *Conserv. Biol.*, 2. 185–193.
- Rodrigáñez, J. – Toro, M.A. – Rodríguez, M.C. – Silió, L. (1998): Effect of founder allele survival and inbreeding depression on litter size in a closed line of Large White pigs. *Anim. Sci.*, 67. 3. 573–582.
- Sheridan, A.K. (1981): Crossbreeding and heterosis. *Anim. Breed. Abstr.*, 49. 3. 131–144.
- Slate, J. – Kruuk, L.E.B. – Marshall, T.C. – Pemberton, J.M. – Clutton-Brock, T.H. (2000a): Inbreeding depression influences lifetime breeding success in a wild population of red deer (*Cervus elaphus*). *Proc. Roy. Soc. Lond. B.*, 267. 1453. 1657–1662.
- Slate, J. – Marshall, T.C. – Pemberton, J.M. (2000b): A retrospective assessment of the paternity inference program CERVUS. *Molec. Ecol.*, 9. 801–808.
- Slate, J. – Pemberton, J.M. (2002): Comparing molecular measures for detecting inbreeding depression. *J. Evol. Biol.*, 15. 20–31.
- Smith, L.A. – Cassel, B.G. – Perason, R.E. (1998): The effect of inbreeding on the lifetime performance of dairy cattle. *J. Dairy Sci.*, 81. 10. 2729–2737.
- Szabó F. (szerk.) (2004): Általános állattenyésztés. Mezőgazda Kiadó, Budapest, 460.
- Szalay I. – Bodó I. (2007): Génbázisok megőrzése a fenntartható állattenyésztésben. *Állattenyésztés és Takarmányozás*, 56. 5. 403–413.
- Szendró Zs. – Kovács J. (1987): Két öröklődő fejlődési rendellenesség (*brachygnathia superior*, *luxatio femoris congenitalis*) előfordulási gyakorisága házinyúlállományokban. *Magyar Állatorvosok Lapja*, 42. 7. 433–438.
- Templeton, A.R. – Read, B. (1994): Inbreeding one world several meanings much confusion. In: Loescke, V. – Tomiuk, J. – Jain, S.K. (Eds): *Conservation genetics*. Birkhauser, Basel, Swiss, 91–105.
- Thornhill, N.W. (Ed) (1993): *The natural history of inbreeding and outbreeding: Theoretical and empirical perspectives*. University of Chicago press, Chicago, IL, 575.
- Toro, M. – Barragán, C. – Óvilo, C. (2003): Estimation of genetic variability of the founder population in a conservation scheme using microsatellites. *Anim. Genet.*, 34. 226–228.
- Toro, M. – Barragán, C. – Óvilo, C. – Rodrigáñez, J. – Rodríguez, C. – Silió, L. (2002): Estimation of coancestry in Iberian pigs using molecular markers. *Conserv. Genet.*, 3. 309–320.
- Vicente, A. – Carolino, N. – Pereira, L. – Gama, L.T. (2007): Genetic parameters and environmental effects for reproductive traits in Malhado de Alcobaca portuguese breed of swine. *Arch. Zootec.*, 56. 1. 655–658.
- Vigh, Zs. – Gyovai, P. – Csató, L. – Bokor, Á. – Farkas, J. – Nagy, I. (2007): Effect of inbreeding on loin and fat depth in Hungarian Landrace pigs. *Agriculture*, 13. 1. 41–45.
- Vigh, Zs. – Gyovai, P. – Csató, L. – Bokor, Á. – Farkas, J. – Radnóczy, L. – Komlósi, I. – Nagy, I. (2008): Effect of inbreeding on lean meat percentage and average daily gain in Hungarian Landrace pigs. *Arch. Tierzucht.*, 51. 6. 541–548.
- Vigh, Zs. – Gyovai, P. – Csató, L. – Bokor, Á. – Farkas, J. – Radnóczy, L. – Komlósi, I. – Nagy, I. (2008): Effect of inbreeding on lean meat percentage and average daily gain in Hungarian Landrace pigs. *Arch. Tierzucht*, 51. 6. 541–548.
- Von Krosigk, C.M. – Lush, J.L. (1958): Effect of inbreeding on production in holsteins. *J. Dairy Sci.*, 41. 105–113.
- Wiener, G. – Lee, G.J. – Williams, J.A. (1992): Effect of rapid inbreeding and of crossing inbred lines on the growth of linear body dimensions of sheep. *Anim. Prod.*, 55. 101–114.

White, J.M. (1972): Inbreeding effects upon growth and maternal ability in laboratory mice. *Genetics*, 70. 307–317.

Wright, S. (1921): Systems of mating. *Genetics*, 6. 111–178.

Zechner, P. – Zohman, F. – Sölkner, J. – Bodó, I. – Habe, F. – Marti, E. – Brem, G. (2001): Morphological description of the Lipizzan horse population. *Livest. Prod. Sci.*, 69. 2. 163–177.

Érkezett: 2009 október

Szerzők címe: Kaposvári Egyetem, Állattudományi Kar
 Author's address: Kaposvar University, Faculty of Animal Science
 H-7400 Kaposvár, Guba Sándor u. 40.
 e-mail: petra.gyovai@gmail.com