

Pedigree analysis of a population bottlenecked, the Cikta with special regard to its maternal lineages

J. Posta¹, E. Kovács^{2,3}, K. Tempfli³, L. Sáfár⁴, Á. Bali Papp³, A. Gáspárdy^{2*}

1. Debreceni Egyetem, MÉK, Állattenyésztési Tanszék, H-4032 Debrecen, Böszörményi út 138.

2. Állatorvostudományi Egyetem, Állattenyésztési, Takarmányozástani és Laborállat-tudományi Tanszék, Budapest

3. Széchenyi István Egyetem, MÉK, Állattudományi Tanszék, Mosonmagyaróvár

4. Magyar Juh- és Kecsketenyésztők Szövetsége, Budapest

*e-mail: gaspardy.andras@univet.hu

A kis létszámban átmentett cikta juh származási adatainak értékelése különös tekintettel a családokra

Posta János¹, Kovács Endre^{2,3}, Tempfli Károly³, Sáfár László⁴, Bali Papp Ágnes³, Gáspárdy András^{2*}

ÖSSZEFOGLALÁS

A szerzők a cikta juh fajta esetében országos teljes törzskönyvi adatokon (2000-től 2014-ig) nyugvó változatosságát és a családon belüli szelekció kidolgozását segítő populációgenetikai paramétereket becsültek, majd azonosították az anyai vonalakat (családokat). A törzskönyvben megállapítható családok száma 445 volt. A teljes törzskönyvi állomány átlagos beltenyésztettsége 1,00%, a referenciaállományé 1,16%. A változatossághoz legnagyobb arányban hozzájáruló kilencos mindegyike alapító ős, de a legjelentősebb egyed részesedése sem haladta meg a 10%-ot. Az alapító ősök effektív létszáma 44 a teljes állományban, míg a referenciapopulációban 39. A leghosszabb generációintervallumot a kost előállító anyák mutatták.

SUMMARY

Background: Local breeds are national treasures and an aim of the saving of such breeds is not only to manufacture local products, preserve ancient knowledge and conserve natural landscape, but transfer historical and cultural values continuously.

Objectives: The authors estimated genetic variability and population genetic parameters to support within-family selection of Cikta breed, based on herd-book data. Furthermore, maternal lineages (families) were also identified.

Materials and Methods: Pedigree data of the Cikta breed from 2000-2014 were analysed. A reference population from 2011-2014 was chosen to get information about the current status of the population. The reference population covered a generation interval (approx. 4 years) at the end of the dataset.

Results and Discussion: The number of maternal lineages (families) that can be found in the pedigree was 445. This number is of large interest because it is necessary to pick up at least one appropriate female offspring in all the families, applying a within-family selection. The average inbreeding coefficient of the total population was 1.00%, whereas it was 1.16% for the reference stock. Only 476 individuals were responsible for the total genetic variability in the total population which consisted of 3648 animals. There were nine ancestors with the largest contribution to the total genetic variability, however, none of them exceeded 10% of the genetic variability. Effective number of founders was 44 whereas effective number of ancestors was 42 for the total population. It was 39 and 36 for the reference stock, respectively. The longest generation interval estimated for the dam-to-son pathway.

Németajkú sváb népcsoportot kezdetben III. Károly király, majd Mária Terézia királynő és fia II. József király telepített be az 1720-as évektől kezdődően három hullámban Tolna és Baranya megyékbe, és akik magukkal hozták a Zaupelschaf eredetű juhaikat (18, 24). E juhoknak sokkal jobb volt a gyapjúminősége, mint az akkori hazai juhállománynak, ezért az itteni nagybirtokok lassan áttértek ezek tartására és tenyésztésére. Ezek az állatok az idő múlásával, alkalmazkodva az itteni éghajlati és tartási környezethez, a mai cikta juhokká fejlődtek (1. ábra), és mint önálló, elismert fajta csak Magyarországon fordulnak elő (13). SCHANDL nevezte el a fajtát tolna-baranyai sváb juhoknak (23). Az országos juhállomány legnagyobb részét megsemmisítette a II. világháború, s az itt élő német anyanyelvű lakosság Németországba való visszatelepítése szintén nagymértékben csökkentette a cikta tenyésztők számát. Másfelől, a fajta termelési tulajdonságainak a javítása elmaradt, és így mint sok más kis teljesítményű helyi fajta kiszorult a termelésből, ill. az ipari és kereskedelmi standardizálás áldozatává vált (19, 21), más őshonos juhokhoz hasonlóan (20). A cikta a kormány 1950-től nemkívánatosnak minősítette és az anyajuhokat a tenyésztési előírásoknak megfelelően, idegen fajtákkal való párosításba vonta (5).

Betelepített sváb népcsoportok magukkal hozott juhaiból alakult ki a cikta fajta

A majdnem eltűnő fajta megmentése 40 anya és 3 kos segítségével kezdődött 1974-ben



1. ÁBRA. Cikta kos NAGY TIBOR bakonyi tenyésztésében, Széltetőn (GÁSPÁRDY, 2015)

FIGURE 1. Cikta ram at the seed stock owned by TIBOR NAGY in Széltető (GÁSPÁRDY, 2015)

A ciktaállomány megmentését az OTÁF (Országos Takarmányozási és Állattenyésztési Felügyelet) 40 anya és 3 kos felkutatásával kezdte meg 1974-ben. Ez a létszám 10 év alatt 200-ra gyarapodott. Ez a nyáj volt nagy részben az alapja a ma élő 600 körüli tenyészállománynak. Az országos ciktaállomány újkori törzskönyve 2000-ig nyúlik vissza. A törzskönyv sokáig nyitott volt, amibe a küllemi és termelési kritériumoknak megfelelő, de nem igazolt származású egyedeket is bevontak.

Egy állatállomány létszáma akkor tekinthető kritikusanak, ha kevesebb, mint 100 anyaállata vagy csak 5 hímállata van; kihaltnak tekinthető az az állatállomány, amelyben nincsenek szaporodó állatok (2, 7).

A régi háziállatfajtáink nemzeti kincsünk része, és megmentésük célja nemcsak az, hogy ezekkel különleges termékeket (hungarikumot) lehet előállítani és a régi szaktudást fenntartani, a természetes környezet megóvni, hanem az is, hogy ezekkel át lehet adni a falusi környezet történelmi és kulturális értékeit. A fajta megőrzés fontos eleme a központi, génbanki elhelyezés. Ezen túlmenően döntő fontosságú, hogy szatellit-állomások (más kisebb telephelyek) is ellássák az állományok nagy részének fenntartását és felszaporítását, esetleg integrált végtermék-előállító keresztezését (25). A több kisebb állományban való elhelyezés a lehetséges katasztrófa- vagy járványveszélyt nagymértékben csökkenti.

Mindezeket kiegészíthetik a természetvédelemmel karöltve oktatási céllal kialakított „élő múzeumok” és génmentő állomások (rescue stations).

Ehhez járulnak a génkutatás modern lehetőségei, amivel a kis populációk is fenntarthatók élő formában (*in vivo*; 1), valamint a modern technikák, mint a mélyhűtött sperma vagy embrió előállítása, amelyek az ún. *in vitro* formában nyújtanak nagy segítséget (4, 14).

A kis létszámban fenntartott állományok veszélyeztetettségének, változatosságuk sérülékenységének megállapítása érdekében szükség van állományszerkezeti vizsgálatokra (15, 17).

A szerzők célja a cikta fajta populációgenetikai változatosságának megállapítása, valamint családjai azonosítása volt

- Értékelték a családok számait, értékelték*
- a családok számát*
 - a pedigrelteljességet*
 - a beltenyésztettséget*
 - az állomány genetikai változatosságához jelentősen hozzájáruló egyedeket*
 - a hatékony állományméretet*
 - a nemzedékközt*

SAJÁT VIZSGÁLAT

Jelen közleményünk célja ezért az országos törzskönyvi adatok felhasználásával a cikta fajta populációgenetikai változatosságának megállapítása, valamint családjai azonosítása volt.

ANYAG ÉS MÓDSZER

A ciktaállomány törzskönyvi feldolgozásához a MJKSZ (Magyar Juh- és Kecskenyésztők Szövetsége) országos adatbázisát használtuk fel, amely 2000-től a vizsgálataink megkezdéséig, 2014-ig foglalta magába az adatokat.

Feldolgozásunkban megállapítottuk a családok számát, értékeltük a pedigrelteljességet, a beltenyésztettséget, az állomány genetikai változatosságához jelentősen hozzájáruló egyedeket, a hatékony állományméretet és a nemzedékközt.

Referenciapopulációnak a 2011 és 2014 között született egyedeket választottuk, azért ebben az időtartományban, mert ez felel meg egy nemzedékköznyi időnek (≈ 4 év).

A pedigrelteljesség kifejezi, hogy az egyedek származása hány teljes generációra vonatkozóan ismert (teljes generáció ekvivalens). A paraméter számítása során a generációnkénti ismert ősök aránya kerül összesítésre. A megalapozott eredmények eléréséhez a pedigreelemzés számításakor legalább 4–5 generáció teljes ismerete szükséges. Minél teljesebb ugyanis egy pedigree, annál megbízhatóbbak a becsült értékek (3).

Az állomány homozigotizálásának jellemzésére több mérőszám is alkalmazható. Vizsgálatunk során a beltenyésztettségi együtthatót alkalmaztuk. A beltenyésztettségi együttható annak a valószínűsége, hogy egy adott lókuszt két allélja származásilag azonos. Abban az esetben van szó beltenyésztésről, ha egymással rokonságban lévő szülők párosításából születnek meg az utódok.

A változatosság szintjei szerint meghatároztuk a törzskönyvi ciktaállomány genetikai variabilitását kitevő egyedek számát. Ezek közül a genetikai változatossághoz legnagyobb mértékben hozzájáruló ősök számát, és hozzájárulásuk arányát értékeltük.

Az alapító ősök száma azokat az ősöket jelenti, amelyeknek mindkét szülője ismeretlen a pedigreeben. A populáció valamennyi egyede visszavezethető ezekre az ősökre, amelyek azonban különböző mértékben járulnak hozzá az állomány génkészletének kialakulásához. Az alapító ősök effektív száma ezt korigálja oly módon, mintha az alapító ősök egyenlő mértékben járultak volna hozzá a genetikai változatossághoz. Az alapító ősök effektív száma ezért mindig kisebb, mint az alapító ősök száma (26).

A hatékony állománymérettel (effektív populációméret) az állomány genetikai variabilitását jellemeztük. A mérőszám meghatározását három módszerrel végeztük el. Először az adott évben ivadékkal rendelkező tenyészkosok (N_m) és anyajuhok (N_f) száma alapján az alábbi formula használatával, WRIGHT (27) nyomán:

$$N_f = \frac{4 N_m N_f}{N_m + N_f} * 0,7$$

Majd, FALCONER és MACKAY (6), valamint GUTIÉRREZ és mtsai (12) szerint; e két utóbbiban a beltenyésztési együttható és a nemzedékköz, ill. az ismert ősök számának figyelembe vételével.

A nemzedékköz (generációintervallum) a szülők átlagos életkora azon ivadékok megszületésekor, amelyek majd részt vesznek mint tenyészállatok a

A veszélyeztetett, génvédelem alatt álló fajtáknál az a kedvező, ha a nemzedékköz hosszú

következő generáció létrehozásában. A veszélyeztetett, génvédelem alatt álló fajtáknál az a kedvező, ha a nemzedékköz hosszú, mert ebben az esetben az évenkénti átlagos genetikai diverzitáscsökkenés nem lényeges (8). Minél kevesebb létszámú egy fajta és szegényebb a genetikai változatosság tekintetében, annál célravezetőbb a generációintervallum kitolása. A nemzedékköz négyféle leszármazási úton (apa–fiú, apa–lány, anya–fiú, anya–lány) számítottuk ki a nyilvántartott egyedek (szülők és utódaik) születési dátumából.

A statisztikai feldolgozást a Pedigree Viewer (16), az értékeléseket pedig az Endog (11) és Poprep (10) programokkal végeztük.

EREDMÉNYEK

A ciktaállomány törzskönyve összesen 3648 egyed adatait tartalmazza

A ciktaállomány törzskönyve (2000 és 2014 között) összesen 3648 egyed adatait tartalmazza. Ebből 3176 egyed ismert szülőkkel, 472 pedig ismeretlen szülőkkel rendelkezett. Az ismert származású csoport részét képezi, mint tenyészállat, 50 tenyészkos és 657 tenyészanya. Az utóbbi csoportot alkotják a legkorábbi alapító egyedek és a törzskönyvbe idővel felvett fajtaazonos, de szintén ismeretlen háttérű egyedek (összesen 27 kos és 445 anya). Ennek megfelelően 445 a törzskönyvben megállapítható családok (anyai vonalak, maternal lineages) száma. A 445 család genetikai értékének megőrzése érdekében valamennyi családban szükséges lenne nőivarú utódokat – családon belüli szelekcióval – kiválasztani és továbbtenyészteni.

Az egy tenyészkosra visszavezethető legnagyobb utódlétszám 205, míg egy tenyészanyára ez 15 egyed

Az egy tenyészkosra visszavezethető legnagyobb utódlétszám 205, míg egy tenyészanyára ez 15 egyed.

A családok számának nemzedékenkénti alakulását az 1. táblázat mutatja meg. Az alapító nemzedéktől kezdve megfigyelhető a családok folyamatos csökkenése. A családok számának erőteljes fogyása mindenképpen génvesztéséget valószínűsít, amit csak részben tud ellensúlyozni egyes családok genetikai információinak apai oldalról történő továbbvitele. Mértékadóknak jelenleg csak az első két nemzedék (0. és 1.) adatait szabad tekinteni, mivel csak másfél évtizedet takarnak az értékek, és a juhra a hosszabb ideig tenyésztésben tartott, egymással párhuzamosan élő, átfedő nemzedékek jellemzők.

1. TÁBLÁZAT. A ciktafajta családjainak alakulása nemzedékenként

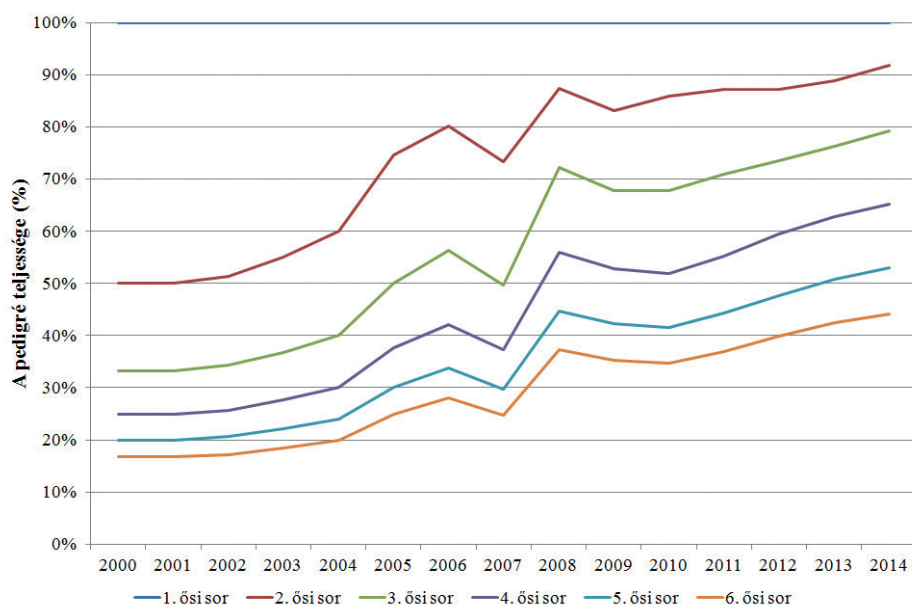
TABLE 1. The number of families in Cikta breed according to the generations

Nemzedékszám	Anyák száma	Családok száma
0. nemzedék	445	445
1. nemzedék	602	321
2. nemzedék	470	211
3. nemzedék	294	150
4. nemzedék	178	86
5. nemzedék	63	37
6. nemzedék	8	7

A pedigrételjesség vonatkozásában a 2. ábra tárja elénk a ciktaállomány származásának ismertségét a születési évek szerint. Látható, hogy minél hosszabb a leszármazás, és minél több az ősi sorok száma, annál kritikusabb a teljes származás ismerete, vagyis kisebb fokú a pedigrételjesség. Azonban, az idő előrehaladtával egyre nagyobb lesz a pedigré ismert hányada. A legfiatalabb egyedek már a 6. és 7. nemzedékhez tartoznak.

2. ÁBRA. A pedigrételjesség alakulása születési évenként

FIGURE 2. The pedigree completeness according to the year of birth



A teljes törzskönyvi állomány átlagos beltenyésztettsége 1,00%, a referencia-állományé 1,16%

A teljes törzskönyvi állomány átlagos beltenyésztettsége 1,00%, a referenciaállomány beltenyésztettsége 1,16% (2. táblázat). Az alapító, és az azt követő nemzedék – miután a származás törzskönyvi szempontból ismeretlen volt – értelemszerűen nem került feldolgozásra.

2. TÁBLÁZAT. A ciktanemzedékek beltenyésztési együtthatójának alakulása (%)

TABLE 2. Alteration of inbreeding coefficient (%) in Cikta breed according to the generations

Nemzedékek	Egyedszám	Beltenyésztettségi együttható
1.	373	-
2.	742	-
3.	568	2,002641
4.	723	1,102178
5.	716	1,350794
6.	487	1,390471
7.	37	1,93727
8.	2	0
Összesen, átlagosan	3176	1,000652

A harmadik nemzedéktől a rokon egyedek párosításának következtében a beltenyésztettség 1–2% közöttire becsülhető.

A teljes állomány legnagyobb beltenyésztési együtthatójú 10 egyedének rokontenyésztettsége egységesen 37,5%. Ezek az egyedek zömében nőivarúak, és a törzskönyv újrainyitása után nem sokkal születtek. A referenciapopuláció leginkább rokontenyésztett nyolc egyedének beltenyésztettségi együtthatója 31,25 és 15,63% között változott.

3. TÁBLÁZAT. Az állomány genetikai változatosságát befolyásoló egyedek száma

TABLE 3. The number of individuals being responsible for genetic variability in the total- and reference populations

A genetikai változatosság aránya	Teljes állományban felelős állatok száma	Referencia populációban felelős állatok száma
50%	17	14
60%	26	20
70%	42	31
80%	78	52
90%	174	105
100%	476	273

A teljes genetikai változatosságért 476 egyed felelős

A 3. táblázat a ciktaállomány genetikai szerkezetéről nyújt áttekintést. Jól látható, hogy a törzskönyvi állomány genetikai változatossága a tényleges állományméretnél lényegesen kevesebb egyeddel adható meg. A teljes genetikai változatosságért 476 egyed felelős, szemben a törzskönyvi nyilvántartásban tartott 3648 egyeddel. A referenciapopulációra lényegesen kisebb létszámokat számítottunk, ami jelentős génvesztésre utal.

A jelentősebb (3% fölötti) parciális hozzájárulással bíró ősök (kosok) hatását a teljes állományra a 4. táblázat mutatja be. A kilenc, a ciktaállomány változatosságához legnagyobb arányban hozzájáruló kos mindegyike alapító ős. A legjelentősebb ős részesedése sem haladja meg a 10%-ot, ami kiegyenlítetttséget tükröz. Az összességében mintegy 35%-os arányuk viszonylag kicsinek tekinthető, hiszen más tenyészállatok is hozzájárulnak a diverzitáshoz.

Az alapító ősök effektív létszáma 44, a nem-alapító ősöké 42 a teljes állományban (5. táblázat). A referenciapopulációban az alapító ősök létszáma 39, míg a nem alapító ősöké 36. A nem alapító ősök effektív létszámának és az alapító ősök effektív létszámának aránya mindkét számítási módnál arra utal, hogy a fajta rövid távú történetében a génkészlet beszűkülését, a „palacknyak” hatást sikerült mérsékelni.

A hatékony állományméret (*effective population size*) figyelembe veszi a szaporodó egyedek ivararányát. A 6. táblázatból megállapítható, hogy a ciktaállomány átlagos ivararánya 6,5% kos : 93,5% anya. Ez azt jelenti, hogy 1 tenyészkos átlagosan 14 tenyészanyától hagy utódot, ami nagyon kedvező, szűk ivararányának felel meg. A növekvő anyai létszámból adódóan a hatékony állományméret is elfogadhatóan nagynak tekinthető évenként is, de főleg tendenciájában. A FALCONER és MACKAY javasolta modell hátránya, hogy negatív értékeket is felvesz, az évek között nagy az ingadozás, ill. nagy a szórás (6). Ezért, a WRIGHT (27) és a GUTIÉRREZ és mtsai (12) által kidolgozott modell sokkal megbízhatóbbnak tekinthető.

Az alapító ősök effektív létszáma 44, a nem-alapító ősöké 42 a teljes állományban

A hatékony állományméret figyelembe veszi a szaporodó egyedek ivararányát, értéke átlagosan 6,5% kos : 93,5% anya

4. TÁBLÁZAT. Az állomány genetikai variabilitásához legnagyobb arányban (%) hozzájáruló ősök**TABLE 4.** Ancestors of the largest contribution (%) to the genetic variability in the total- and reference populations

Egyed azonosítója	A teljes állomány-variabilitás lefedettségének aránya	A referencia állomány-variabilitás lefedettségének aránya
HU1323083201	7,7	9,9
HU100032324	6,2	6,5
HU9901001787	6,0	< 3,0
HU12160692	4,3	3,4
HU9901004339	3,9	4,2
HU9901004016	3,7	4,1
HU9901001310	3,3	< 3,0
HU1011576101	< 3,0	3,4
HU100032288	< 3,0	3,3

5. TÁBLÁZAT. Az alapító és nem-alapító ősök száma az állományban**TABLE 5.** The effective number of founders and non-founders in the total population, respectively

Mutató	Alapító ősök létszáma (f_e)	Nem alapító ősök létszáma (f_a)	f_a/f_e (%)
Teljes állomány	44	42	95,45
Referenciaállomány	39	36	92,31

6. TÁBLÁZAT. A ciktajuh tenyészegyedei létszámának és hatékony állományméretének (N_e) évenkénti alakulása (2009–2014)**TABLE 6.** The number of breeding rams and ewes, and the effective population size (N_e) of Cikta breed by year (2009–2014)

Évek	Kosok száma	Anyák száma	N_e WRIGHT (1923) szerint	N_e FALCONER és MACKAY (1996) szerint	N_e GUTIÉRREZ és mtsai (2009) szerint
2009	10	118	55	-283	42
2010	13	203	68	-10	50
2011	16	261	80	-23	88
2012	15	328	86	-44	64
2013	22	367	105	1520	55
2014	22	526	118	102	70
szórás	-	-	3,9	874,9	13,9

7. TÁBLÁZAT. A cikta fajta nemzedékköze a négyféle szülő-ivadék származási út alapján**TABLE 7.** The length of generation interval of Cikta breed according to four paths

Szülő-ivadék kapcsolatok	Ivadékok száma	Nemzedékköz, év	A nemzedékköz középértékének hibája
Apa – fia	799	3,80 ^a	0,056
Apa – lánya	823	3,85 ^a	0,056
Anya – fia	754	4,26 ^b	0,069
Anya – lánya	800	4,09 ^b	0,065
Összesen, átlagosan	3176	3,99	0,031

^a, ^b, - az eltérő betűk statisztikailag igazolt eltérést jeleznek ($p < 0,05$)

A leghosszabb nemzedékközt a kost előállító anyák mutatják

A leghosszabb nemzedékközt a kost előállító anyák mutatják (7. táblázat). Az egymást követő nemzedékek közötti legrövidebb távolságot a tenyészkosok és kos utódai (3,80 év) között lehetett számítani. Az apa-utód és anya-utód összevont utak között kétmintás t-próbával statisztikailag igazolható eltérést tapasztaltunk ($p < 0,05$). A fenti utakon belül, azonban, a bárányok ivara szerint már nem találtunk igazolt különbséget ($p > 0,05$).

MEGVITATÁS

A ciktaállomány törzskönyve másfél évtized alatt csaknem négyezer állat felvételét rögzítette. A törzskönyv – a szükségszerű engedelmények következtében – ma még jelentős hányadban tartalmaz ismeretlen származású alapító ősoket.

A törzskönyvet alapító tenyészanyag, családok száma jelentős, és remélhetőleg a későbbiekben nem fog csökkenni. Nagyon fontos ezeket az adatokat a tenyésztők számára is eljuttatni a családon belüli szelekció elősegítése érdekében.

A pedigrelteljesség vizsgálata során a várható eredményt kaptuk, vagyis, minél hosszabb a leszármazás, annál kisebb fokú a pedigrelteljesség. Mára ott tartunk, hogy a legfiatalabb egyedek már a 6. és 7. nemzedékhez tartoznak.

A teljes törzskönyvi állomány átlagos beltenyésztettsége nagyon kicsinek (1%), egyúttal kedvezőnek tekinthető. Nemzedékenként sem változik számottevően, mert a legalább két ősi sorsal bíró egyedekből álló részpopuláció beltenyésztettsége is csak 1 és 2% közé volt becsülhető. Ez az érték hasonló a veszélyeztetett asztúriai (Spanyolország) xalda juhajtára számított 1,46%-hoz (9). A többi hazai őshonos juhajtában ennél kissé nagyobb a beltenyésztettségi mutató átlaga: cigája 2,6%, fehér magyar juh 2,9%, tejelő cigája 3,3%, fekete magyar juh 3,6% és gyimesi racka 4,3% (22).

Törekedni kell a túl közeli rokonok párosításának elkerülésére, hiszen előfordultak 37,5%-os mértékben rokontenyésztett egyedek is. Ezeket a változatosság fenntartása érdekében nem szabad tenyészállatként meghagyni. A MJKSZ párosítási programja minden tenyésztő számára elérhető, igénybe vételük indokolt (22).

A törzskönyvi állomány genetikai változatossága a tényleges állományméretnél (3648) lényegesen kevesebb egyeddel adható meg (476 egyed felelős a teljes genetikai változatosságért). A létszámok közötti kb. 1:8 arányú eltérés jelentős génvesztésre utal, amire részben magyarázat lehet a nem leg-

A teljes törzskönyvi állomány átlagos beltenyésztettsége nagyon kicsinek (1%), egyúttal kedvezőnek tekinthető

körültekintőbben folytatott fenntartó szelekció, a néha tágabb ivararány, a kiindulási kosvonalak és anyacsaládok elvesztése a továbbtenyésztés során.

Az állomány genetikai változatosságához hozzájáruló ún. jelentősebbnek tartható ősök száma többnek, ellenben hozzájárulásuk aránya kevésnek tartható. Vagyis, a kilenc apaállat egyenkénti 3–10%-os részesedése egymáshoz képest kiegyenlítettnek, összességükben kedvezően kicsinek tekinthető.

Az 1 tenyészkosra jutó 14 átlagos tenyészanya létszáma nagyon kedvező, ami szűk ivararányának felel meg. A jövőben is hasonló nagyszámú tenyészkos jelölt kiválasztására szükséges ehhez az anyáklétszámhoz. Ez vagy kevés (akárcsak egy) tenyészidényben való használatra, vagy több éven át tartó, de nagyon körültekintő célpárosításra kell, hogy korlátozódjon a tenyészállat-előállítás vonatkozásában.

A nemzedékköz a ciktaállományban átlagosan 4 év. Az apaállat-utód rövidebb, az anyaállat-utód hosszabb, statisztikailag igazolt kapcsolata a hagyományos fedezetést és külterjes tartást tükröző helyzet. A különbség azonban nem olyan nagy (kb. fél év), hogy a két szülői oldal hozzájárulása a következő nemzedék képességeihez túlzottan aránytalanná válhatna, feltéve a szülők hasonló, az átlagtól nem kiugróan eltérő genetikai képességeit.

Állományszerkezeti feldolgozásunk igazolta a ciktatörzskönyv újranityításának elveit, kimutatta az így létrejött nukleuszállomány gazdag genetikai változatosságát. Felhívta a figyelmet arra, hogy a megfelelő tenyésztési eljárásokkal (szelekcióval és párosítással), valamint a populációgenetikai paraméterek rendszeres kiértékelésével tartható fenn és ellenőrizhető a ciktafajta változatossága.

KÖSZÖNETNYILVÁNÍTÁS

A feldolgozás a MVH „Genetikai erőforrások megőrzése intézkedés keretében a védett őshonos és veszélyeztetett mezőgazdasági állatfajták megőrzése (1547262485)” c. pályázat támogatásával valósult meg.

**Az 1 tenyészkosra jutó
14 átlagos tenyészanya létszáma nagyon kedvező, ami szűk ivararányának felel meg**

A nemzedékköz a ciktaállományban átlagosan 4 év

A vizsgálat gazdag genetikai változatosságot mutatott ki a törzsállományban

IRODALOM

1. BODÓ, I.: Hungarian activity on the conservation of domestic animal genetic resources. *AGRI*, 1985. 4. 16–22.
2. BODÓ I.: A biológiai sokféleség megőrzése a magyar háziállatfajtákban. *Acta Agraria Debreceniensis*, 2002. 9. 18–29.
3. BOICHARD, D. – Maignel, L. – VERRIER, É.: The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. *Genet. Sel. Evol.*, 1997. 29. 29–23.
4. BREM, G. – BREINIG, B. et al.: *Genetische Vielfalt von Rinderrassen. Historische und moderne Möglichkeiten zur Konservierung*. Stuttgart. Verlag Eugen Ulmer. 1990
5. CZUPPON L.: Tolna-baranyai sváb juh és Ile de France fajták hibridjeinek gazdasági értékelése. *Tudományos Értesítő*. 1967
6. FALKONER, D. S. – MACKAY, T. F.: *Introduction to Quantitative genetics*, 4th ed., John Wiley+Sons Inc., New York, 1996
7. FRÖLICH, K. – KOPTE, S.: *Alte Nutztierassen*. Selten und schützenswert, Cadmos. 2014
8. GÁSPÁRDY A. – JÁVORKA L. – VÖLGYI-Csík J.: Nemzedékváltás, nemzedékköz. *Mezőhír*, 2003. 7. 94–96.
9. GOYACHE, F. – GUTIÉRREZ, J. P. et al.: Using pedigree information to monitor genetic variability of endangered populations: the Xalda sheep breed of Asturias as an example. *J. Anim. Breed. Genet.*, 2003. 120. 95–105.
10. GROENEVELD, E. – WESTHUIZEN, Bv. et al.: POPREP: a generic report for population management. *Genet. Mol. Res.*, 2009. 8. 1158–1178.
11. GUTIÉRREZ, J. P. – GOYACHE, F.: A note on ENDOG: a computer program for analysing pedigree information. *J. Anim. Breed. Genet.*, 2005. 122. 172–176.
12. GUTIÉRREZ, J. P. – CERVANTES, I. – GOYACHE, F.: Improving the estimation of realized effective population size in farm animals. *J. Anim. Breed. Genet.*, 2009. 126. 327–332.
13. HALLER, M.: *Alte Haus- & Nutztierassen, neu entdeckt*. Leopold Stocker Verlag, Graz. Stuttgart. 2015
14. HORVÁTH A. – SZENCI O.: A mélyfagyasztott ondő alkalmazása a lótenyésztésben. *Irodalmi összefoglaló. Magy. Állatorvosok Lapja*, 2018. 140. 323–331.
15. HUBY, M. – GRIFFON, L. et al.: Genetic variability of six French meat sheep breeds in relation to their genetic management. *Genet. Sel. Evol.*, 2003. 35. 637–655.

16. KINGHORN, B. P. – KINGHORN, A. J.: *Pedigree Viewer 6.5*. University of New England: Armidale, Australia, 2010
17. KOMLÓSI I.: Juh és szarvasmarha tenyésztési programok fejlesztését megalapozó kutatások. MTA doktori értekezés, 2012.
18. KOPPÁNY, G.: The Cikta sheep. In: Bodó I (ed.) *Living heritage: old historical Hungarian livestock*. Agroinform. Budapest, 2000. 58–59.
19. MAIJALA, K.: Need and Methods of Gene Conservation in Animal Breeding, *Ann. Genet. Sel. Anim.*, 1970. 2. 403–415.
20. PAJOR F. – ANTONOVICS B. – BODNÁR Á. – EGRSZEGI I. – BÁRDOS L. – PÓTI P.: Racka juhajták és színváltozataik vérmérsékletének és egyes hústermelési mutatóinak összehasonlítása. *Magy. Állatorvosok Lapja*, 2017. 139. 299–306.
21. SAMBRAUS, H. H.: Was ist eine alte und gefährdete Rasse? *Danubian Animal Genetic Resources*, 2016. 1. 7–11.
22. SÁFÁR L.: Beltenyésztettség vizsgálata őshonos juh- és kecskefajtáinkban. *Magyar Állattenyésztők Lapja*, 2017. 22. 44–46.
23. SCHANDL J.: A tolna-baranyai sváb juh. *Magyar Állattenyésztés*, 1940. 2. 9–11.
24. SEIBOLD, R.: Ein historischer Zufall bewahrt das ungarische Zaupelschaf vor dem Aussterben: letzte Genreserve dieser Rasse im ungarischen Nagydorog. *Unser Land*, 1990. 6. 43–44.
25. SZALAY I. – KOPPÁNY G.: Haszonállataink *in vivo* fajtavédelmi rendszere, a génbanki állományok kialakításának és fenn-tartásának hagyományos tenyésztési módszerei. In: SZALAY I. (szerk.): *Génbanki kutatások régi haszonállataink védelmében: Műhelytanulmányok a tudományos génmegőrzés tárgyköréből*. Budapest; Gödöllő: Haszonállat-génmegőrzési Központ, Mezőgazda Lap- és Könyvkiadó. Budapest, 2017. 13–28.
26. VÍGH Zs. – CSATÓ L. – NAGY I.: A pedigréanalízisben alkalmazott mutatószámok és értelmezésük. Szakirodalmi áttekintés. *Állatteny. Tak.*, 2008. 57. 549–564.
27. WRIGHT, S.: Mendelian analysis of the pure breeds of livestock. *J. Hered.*, 1923. 14. 339–348.

Közlésre érk.: 2019. jan. 13.