

GÉNMEGŐRZÉSI KUTATÁSOK A LÓTENYÉSZTÉSBEN

BODÓ IMRE

ÖSSZEFOGLALÁS

A ritka régi lófajták megmentése és fönntartása ma már az egész világon fontos feladat, mert a természetvédelemben és a fenntartható fejlődésben is szerepe van. Ezért egyre inkább mindenütt felhasználják a modern tudomány eszközeit is. Hazánkban ezt a feladatot elsősorban a Debreceni Egyetem oktatói, kutatói látják el.

A három Mezőhegyesen kitenyésztett lófajtának a vércsoportok, más polimorf rendszerek és DNS alapján történt összehasonlítása mutatta a különbözőségeket és hasonlóságokat. Az angol telivér minden mezőhegyesi fajtában felhasználásra került, de hatása jobban kimutatható a molekuláris genetika és immungenetika eszközeivel is, úgy a gidránban, mint a nóniuszban. A hucul fajtának a többitől elkülönülését a tudományos eredmények is bizonyították. Ügyelni kell arra, hogy kellő számú és jól megválasztott lokusz alapján számítsuk a populációk közötti genetikai távolságokat, mert a részeredmények nagyon félrevezetőek lehetnek, bármilyen módszerrel is dolgozunk. A fajták összehasonlításáról készült dendrogramokat, a felhasznált alapadatokon kívül, a feldolgozás módszere is befolyásolja. A küllemileg fontos fejforma alapján parabola illesztésével lehetett bizonyítani, hogy a lipicai vonalak között nincs markáns különbség ebben a tekintetben. A DNS és a mtDNS alapján végzett kutatás a hagyományos lipicai méneselek közötti különbségekre és a kancacsaládok fokozott jelentőségére utal. A molekuláris genetika használatának végkövetkeztetése, hogy csak a többi állattenyésztési információval együtt alkalmas a ritka fajták értékének és a közöttük főnnálló különbségnek a megítélésére. (Cothran és Louis, 2005)

SUMMARY

Bodó I.: SOME RESULTS IN GENECONVERSATION IN HORSE BREEDING

Saving and conservation of endangered horse breeds is an important task worldwide, and play a role in the protection of nature and sustainable development. In Hungary, the University of Debrecen is contributing to these tasks through the increased use of scientific methods in its work with and for endangered horse breeds.

The differences and similarities were detected in Mezőhegyes horse breeds on the basis of blood groups, other polymorphic systems and DNA. Thoroughbred genes were used in the Nonius and the Gidran, and the impact proved more intensive in Gidran by using a scientific approach. The distinction of the Huzul breed was evident. It is indispensable to use data which is sufficient for comparing populations, because partial results can be misleading. The results of dendograms are influenced also by the mathematical methods used. The characteristic differences between international Lipizzan lines proved to be non-existent, based on parabola curve shape of the head of the animal. Research based on DNA and mitochondrial DNA detected some differences between traditional studs and emphasized the importance of mare families. The general conclusion is "results of molecular genetics only in combination with all information about a rare breed can make a determination of whether the breed is worthy of conservation efforts" (Cothran és Louis, 2005)

BEVEZETÉS

A régi háziállatfajták fenntartása ma már szinte mindenütt polgárjogot nyert, minden magát valamire tartó állattenyésztő ország kötelességének érzi veszélyeztetett háziállat fajtáinak megmentését, fönntartását. Ez a tevékenység természetesen kiterjed a lótenyésztésre is és ezen belül a kutatásra is.

A világban egyre inkább belátják, hogy régi lófajtáink védelme nemcsak a hagyományőrzés, esztétikai és kulturális értékük miatt fontos, hanem rendkívül jelentős a természetvédelem, a fenntartható fejlődés, a falusi turizmus, valamint a modern keresztezési programok szempontjából is.

A modern tudomány módszereinek a lófajták fenntartásában játszott fontosságát bizonyítja, hogy az EAAP külön kötetet állított össze (*Conservation Genetics of Endangered Horse Breeds*), amelyben a különböző országokban a hagyományos lófajták fenntartásával kapcsolatos kutatás egy-egy eredményét foglalták össze (Bodó és mtsai, 2005). Magyarország sem maradt el ebben a tekintetben, hiszen a Debreceni Egyetem összefoglaló kötetében (*Génmegőrzés*) a lófajták fenntartásával kapcsolatos tudományos kutatások is szerepet kaptak (Mihók, 2006).

Bizonyítja a téma iránti érdeklődést a lipicai fajta genetikai vizsgálatát célul kitűző, magyar kezdeményezésre létrejött *Copernicus* nemzetközi pályázat sikere is (*Die traditionellen Lipizzanerzuchten im Spiegel moderner Wissenschaft*. Brem, 2010).

A nemzetközi tudomány érdeklődése érthető, hiszen sok minden vár hiteles válaszra a génmegőrzés területén is. Ilyen a veszélyeztetettség fokának kérdése. Olyan hibák fordulnak elő, hogy neves nemzetközi kiadványban veszélyeztetettnek minősítenek egyik-másik országban olyan kis ló populációkat (pl. arab teli-vért), amelyekből még sok van másutt. Más esetben megőrizték egyes fajták hagyományos nevét, azonban a fajta idegen gének bevitelével teljesen átalakult modern irányban (pl. német sportlófajták, hannoveri, holstein, stb.). Gyakran különböző típusok vannak egy fajtán belül (pl. hátas és fogatló típus a lipicai fajtában), míg ugyanaz a típus számtalan fajtában megtalálható (pl. modern sportló a selle français, a hannoveri, westfáliai, a magyar és svéd sportló, stb. fajtákban).

A tudomány fejlődésével, a molekuláris genetika eredményeinek segítségével világosabban lehet látni azokat a kérdéseket, amelyeket a fajta története, a küllemtan és a pedigrisztika eredményei homályban hagytak. Figyelembe kell azonban venni, hogy a vércsoportok, a vérben található különböző polimorf rendszerek, a mikroszatellit és mitochondriális DNS csak egy részét fedik le a genomnak. Ezzel csupán az információnak tágabb körét nyújtják és más hagyományos adatok mellett kell értelmezni ezeket. *Cothran és Luis* (2005) nevéhez fűződik a mondas a fajták összehasonlítása kapcsán „...A fajon belül a fajták viszonya nem egy fához, hanem sokkal inkább hálózathoz hasonlít...”

Nagyon értékes információt kaptunk a mitochondriális DNS felfedezésétől a fajták eredetére vonatkozóan. Ma már a domesztikáció és a fajták kialakulása során a családoknak legalább olyan fontosságot tulajdonítunk, mint a méneknek. Kombinálva a származási adatokkal, érdekes eredményekre lehet jutni az alapító populációkkal kapcsolatban is (*Cunningham*, 2005).

Hazánkban annyiban különleges a helyzet, hogy a hivatásos kutatóhely, az Állattenyésztési és Takarmányozási Kutatóintézet Lótenyésztési Osztálya meg-

szűnt, és így lelkes tenyésztők, tanszéki alkalmazottak szorgalmi tevékenységére korlátozódik a kutatás mind a lótenyésztésben, mind pedig a lótenyésztési géntartálékok megőrzésének területén.

A Debreceni Egyetem Állattenyésztés- és Takarmányozástani Tanszéke vállalta a hagyományos fajtákkal kapcsolatos kutatást profilfeladatként, és ennek keretében került kiadásra a *Génmegőrzés (Mihók, 2006)* összefoglaló kötet, amelyben két dolgozat is foglalkozik a lótenyésztés génvédelmének témájával.

Ebben a dolgozatban hat idevágó kutatási eredmény rövid ismertetésére kerül sor.

A MEZŐHEGYESEN KITENYÉSZTETT FAJTÁK ÖSSZEHASONLÍTÁSA

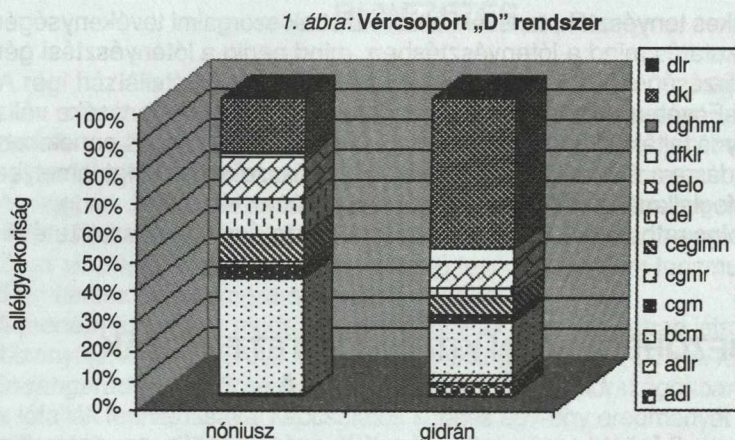
Mezőhegyesen 3 fajtát tenyésztettek ki a XIX. század során, nevezetesen a nóniuszt, a gidránt és a mezőhegyesi félvért (furioso-north star). A tenyésztés alapja az a jobbára spanyol-nápolyi jellegű és erdélyi, valamint néhol keleti vérű (cserkesz) kancaállomány volt, amelyet különböző országokból vásároltak és a tenyésztés folyamán az anglonormann Nonius, az arab Gidran és Furioso és North Star senior angol telivér ménekekkel végzett genealogiai vonal tenyésztés módszerével alakítottak ki. A nem szoros rokontenyésztés és telivérezés is befolyásolta a fajták fejlődését. Ezeknek a fajtáknak a története és fajtaösszetétele a törzskönyvek alapján teljesen tisztázott. Érdekes azonban, hogy az immungenetika és a molekuláris genetika eszközeivel mennyire lehet ezeket követni, vagy láthatóvá, szemléletessé tenni. Azt is remélheti a tenyésztő, hogy ezeknek az eredményeknek az alapján az állomány genetikai szerkezetéről több információhoz juthat. A Debreceni Egyetem Állattenyésztés- és Takarmányozástani Tanszéke ezt a munkát egy általános, minden veszélyeztetett fajtát fölölelő munka keretében végezte és végzi. A kiadvány (*Mihók, 2005*) összefoglalja a lóval kapcsolatos hazánkban addig végzett laboratóriumi vizsgálatokat, amelyet *Józsa és mtsai (2005ab)*, valamint *Bán és mtsai (2006)* végeztek. Munkájuk eredményeit elemezve a következő kérdésekre keressük a választ:

1. A három fajta közötti különbség hogyan mutatkozik az eredmények tükrében?
2. Lehet-e érzékelni az angol telivér eltérő szerepét a három fajtában?
3. A három fajtától teljesen idegen hucul jobban különbözik-e a különböző vizsgálatok alapján, mint ezek a fajták egymástól?

1. A három fajta közötti különbségek

A D vércsoport rendszerben (1. ábra) a nóniusz fajtában 11, a gidránban 9 és a furiosoban 10 allélt sikerült találni. A *dkl* allél mind a három mezőhegyesi fajtára jellemző volt a következő frekvencia értékekkel nóniusz (0,175) gidrán, (0,6395) furioso (0,5173).

A nóniuszban a *bcm* dominált (0,3893). A vizsgált lovak közül a gidránban nem volt megtalálható a *cgm*r, a *dghmr* és a *dlr*, a nóniuszban pedig az *adl* allél.



Bán és mtsai (2006)

Fig.1.: Blood group „D” system

A transferrin allélek közül a nóniusz és a gidrán fajtában a Tf^D és a Tf^{F2} ből volt a legtöbb, míg a furiosoban a Tf^{F2} dominált. A nóniuszban a Tf^E (0,1393) és Tf^G (0,0036) is előfordult, amely a gidránból hiányzott, viszont a Tf^{F3} (0,01) megvolt a gidránban és a nóniuszban nem.

Az albumin GC és AIB gyakorisága szempontjából a nóniusz és a gidrán nem különbözött (2. ábra). Az albumin két alléja közül a B allél dominált, a G rendszerben az F allél, és az AIB rendszerben pedig az K allél. A furiosoban viszont az A allél 0,2931 arányban volt megfigyelhető, a CG rendszerben pedig az S allélt is sikerült kimutatni, ami a másik két fajtában nem fordult elő.

2. ábra: Biokémiai polimorf rendszer (albumin)

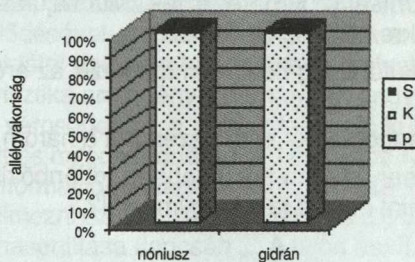


Fig. 2.: Biochemical polymorphism (albumin)

Az eszteráz rendszerben, a gidrán, a nóniusz és a mezőhegyesi félvér fajtában egyaránt, összesen 4 allélt lehetett találni és ezek közül az I allél dominált, de a nóniuszban az F allél is nagy gyakorisággal (0,3178) volt jelen.

A DNS mikroszatellit vizsgálatokban 12 mikroszatellitre nézve, a fajták allélgyakorisága eltért egymástól (3., 4. ábra).

3. ábra: Mikroszatellitek (DNS) a nóniusz fajtában 12 lokusz

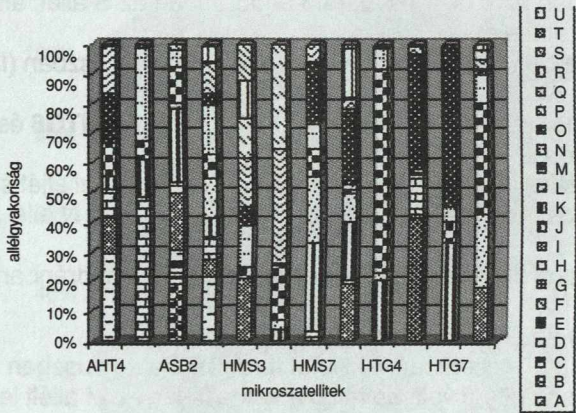


Fig. 3.: Microsatellites (DNA) in Nonius breed 12 loci

4. ábra: Mikroszatellitek (DNS) a gidrán fajtában 12 lokusz

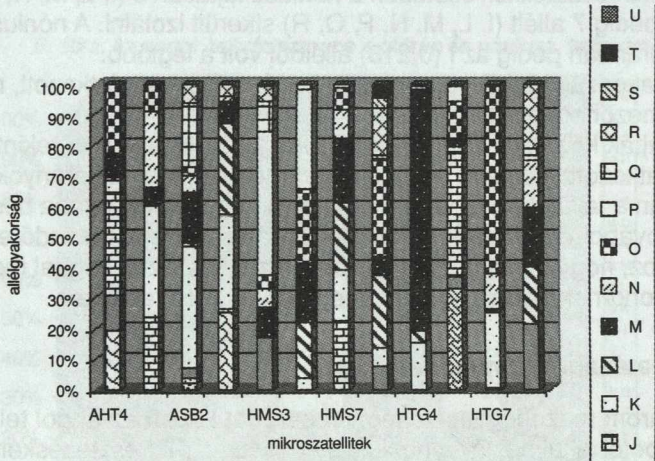


Fig. 4.: Microsatellites (DNA) in Gidran breed 12 loci

Az **AHT4** mikroszatelliten belül, a gidránban és a nóniuszban is, 8 allélt lehetett kimutatni. Az AHT4-P és az AHT4-Q allél csak a nóniuszban, míg az AHT4-L és az AHT4-N allélok csak a gidránban mutatkoztak. Ez utóbbiban az AHT4-J (0,3406) és a nóniuszban az AHT4-H (0,293) dominált.

Az **AHT5** mikroszatellit alléljai közül 5 allél volt kimutatható a nóniusz és a gidrán fajtában (J, K, M, N, O). Az allélek eloszlása különböző volt.

Az **ASB2** esetében magas allélszámot lehetett tapasztalni. A nóniuszt és a gidránt vizsgálva mind a kettőben az ASB2-K allél dominált. A rendszeren belül a gidránban előfordult az O és R, míg a nóniuszban a C, D, H és J allél, úgy hogy a másik fajtában nem sikerült kimutatni.

A **HMS2** allélek közül 12 nóniusz és 7 gidrán alélt sikerült kimutatni. „Speciális” allél volt a nóniuszban az I, O, P és Q, míg a gidránban az S allél, amelyik a másikat fajtában nem fordult elő.

A **HMS3** rendszerben 8–8 allél volt a gidránban és a nóniuszban (I, M, N, O, P, Q, R, S).

Teljesen eltérő megoszlásban és ugyanaz volt a helyzet a **HTG6** és **HMS7** mikroszatellitiek esetében is.

A **HMS6** mikroszatellitnek a gidránban 6, a nóniuszban 7 allélját sikerült megtalálni. Ebben a rendszerben a **HMS6-P** allél dominált, míg az N allél a gidránban nem fordult elő.

A **HTG10** mikroszatellit alléljai közül a nóniuszban 11, a gidránban 10 allélt sikerült kimutatni.

Mindkét fajtában az O allélből volt a legtöbb.

A **HTG4** mikroszatellit esetében 7–7 allél fordult elő a nóniuszban és a gidránban. Az allélgyakoriság eltérő volt, de mind a két fajtában az M allélt lehetett a legnagyobb arányban megtalálni.

A **HTG7** alléljai közül a nóniuszban 4 (K, M, N, O), a gidránban pedig 6 allélt (J, K, M, N, O, P) sikerült találni. Mindkét fajtában az O allél dominált.

A **VHL20** mikroszatellitiek esetében a nóniusz fajtában 8 (I, L, M, N, O, P, Q, R), a gidránban pedig 7 allélt (I, L, M, N, P, Q, R) sikerült izolálni. A nóniuszban az M (0,374), a gidránban pedig az I (0,218) allélből volt a legtöbb.

Az allélgyakoriság alapján a gidrán homogénebbnek mutatkozott, mint a nóniusz, vagy a mezőhegyesi félvér.

Tehát a fajták között az allélek előfordulása és gyakorisága tekintetében különbség mutatkozott. A 3. és 4. ábra szépen mutatja, hogy az arányokban milyen különbség van a fajták között, de ennek alapján egyedeket fajtába besorolni még nem lehet. További vizsgálatok és szinte a fajták egészére kiterjedő eredmények kellenek ahhoz, hogy laborvizsgálat alapján bizonyos biztonsággal megállapítható legyen a donornak valamelyik mezőhegyesi fajtához tartozása.

2. A telivér hatásának kimutathatósága

Mind a három mezőhegyesi fajtában szerepet kapott az angol telivér. A XIX. század közepétől alkalmazták a nóniuszban cseppvér-keresztelkedésként, a gidránban nemesítőként, a félvérben pedig az alapítók is angol telivérek voltak. Érdekes tehát a kérdés, hogy a molekuláris genetika, illetve immungenetika módszereivel kutatva, mit lehet máig tartó hatásából észlelni.

A vizsgálatok alapján legnagyobb hasonlóságot az angol telivérrel a gidrán fajtában lehetett észlelni. Ez megfelelt a pedigrében kimutatható várható eredménynek is.

Az allélszám a három mezőhegyesi eredetű fajtában magasabb volt, mint a telivérben. Ez a nagyobb mértékben rokontenyésztett és erősen szelektált angol telivért véve tekintetbe logikusnak is tűnik.

A DNS mikroszatellit vizsgálatok során egyértelmű, hogy az összes mezőhegyesi fajtában megtalálhatók a telivérben kimutatható allélek. Megállapíthattuk, hogy több mikroszatellit esetében nagyobb hasonlóságot lehetett találni a telivér és gidrán, mint a telivér és nóniusz között. Ezt a hasonlóságot jól mutatja a 6. ábra (AHT5), míg az 5. ábrán (HTG10) ez kevésbé szembetűnő.

5. ábra: HTG6 mikroszatellit allélmegoszlásai

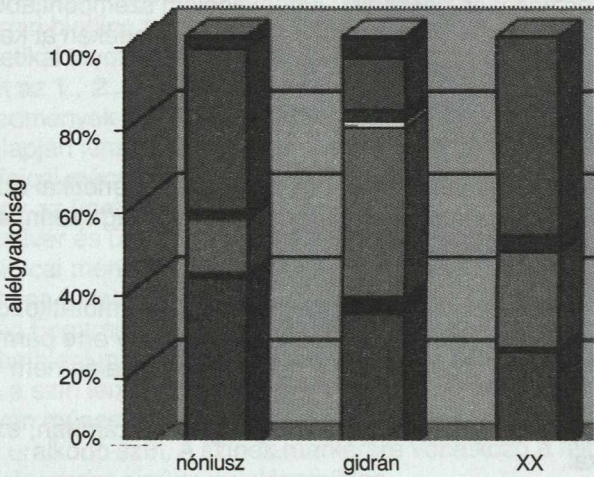


Fig. 5.: Allele distribution of microsatellite HTG6

6. ábra: Az angol telivér szerepe a gidrán és nóniusz fajtában

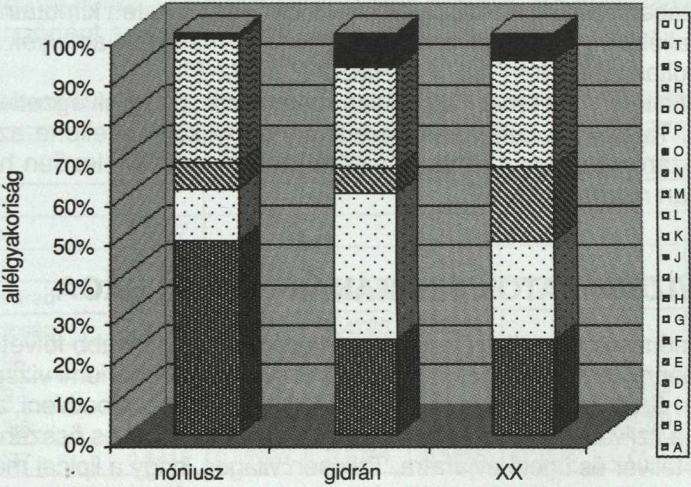


Fig. 6.: The role of Thoroughbred in Nonius and Gidran breeds

Tehát ezek a vizsgálatok az angol telivér szerepét ismereteinknek megfelelően mutatták ki.

Kétségtelenül nagy és pozitív szerepe volt az angol telivérnek a jellemzett fajták kialakításában. A továbbiakban azonban csupán óvatosan szabad használni ezt a nemesítő fajtát, annak érdekében, hogy a mezőhegyesi fajták fajtajellege megmaradjon. Be kell vezetni és alkalmazni kell esetenként, a lótenyésztésben idegen fogalmat, a haszonállat-előállító keresztezést. Ez azt jelenti, hogy sport célra

jól használható lovakat lehet a telivérrel tenyészteni, de ezeket csak korlátozottan szabad a fajták tenyésztésében használni. A génvédelem szempontjából nem tekinthető jó példának az ír ígás ló, amely telivérrel több nemzedéken át keresztezve (írländer) jellegét veszítette és regenerálása gondot okoz.

3. A hucul fajta különbözősége

A hucul fajta biokémiai, immungenetikai és molekuláris genetikai adatai azért tarthatnak érdeklődésünkre számot, mert történeti bizonyosság szerint soha semmi köze a mezőhegyesi fajtákhoz nem volt.

A huculban jellemző vércsoport allél a *delo* (0,4558).

Érdekes módon a „*K*” *albumin* allél nagy gyakorisággal mutatkozott mind a hucul (0,9115), mind a furioso (0,9914) fajtában, anélkül, hogy erre bármilyen magyarázatot tudnák adni. Az *F albumin* allél a huculban egyáltalán nem volt kimutatható.

A huculban a transferrin *Tf^R* fordult elő a legnagyobb számban, szemben a mezőhegyesi fajtákkal.

Az eszteráz rendszerben *F* és *I* allélek mutatkoztak a mezőhegyesi fajtákhoz hasonlóan, míg az *M* allél ebben a fajtában nem volt kimutatható.

A hucul fajtában az *ASB*” mikroszatellit mutatkozott kiugróan magas allél-számmal (14 allél).

Ebben a fajtában néhány mikroszatellit esetében nem lehetett kimutatni a telivérre jellemző alléleket, viszont olyan ritka allélek is jelentkeztek, amelyek a többi fajtában nem voltak találhatók (*AHT4-T*, *HMS2-P*, *ASB2-E*).

A hucul fajta eltérő volta tehát frappánsan megmutatkozik az elvégzett vizsgálatok tükrében. További, a fajták egészére kiterjedő vizsgálat kellene azonban ahhoz, hogy kizárólag a hucul fajtában megtalálható, vagy kötelezően hiányzó alléleket biztosan megtaláljuk.

A VIZSGÁLATOK SZÁMÁNAK FONTOSSÁGA

A fajták és méneselek genetikai összehasonlításában egyre inkább fölvetődött a kérdés, hogy mennyire tükröződnek az evidens tények a laboratóriumi vizsgálatok eredményeiben. *Szabára és mtsainak* (1999) vizsgálata kiterjedt a bethleni, a dakovói, a fogarasi, a szilvásváradi és kistapolcsányi lipicai ménesre, és összehasonlítóképpen, két telivér és ügető évjáratra. Teljesen világos, hogy a lipicai méneselek adatainak jobban kell egymásra hasonlítani, mint a versenylovak mintáira. Kérdés, hogy a laboratóriumi eredmények mennyire tükrözik ezt az evidenciát.

A vércsoportok és egyéb, a vérben található, polimorf rendszerek vizsgálata alapján néhány lipicai ménes úgy került összehasonlításra, hogy kontrollként egyúttal angol telivér és ügető mintákat is alapul vettünk (*Józsa és mtsai*, 2005a,b). Ebben a tárgyban az Állatorvosi Egyetemen szakdolgozat is készült (*Johann*, 1997).

A vizsgálat a ló vércsoportjának „legpoligénebb” D rendszerén belül a következő allélekre terjedt ki: *adl*, *adlnr*, *adlr*, *bcmq*, *cefgmq*, *cegimn*, *cfighm*, *cfmq*, *cgm*, *cgm*, *deklr*, *delo*, *del*, *dfklr*, *dghm*, *dghmr*, *dkl*, *dlnq*, *dlnqr*, *dlqr*.

A vércsoportokon kívül a következő vizsgálatokra került még sor:

Transzferrin *F, F1, F2, D, G, O, E, H, R*, Albumin *A, B, AB*, Eszteráz *F, I, S, FI*,
D vitamin binding protein *F, S* Glycoprotein *K, F, S* Haemoglobin *1, 2*

A genetikai távolságot *Crovello* (1968) módszere alapján számítottuk. Az eredményeket az 1., 2., 3. táblázatok mutatják.

Az eredmények értékelését a következő evidens és megcáfолhatatlan megfontolások alapján lehet elvégezni, amit előre tudni és elvárni lehetett:

- A lipicai ménések lényegesen közelebb állnak egymáshoz, mint a telivérhez vagy az ügetőhöz.
- A telivér és ügető egymáshoz hasonlít legjobban.
- A lipicai ménések között legközelebb kellene állania a fogarasi és bethleni ménés lovainak, hiszen a bethleni ménés lovai néhány évvel hamarabb még Fogarason voltak az ottani alsószombatfalvi ménésben.
- A bethleni ménés lovainak viszont akkor kell különböznie a többi lipicaitól, ha a szín lényeges tényezője a vizsgált faktoroknak, hiszen ez az egyetlen olyan ménés, amelyikben nincs szürke színű ló, holott a többi ménésben ez az uralkodó szín. A színek markerére vonatkozó a feltételezés mai ismereteink szerint amúgy is valószínűtlen.

Megállapíthatjuk, hogy amíg csak a vércsoportok alapján történt a vizsgálat (1. táblázat, 7. ábra, 8 jel), addig érthetetlen, elfogadhatatlan eredmények születtek, azaz az ügető a bethleni ménés, a telivér pedig a fogarasi ménés közeli rokonságába került. Ugyanezt tapasztaltuk akkor is, ha a vér polimorf rendszerei alapján történt az összehasonlítás (2. táblázat).

1. táblázat

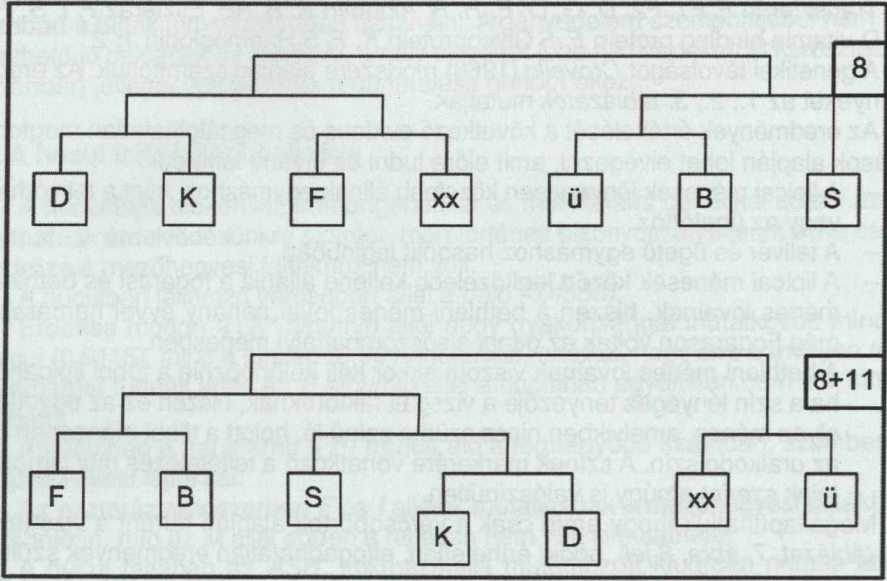
Genetikai különbség a ménések és fajták között, a vércsoportok összehasonlítása

	Bethlen	Đakovo	Fogarás	Szilvás- várad	Kistapol- csány	Ügető '96 (1)	Ügető '97	Telivér '96 (2)
Bethlen								
Đakovo	0,4037							
Fogarás	0,1581	0,3592						
Szilvásvárad	0,4254	0,3347	0,4669					
Kistapolcsány	0,5376	0,1761	*0,4785	0,3564				
Ügető '96	0,4593	0,6656	0,7253	0,5215	0,6921			
Ügető '97	0,4615	0,2470	0,3873	0,4347	0,2963	0,6164		
Telivér '96	0,5357	0,8402	0,9000	0,6979	0,8373	0,3688	0,8385	
Telivér '97	0,6419	0,40000	0,5701	0,5865	0,3536	0,7470	0,4137	0,7950

Table 1.: Genetic differences of blood groups among studs and breeds
standardbred (1), Thoroughbred (2)

A 19 biokémiai polimorfizmus és a vércsoportok faktoraai alapján végzett vizsgálat (3. táblázat, 7. ábra 8+11 jel) azonban ebben az esetben megfelelt az evidens várakozásoknak. Azaz a lipicai ménések egymás mellé kerültek a dendrogramban és a telivér meg az ügető is méltó helyére került. Sőt, a fogarasi ménés és a bethleni is legközelebb állnak egymáshoz az előzetes biztosnak vélt követelmény szerint.

7. ábra: Lipicai ménesek és más fajták genetikai különbsége



8 a vércsoportok alapján; 8+11 a vércsoportok és a polimorf rendszerek együttes figyelembevételével.
D Đjakovo, K Kistapolcsány, F Fogaras, B Bethlen, S Szilvásvárad ménes, xx angol telivér, ü ügető

Fig. 7.: Genetic difference among Lipizzans and other horse breeds
8 on basis of blood groups, 8+11 considered blood groups and other polymorphic systems.
D Đjakovo, K Tapolcianky, F Fagaras, B Beclean, S Szilvásvárad names of studs, xx Thoroughbred, ü standard bred horses

2. táblázat

Genetikai különbség a ménesek és fajták között a vér polimorf rendszereinek összehasonlítása alapján

	Bethlen	Đakovo	Fogaras	Szilvás- várad	Kistapol- csány	Ügető '96 (1)	Ügető '97	Telivér '96 (2)
Bethlen								
Đakovo	0,5979							
Fogaras	0,3389	0,5126						
Szilvásvárad	0,4389	0,2935	0,3406					
Kistapolcsány	0,5368	0,3945	0,3114	0,3456				
Ügető '96	0,7117	0,6853	0,3903	0,5781	0,5926			
Ügető '97	0,7595	0,7419	0,4167	0,6227	0,6168	0,0866		
Telivér '96	0,8546	0,6770	0,6973	0,7548	0,7301	0,6319	0,6775	
Telivér '97	0,7803	0,6447	0,6198	0,6995	0,6696	0,5548	0,6004	0,0977

Table 2.: Genetic differences of biochemical polymorphic systems among studs and breeds
standardbred (1), Thoroughbred (2)

3. táblázat

Genetikai különbség a méneselek és fajták között a vércsoportok és a vér polimorf rendszereinek együttes összehasonlítása alapján

	Bethlen	Đakovo	Fogaras	Szilvás- várad	Kistapol- csány	Ügető '96 (1)	Ügető '97	Telivér '96 (2)
Bethlen								
Đakovo	0,7215							
Fogaras	0,3740	0,6258						
Szilvásvárad	0,6118	0,4450	0,5782					
Kistapolcsány	0,7598	0,4325	0,5712	0,4966				
Ügető '96	0,8473	0,9553	0,8235	0,7789	0,9111			
Ügető '97	0,8888	0,7821	0,5685	0,7597	0,6849	0,6227		
Telivér '96	1,0088	1,0790	1,1387	1,0281	1,1108	0,7317	1,0780	
Telivér '97	1,0102	0,7590	0,8422	0,9130	0,7573	0,9304	0,7234	0,8008

Table 3.: Genetic differences of blood groups and biochemical polymorphic systems together among studs and breeds
standardbred (1), Thoroughbred (2)

A színre vonatkozó előfeltételezést nem lehet a kis létszám miatt bizonyított-nak venni, noha a bethleni „színes” méneselek az elvégzett vizsgálatok szerint követ-kezetesen távolabb állt a többi „szürke” lipicai ménestől, mint a fogarasitól. Az ugyancsak nem szürke ügetőre és a telivérre nézve már nem mondhatjuk ezt ki, tehát a színre vonatkozóan nem lehet következtetést levonni ezekből a vizsgálálatokból.

A tanulság ebből a vizsgálatból, hogy a populációk közötti rokonságot vagy tá-volságot csak nagyon óvatosan szabad kezelni, és kis létszámú, egyoldalú vizs-gálat alapján következtetéseket nem szabad levonni.

A FAJTÁK KÖZÖTTI TÁVOLSÁG BECSLÉSÉNEK ÉRTÉKELÉSE

A génvédelemben fontos téma a fajták, illetve különböző populációk egymás-tól való genetikai távolsága és ennek ellenkezője a genetikai hasonlóság. Ezt a munkát nagyon részletesen végezte el Cothran munkatársával (Cothran és Luis, 2005). 22 lófajtát, közöttük világfajtákat és veszélyeztetett populációkat vizsgáltak és hasonlítottak össze különböző módszerekkel. Sokféle markert használtak: vér-csoportokat, biokémiai faktorokat, fehérje lokuszokat, mikroszatelliteket, emellett mtDNA vizsgálatot is végeztek, és ezek eredményeit vetették össze. A genetikai távolság megállapításának különböző módszerein kívül a cluster képzést is vizs-gálat tárgyává tették, több módszer összehasonlításával a következő adatbázison: 7 vércsoport és 10 biokémiai polimorf rendszer, amely a fehérjével van összefüg-gésben. Emellett 15 mikrosatellit lokusz. Végül 288 bp szekvencia, a mitochond-riális DNS D-loop vizsgálatára is sorra került.

A genetikai távolság értékelése különböző matematikai módszerekkel történt, köztük a legelterjedtebb *Nei-féle* módszerrel (Nei, 1972) is. Az eredményeik között többnyire szoros korrelációt találtak.

A cluster, illetve dendrogram készítésnek is több módszere van. Ezek alkalmazása némi eltérést eredményezett azonos adatbázis használata esetén is.

Munkájukban két nagy mátrix táblázat és 6 dendrogram teszi szemléletessé az eredményeket. Ezek közül itt mindössze két dendrogramot mutatok be, annak érdekében, hogy a végső eredmények tanulságosak, azonban esetenként eltérők lehetnek (8., 9. ábra).

8. ábra: NJ DA távolságok mikroszatellitiek alapján (Cothran és Luis, 2005)

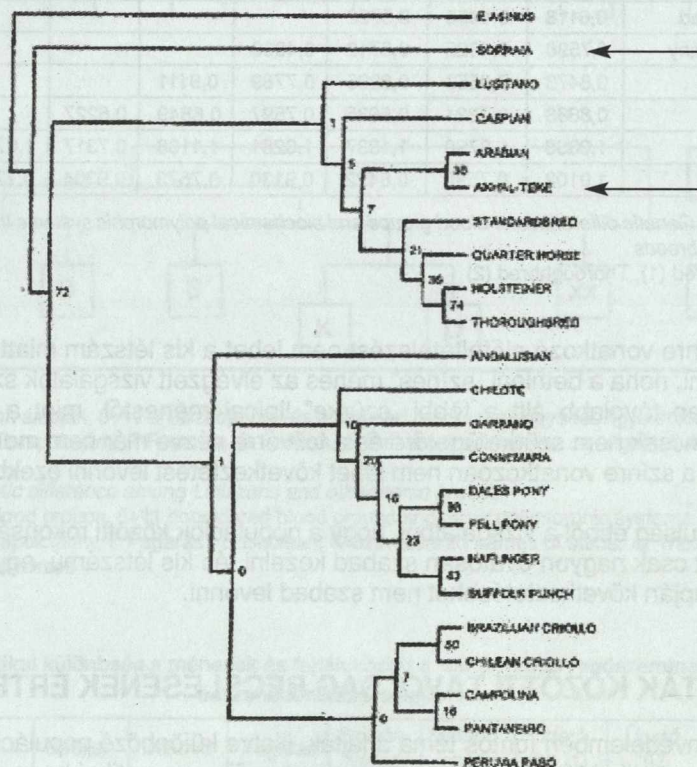


Fig. 8.: NJ DA distances based on microsatellites (Cothran és Luis, 2005)

A változatosság érzékeltetésére itt csupán két érdekességre hívom föl a figyelmet: az angol telivér elhelyezkedése a fajták között és két egymástól mind földrajzilag, mind küllemben nagy távolságban lévő fajta, az ahal-teke és a sorraia helyzetére (ld. a 8. és 9. dendrogramon elhelyezett nyilak).

Az ahal-teke és a sorraia rendkívül távoli fajták tehát. Nehezen magyarázható, hogy a 9. ábrán miért kerültek mégis egymás mellé, hiszen ismereteink szerint a mindkét fajtában egyaránt gyakori fakó szín nem elegendő érv erre. A másik dendrogramon (8. ábra) viszont az ahal teke mellett az arab és a káspi póni megfelel annak az elképzelésnek, amelyet ezeknek a fajtáknak a közelségéről és távolságáról szakmai ismereteink alapján feltételezünk. Két azonos intézmény és szakemberek által jól elvégzett vizsgálat tehát ellenkező eredménnyel zárult.

9. ábra: NJ DA távolságok fehérje lokuszok alapján (Cothran és Luis, 2005)

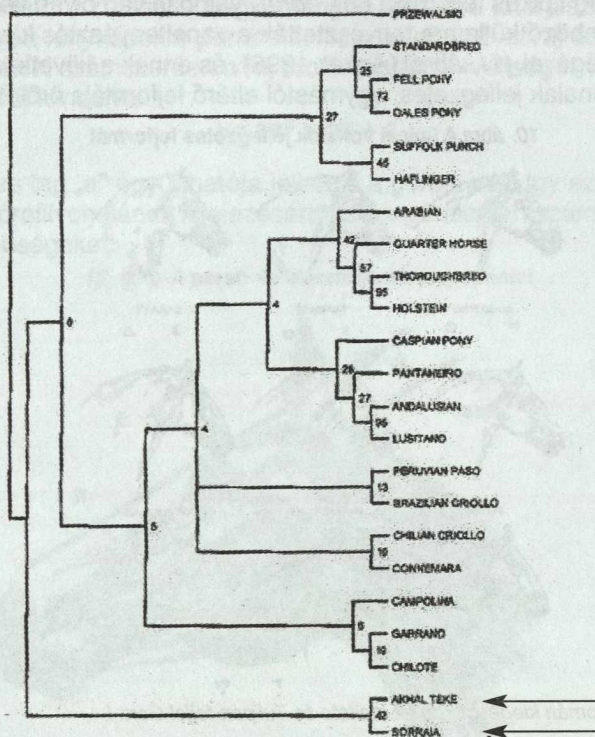


Fig. 9.: NJ DA distances based on protein loci (Cothran és Luis, 2005)

Az angol telivér viszont minden esetben a quarter horse és az ügető közelében van, négy alkalommal a holstein mellett, és egyszer az arab társaságában. Ez nem ellenkezik a szakma által elfogadott és történetileg hiteles elgondolásokkal, legfeljebb még más fajtákat is el lehetett volna helyezni a közelében, amint ez példaképpen közölt, és a 8., 9. ábrákon látni is lehet.

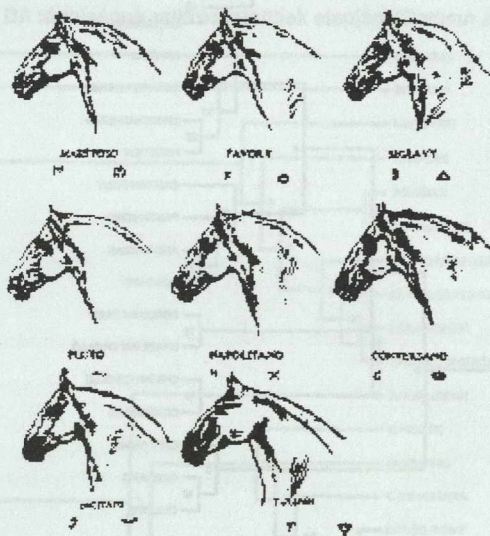
Teljesen érthető ezek alapján, hogy a szerzők végső következtetése, mi szerint nem szabad csupán a laboratóriumban kimunkált eredmények alapján kimondani a fajták közötti hasonlóságot vagy távolságot, ehhez az egyéb információkat és tenyésztési adatokat is figyelembe kell venni!

A LÓFEJ ALAKULÁSÁNAK TUDOMÁNYOS ELEMZÉSE

A ló feje lényeges része a küllemtannak. A fej szépsége lehet a fajtára jellemző, lehet a nemi jelleg kifejezője, nőies kancák és markánsabb fejű ménnek, a fajta díszjele. A lipicai fajtában ennek különleges jelentősége van, mert vannak, akik egy markánsabb, barokknak mondott félkos és kosfejet kedvelnek, és akad, aki az arab befolyás hatására, a lipicai fajtában is létező, finom, majdnem csuka fejét szereti. Mindegyik előfordul a fajtában, és így okot és lehetőséget ad vitára, sőt tudományos megközelítésre is.

Nürnberg (1998) a lipicai fajtáról írott könyvében közli a klasszikus törzsek (genealógiai vonalak) tipikus fejformáit (10. ábra). Valóban van olyan vélemény, hogy a törzseket különböző küllemre tenyésztették a vonaltenyésztés klasszikus módszerének segítségével (11. ábra) (Anker, 1996), és ennek a következménye lehet a genealógiai vonalak jellegzetes, egymástól eltérő fejformája örökítésének.

10. ábra A lipicai vonalak jellegzetes fejformái



Nürnberg (1998) nyomán kiegészítette az Incitato és Tulipán fejfel Gera I.

Fig. 10.: Characteristic headforms of Lipizzan lines (Nürnberg, 1998), completed with Incitato and Tulipán heads by I. Gera)

11. ábra: Lipicai méneskönyvből vett példa a következetes genetikai vonaltenyésztésre

Conversano Virtuosa 1879	
Virtuosa 1861	Conversano Adria 1870
Virtuosa 1853	Maestoso Slavina 1853
Virtuosa 1832	Conversano Erga 1848
Moscovita III 1820	Favory Onerosa
Moscovita II 1815	Conversano 1808

Fig. 11.: Classic example of a consistent genetic line from Lipizzan stud book

A lipicai fajtában a sokféle fejformát jól lehetett tanulmányozni a fejről profilban fölvelt fényképeken. Kurucz (1985) három ménes (Piber, Kistapolcsány és Szilvássvár) minden tenyészkancaja fejének fényképét elkészítette oldalnézetből. Ezeket összehasonlította, és 1-től 7-ig terjedő skálán minősítette a fej formáját a csukafejtől a kosfejig, majd átlagolta a vonalak és a ménesek adatait is. Az eredmény nem igazolta a jellegzetességeket vonalanként, míg szignifikáns különbséget sikerült kimutatni a ménesek között. A származások elemzése sem mutatott arra, hogy a vonalak genetikai rögzítése megtörtént volna.

Ezt a munkát immár kevésbé szubjektív módon folytatták *Angyal és mtsai* (2001). A feladatot az összes hagyományos ménesre kiterjesztve elvégezték. A profilból fölvett fényképekre parabolát illesztettek (12. ábra) és ennek a paraméterei fejezték ki számszerűen a fej profilvonalának íveltségét. A parabola általános képletéből kiindulva

$$y = ax^2 + bx + c$$

a négyzetes tag „a” együtthatója jellemzi a görbe ívét, így ezt használták az egyedek feje profilvonalának kifejezésére és ennek alapján számolták az átlagokat és a különbségeket.

12. ábra: A parabola illesztésének alapvonalai

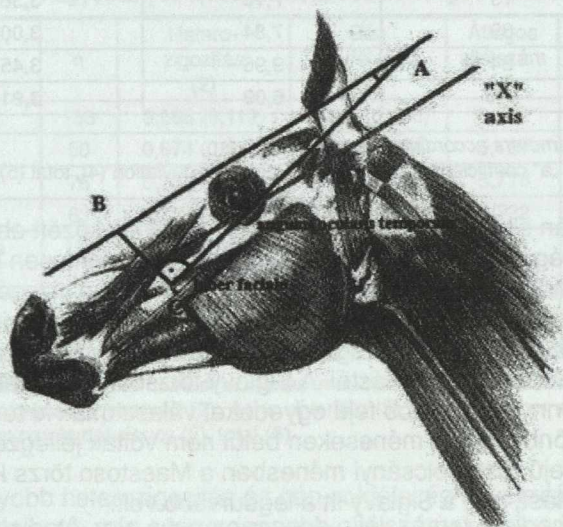


Fig. 12.: Basic lines for parabola fitting on the head of the horse

Az eredményeket a 4. és az 5. táblázatok foglalják össze.

4. táblázat

A fejformák eredményei genealógiai vonalanként (törzsenként)

Vonal (1)	Létszám (2)	„a” együttható átlaga (3)	Szórás (4)
Siglavý	73	4,69	3,20
Conversano	85	5,07	3,73
Neapolitano	54	6,03	3,93
Favory	49	6,05	3,31
Maestoso	73	6,08	3,94
Pluto	57	6,41	4,34
Incitato	1	7,00	0,00
Tulipán	20	8,38	2,90
Összesen (5)	412	5,77	3,79

Table 4.: Headform parameters according to genealogical lines
line (1), n (2), average of „a” coefficient, parameter (3), standard deviation (4), total (5)

5. táblázat

A fejformák eredményei hagyományos ménesenként

Ménes (1)	Létszám (2)	„a” együttható átlaga (3)	Szórás (4)
Kistapolcsány	21	4,09	3,71
Piber	72	4,44	2,79
Bécs (Wien)	65	4,98	3,45
Lipica	50	5,18	3,16
Fogarás	81	6,21	4,00
Bethlen	16	6,43	4,77
Djakovo	55	7,01	4,61
Monte Rotondo	13	7,10	3,36
Szilvásvár	39	7,84	3,00
Kladrub	34	9,96	3,45
Összesen (5)	446	6,09	3,91

Table 5.: Headform parameters according to traditional studs
stud (1), n (2), average of „a” coefficient, parameter (3), standard deviation (4), total (5)

A vizsgálatok során sikerült megállapítani, hogy a nemek között ebben a fajtában nincsen különbség, ezért a mének és kancák adatait együttesen lehetett elemezni és a bécsi Spanyoliskola ménjei is szerepet kaphattak a vizsgálatban.

A genealógiai vonalak közötti különbségek általában nem voltak szignifikánsak, egyezően Kurucz (1985) szubjektív vizsgálataival. Páronként vizsgálva, csak a Tulipán és a Siglavy különbözött egymástól. A Siglavy törzsből, már csak arab neve miatt is, minden bizonnyal finomabb fejű egyedeket választottak ki tenyésztésre. A törzsek közötti különbségek a méneseken belül nem voltak jellegzetesek. Például a legfinomabb fejű Kistapolcsányi ménesben a Maestoso törzs képviselte a legfinomabb fejalakulást, míg a Siglavy itt a legdurvább volt.

A ménesek között viszont lényeges, szignifikáns különbségeket lehetett találni. A középső értéket a fogarasi ménes lovai képviselték. E középpérték alatt négy ménest találtunk, amelyek finomabb fejei szignifikánsan nem tértek el egymástól: Kistapolcsány, Piber, Bécs és Lipica.

Négy ménes pedig a középpérték feletti számokkal a markánsabb barokk fejformát mutatta: Bethlen, Djakovo, Monte Rotondo és Szilvásvár. A Tulipán fej alakulását az is motiválhatta, hogy ez a törzs csak a keleti ménesekben (Magyarország és Románia) fordul elő.

Szignifikánsan különbözött viszont a kladrubi fajta lovainak fej alakulása a lipicaiaktól. Az objektíven, matematikai és geometriai módszerekkel igazolták készült vizsgálatok a szubjektív minősítéssel készült eredményeket, immár három helyett nyolc hagyományos ménes adatainak alapján.

Tehát a nagyfokú szórás ellenére lehetett a ménesek között különbséget találni, a vonalak között viszont nincs ugyan határozott különbség, azonban arra mindig ügyeltek, hogy a nevében is arab jellegét őrző Siglavy vonalhoz tartozó törzsmének közé általában finomabb fejűek kerüljenek.

A MÉNESEK KÖZÖTTI GENETIKAI KÜLÖNBSÉGEK

A magyar kezdeményezésre létrejött COPERNICUS program keretében Achman és mtsai (2001, 2004) végeztek kiterjedt DNS vizsgálatokat a hagyományos lipicai méneseink összes (néhány száz) törzskancájának bevonásával. Ezek a vizsgálatok kiterjedtek a méneseink összehasonlítására is.

A méneseink összehasonlítása 18 mikroszatellit vizsgálatán alapul. A 6. táblázat kitér az észlelt heterozigotizásra, a gén sokféleségre és az allélek átlagos számára. Ezek az adatok a ménesekre vonatkozóan meglehetősen egyöntetűek voltak.

6. táblázat

Hagyományos lipicai méneseink sokfélesége és allélszáma

Ménés (1)	n	Heterozigotizáció (2)	Gén sokféleség (3)	Átlagos allélszám (4)	Konfidencia intervallum (5)
Piber	153	0,656 (0,112)	0,636 (0,106)	6,222	-0,027 (-0,053-0,009)
Djakovo	50	0,674 (0,120)	0,645 (0,094)	5,167	-0,035 (-0,083-0,003)
Szilvásvár	76	0,707 (0,097)	0,675 (0,067)	5,778	-0,041 (-0,083-0,009)
Monterotondo	63	0,635 (0,092)	0,607 (0,103)	4,722	-0,038 (-0,086-0,003)
Fogarás, Bethlen	118	0,671 (0,101)	0,665 (0,086)	5,611	-0,005 (-0,033-0,016)
Kistapolcsány	42	0,657 (0,144)	0,632 (0,125)	5,278	-0,027 (-0,088-0,007)
Lipica	59	0,645 (0,154)	0,631 (0,130)	5,222	-0,012 (-0,066-0,015)
Összesen (6)	561	0,663 (0,088)	0,674 (0,084)	7,056	

Table 6.: Heterozygosity and number of alleles in traditional Lipizzan studs
stud (1), heterozygosity observed (2), gene diversity (3), mean number of alleles (4), confidence interval of heterozygote deficiency (5), total (6)

A legnagyobb heterozigotizáció és gén sokféleség (diverzitás) a magyar méneseinkben volt észlelhető, míg a legmagasabb allélszámot a piberi méneseinkben találták. Ez azzal magyarázható, hogy Piber, a hagyományos többi méneseinkből vásárolt kancákkal megújította állományát. Ez a feltételezett rokontenyésztés elkerülését célozta, amire többen következtettek a méneseinkben a néhány évtizeddel ezelőtti jelentkező szaporodási gondok miatt. Emellett ismeretes, hogy Piber jól őrzi az összes klasszikus kancacsaládot is. Monterotondo kis allélszámát pedig a katonai méneseink hosszú időn át tartó bezártsága okozhatta.

A gének „sokféleségének” számoszlója a fajta stabilitását mutatja.

Ezen kívül a DNS vizsgálatok kitértek a génáramlásra is, megállapítván, hogy az allélek átlagos száma (7,056) megfelel a más fajtákban mért számoknak. A vizsgálatok alapján legközelebb áll egymáshoz Piber, Lipica és Monterotondo, majd Szilvásvár, Djakovo és Kistapolcsány képezi a következő csoportot. A romániai tenyésztések pedig némileg elkülönülnek a DNS vizsgálatok alapján. Ezek az eredmények megfelelnek a méneseink történetének. Az első három elkülönülő méneseinkben 100 év óta nem használják az Incitato és a Tulipán vonalat, míg Románia az egyetlen ország, amely a népi fogatigényre tekintettel, színes ménest is felállított pej és fekete lipicai lovakkal (Bethlen), sőt a vizsgálat idején egy sárga lipicai kanca is volt Bethlenben. Egyedül a fogarasi méneseinkben születik néhány sárga csikó szürke apák és anyák után, ami a sárga szín recesszív öröklődésének következménye.

Ez az átfogó DNS vizsgálat ugyancsak jó bepillantást eredményezett a méne-
sek közötti különbségekre és tudatossá teheti a vásárlásokat, a tenyészállat-cse-
réket, a gének áramlására vonatkozó elgondolásokat figyelembe véve.

A MITOCHONDRIÁLIS DNS ÉS A KANCACSALÁDOK

A lótenyésztők régóta tisztában vannak a nővonal, a kancacsaládok jelentősé-
gével. A tudomány fölfedezése a mitochondriális DNS és az ehhez kapcsolódó
örökölhetőség ezt a véleményt nagymértékben megerősítette. A következő vizs-
gálatokat *Dovč és mtsai* (2001, 2006) végezték el.

A több száz éves lipicai törzskönyvi adatok tanulmányozása lehetővé tették
ennek a kérdésnek a beható vizsgálatát is. A kancacsaládok között meg szoktuk
különböztetni az eredeti lipicai ún. klasszikus családokat és a magyar, román,
valamint egyéb eredetű elfogadott családokat is. Ezeket mutatja a 7. táblázat.

7. táblázat

A klasszikus lipicai kancacsaládok

	Család (1)	Eredet (2)		Névváltozások az utódokban (3)
1	Sardinia	1770	Karszt	Canissa, Betalka, Bravissima
2	Spadiglia	1770	Karszt	Monteaura, Montenegra
3	Argentina	1750	Karszt	Austria, Adria, Slava
4	Africa	1740	Kladrub	Benvenuta, Batosta, Barbana
5	Almerina	1769	Kladrub	Albania, Slavina, Slavonia
6	Bradamanta	1777	Kladrub	Presciana, Bona, Bonavia, Bonavista
7	Englanderia	1773	Kladrub	Andalusia, Aleppa, Allegra
8	Europa	1774	Kladrub	Trompeta, Troja, Traga
9	Fistula	1771	Kopcsány	Stornella, Stella, Sagana
10	Ivanka	1785	Kopcsány	Famosa, Delphina, Sitrana
11	Deflorata	1767	Fridberg	Capriola, Canissa
12	Rosza		Terezovac	
13	Khel il Massid	1841	arab	Metalka
14	Mersucha	1849	arab	
15	Gidrane	1841	arabi	Gaeta, Gaetana
16	Djerbin	1814	Radautz	Dubovina, Darinka
17	Mercurio	1816	Radautz	Gratia, Gratirosa
18	Theodorosta	1865	Radautz	Wanda, Wera
19	Rava	1755	Kladrub	
20	Capriola	1785	Kladrub	

Table 7.: The classic Lipizzan families.
family (1), origin (2), changed names in progeny (3)

Ezek közül a meglévő klasszikus családok mitochondriális DNS vizsgálatára
és elemzésére került sor a ljubjanai Egyetemen. A hagyományos lipicai kanc-
családokat 37 mtDNS haplotípusra támaszkodva, négy nagyobb rokonsági alcso-
portra lehetett osztani. A megoszlást a 13. ábra mutatja.

13. ábra: A lipicai kancacsaládok és alcsoportjaik (Dovč és mtsai, 2001)

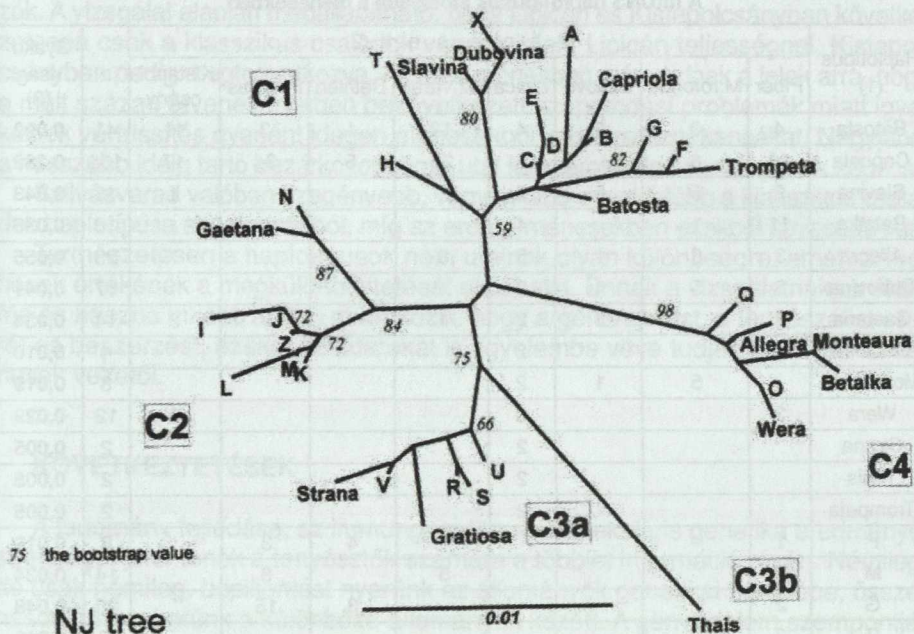


Fig. 13.: Lipizzan mare families and their subgroups (Dovč és mtsai, 2001)

A vizsgált szlovéniai lipicai populációban 17 különböző mtDNS haplotípust lehetett kimutatni. 18 család közül 13 kancacsaládban egyetlen haplotípus volt kimutatható a hibátlan mitochondriális öröklésmentnek megfelelően. 3 családban (Gidrane, Deflorata és Munja) két vagy három haplotípust találtak Dovč és mtsai (2001), ami azt valószínűsíti, hogy ezekben a családokban vagy mutáció révén történt változás, vagy a származási adatok hibájával (helytelen bejegyzés) állunk szemben.

A különböző haplotípusok adatai rámutatnak a méneselek közötti különbségre, illetve az eredeti családok eloszlására is.

Természetesen a klasszikus, azaz az eredeti lipicai családok Lipicán és Piberben vannak meg a legnagyobb gyakorisággal. Érdekes azonban a származási lapok adatai mellett az alapító kanca ősökre utaló haplotípusok gyakoriságát is szemlélni.

Úgy lehetne csaknem teljes az mtDNS alapján történő föltérképezés, ha majd sor kerül a többi kancacsalád haplotípusainak felderítésére és értékelésére is. Így is lehet azonban az eredményekből némi tanulságot levonni. A vizsgálat összesen 417 kancára terjedt ki. Ha ebből messzemenő következtetéseket nem is vonhatunk le, azonban halványan megsejteti velünk a genetikai háttér egy hányadát. Egyrészt megerősíti azt, amit a származási adatok és a méneselek története alapján úgyis tudunk, másrészt felhívják a figyelmet az állomány család-szerkezetének az alapítókig visszamenő valóságára is (8. táblázat).

8. táblázat

A mtDNS haplotípusok eloszlása a ménesekben

Haplotípus (1)	M é n e s e k (2)								n	Gyakor- iság (3)
	Piber	M.rotondo	Dakovo	Lipica	Sz.várad	Bethlen	Fogaras	Kistapol- csány		
Batosta	4	3	3	4	12	1	3	11	41	0,099
Capriola	18	6		9	20	5	34	17	109	0,262
Slavina	2	5	5	5				1	18	0,043
Betalka	11	1		4					16	0,038
Allegra	3	6	1	5	8				23	0,055
Dubovina	6	5	4	2					17	0,041
Gaetana	3		5	2	1			3	14	0,034
Gratiosa	1	1		2					4	0,010
Monteaura		5	1	2					8	0,019
Wera	3			3				6	12	0,029
Strana				2					2	0,005
Thais				2					2	0,005
Trompeta				2					2	0,005
P	1					4	3		8	0,019
M	1				5		8		14	0,034
G	2					3	15		20	0,048
B	2	2							4	0,010
J	2	5							7	0,017
U	9	2							11	0,026
X		5							5	0,012
O	3								3	0,007
I	1				19				20	0,048
Q					6				6	0,014
R					2				2	0,005
V					1				1	0,002
L			2						2	0,005
H			3						3	0,007
D			2						2	0,005
E			13						13	0,031
A						1	3		4	0,010
K						4	5		9	0,022
S						1	1		2	0,005
T						1	1		2	0,005
Z							1		1	0,002
C							1		1	0,002
F							4		4	0,010
N							5		5	0,012

Dovč és mtsai, 2001 nyomán

Table 8.: Distribution of mtDNA haplotypes in traditional studs
 haplotypes (1), studs (2), frequency (3)

A megtalált haplotípusok a származási lapok ellenőrzését, megerősítését célozzák. A vizsgálat alapján megállapítható, hogy Lipicán és Kistapolcsányban következtesen csak a klasszikus családok vannak jelen, Lipicán teljességgel, Kistapolcsányban pedig megfogyatkozva. A piberi méneseben már utalnak a jelek arra, hogy a múlt század ötvenes éveiben bekövetkezett szaporodási problémák miatt igyekeztek vérfrissítés gyanánt idegen ménesekből is beszerezni kancákat. Nagyjából a hosszabb ideig tartó bezárkózottságra utal Monterotondo állományának képe is.

Szilvásvárad valóban szegényebb, vagy inkább egyoldalúbb a klasszikus családok haplotípusa szempontjából, míg az erdélyi ménesekben ezekből kevesebb van.

Természetesen a haplotípusok nem utalnak olyan különbségre, amely a ménesek értékének a megkülönböztetését okozhatja. Ennek a vizsgálatnak az értelme és haszna inkább abban mutatkozik, hogy a génáramlást, a tenyészállat cserét és beszerzést, ezeket az adatokat is figyelembe véve tudják irányítani a ménesek vezetői.

KÖVETKEZTETÉSEK

A tudomány fejlődése, az immunogenetika és molekuláris genetika eredményei segítséget jelentenek a tenyésztők számára a többlet információ révén. Némileg, de csak némileg, bepillantást nyerünk az állományok genetikai hátterébe, összehasonlítást tehetünk a különböző állományok között. A génvédelem szempontjából fontos a populációk közötti hasonlóság vagy különbözőség becslése. A rokon-tenyésztettség megfigyelésében is támogatást tud adni a genetikai laboratórium vizsgálata. Azonban csak akkor lehet valójában hasznosítani ezeket az eredményeket, ha a laboratórium együtt dolgozik a tenyésztővel, aki ismeri és tudja a beküldött mintákat szolgáltató lovak tulajdonságait, értékét.

A valóság tenyésztői adatait egyeztetni kell a laboratóriumban kapott eredményekkel és azok értelmével. Ez segítheti elő az értékes gének valóságos védelmét.

„A veszélyeztetett fajtákról kapott összes információ kombinációja határozhatja meg csupán, hogy a fajta méltó-e génjeinek védelmére” Cothran és Luis (2005).

IRODALOM

- Achmann, R. – Curik, I. – Dovc, P. – Kavar, T. – Bodó, I. – Habe, F. – Marti, E. – Sölkner, J. – Brem, G. (2004): Microsatellite diversity, population subdivision and gene flow in the Lipizzan horse. *Animal Genetics*, 35. 285–292.
- Achmann, R. – Dovc, P. – Bodó, I. – Habe, F. – Marti, E. – Sölkner, J. – Brem, G. (2001): DNA microsatellite analysis of genetic diversity and population structure in the Lipizzan horse. *Proc. of 52nd Annual Meeting of EAAP, Budapest*, H6.3.
- Angyal G. – Bodó I. – Sári P. – Szabára L. (2001): Parabola on the head of the Lipizzan horse. *Proc. of 52nd Annual Meeting of EAAP, Budapest*, H6.5
- Anker A. (1996): Repülő keresztejtény. *Gazda Könyvkiadó, Budapest*, 143.
- Bán B. – Bodó I. – Józsa Cs. – Mihók S. (2006): A Mezőhegyesen kitenyésztett lófajták vércsoport, biokémiai polimorfizmus és DNS mikroszatellit vizsgálata. In: *Mihók S. (szerk) (2005): Génmegőrzés. Debreceni Egyetem Agrártudományi Centrum. Debrecen*, 44–55.

- Bodó I. (2005): Panorama des races locales chevalines en péril en Europe. 31ème J. de la Recherche Equine, 235–242.
- Bodó, I. – Alderson, L. – Langlois, B. (ed) (2005): Conservation genetics of endangered horse breeds. EAAP Publication No 116., Wageningen Academic Publishers, 187.
- Bodó I. – Maróti A. – Mihók S. – Tóth Zs. (2003): Achievements of research in the field of horses. WAAP Book of the year. Wageningen Academic Publishers, 173–178.
- Brem, G. (ed.) (2010): Die traditionellen Lipizzanerzuchten im Spiegel moderner Wissenschaft. Publisher Wien, (in press)
- Cothran, E. – Luis, C. (2005): Genetic distance as a tool in the conservation of rare horse breeds. EAAP Publication No 116., Wageningen Academic Publishers, 55–72.
- Crovella (1968): The effect of alteration of techniques at two stages in a numerical taxonomic study Univ, Kansas Sci. Bull., 47. 761–768.
- Cunningham, E. (2005): Molecular methods and equine genetic diversity. In: Conservation genetics of endangered horse breeds. EAAP Publication No 116., Wageningen Academic Publishers, 15–24.
- Dovč, P. – Kavar, T. – Achmann, R. – Marti, E. – Bodó, I. – Sölkner, J. – Habe, F. – Brem, G. (2001): Mitochondrial DNA in the Lipizzan horse. Proc. of 52nd Annual Meeting of EAAP, Budapest, H6.9.
- Dovč, P. – Kavar, T. – Sölkner, H. – Achmann, A. (2006): Development of the Lipizzan horse breed. Reprod. Dom. Anim., 41. 280–285.
- Johann, R. (1997): Immunogenetic composition of five Lipizzan studs. Szakdolgozat. Állatorvostudományi Egyetem, Budapest, 48.
- Józsa Cs. – Húsvéth F. – Bán B. – Takács E. (2005a): A D- vércsoport és a biokémiai polimorf rendszerek vizsgálata telivér és ügető fajtákban. Állattenyésztés és Takarmányozás, 54. 2. 117–125.
- Józsa Cs. – Húsvéth F. – Bán B. – Takács E. (2005b): DNA microsatellite test of Tooroughbred and trotter horses in Hungary. Állattenyésztés és Takarmányozás, 54. 3. 313–322.
- Kurucz J. (1985): Dunamenti országok lipicai törzsei. Szakdolgozat. Állatorvostudományi Egyetem Állattenyésztési Tanszék, Budapest, 52.
- Mihók S. (2001): A hucul. In: „Eleven örökség”. Agroinform Kiadó, Budapest, 24–25.
- Mihók S. (2006): Génmegőrzés. „Hagyományos háziállatfajták genetikai és gazdasági értékének tudományos feltárása”. Szerk.: Mihók S., Debreceni Egyetem ATC kiadványa, ISBN: 963 9274 94 1
- Mihók S. – Bán B. – Józsa Cs. – Bodó I. (2004): Estimation of genetic distance between traditional horse breeds in Hungary. In: Conservation of endangered horsebreeds. EAAP publ. No 116., Wageningen Academic Publishers, 111–122.
- Nei, M. (1972): Genetic distance between populations. Am. Nat., 106. 283–292.
- Nürnberg, H. (1980): Lipizzaner. Deutscher Landwirtschaftsverlag, Berlin
- Szabára L. – Johann R. – Bodó I. – Takács E. – Ritter D. – Brem D. – Habe F. (1999): Immunogenetic comparison of five Lipizzan Stud's adult horses. Paper at DAGENE Meeting, Kosice (Slovakia)

Érkezett: 2010. június

Szerző címe: Bodó Imre

Author's address: Debreceni Egyetem, Agrár- és Gazdálkodástudományok Centruma
Mezőgazdaság-, Élelmiszertudományi és Környezetgazdálkodási Kar
Állattenyésztéstudományi Intézet

University of Debrecen, Centre of Agricultural and Applied Economic Sciences
Faculty of Agricultural and Food Sciences and Environmental Management
Institute of Animal Husbandry
H-4032 Debrecen, Böszörményi út 138.

bodoi@hu.inter.net

Tel.: +36-52-508-433; Fax.: +36-52-486-285