

International Journal of DAGENE

Danubian Animal Genetic Resources

Volume 7, Issue 2 (2022)

DAGENE
International Association for the Conservation
of Animal Breeds in the Danube Region
1078 Budapest, István street 2.
Hungary



Der Status der Homozygotie des Gyimeser Zackelschafes in Ungarn auf der Grundlage einer vorläufigen Analyse der Herdbuchdaten

KÁRPÁTI, Edina^{1,3*} – KOVÁCS, Endre¹ – GÁSPÁRDY, András¹ – SÁFÁR, László² – GULYÁS, László⁴

¹Institut für Tierzucht, Tierernährung und Labortierkunde, Veterinärmedizinische Universität, Budapest, István Straße 2, 1078 Budapest, Ungarn

²Ungarischer Verband der Schaf- und Ziegenzüchter, Lőportár Straße 16, 1134 Budapest, Ungarn

³Antal Wittmann Multidisziplinäre Doktorandenschule für Pflanzen-, Tier- und Lebensmittelwissenschaften, Egyetem Platz 1, 9026 Győr, Ungarn

⁴Institut für Tierwissenschaften, Fakultät für Agrar- und Lebensmittelwissenschaften, Széchenyi István Universität, Vár Platz 2, 9200 Mosonmagyaróvár, Ungarn

*Korrespondenzautor-E-Mail: edina.karpati@gmail.com

Zusammenfassung

Die Gyimes Racka (Gyimeser Zackelschaf oder Țurcană) ist eine der in Siebenbürgen gezüchteten Varianten der Zackelschaf-Gruppe. Anfang der 1990er begann man wieder es in Ungarn zu züchten (vorerst in geringer Zahl) und in den folgenden Jahren nahm die heimische Population, dank einiger größerer Importe von Zuchttieren, zu. Heute besteht die Schafherde von Gyimeser Zackelschaf aus fast 1000 Mutterschafen.

Die Autoren schätzten den Wright'schen Inzuchtkoeffizienten (COI) mit Hilfe der Software Pedigree Viewer auf der Grundlage der vollständigen Stammbuchdaten (von 2005 bis 2020). Die durchschnittlichen Inzuchtkoeffizienten wurden sowohl auf der Grundlage der Basiswerte als auch der transformierten Werte geschätzt.

Der durchschnittliche COI für die gesamte Stammbuchpopulation (n=16947) lag bei 1,99 %, verglichen mit einem höheren Wert für die ingezüchtete Teilpopulation (n=3828, 8,81 %). Mit zunehmender Anzahl der mütterlichen Generationen stieg der COI in der gesamten Stammbuchpopulation signifikant an (P<0,001); in der achten Generation betrug er 10,72 %. Im Gegensatz dazu stagniert der COI in der Untergruppe der ingezüchteten Tiere im Bereich von 8 bis 10 %, obwohl ANOVA signifikante Unterschiede zwischen den Generationen bestätigt. Der korrigierte gewichtete Mittelwert und der durch Logarithmierung ermittelte geometrische Mittelwert weisen niedrigere Werte auf (1,43 % und 6,30 %). Wir sind der Ansicht, dass die letztgenannten Werte nicht nur günstiger sind, sondern auch zuverlässiger den Gruppenmittelwert repräsentieren, da sie aufgrund einer Datenbasis ermittelt wurden, die der Normalverteilung näherkommt.

Ausgehend von den berechneten COI-Werten ist der Status der Homozygotie des aktuellen Tierbestandes bedrohlich hoch. Deshalb ist eine sorgfältige Planung der Verpaarung in der Zukunft erforderlich.

Schlüsselwörter: Inzuchtkoeffizient, Paarungsplan, Abstammung durch mütterliche Generationen

Einleitung

Das Herdbuch ist die Grundlage für die Zucht von Nutztieren. Bei unseren einheimischen Rassen ist das Herdbuch in den meisten Fällen geschlossen. Das heißt, dass nur die Nachkommen der eingetragenen Eltern registriert werden. Unsere einheimischen Rassen sind in Bezug auf die Populationsgröße oft nahezu kritisch. Eine Population gilt als kritisch, wenn weniger als 100 Weibchen vorhanden sind und nur 5 Männchen zur Fortpflanzung der Rasse beitragen. Gibt es keine fortpflanzungsfähigen Individuen mehr, gilt die Rasse als ausgestorben (FRÖLICH und KOPTE, 2014). Lokale einheimische Tiere werden aufgrund ihrer minderwertigen Leistung aus der Produktion verdrängt und durch intensive Weltrassen ersetzt (MAIJALA, 1970). Leider entsprechen diese Tiere möglicherweise nicht den aktuellen Bedürfnissen von Industrie und Handel und sind daher nicht von Interesse (SAMBRAUS, 2016).

Darüber hinaus sind unsere alten Haustierrassen durch den Rückgang ihrer genetischen Vielfalt bedroht. Die Homozygotie einer Nutztierpopulation kann auf verschiedene Weise und mit unterschiedlichen Index ausgedrückt werden. Einer davon ist der Inzuchtkoeffizient, der auf der Grundlage des Herdbuches berechnet wird. Der Inzuchtkoeffizient beschreibt die Wahrscheinlichkeit, dass zwei Allele eines bestimmten Lokus identisch in der Abstammung ist. Von Inzucht spricht man, wenn Nachkommen aus der Paarung verwandter Eltern stammen. Auf der Grundlage direkter genomischer Informationen ist es nun möglich, die sogenannte molekulare Homozygotie (Autozygotie, ROH - Runs of Homozygosity) durch Auswertung mehrerer Mikrosatelliten (z. B. KOVÁCS et al.,) und tausender SNPs (FERENČAKOVIĆ et al., 2013) zu schätzen.

Die Vorfahren des Gyimeser Zackenschafes kamen aus Kleinasien in den südlichen Gebirgszügen der Karpaten. Das Gyimeser Zackelschaf (Țurcană, sowieso Siebenbürgischer Zackel) ist einer der Vertreter Zackelschafgruppe mit der größten Körperaufbau. Reinrassige Vertreter sind heute nur noch an wenigen Orten zu finden (z. B. Gyimeser-Gebirge, Vrancea Region). Es hat ein charakteristisches gebogenes Horn, das bei Widdern länger ist als bei Mutterschafen (GÁSPÁRDY, 2011). Auch Hornlosigkeit ist keine Seltenheit. Sie haben eine gemischte Wolle mit gewellten Locken. Die Wolle ist schmutzig weiß und oft mit farbigen Flecken gesprenkelt. Der Kopf und die Spitzen der Beine sind meist schwarz. Der Fleck um das Auge ist oft schwarz, was als „Okular“ bezeichnet wird. Es ist eine echte Dreinutzungsrasse, deren Milch reich an Vitaminen und Mineralien ist. Und die Muskeln, die auf der Almen wachsen, sind die Grundlage für viele saftige Gerichte (KOPPÁNY, 2002).

Anfang der 1990er Jahre wurde die Rasse in Ungarn wieder eingeführt (damals allerdings nur in geringer Zahl), und in den folgenden Jahren nahm die einheimische Population dank einiger größerer Importe von Zuchttieren zu. Heute beläuft sich die Population der Gyimeser-Zackelschafe auf fast 1000 Muttertiere.

Ziel dieses Artikels ist es, den Inzuchtstatus der Gyimeser Zackelschafpopulation aufgrund der ungarischen Herdbuchdaten zu ermitteln und die Aufmerksamkeit der Züchter auf die Erhaltung der genetischen Vielfalt der Rasse zu lenken. Der Grad der Homozygotie der Rasse wurde auf zwei Arten bestimmt: durch das arithmetische Mittel der individuellen Inzuchtkoeffizienten und durch das geometrische Mittel der transformierten individuellen Koeffizienten.

Material und Methoden

Für die Bearbeitung des Herdbuches der Rasse Gyimeser Zackelachaf haben wir die Excel-Datenbank des Ungarischen Schaf- und Ziegenzuchtverbands (MJKSZ) verwendet, die das ganze Land abdeckt und die Zuchtdateien von 2005 bis 2020 enthält. Nach der Datenaufbereitung (Codierung der mütterlichen Abstammung, Erstellung der Pedigree Datei) haben wir den Wright'schen Inzuchtskoeffizient (Wright's Coefficient of Inbreeding - COI) mit Hilfe der Software Pedigree Viewer (KINGHORN und KINGHORN, 2010) berechnet. Die Herdbuchdatei ist eine Datentabelle, in der alle Individuen des Herdbuches in der ersten Spalte und ihre Eltern (Vater, Mutter) mit ihren Identifikationsnummern in der zweiten und dritten Spalte eingetragen sind. Die Abstammung der Gründerindividuen ist nicht bekannt, daher werden in diesen Zeilen die Eltern mit der Kennung 0 angegeben.

Zu Beginn der Verarbeitung führten wir einen Normalitätstest für COI mit Hilfe des Kolmogorov-Smirnov-Tests für eine Stichprobe und des Lilliefors-Tests für den gesamten Datensatz durch. Wenn die Werte dieser Tests signifikant sind, wird die Hypothese der Normalverteilung verworfen. In unserem Fall wurden signifikante Werte erzielt (K-S $d = 0,4305$, $P < 0,01$; Lilliefors $P < 0,01$), so dass die Verteilung des COI nicht normal war (Abbildung 1.a).

Um die Verteilung zu normalisieren, wurde eine natürliche Logarithmus-Transformation durchgeführt ($\text{COI} \rightarrow \text{LogCOI}$), und die Normalitätstests wurden erneut an den normalisierten Daten durchgeführt, allerdings nur in der Teilpopulation der ingezüchteten Tiere (in welcher der COI größer als 0 ist). Die Verteilung war sichtbar normalisiert (Abbildung 1.b), aber die Tests haben dies nicht bestätigt (K-S $d = 0,1032$, $P < 0,01$; Lilliefors $P < 0,01$). Dennoch glauben wir, dass die statistische Verarbeitung der transformierten Werte zuverlässiger ist als die der nicht transformierten Werte. Wir haben jedoch eine statistische Verarbeitung sowohl des COI als auch des LogCOI durchgeführt, um die Ergebnisse zu vergleichen.

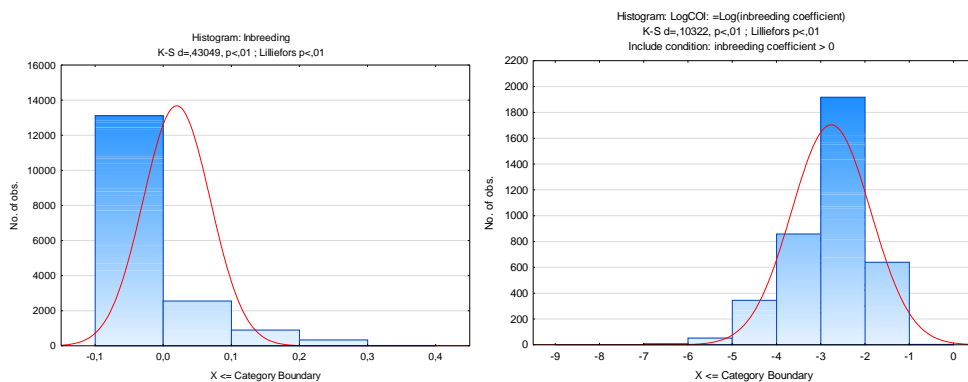


Abbildung 1.a: COI-Lauf und Normalitätstest in der Gesamtpopulation (links),
Abbildung 1.b: LogCOI-Lauf und Normalitätstest in der Inzucht-Subpopulation (rechts)

Die statistische Auswertung erfolgte mit der Software Statistica (TIBCO Software Inc., 2020). Zunächst wurden die arithmetischen Mittelwerte und 95 %-Konfidenzintervalle für die gesamte Herde und die ingezüchtete Teilpopulation im COI berechnet. Anschließend wurden die gleichen Werte für die ingezüchtete Teilpopulation in LogCOI ermittelt. Später wurden die Wirkungen des Geschlechtes (männlich, weiblich) und der Anzahl der mütterlichen Generationen (zwischen 1 bis 8) auf die Entwicklung der beiden Arten von Inzuchtskoeffizienten in einem einfachen ANOVA-Modell getestet. Das Signifikanzniveau der Effekte (P-Wert,

ANOVA) und das paarweise Signifikanzniveau ihrer Klassen (P-Wert, Post-Hoc-Test: Unequal N Tukey HSD - Honestly Significant Difference) wurden ebenfalls berechnet.

Nach der statistischen Aufbereitung wurden die LogCOI-Ergebnisse rücktransformiert, um einen interpretierbaren Mittelwert (geometrisches Mittel, $COI_{back} = e^{LogCOI}$) und dessen 95%-Konfidenzintervalle (unteres Konfidenzintervall = $e^{-95\%LogCOI}$ und oberes Konfidenzintervall = $e^{+95\%LogCOI}$) zu erhalten. Aufgrund unserer Erfahrung haben wir uns nicht mit den Werten der Standardabweichung befasst, da ihr rücktransformierter Wert irreführend hoch ist, während das geometrische Mittel durch das Konfidenzintervall klarer kommuniziert wird.

Schließlich haben wir der Vollständigkeit halber die korrigierten gewichteten Inzuchtwerte für die gesamte Herde berechnet, indem wir das geometrische Mittel COI_{back} mit den Elementnummern einbezogen haben.

Ergebnisse und Auswertung

Das Herdbuch der Gyimeser Zackelschafpopulation (2005-2020) enthält Daten zu insgesamt 16947 Individuen. Davon waren 3828 Individuen ingezüchtet, während 13052 nicht ingezüchtet waren. Bei der COI-Berechnung auf der Grundlage der Analyse des Herdbuches wird die Verwandtschaft zwischen Individuen mit unbekanntem elterlichem Hintergrund, d. h.

Tabelle 1: Inzuchtkoeffizienten für den gesamten Bestand und die verwandten Bestände sowie für die mütterlichen Generationen

Wirkung	Alle Tiere			Ingezüchtete Tiere			Verhältnis der ingezüchteten Tiere %
	Inzuchtkoeffizient, -95%CI arithmetisches Mittel +95%CI			Inzuchtkoeffizient, -95%CI arithmetisches Mittel +95%CI			
Gesamtbestand:	0,0191	0,0199	0,0206	0,0859	0,0881	0,0903	22,68
	(n=16947)			(n=3828)			
Geschlecht:	P<0,001			P=0,750			
Männchen	0,0225	0,0237	0,0250	0,0853	0,0884	0,0915	26,84
	(n=7149)			(n=1901)			
Weibchen	0,0163	0,0173	0,0182	0,0846	0,0877	0,0908	19,67
	(n=9798)			(n=1927)			
Mütterliche Generation:	P<0,001			P<0,001			
1	0,0000 ^a			-			0,00
	(n=2255)						
2	0,0003	0,0006 ^a	0,0008	0,1941	0,2243 ^d	0,2544	0,25
	(n=6712)			(n=17)			
3	0,0201	0,0218 ^b	0,0235	0,0933	0,0982 ^{b,c}	0,1030	22,21
	(n=3934)			(n=874)			
4	0,0472	0,0501 ^c	0,0531	0,0782	0,0821 ^a	0,0860	61,10
	(n=2054)			(n=1255)			
5	0,0594	0,0633 ^d	0,0672	0,0777	0,0820 ^a	0,0864	76,94
	(n=1188)			(n=917)			
6	0,0798	0,0848 ^e	0,0897	0,0849	0,0898 ^{a,b,c}	0,0947	94,36
	(n=621)			(n=586)			
7	0,0808	0,0900 ^e	0,0991	0,0830	0,0921 ^{a,b,c}	0,1013	97,67
	(n=172)			(n=168)			
8	0,0643	0,1072 ^{d,e}	0,1501	0,0643	0,1072 ^{a,c}	0,1501	100,00
	(n=11)			(n=11)			

abcde – Durchschnitte mit unterschiedlichen Kennbuchstaben unterscheiden sich signifikant (P<0,05)

den Gründervorfahren, nicht berücksichtigt, und ihr Inzuchtkoeffizient wird auf 0 gesetzt. Die durchschnittliche Inzuchtrate für die gesamte Herde beträgt 1,99%, während die Inzuchtrate für ingezüchtete Tiere 8,81 % beträgt (Tabelle 1).

Wir untersuchten auch die Inzuchtkoeffizienten des gesamten Bestandes und die Inzuchtkoeffizienten der ingezüchteten Tiere nach Geschlecht. In der gesamten Herde betrug der Homozygotie bei den Widdern 2,37% und bei den Mutterschafen 1,73% ($P < 0,001$), wobei es bei den ingezüchteten Tieren keinen signifikanten Unterschied zwischen Widdern (8,84 %) und weiblichen Tieren (8,77%) gab ($P = 0,750$).

Bei der Verarbeitung wurden acht mütterliche Generationen unterschieden. Die Werte der Inzuchtkoeffizienten pro Generation (mütterliche Generation) sind ebenfalls in Tabelle 1 aufgeführt. Es ist zu beobachten, dass der COI ab der zweiten Generation in der gesamten Population stetig und signifikant ansteigt (von 0,00 % auf 10,72 %; $P < 0,001$). Innerhalb der Population der ingezüchteten Tiere stagniert der Inzuchtkoeffizient bei Werten zwischen 8-10% (praktisch $P < 0,05$), mit Ausnahme der zweiten Generation mit einer kleinen Anzahl von Elementen (17 Individuen) mit 22,43 %.

Tabelle 2: COI_{back}-korrigierte gewichtete Durchschnitte und geometrische Durchschnitte

Wirkung	Alle Tiere		Ingezüchtete Tiere		
	COI _{back}	Inzuchtkoeffizient, gewichteter Durchschnitt	COI _{back}	Inzuchtkoeffizient, -95%CI	geometrisches Mittel +95%CI
Gesamtbestand:					
		0,0143 (n=16947)	0,0613	0,0630	0,0649 (n=3828)
Geschlecht:					
$P=0,301$					
Männchen		0,0172 (n=7149)	0,0615	0,0640	0,0666 (n=1901)
Weibchen		0,0122 (n=9798)	0,0596	0,0621	0,0647 (n=1927)
Mütterliche Generation:					
$P < 0,001$					
1		0,0000 (n=2255)		-	
2		0,0005 (n=6712)	0,1738	0,2124 ^d	0,2595 (n=17)
3		0,0157 (n=3934)	0,0665	0,0706 ^c	0,0750 (n=874)
4		0,0348 (n=2054)	0,0542	0,0569 ^a	0,0599 (n=1255)
5		0,0440 (n=1188)	0,0536	0,0570 ^{a,b}	0,0605 (n=917)
6		0,0671 (n=621)	0,0668	0,0711 ^c	0,0757 (n=586)
7		0,0719 (n=172)	0,0654	0,0736 ^{a,b,c}	0,0829 (n=168)
8		0,0954 (n=11)	0,0693	0,0954 ^{a,b,c,d}	0,1313 (n=11)

abcde – Durchschnitte mit unterschiedlichen Kennbuchstaben unterscheiden sich signifikant ($P < 0,05$)

Die Analyse nach Generationen zeigt, dass die Größe der Inzucht-Subpopulation von der zweiten Generation ($n=17$) bis zur vierten Generation ($n=1255$, bei der Geburt als vollständig angesehen) zunimmt. Mit anderen Worten: Der Anteil (%) der Inzucht-Subpopulation an der Gesamtpopulation nimmt in den aufeinanderfolgenden Generationen drastisch zu.

Nach der statistischen Aufbereitung wurden die LogCOI-Ergebnisse rücktransformiert, um ein aussagekräftiges geometrisches Mittel über die jeweilige Teilpopulation und innerhalb dieser Subpopulation nach Geschlecht und mütterlicher Generation zu erhalten (Tabelle 2). In der zweiten Spalte von Tabelle 2 werden zur Information auch die korrigierten gewichteten Inzuchtwerte für die gesamte Herde angegeben.

Der geometrische Mittelwert der Inzuchtrate für den gesamten Zuchtbestand beträgt 1,43%, während die Inzuchtrate für verwandte Tiere 6,30% beträgt. In der gesamten Herde beträgt der Inzuchtanteil bei den Widdern 1,72% und bei den weiblichen Tieren 1,22%. Bei den Inzuchttieren gab es keinen signifikanten Unterschied zwischen Widdern (6,40%) und Weibchen (6,21%) ($P=0,301$).

Bei den mütterlichen Generationen zeigt sich ebenfalls ein kontinuierlicher und signifikanter Anstieg des COI_{back} ab der zweiten Generation in der Gesamtpopulation (von 0,00% auf 9,54%). In der Inzucht-Subpopulation beginnt der COI_{back} nach einem anfänglichen Rückgang jedoch ab der fünften Generation zu steigen (von 5,69% auf 9,54%, $P<0,05$).

Schlussfolgerungen und Empfehlungen

In fast 15 Jahren wurden im Herdbuch des Gyimeser Zackelschafes beinahe 17.000 Tiere erfasst, von denen fast 4.000 ingezüchtet sind.

Vergleicht man die nicht transformierten Daten, so ist der durchschnittliche Inzuchtkoeffizient für die gesamte Herde niedrig (1,99 %), während er für die verwandten Individuen höher ist (8,81 %). Der Logarithmus-Transformation gewichtete Durchschnitt und das geometrische Mittel sind niedriger als diese (1,43% und 6,30%). Wir sind der Ansicht, dass die letztgenannten Werte nicht nur vielversprechender, sondern auch repräsentativer für den Gruppenmittelwert sind, da sie auf einer Datenbasis ermittelt wurden, die der Normalverteilung näherkommt.

In der Gesamtpopulation beträgt die Inzuchtrate bei den Widdern 2,37% und bei den weiblichen Tieren nachweislich 1,73% ($P < 0,001$), während bei den ingezüchteten Tieren kein signifikanter Unterschied ($P = 0,750$ und $P = 0,301$) zwischen den Widdern (8,84% und 6,4%) und den weiblichen Tieren (8,77% und 6,21%) nach einer der Berechnungsmethoden festzustellen ist. Dies deutet darauf hin, dass Inzucht bei der Entstehung von Inzucht keine Rolle spielt, da die Wahrscheinlichkeit, dass beide Geschlechter geboren werden, 50-50% betragen. Es ist wichtig zu betonen, dass die transformierten Daten es ermöglichen, einen Anstieg des Inzuchtkoeffizienten der Teilpopulation der ingezüchteten Tiere pro mütterliche Generation (die letzten fünf) früher zu erkennen, während die nicht transformierten Daten es erlaubten, ihn später zu erkennen (die letzten drei Generationen).

Vergleicht man die Ergebnisse von nicht transformierten und transformierten Angaben, so ist festzustellen, dass die durch die letztgenannte mathematische Operation genauer gemacht wurden.

Schließlich halten wir es für wichtig, diese Ergebnisse den Züchtern mitzuteilen, um sie auf das Problem der fragilen Vielfalt aufmerksam zu machen. Leider ist es für einheimische Tiere in der heutigen schnelllebigen Welt schwierig, mit den intensiven Züchtungen mithalten und zu konkurrieren, was auch der Grund für ihren bedrohten Status ist.

Literaturverzeichnis

- 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): 286-93. DOI: 10.1111/jbg.12012. Epub 2012 Nov 1. PMID: 23855630.
- 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. (2002): A gyimesi racka. In KÚTVÖLGYI, M. 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. *J. Anim. Plant Sci.*, 29(1): 41–47.
- MAIJALA, K. (1970): Need and Methods of Gene Conservation in Animal Breeding, *Ann. Genet. Sel. Anim.*, 2(4): 403–415.
- SAMBRAUS, 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>.

Abstract

The Gyimes Racka (Țurcană) is one of the Zackel-group variants bred in Transylvania. In the early 1990s it was re-introduced into Hungary (then 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 herd of the Gyimes Racka ewes consists of almost 1000 individuals today.

The authors estimated Wright’s inbreeding coefficient (COI) using Pedigree Viewer software based on complete pedigree data (from 2005 to 2020).

The average COI of the total herd book population (n=16880) was 0.02, compared to the higher value of the subpopulation of inbred individuals (n=3828, 0.0881). As the number of maternal generations increases, the COI increases significantly (P<0.001) in the total herd book population; in the eighth generation it is already 0.1072. On the other hand, in the subset of inbred individuals, the COI is more stagnant in the range of 0.08 and 0.10, even though ANOVA confirms significant differences between generations. Based on the calculated COI values, the homozygosity status of today's Gyimes Racka stock is threateningly high, which draws attention to careful mating in the future.

Keywords: coefficient of inbreeding, planning mating, descendance by maternal generations