

# Animal welfare, etológia és tartástechnológia



## Animal welfare, ethology and housing systems

Volume 19

Issue 1

Gödöllő  
2023



## AZ ÁTLAGOS BELTENYÉSZTETTSÉG KÉTFÉLE MÓDON VALÓ MEGHATÁROZÁSA A GYIMESI RACKA PÉLDÁJÁN KERESZTÜL

*Kárpáti Edina<sup>1,3</sup>, Gáspárdy András<sup>1</sup>, Sáfár László<sup>2</sup>, Gulyás László<sup>3</sup>*

<sup>1</sup>Állattenyésztési, Takarmányozástani és Laborállat-tudományi Intézet, Állatorvostudományi Egyetem, Budapest, István utca 2, 1078 Budapest, Magyarország

<sup>2</sup>Magyar Juh- és Kecsketenyésztők Szövetsége, Lőportár u. 16, 1134 Budapest, Magyarország

<sup>3</sup>Állattudományi Tanszék, Albert Kázmér Mosonmagyaróvári Kar, Széchenyi István Egyetem, Vár tér 2, 9200 Mosonmagyaróvár, Magyarország  
edina.karpati@gmail.com

Received – Érkezett: 08.11.2022.

Accepted – Elfogadva: 10.05.2023.

### Összefoglalás

A gyimesi racka a racka-csoportba tartozó juhoknak az Erdélyben tenyésztett változata. Az 1990-es évek elején újra betelepítették Magyarországra (akkor még csak kis egyedszámban), majd a következő években néhány nagyobb tenyészállatimportnak köszönhetően a fajta hazai létszáma megnövekedett. A gyimesi racka anyajuhok törzskönyvezett állománya ma közel 1000 egyedből áll. A szerzők az egyedek Wright-féle beltenyésztési együtthatóját (Coefficient of Inbreeding – COI) a Pedigree Viewer szoftver segítségével becsülték meg a teljes törzskönyvi adatok alapján (2005-től 2020-ig). Majd, az átlagos beltenyésztettségi együtthatókat az alapértékeken és a normalizálás érdekében transzformált értékeken is meghatározták. A teljes törzskönyvi populáció (n=16947) átlagos COI együtthatója az alapértékeken számítva 1,99% volt, szemben a beltenyésztett egyedek részpopulációjának magasabb értékével (n=3828, 8,81%). Az anyai nemzedékek számának növekedésével a COI szignifikánsan ( $P < 0,001$ ) nő a teljes törzskönyvi populációban (a nyolcadik nemzedékben már 10,72%), míg a beltenyésztett egyedek csoportjában a COI inkább stagnál a 8 és 10% közötti tartományban, bár az ANOVA generációk közötti szignifikáns különbségeket igazol. A logtranszformációval kapott korrigált súlyozott átlag és mértani átlag alacsonyabb értéket vesz fel (1,43% és 6,30%). Úgy gondoljuk, hogy ezek az alacsonyabb értékek nem csak kedvezőbbek, de a csoportok átlagát megbízhatóbban jellemzőek is, mert azokat a normális eloszlást jobban megközelítő adatbázison kaptuk. A számított COI értékek alapján a mai gyimesi racka állomány homozigotizása emelkedett mértékűnek tekinthető, ami a jövőbeni gondosabb párosításra hívja fel a figyelmet.

**Kulcsszavak:** beltenyésztési együttható, párosítási terv, leszármazás anyai nemzedékenként

## Determining the average inbreeding coefficient in two ways using the example of the Gyimesi Racka

### Abstract

The Gyimesi Racka is one of the Zackel-group variants bred in Transylvania. In the early 1990s it was re-introduced into Hungary (only in small numbers), then in the following years the national population of the breed increased due to some major imports of breeding animals. The stud book herd of the Gyimesi Racka ewes consists of almost 1000 individuals today.

The authors estimated individual Wright's inbreeding coefficient (COI) using Pedigree Viewer software based on the whole pedigree data (from 2005 to 2020). Mean inbreeding coefficients were also determined at baseline and transformed values.

The average COI of the total herd book population ( $n=16947$ ) was 1.99%, compared to the higher value of the subpopulation of inbred individuals ( $n=3828$ , 8.81%). As the number of maternal generations increased, the COI increased too significantly ( $P<0.001$ ) in the total herd book population; in the eighth generation it was already 10.72%. On the other hand, in the subset of inbred individuals, the COI was more stagnant in the range of 8% and 10%, even though ANOVA confirms significant differences between generations. The corrected weighted mean and geometric mean obtained by log transformation took lower values (1.43% and 6.30%, respectively). We believe that the latter values are not only more favourable from the genetic diversity point of view, but also more reliable to characterize the mean of a group of animals, because they were obtained from a database that is closer to the normal distribution.

However, based on the COI values calculated via both ways, the homozygosity status of today's Gyimesi Racka stock is threateningly high, which draws attention to careful mating plan in the future.

**Key words:** coefficient of inbreeding, planning mating, descendance by maternal generations

### Bevezetés

A gyimesi racka elődei Kis-Ázsiából kerültek a Kárpátok déli hegyvonulataiba. A gyimesi racka a racka juhcsoporthoz tartozó legnagyobb testméretű képviselője. Mára kevés helyen található fajtatiszta képviselője (pl. Gyimesi-havasok, Háromszéki-havasok). Az 1990-es évek elején újra betelepítették Magyarországra (akkor még csak kis egyedszámban), majd a következő években néhány nagyobb tenyészállatimportnak köszönhetően a fajta hazai állománya növekedett. A törzskönyvezett gyimesi racka anyajuhok állománya ma közel 1000 egyedből áll. Jellegzetes csigás szarva van, ami a kosok esetében hosszabb (*Gáspárdy*, 2011). Nem ritka a szarvatlanság sem. Kevertgyapjas bundája szennyes fehér, nem ritkán színes foltokkal tarkázott. A fej és a lábvégek többnyire feketék, a szem körüli folt gyakran fekete, amit ókulának hívnak. Teje vitaminokban és ásványi anyagokban gazdag, a havasi legelőn gyarapodó izomzata zamatos ételek alapja (*Koppány*, 2002).

A törzskönyv jelenti az alapot a haszonállatok tenyésztéséhez, ami őshonos fajtáink esetében a legtöbb esetben zárt és csak a törzskönyvezett szülők utódai kerülnek bejegyzésre. Az őshonos fajtáink a populáció méret tekintetében gyakran közel állnak a kritikus szinthez, vagyis amikor a nőstényei 100, a hímjei pedig 5 egyedszám alatt vannak. Ha egyáltalán nincsenek szaporodóképes egyedek, akkor a fajta kihaltnak tekinthető (*Fröhlich és Kopte*, 2014). A helyi őshonos állatok alacsonyabb teljesítményük miatt gyakran kiszorultak a termelésből, és helyüket

átveszik az intenzív világfajták (Majjala, 1970). Sajnos az is előfordul, hogy ezek az egyedek nem felelnek meg az ipar és a kereskedelem aktuális igényeinek és ezért kikerülnek az érdeklődés homlokteréből (Sambraus, 2016). Emellett, a régi háziállat fajtáinkat a genetikai változatosságuk beszűkülése is veszélyezteti. Egy állatállomány homozigotizációja több módon és mérőszámmal is kifejezhető. Az egyik ilyen a pedigre alapján számított beltenyésztettség együttható. A beltenyésztettség együttható annak valószínűségét írja le, hogy egy adott lókuszt két allélja származás tekintetében azonos. Akkor beszélünk beltenyésztésről, ha egymással rokonságban lévő szülők párosításából születnek meg az utódok. Közvetlen genomi információ alapján is lehet ma már több mikroszatellita (Kovács et al., 2019) és több ezer SNP (Ferenčaković et al., 2013) értékelésével ún. molekuláris homozigotizációt (autozigotizációt) becsülni. Mitokondriális DNS (mtDNS) minták összehasonlításával is vizsgálták a gyimesi racka és a curkána (Turcana) közötti genetikai távolságot (Kusza et al., 2015). Az ún. Geneseek Ovine SNP50 BeadChip felhasználásával nyert megállapítást, hogy a fehér és fekete hortobágyi rackák jól elkülönülnek egymástól a ROH (Runs of Homozygosity) alapján (Zsolnai et al., 2021).

Jelen dolgozat azt tűzte ki céljául, hogy megállapítsa a gyimesi racka juhpopuláció törzskönyvi adatai alapján a fajta beltenyésztettség állapotát és felhívja a tenyésztők figyelmét a fajta genetikai diverzitásának megőrzésére. A fajta homozigotizációjának mértékét kétféle módon állapítottuk meg: az egyedi beltenyésztettség együtthatók számtani átlagával, valamint a transzformált egyedi együtthatók mértani átlagával.

## Anyag és módszer

A gyimesi rackaállomány törzskönyvi feldolgozásához a Magyar Juh- és Kecsketenyésztők Szövetsége (MJKSZ) az egész országot lefedő Excel adatbázisát használtuk fel (2005-2020). Az adatok előkészítése (anyai nemzedék kódolása, pedigre fájl készítése) után kiszámoltuk a Wright-féle egyedi beltenyésztettség együtthatókat (Coefficient of Inbreeding – COI) a Pedigree Viewer szoftver használatával (Kingham és Kinghorn, 2010). A pedigre fájl egy adattáblázat, aminek az első oszlopában az összes törzskönyvbe felvett egyed, a második és harmadik oszlopában ezek szülei (apa, anya) szerepelnek az azonosító számaikkal. Az alapító egyedeknek ismeretlen a származása, így ezek soraiban a szülők 0-s azonosítóval jelennek meg.

A feldolgozás elején elvégeztük a COI normalitás-vizsgálatát Kolmogorov-Smirnov one-sample teszt és Lilliefors teszt segítségével a teljes állományban. Amennyiben e tesztek értékei szignifikánsak, akkor azt a hipotézist, miszerint az adott eloszlás normális, el kell utasítani. A mi esetünkben szignifikáns értékeket kaptunk (K-S  $d = 0,4305$ ,  $P < 0,01$ ; Lilliefors  $P < 0,01$ ), tehát a COI eloszlása nem volt normális (1. ábra). Az eloszlás normalizálása érdekében természetes alapú logaritmus transzformációt alkalmaztunk ( $COI \rightarrow \text{LogCOI}$ ) és a normalizált adatokon újra elvégeztük a normalitás vizsgálatának tesztjeit, csak a beltenyésztett részállományban (ahol a COI nagyobb, mint 0). Az eloszlás szemmel láthatóan normalizálódott (1. ábra), azonban a tesztek ezt nem igazolták (K-S  $d = 0,1032$ ,  $P < 0,01$ ; Lilliefors  $P < 0,01$ ). Ennek ellenére úgy gondoljuk, hogy a transzformált értékek statisztikai feldolgozása megbízhatóbb, mint a nem transzformált értékek esetében. Ugyanakkor, mind a COI, mind a LogCOI statisztikai feldolgozását elvégeztük az eredmények összevetése érdekében.

**1. ábra: A COI lefutása és normalitásvizsgálata a teljes állományban (bal), a logCOI lefutása és normalitásvizsgálata a beltenyésztett részpopulációban (jobb)**

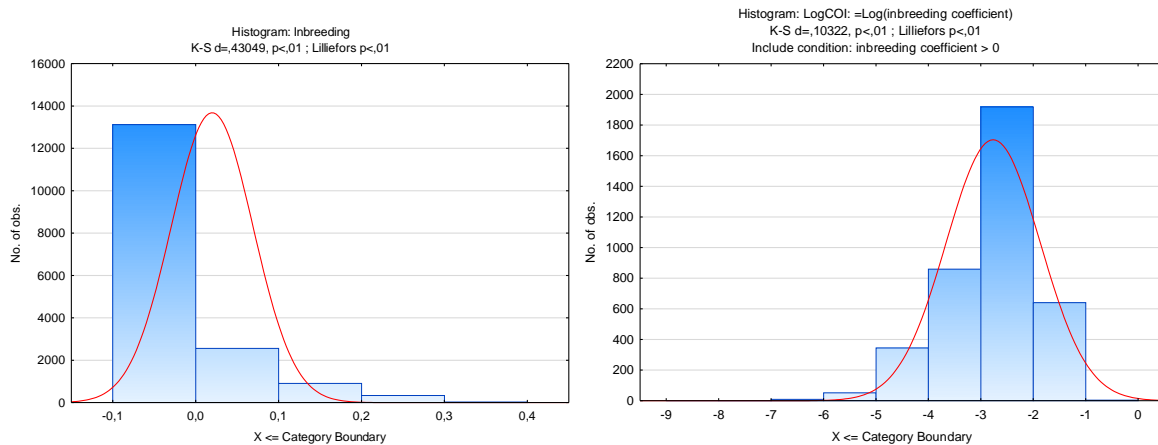


Figure 1: Course of COI and normality test in the entire population (left), course of logCOI and test of normality in the inbred sub-population (right)

A statisztikai feldolgozás a Statistica programmal valósult meg (TIBCO Software Inc., 2020). Először a teljes állományra és a beltenyésztett részállományra számítottunk számtani átlagot és 95%-os konfidencia intervallumot a COI-ban. Majd, a beltenyésztett részállományra határoztuk meg ugyanezen értékeket a LogCOI-ban. Később, a One-Way ANOVA modellben az ivar (hím, nőstény) és az anyai nemzedékek száma (1-8 között) hatását vizsgáltuk a kétféle beltenyésztési együttható alakulására. A hatások szignifikancia szintjét (p-érték, ANOVA), valamint ezek osztályainak páros szignifikancia szintjét (p-érték, post hoc test (Unequal N Tukey HSD-Honestly Significant Difference) is kiszámítottuk.

A statisztikai feldolgozást követően a LogCOI eredményeit visszatranszformáltuk, hogy értelmezhető átlagot (mértani átlag,  $COI_{back} = e^{LogCOI}$ ) és ennek 95%-os konfidencia intervallumait (alsó konfidencia intervallum =  $e^{-95%LogCOI}$  és felső konfidencia intervallum =  $e^{+95%LogCOI}$ ) megkapjuk. A tapasztalatokra alapozva, nem a szórás értékekkel foglalkoztunk, mert azok visszatranszformált értéke félrevezetően magas, ugyanakkor a konfidencia intervallum érthetőbben fogja közre a mértani átlagot. Végezetül kiszámítottuk a teljes állomány korrigált súlyozott beltenyésztettségi értékeit a  $COI_{back}$  mértani átlagok felhasználásával az elemszámok figyelembevételével.

## Eredmények és értékelés

A gyimesi rackaállomány törzskönyve (2005 és 2020 között) összesen 16947 egyed adatait tartalmazza. Ebből rokontenyésztett volt 3828 egyed, míg 13052 nem volt rokontenyésztett. A pedigre vizsgálatra alapozott COI-számítás az ismeretlen szülői háttérű egyedek, vagyis az alapító ősök között nem vesz figyelembe rokonságot, valamint ezek beltenyésztettségi együtthatóját 0-nak veszi. A teljes törzskönyvi állomány átlagos beltenyésztettsége 1,99%, míg a rokontenyésztett egyedek beltenyésztettsége 8,81% (1. táblázat). Megvizsgáltuk a teljes törzskönyvi állomány, valamint a rokontenyésztett egyedek beltenyésztettségi együtthatóját az ivar szerint is. A teljes

állományban a kosok beltenyésztettsége 2,37%, a nőtényeké pedig ettől igazoltan eltér: 1,73% ( $P < 0,001$ ). A rokontenyésztett egyedek esetében a kosok (8,84%) és a nőtények (8,77%) között nem volt szignifikáns különbség ( $P = 0,750$ ).

**1. táblázat: A beltenyésztettségi együttható a teljes és a rokontenyésztett állományban ivaronként, valamint anyai nemzedékenként**

Hatás	Minden egyed	Rokontenyésztett egyedek	Rokontenyésztett egyedek aránya
	Beltenyésztettségi együttható, -95%CI számtani átlag +95%CI	Beltenyésztettségi együttható, -95%CI számtani átlag +95%CI	%
<b>Teljes állomány:</b>			
	0,0191 0,0199 0,0206 (n=16947)	0,0859 0,0881 0,0903 (n=3828)	22,59
<b>Ivar:</b>	$P < 0,001$	$P = 0,750$	
Hím	0,0225 0,0237 0,0250 (n=7149)	0,0853 0,0884 0,0915 (n=1901)	26,59
Nőtény	0,0163 0,0173 0,0182 (n=9798)	0,0846 0,0877 0,0908 (n=1927)	19,67
<b>Anyai nemzedék:</b>			
	$P < 0,001$	$P < 0,001$	
1	0,0000 <sup>a</sup> (n=2255)	-	0,00
2	0,0003 0,0006 <sup>a</sup> 0,0008 (n=6712)	0,1941 0,2243 <sup>d</sup> 0,2544 (n=17)	0,25
3	0,0201 0,0218 <sup>b</sup> 0,0235 (n=3934)	0,0933 0,0982 <sup>b,c</sup> 0,1030 (n=874)	22,22
4	0,0472 0,0501 <sup>c</sup> 0,0531 (n=2054)	0,0782 0,0821 <sup>a</sup> 0,0860 (n=1255)	61,10
5	0,0594 0,0633 <sup>d</sup> 0,0672 (n=1188)	0,0777 0,0820 <sup>a</sup> 0,0864 (n=917)	77,19
6	0,0798 0,0848 <sup>e</sup> 0,0897 (n=621)	0,0849 0,0898 <sup>a,b,c</sup> 0,0947 (n=586)	94,36
7	0,0808 0,0900 <sup>e</sup> 0,0991 (n=172)	0,0830 0,0921 <sup>a,b,c</sup> 0,1013 (n=168)	97,67
8	0,0643 0,1072 <sup>d,e</sup> 0,1501 (n=11)	0,0643 0,1072 <sup>a,c</sup> 0,1501 (n=11)	100,00

abcde – az eltérő felső indexbe tett betűk statisztikailag igazol különbséget jeleznek ( $P < 0,05$ )

abcde - letters in different superscripts indicate a statistically significant difference ( $P < 0.05$ )

*Table 1: The inbreeding coefficient for the entire population and inbred sub-population per sex and maternal generation*

A feldolgozás nyolc anyai nemzedéket különböztetett meg. A beltenyésztettségi együttható nemzedékenkénti (anyai nemzedék) értékei szintén az 1. táblázatban kerülnek bemutatásra. Megállapítható, hogy a COI a második nemzedéktől folyamatosan és jelentősen emelkedik a teljes populációban (0,00%-ról 10,72%-ra;  $P < 0,001$ ). A rokontenyésztett részpopuláción belül a beltenyésztettségi együttható 8-10% közötti értékeken stagnál (gyakorlatilag  $P < 0,05$ ). Ez alól kivételt képez a kis elemszámú (17 egyed) 2. generáció 22,43%-kal. A nemzedékenkénti vizsgálat feltárja, hogy a beltenyésztett részpopuláció létszáma a második nemzedéktől ( $n=17$ ) a negyedik ( $n=1255$ , a megszületések szerint teljesnek tekinthető) nemzedékig nő. Illetőleg, hogy a

beltenyésztett részpopuláció teljes populáción belüli aránya (%) az egymást követő nemzedékekben egyre drasztikusabb méretet ölt.

A statisztikai feldolgozást követően a LogCOI eredményeit visszatranszformáltuk, hogy értelmezhető mértani átlagot kapjunk a rokontenyésztett részállományban, továbbá ezen belül az ivar és az anyai nemzedék szerint (2. táblázat). A 2. táblázat második oszlopában tájékoztató jelleggel kerülnek ismertetésre a teljes állomány korrigált súlyozott beltenyésztettségi értékei is. A teljes törzskönyvi állomány beltenyésztettségének mértani átlaga 1,43%, míg a rokontenyésztett egyedeké 6,30%. A teljes állományban a kosok beltenyésztettsége 1,72%-nak, a nőtényeké pedig 1,22%-nak tekinthető. A rokontenyésztett egyedek esetében a kosok (6,40%) és a nőtények (6,21%) között nem volt szignifikáns különbség ( $P=0,301$ ). Az anyai nemzedékek vonatkozásában megállapítható, hogy a  $COI_{back}$  szintén a második nemzedéktől folyamatosan és jelentősen emelkedik a teljes populációban (0,00%-ról 9,54%-re). Viszont, a rokontenyésztett részpopuláción belül a beltenyésztettségi együttható kezdeti csökkenést követően, az ötödik nemzedéktől emelkedni kezd (5,69%-ról 9,54%-ra,  $P<0,05$ ).

**2. táblázat: A  $COI_{back}$  korrigált súlyozott átlagai és mértani átlagai a teljes és a rokontenyésztett állományban ivaronként, valamint anyai nemzedékenként**

Hatás	Minden egyed $COI_{back}$ beltenyésztettségi együttható, súlyozott átlag	Rokontenyésztett egyedek $COI_{back}$ beltenyésztettségi együttható, -95%CI mértani átlag +95%CI
Teljes állomány:		
	0,0143 (n=16947)	0,0613 0,0630 0,0649 (n=3828)
Ivar:	P=0,301	
Hím	0,0172 (n=7149)	0,0615 0,0640 0,0666 (n=1901)
Nőtény	0,0122 (n=9798)	0,0596 0,0621 0,0647 (n=1927)
Anyai nemzedék:		
P<0,001		
1	0,0000 (n=2255)	-
2	0,0005 (n=6712)	0,1738 0,2124 <sup>d</sup> 0,2595 (n=17)
3	0,0157 (n=3934)	0,0665 0,0706 <sup>c</sup> 0,0750 (n=874)
4	0,0348 (n=2054)	0,0542 0,0569 <sup>a</sup> 0,0599 (n=1255)
5	0,0440 (n=1188)	0,0536 0,0570 <sup>a,b</sup> 0,0605 (n=917)
6	0,0671 (n=621)	0,0668 0,0711 <sup>c</sup> 0,0757 (n=586)
7	0,0719 (n=172)	0,0654 0,0736 <sup>a,b,c</sup> 0,0829 (n=168)
8	0,0954 (n=11)	0,0693 0,0954 <sup>a,b,c,d</sup> 0,1313 (n=11)

<sup>abcd</sup> – az eltérő felső indexbe tett betűk statisztikailag igazol különbséget jeleznek ( $P<0,05$ )

<sup>abcde</sup> - letters in different superscripts indicate a statistically significant difference ( $P<0.05$ )

*Table 2: The corrected weighted averages and geometric averages of  $COI_{back}$  in the entire population and inbred sub-population per sex and maternal generation*

## Következtetések és javaslatok

A gyimesi racka törzskönyve 15 év alatt kb. 17000 állatot regisztrált (ebből kb. 4000 állat rokontenyésztett). A nem transzformált adatokat összehasonlítva megállapítható, hogy a teljes törzskönyvi állomány átlagos beltenyésztettségi együtthatója alacsonynak mondható (1,99%), míg a rokontenyésztett egyedek esetében ez magasabb (8,81%). Logtranszformációval kapott korrigált súlyozott átlag és mértani átlag ezeknél alacsonyabb értéket vesz fel (1,43% és 6,30%). Úgy gondoljuk, hogy az utóbbi értékek nem csak kedvezőbbek, de az állatcsoport átlagát megbízhatóbban jellemzőek is, mert azokat a normális eloszlást jobban megközelítő adatbázison kaptuk. A teljes állományban a kosok beltenyésztettsége 2,37%, a nőstényeké pedig ettől igazoltan eltér: 1,73% ( $P < 0,001$ ). Ugyanakkor, a rokontenyésztett egyedek körében a kosok (8,84% és 6,4%) és a nőstények (8,77% és 6,21%) között nem volt szignifikáns különbség ( $P = 0,750$  és  $P = 0,301$ ) egyik módszerrel történt számítás szerint sem. Ez arra enged következtetni, hogy a beltenyésztettség alakulásában az ivarnak nincs szerepe, hiszen mindkét ivar megszületésének az esélye 50-50%. A transzformált adatok feldolgozásával hamarabb észlelhető a rokontenyésztett részállomány beltenyésztettségi együtthatójának anyai nemzedékenkénti (utolsó öt) emelkedése, míg a nem transzformált adatokon számítva ez csak később (utolsó három nemzedékben) észlelhető. A nem transzformált és a transzformált eredményeket összevetve az látható, hogy az utóbbi matematikai művelet finomított a számokon. Fontosnak tarjuk, hogy ezek az eredmények eljussanak a tenyésztőkhöz is, annak érdekében, hogy felhívja a figyelmüket a sérülékeny diverzitás problematikájára. Sajnos a mai rohanó világban nehéz az őshonos állatoknak lépést tartani és felvenni a versenyt az intenzív kultúrfajtákkal, ami a veszélyeztetett státuszukat is okozza. Párosítási tervek szigorúbb előírása és betartása részét képezheti egyes őshonos genotípusok tenyésztési programjának.

## Irodalomjegyzék

- Ferenčaković M., Hamzić E., Gredler B., Solberg TR., Klemetsdal G., Curik I., Sölkner J., (2013): Estimates of autozygosity derived from runs of homozygosity: empirical evidence from selected cattle populations. *J Anim Breed Genet.*, 130. 4. 286–293. <https://doi.org/10.1111/jbg.12012>.
- Frölich K., Kopte S. (2014): Alte Nutztierassen. Selten und Schützenswert, *Cadmos*, 98. 12–14; 28–29; 38.
- Gáspárdy A. (2011): Horn conformation by the Zackels. *Journal d’Ethnozootechnie de Roumanie*, 1. 1. 38–58.
- Kinghorn B.P., Kinghorn A.J. (2010): Pedigree Viewer 6.5. University of New England: Armidale, Australia.
- Koppány G. (Szerk.) (2002). Megőrzött ízek. Juhételek. Timp© Kft. Budapest. 18–19.
- Kovács E., Tempfli K., Shannon A., Zenke P., Maróti-Agóts Á., Sáfár L., Bali Papp Á., Gáspárdy A. (2019): STR diversity of a historical sheep breed bottlenecked, the Cikta. *The Journal of Animal and Plant Sciences*, 29. 1. 41–47.
- Kusza Sz., Zakar E., Budai Cs., Csiszter LT., Ioan Padeanu J., Gavojdian D. (2015): Mitochondrial DNA variability in Gyimesi Racka and Turcana sheep breeds. *Acta Biochimica Polonica*, 62. 2. 273–280. [http://dx.doi.org/10.18388/abp.2015\\_978](http://dx.doi.org/10.18388/abp.2015_978)
- Maijala K. (1970): Need and Methods of Gene Conservation in Animal Breeding, *Ann. Genet. Sel.*



Anim., 2. 4. 403–415. <https://doi.org/10.1186/1297-9686-2-4-403>

*Samraus H.H.* (2016): Was ist eine alte und gefährdete Rasse? “Innovative approaches in biotechnology and genetic engineering applied in rare breed preservation” 27th Annual Meeting of DAGENE, from 22nd to 24th of April 2016, Hilgertshausen-Tandern, Germany, Danubian Animal Genetic Resources, 1, 7–11.

TIBCO Software Inc. (2020). Data Science Workbench, version 14. <http://tibco.com>.

*Zsolnai A., Egerszegi I., Rózsa L., Anton I.* (2021): Genetic status of lowland-type Racka sheep colour variants. *Animal*, 15. 2. 100080. <https://doi.org/10.1016/j.animal.2020.100080>