

Rotációs párosítási eljárás vizsgálata számítógépes szimulációval

Szőke Szilvia¹ – Komlósi István²

Debreceni Egyetem Agrártudományi Centrum,

¹Agrárgazdasági és Vidékfejlesztési Kar,

Gazdaságelemzési és Statisztikai Tanszék, Debrecen

²Mezőgazdaságtudományi Kar,

Állattenyésztés- és Takarmányozástani Tanszék, Debrecen

szilvia@agr.unideb.hu

ÖSSZEFOGLALÁS

Szimulációs vizsgálatunkban elemeztük a családméret és a nemek arányának hatását a ritka gének fennmaradására, a genetikai változatosság mértékére nézve.

Az állomány 360 egyedből állt. A vizsgálat során a 360 egyedet 3-féle genetikai struktúrával 3-féle csoportba helyeztük klaszterek kialakításával. Nyolc lókuszon 2, 3, illetve 4 allélt feltételeztünk. Tizenöt nemzedéket hoztunk létre, a valóságban használt párosítási és szelekciós eljárással.

Szignifikáns különbségeket találtunk a genetikai változatosságot mérő entrópia értékekben a következő esetekben: egyenlő számú alléllal rendelkező populációnál, valamint amikor az allélgyakoriságok 0,125 és 0,75 között voltak, a kisebb (10 egyedes) szaporodási közösséget alkotó populációknál volt a legnagyobb az entrópia a 30 vagy 90 egyedes közösségekhez képest. Az első allélvesztés átlagosan legkorábban a nagyobb családokban (90 egyed) fordult elő (3,37 generáció). A nemek arányát véve az összehasonlítás alapjául a legkedvezőbb a genetikai változatosság fenntartása céljából az az eset, amikor a bakok és tojók aránya 1:2, vagy 1:4 az 1:9 aránnyal szemben. Az első allél elvesztése (átlagosan 3,05 generáció) az 1:9 bak és tojó aránynál fordult elő, amikor a legritkább allél gyakorisága az első generációban 0,0069 volt.

Kulcsszavak: génmegőrzés, számítógépes szimuláció, bronzpulyka

SUMMARY

In a simulation examination, we analyzed the effect of the family size and the rate of pairing on the survival of rare genes, to keep the level of variation of the genepool and to avoid the loss of alleles.

The population size was 360 animals. In the simulation, we calculated on the basis of a discrete population. We placed the 360 animals into different clusters, with 3 types of frequencies of alleles and 3 types of groups. We assumed 2, 3 or 4 alleles in 8 loci. We generated 15 generations using the same mating and selection system used in practise. The simulation was written with Scilab 2.7.2 software, and evaluated with SPSS software.

There were significant changes in the effect of family size on the genetic variation in the following cases: when the base population had the same gene frequencies in all loci, and when the gene frequencies were between 0.125-0.75. In these cases, we found that the smaller families (10 animals/cluster) were better than the larger families (30 or 90 animals/cluster). The first generation where there occurred a loss of alleles was averagely earliest in larger families (90 animal/cluster). This average was 3.37 generations. When we are searched the effects of the different rates of pairing we found those cases most favourable when the ratio of males and females was 1:2 or 1:4 as compared to 1:9. The first generation where there was a loss of alleles was averagely

earliest at the ratio of pairing male and females of 1:9 (the mean was 3.05 generations) when the frequency of the rarest allele was 0.0069.

The recently introduced rotating-random mating system is an eligible method for small populations for the preservation of genes.

Keywords: gene preservation, computer simulation, Bronze turkey

BEVEZETÉS

A számítástechnika rendkívül gyors fejlődésével egyre nagyobb tért hódít minden tudományterületen, így a genetikában vagy az állattenyésztésben is. A szimulációs módszerek közül célunknak legjobban sztochasztikus modellezés, ezen belül pedig a Monte-Carlo szimuláció felelt meg. Itt ugyanis a véletlen által befolyásolt folyamatról volt szó, az eredményeket a valószínűség befolyásolja (Komlósi, 2002).

Korunk egyik sajnálatos jellemzője, hogy a természetet, sokféle növényt és állatot védenünk kell a kipusztulástól. Számos kutató szentelte figyelmét a génmegőrzési problémák megoldására. Az egyik lehetőség a génrezerv állományok tartása (Maudet et al., 2002; Nortier et al., 2002), a másik a génbankok használata. Az előbbinél maradvá jelentős gond a kis populációkkal kapcsolatosan a beltenyésztettség növekedése (Borlase et al., 1993; Takeda et al., 1995), ami a fajta életképességét csökkenti. Sajnos már nemcsak a vadon élőket, de egyes háziállat fajtákat is veszély fenyegeti, a piac, a vásárlók pillanatnyi igénye miatt. Ezek az igények azonban módosulhatnak, egyre gyakrabban mutatkozik érdeklődés a különleges minőségű állati termékekre, még ha azok drágábban is állíthatók elő (Mihók és mtsai, 1999). Éppen ezért a tenyésztők számára fontos a már nem divatos fajták tartása génmegőrzés céljából (Bodó és Mihók, 2002).

A DE ATC génmegőrzés céljából fenntartott bronzpulyka populációjánál jelenleg rotációs – véletlenszerű párosítást alkalmaznak. A populáció létszáma generációról generációra közel azonos szinten áll. Ezeket az egyedeket kis vonalakban tartják, összesen 11-ben. Egy vonalban 3-4 bak és 12-16 tojó található. A vonalból kikelt tojók tenyészállatként a vonal nőivarú egyedeinek utánpótlását szolgálják, a bakok pedig a szomszédos vonal bakjainak tenyészutánpótlását. A tojók átlagosan 39 tojást tojnak. Az egyedeket átlagosan

két évig tartják tenyésztésben. A szaporodási ciklus során a vonalakon belüli egyedek véletlenszerűen párosodnak. A tojásokat mind kikeltik. Tenyészérettséget követően a tenyészállatnak megfelelő bakokat a következő volierbe helyezik, az utolsó volier bakjai pedig az elsőbe kerülnek. Ezzel a ciklikus mozgással igyekeznek a tenyésztők a genetikai változatosságot fenntartani, a rokontenyésztettséget lassítani.

Egy előző munkánkban elemeztük ennek a populációnak a struktúráját, valamint kimutattuk, hogy milyen különbségek mutatkoznak, ha a ritka allélt bakok vagy tojók hordozzák (Szóke és mtsai, 2004). Mostani kísérletünkkel arra kerestük a választ, hogy mekkora létszámú vonalak, milyen nagy családok, szaporodási közösségek esetén lenne legnagyobb esélye a ritka génnek fennmaradásának. Másrésztől vizsgáltuk, hogy a nemek arányának változtatásával hogyan változik a genetikai változatosság, illetve a ritka allélok elvesztése milyen sebességgel történik.

ANYAG ÉS MÓDSZER

I. kísérlet. A populáció 360 egyedből állt. Nemek szerinti eloszlása: 72 bak és 288 tojó. Ez 1:4 ivararányának felel meg. A szimulációban diszkrét populációval számoltunk. A kísérlet során a 360 egyed 3-féle genetikai struktúrával 3-féle vonalrendszerbe helyeztük el. Nyolc lókuszon 2, 3, vagy 4 allállal dolgoztunk. A populációt 15 generáción keresztül tartottuk a valóságban használt párosítási és szelekciós eljárással.

A program rögzítette, hogy hányadik generációban veszítettünk allélt, illetve egy úgynevezett Shannon-féle entrópia értéket, amit a következő formulával számoltunk:

$$E = -\sum_{i=1}^4 p_i \cdot \ln(p_i)$$

ahol p_i a négy allél gyakorisága. Ez az E entrópia érték jól jellemzi a populáció „rendezetlenségét”, vagyis a gének változatosságát, anélkül, hogy ezt a géneknek adott számértékek befolyásolják. Az entrópiát eredetileg az információelméletben használták, ahol egy $p = \{ p(x); x \in X \}$ eloszlású ξ diszkrét valószínűségi változó által szolgáltatott információ mennyiségének mérésére Shannon a

$$H = H(\xi) = -\sum_{x \in X} p(x) \log_2 p(x)$$

mennyiséget vezette be, „ahol X egy információ forrás jelkészlete, vagy ábécéje, ennek a halmaznak az elemei x -ek, a jelek, vagy szavak. A ξ értékei a forrás által kibocsátott jelek” (Baróti és mtsai, 1993). Az eredeti kettes alapú logaritmus helyett használható más alapú logaritmus is, az entrópia tulajdonságai megmaradnak, csak az információ mennyiség „mértékegysége” lesz más. Mi természetes alapú logaritmust használtunk.

A gyakorlatban a genetikai változatosság mérésére a varianciát használják általában. A variancia helyett azért választottuk az entrópiát, mert érzékenyebben írja le a gének változatosságát. A

variancia a várható érték körüli ingadozás mértékét mutatja, s így függ a szimuláció során az egyes géneknek adott értékektől. Ezzel szemben az entrópia csak az allélgyakoriságtól függ, de nem számít az allél számértéke. A génmegőrzési problémák tárgyalásánál azért célszerű az entrópia segítségével jellemezni a populációt, mert jól méri a változatosságot¹; ha egy allél gyakorisága csökken, akkor csökken az entrópia is. Ha egy populációban sikerül szinten tartani vagy esetleg emelni ezt az értéket, akkor azt jelenti, hogy az allélok kiesésének valószínűségét sikerült lecsökkenteni, illetve tartósan alacsonyban tartani. Az entrópia értéke minimális, ha a populáció minden lókuszában homozigóta, maximális, ha minden lókuszon minden allél egyenlő gyakorisággal fordul elő a populációban.

A vonalba sorolás véletlenszerűen történt. Természetesen ez csak a kiindulási populációra vonatkozik, hiszen a későbbiekben már a rotációs – véletlenszerű párosítás szabályai alapján kerültek a következő generáció tagjai a különböző volierekbe.

A kiindulási populáció genetikai szerkezete háromféle lehetett. Minden esetben az első három lókuszon négy, a második három lókuszon három, a maradék két lókuszon pedig két allél található. Az elsőnél igen ritka allélokot találunk, az allélgyakoriságok 0,0069-0,9806 között értékeket vettek fel. A harmadiknál az allélgyakoriságok megegyeznek, négy allél esetén mindegyik 0,25; három allélnál 0,33; két allélnál 0,5 volt az allélgyakoriság. A második esetben a két szélsőséges allélgyakoriság közötti értékek szerepeltek (0,125-0,75). A vonalak száma lehetett: 4, 12, illetve 36, így a családok mérete 90 egyedtől 10 egyedig változott. Ebben a kísérletben 360 ismétlést végeztünk mind a kilenc alappopuláción, így összesen 3240 futás eredményeit rögzítettük.

II. kísérlet. Itt a nemek arányát változtattuk. A kiindulási populáció létszáma ismét 360 egyed volt. Tizenkét volierbe soroltuk az egyedeket, így egy vonalban 30-an voltak. A bakok és tojók aránya 1:2, 1:4 és 1:9, a pontos létszám adatok az 1. táblázatban olvashatók. Az egyes arányokhoz tartozó effektív populációméret: $Ne_{1:2}=320$, $Ne_{1:4}=230,4$ illetve $Ne_{1:9}=129,6$. Változtattuk az allélgyakoriságot, melyek megegyeztek az első kísérletben alkalmazottakkal. Összesen ismét kilenc alapesettel 15 nemzedéken át, 360 ismétlést végeztünk, így 3240 futás eredményei alapján vontuk le következtetéseinket a genetikai változatosságra vonatkozóan. Az egyedek vonalakba sorolása a kiindulási populációhoz mindkét kísérletben véletlenszerűen történt.

¹ Amikor a valószínűségek kicsik és az eloszlásban nagy számú változat lehetséges, akkor a statisztikai entrópia a változatosságot méri. A változatosság mennyiségileg analóg a varianciával, ha statisztikailag intervallum mérési szintűek a változóink. Az entrópia nulla, ha az eseményekre igaz, hogy $p(x)=1$ minden x -re, és pozitív egyéb esetekben. Felső határa akkor van, ha egyenletes eloszlású a változó, vagyis $p(x)=1/N$, minden x -re, ahol N a kategóriák száma. A statisztikai entrópia mértéke a legalapvetőbb mértéke az információelméletnek (Krippendorff, 2004).

1. táblázat

Létszámadatok a második kísérletnél (egyed)

A bakok és tojók aránya(1)		1:2	1:4	1:9
Vonalakon	Összesen(3)	30	30	30
belüli	Bak(4)	10	6	3
létszám(2)	Tojók(5)	20	24	27

Table 1: The family size at the 2nd experiment (animal)

The ratio of males to females(1), Family size in clusters(2), Together(3), Males(4), Females(5)

Mindkét kísérletben a szimulációs programot a Scilab 2.7.2 matematikai szoftver saját fejlesztő nyelvén írtuk. A programok egy részét a Nemzeti Információs Infrastruktúra Fejlesztési Program szuperszámítógépén futtattuk a nagy számítógépes erőforrásigény miatt, az eredmények kiértékeléséhez pedig az SPSS statisztikai programot használtuk fel.

EREDMÉNYEK

Az első kísérlet fő célja az volt, hogy kiderítse, mekkora szaporodási közösségek alkalmazása a legcélszerűbb baromfinknál, ha a genetikai variabilitást kívánjuk megőrizni.

Amikor több lókuszon ritka allélok voltak az alappopulációban, a genetikai változatosság mért értékei között nem mutatkozott szignifikáns eltérés. Szinte törvényszerű volt a ritka allélok korai elvesztése. A második esetben, amikor az allélgyakoriságok 0,125-0,75 között szerepeltek az alappopulációban, ott a kis alpopulációk bizonyultak előnyösebbeknek, ott volt szignifikánsan magasabb (p=0,00) a genetikai változatosságot mérő entrópia; a közepes- és nagy családok esetén nem volt különbség. Hasonlóan a harmadik esetben is, mikor az alappopulációban az allélgyakoriságok megegyeztek, a kis családok (10 egyed/volier) mutatkoztak a legkedvezőbbeknek (p=0,00). Ekkor azonban a nagy és közepes családok között is jelentős volt az eltérés, a közepes méretű családok (36 egyed/volier) javára (p=0,00) (2. táblázat).

2. táblázat

Átlagos entrópia értékek az egyes populációtípusokhoz a 15. generációban

Családméret(2)		Allélgyakoriság(1)		
		0,0069-0,9806	0,1250-0,7500	0,2500-0,5000
90 egyed/volier(3)	Átlag(4)	1,48	1,50	1,50
	Szórás(5)	0,33	0,34	0,32
36 egyed/volier(3)	Átlag(4)	7,93	7,94	8,02
	Szórás(5)	0,19	0,19	0,16
10 egyed/volier(3)	Átlag(4)	8,53	8,57	8,64
	Szórás(5)	0,10	0,09	0,07

Table 2: The mean of entropy at different populations in the 15. generation

Frequencies of alleles(1), Family size(2), Animal/cluster(3), Mean(4), Std. dev.(5)

Az első esetben – ahol igen ritka gének is előfordultak a kiindulási populációban – vizsgáltuk azt is, hogy melyik az az első generáció, ahol valamelyik génváltozatot elveszítjük a genetikai sodródás következtében. Ennek értéke 1 és 11 között változott, tehát ilyen alpopuláció és tenyésztési eljárás esetén biztosan bekövetkezett valamely lókuszon valamelyik allél elvesztése. Az első eset gyakorisági hisztogramját az 1. ábra mutatja. Itt is a kis családok bizonyultak előnyösebbnek (3. táblázat). Varianciaanalízissel kimutattuk, hogy szignifikáns különbség volt a legkisebb és a legnagyobb családméret között (p=0,00). A varianciaanalízisnél az SPSS statisztikai szoftverben a Tukey tesztet választottuk, mert erősen konzervatív, azaz kevésbé hajlamos a nem „igazi” különbségek elfogadására (Hancz, 2003).

1. ábra: Az első allélvesztés időpontja generációban mérve. A kezdeti allélgyakoriság 0,0069-0,9806 közötti, a szaporodási közösség mérete 90 egyed/volier

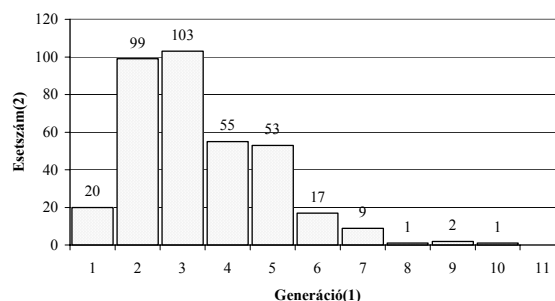


Figure 1: The moment of the loss of first allele measured by generation. The frequencies of the alleles in the base population were 0.0069-0.9806

Generation(1), The number of the cases(2)

3. táblázat

Az első allélvesztés ideje generációban megadva, ha az alpopulációban ritka génváltozatok vannak

Családméret(1)	Átlag(3)	Szórás(4)
90 egyed/volier(2)	3,37	1,53
36 egyed/volier(2)	3,50	1,68
10 egyed/volier(2)	3,69	1,69

Table 3: The mean of the generation at first loss of alleles Family size(1), Animal/cluster(2), Mean(3), Std. dev.(4)

Az effektív populációméret minden populációtípusnál 230,4 volt. A számításhoz az alábbi formulát használtuk:

$$N_e = \frac{4 \cdot N_m \cdot N_f}{N_m + N_f}$$

ahol N_m és N_f a populáció hím és nőivarú egyedeinek számát jelenti (Falconer és Mackay, 1996). Ez alapján becsültük a beltenyésztettségi koefficiens (Falconer és Mackay, 1996):

$$\Delta F = \frac{1}{2 \cdot N_e} = 0,00217$$

A 15. generációban az $F=0,03255$, amennyiben a kiinduláskor nem volt beltenyésztett a populáció.

A második kísérletben a nemek arányát változtattuk az egyes vonalakban, de a teljes populáció létszáma állandó volt (1. táblázat).

A genetikai változatosságot vizsgálva a 15. generációban azt kaptuk, hogy az első két esetben, vagyis amikor az alappopuláció allélgyakorisága 0,0069-0,98 között vagy 0,125-0,75 között volt, akkor a nemek aránya nem gyakorolt hatást a genetikai változatosság mértékére az adott körülmények között. A nemek aránya közötti különbségek kimutatható hatása a genetikai változatosságra csak egy esetben jelentkezett, amikor az allélgyakoriságok megegyeztek az alappopulációban ($p=0,00$). Ekkor legkedvezőbbnek az 1:2 bak-tojó arány mutatkozott, míg a legkisebb genetikai változatosság az 1:9-es bak-tojó aránynál volt (4. táblázat).

4. táblázat

Átlagos entrópia értékek az egyes populációtípusokhoz a 15. generációban

Nemarány (bak:tojó)(2)		Allélgyakoriság(1)		
		0,0069-0,9806	0,1250-0,7500	0,2500-0,5000
1:2	Átlag(3)	1,47	7,95	8,59
	Szórás(4)	0,33	0,18	0,08
1:4	Átlag(3)	1,50	7,94	8,57
	Szórás(4)	0,34	0,19	0,09
1:9	Átlag(3)	1,52	7,99	8,32
	Szórás(4)	0,39	0,19	0,16

Table 4: The mean of entropy at the different populations in the 15. generation
Frequencies of alleles(1), The rate of sex (male:female)(2), Mean(3), Std. dev.(4)

Az allélvesztések számát illetően csak a ritka allélok esetét vizsgálhattuk (5 hordozó egyed a 360-ból), hiszen csak itt következett be jelentős számban, hogy valamely allél száma nulla lett. Az első allél elvesztése átlagosan a 3,05; a 3,5 és a 4,52-dik generációban következett be 1:9, 1:4 illetve az 1:2 bak-tojó arányoknál (5. táblázat). Varianciaanalízissel az említett különbségek szignifikánsnak bizonyultak ($p=0,00$). Ezekon az eseteken kívül csak egy alappopulációt tekintve tapasztaltunk allélvesztést, ez az 1:9 arány mellett és 0,125-0,75 közötti kezdeti allélgyakoriság esetén ötször következett be a 360 ismétlésből. Egyszer a 12., egyszer a 14. és háromszor a 15. generációban.

5. táblázat

Az első allélvesztés ideje generációban megadva, ha az alappopulációban ritka géntípusok vannak

Nemarány (bak:tojó)(1)	Átlag(2)	Szórás(3)
1:2	4,52	2,37
1:4	3,50	1,68
1:9	3,05	1,10

Table 5: The mean of the generation at first loss of alleles
The rate of sex (male:female)(1), Mean(2), Std. dev.(3)

Az egyes arányokhoz tartozó effektív populációméret: $Ne_{1:2}=320$, $Ne_{1:4}=230,4$, $Ne_{1:9}=129,6$ volt. Mivel itt eltérők voltak az effektív populációméret, ezért a beltenyésztettség is eltérő mértékben változott generációról generációra. A 15. generációban a beltenyésztettségi egyútható értékeire a következő számokat kaptuk amennyiben a nulladik generáció még nem volt beltenyésztett: $F_{1:2}=0,02344$, $F_{1:4}=0,03255$, $F_{1:9}=0,05787$.

Mindkét kísérletben minden populációtípushoz vizsgáltuk a 15. generációban mért entrópia értéket. Kolmogorov-Szmirnov próbát végeztünk normalitásvizsgálathoz. A kapott számítások alapján megállapíthatjuk, hogy minden populációban a 15. generációhoz tartozó entrópiaértékek normális eloszlásból származnak ($p=0,052-0,9$).

Az első allélvesztés generációsága diszkrét eloszlású valószínűségi változó. Minden populációhoz megvizsgáltuk, hogy származhat-e valamilyen nevezetes eloszlásból. Legközelebbi rokonságot binomiális és Poisson eloszláshoz mutatta, de ezek statisztikailag nem igazolhatók.

MEGBESZÉLÉS

Az első kísérlet eredménye – miszerint az azonos populációméret esetén több darab kisebb egyedszámú szubpopulációk ciklikus rotációs eljárással való tenyésztése kedvezőbb, mint ugyanezzel az eljárással tenyésztett de kevesebb darabszámú nagyobb egyedszámú szubpopulációk alkalmazása – arra enged következtetni, hogy az új generáció bakjainak következő volierbe helyezése jobban biztosítja a gének keveredését, a változatosság minél magasabb szinten való tartását, mint ami a véletlenszerű párosodással nagyobb vonalakban elérhető volna. Tehát egy adott méretű populációnál célszerű több kisebb részpopulációra osztani az egyedeket. A szubpopulációk optimális méretének meghatározásához további vizsgálatok szükségesek.

A második kísérletnél, amikor a nemek arányát változtattuk, természetesen azok az esetek bizonyultak kedvezőbbnek, amikor az effektív populációméret nagyobb volt, bár abban az esetben, amikor igen ritka allélok vannak a populációban ezek a különbségek nem voltak szignifikánsak. Ez azt jelenti, hogy csupán a bakok arányának növelésével nem kerülhető el a korai allélvesztés, más eszközöket kell találni a jelenség elkerülésére. Megoldást jelenthet, ha ismerjük, hogy melyik egyed hordozza a ritka allél, akkor annak több utódját tartjuk meg tenyészállatként.

Dietl és Langhammer (1997) szimulációs kísérleteikben különböző szelekciós eljárásokat tesztelték. Véletlenszerű párosítást, negatív- és pozitív asszortatív párosítást, és olyan eljárást hasonlítottak össze, ahol minimális a beltenyésztettségi ráta. Programjukban csak egy lókuszon vizsgálták, de 80 alléllal dolgoztak. Cikkükben leírták, hogy az allélok 79%-94%-át veszítették el 15 nemzedék alatt a párosítási eljárástól függően. Esetünkben ez az arány nem volt több, mint 0%-36%, bár a mi számításainkban összesen 25 allél szerepelt 8 lókuszon.

Egy másik szimulációs tanulmányban Prikryl és mtsai (1987) szintén az allélvesztést vizsgálták. Őt nemzedéken át minden párosításból 5-25 egyed alapján választották ki a következő generáció szülő egyedeit. A kezdeti allélgyakoriság 2 vagy 5 lókuszon 0,01-0,99 között alakult. Megállapították, hogy az allélvesztés különösen nagy volt az F₁ nemzedékben, amikor az allélgyakoriság 0,3 alatt volt, de jelentősen csökkent a későbbi generációkban. A legtöbb allélvesztés 0,01 allélgyakoriság mellett következett be. Ez az allélgyakoriság magasabb, mint az általunk számolt legkritikább allél esetén (0,0069), így nem meglepő a tapasztalt nagymértékű allélvesztés.

A beltenyésztettségi együttható 0,02-0,05 közötti értéke a 15. generációban igen kedvező értéknek mutatkozik, összehasonlítva Komlósi (2002) munkájával, ahol szelekciós eljárásokat tesztelve az 5. generációban 0,02-0,22 közé esett a

beltenyésztettségi együttható 33-60 egyedszám mellett.

Tapasztalatainkat összegezve elmondhatjuk, hogy a jelenleg alkalmazott rotációs – véletlenszerű párosítás megfelelő eljárás baromfik esetében génrezerv populációk számára. Ezt azonban érdemes kiegészíteni rendszeresen vérvizsgálattal, amelyből egzakt adatokat nyerhetünk a populáció genetikai összetételére vonatkozóan. Ennek gyakorisága sok tényezőtől – pénzügyi lehetőségek, a populáció genetikai állapota – függ. Pontosabb értékelést a vérvizsgálat javasolt gyakoriságának megállapítására csak populációra szabottan, a konkrét vérvizsgálati eredmény elemzése után lehet. Egy adott populációnál az első molekuláris genetikai vizsgálatok után kiszámítható az allélvesztés valószínűsége, és így az is, hogy ezt elkerülendő, mikor érdemes a vizsgálatokat megismételni.

IRODALOM

- Baróti Gy.-Bognár J.-Fejes Tóth G. (1993): Valószínűségszámítás. Nemzeti Tankönyvkiadó, Budapest, 255.
- Bodó I.-Mihók S. (2002): A régi magyar háziállatfajták védelme, fenntartásának szükségessége és hasznosításának lehetősége. A hagyományos magyar növény- és állatfajták jelene és jövője. Szabolcs-Szatmár-Beregi Szemle, Nyíregyháza, 38. 1. 45-72.
- Borlase, S. C.-Loebel, D. A.-Frankham, R.-Nurthen, R. K.-Briscode, D. A.-Daggard, G. E. (1993): Modeling problems in conservation genetics using captive *Drosophila* populations: consequences of equalization of family sizes. *Conservation Biology*, 7. 1. 122-131.
- Dietl, G.-Langhammer, M. (1997): Conservation of rare breeds of animals – objectives and possibilities. *Archiv für Tierzucht*, Dummerstorf 40 Sonderheft, 135-141.
- Falconer, D. S.-Mackay, T. F. C. (1996): *Introduction to Quantitative Genetics*. Fourth edition. Longman
- Hancz Cs. (2003): *Kísérlet statisztika*. Egyetemi jegyzet, Kaposvár, 52.
- Klaus Krippendorff's *Dictionary of Cybernetics* (2004): <http://pespmc1.vub.ac.be/ASC/>
- Komlósi I. (2002): Párosítás szimulációja kis és nagy populációban. *Állattenyésztés és Takarmányozás*, 51. 6. 557-565.
- Maudet, C.-Miller, C.-Bassano, B.-Breitenmoser-Würsten, C.-Gauthier, D.-Obexer-Ruff, G.-Michallet, J.-Tabarlet, P.-Luikart, G. (2002): Microsatellite DNA and recent statistical methods in wildlife conservation management: applications in Alpine ibex (*Capra ibex*). *Molecular Ecology*, 11. 421-436.
- Mihók S.-Bodó I.-Bíró G.-Süth M. (1999): A bronzpulyka hústermelése a különleges fogyasztói igények kielégítése tükrében. *Állattenyésztés és Takarmányozás*, 6. 796-802.
- Nortier, C. L.-Els, J. F.-Kotze, A. (2002): Genetic diversity of indigenous Sanga Cattle in Namibia using microsatellite markers. 7th World Congress in Genetic Applied to Livestock Production. Montpellier, France
- Prikryl, I.-Linhart, O.-Tiews, K. (1987): Simulating the allele frequencies for optimalization of genetic improvement by group line gynogenesis. Selection, hybridization, and genetic engineering in aquaculture. Volume 1. Proceedings of a worldsymposium, Bordeaux, June 27-30, 1986, 431-436.
- Szöke, Sz.-Komlósi, I.-Korom, E.-Ispány, M.-Mihók, S. (2004): A statistical analysis of population variability in Bronze Turkey considering gene conservation. *Archiv für Tierzucht*, 47. 4. 377-386.
- Takeda, H.-Obata, T.-Furukawa, T.-Nirasawa, K.-Takahashi, H. (1995): Use of marker information to maintain variability in small population. *Animal Genetic Resources – International Workshop*, Tsukuba, Japan