Állatorvostudományi Egyetem
Állattenyésztési, Takarmányozástani és Laborállat-tudományi Intézet

A székely ló fajtarekonstrukciós állományának filogenetikai vizsgálata a mitokondriális D-loop szekvencia alapján

TDK dolgozat

Készítette: Gyurkó Brigitta

Témavezető: Dr. Maróti-Agóts Ákos
DVM, PhD, habil. egyetemi docens

2023

Tartalomjegyzék

Rövidítések jegyzéke 3
1. Bevezető 4
2. Irodalmi áttekintés 5
2.1. A székely ló története 5
2.1.1. A székely ló külleme 5
2.1.2. Történelmi áttekintés 6
2.1.2.1. A honfoglalástól a magyar lótenyésztés átalakulásáig 6
2.1.2.2. Az első fajtarekonstrukciós kísérletek 8
2.1.2.3. A második fajtarekonstrukció 9
2.2. A mitokondriális DNS 12
3. Célkitűzések 14
4. Anyag és módszer 15
4.1. A minták összegyűjtése 15
4.2. A molekuláris genetikai vizsgálat 15
4.2.1. DNS tisztítás 15
4.2.2. PCR reakció 15
4.2.3. PCR termék tisztítása 16
4.2.4. Szekvenálás és bioinformatikai feldolgozás 16
5. Eredmények 18
5.1. A székely ló szekvenciák vizsgálata 18
6. Megbeszélés/Következtetések 21
7. Összefoglaló 24
8. Summary 25
9. Köszönetnyilvánítás 26
10. Irodalomjegyzék 27
11. Nyilatkozat 30

Rövidítések jegyzéke

- Autoszóma = nem ivari kromoszóma
- BSA = bovine serum albumin; szarvasmarha szérumalbumin fehérjéje, mely standardként használható
- D-hurok = a mitokondriális DNS-nek azon része, amelyen gyűrűvé zárja a DNS-t és amiben nem találhatóak kódoló szakaszok
- DNS szekvencia = DNS bázissorrend
- DNTP = deoxinukleotid-trifoszfát; a PCR során az új DNS szálak építőkövei
- EDTA = etilén-diamin-tetraecetsav, a véralvadás gátlására alkalmazott kelátképző poliamino karbonsav
- Filogenetikai fa = a fajok evolúciós leszármazásának ábrázolása
- Genetikai diverzitás = genetikai változatosság
- Haplocsoport = az azonos haplotípusba sorolható egyedek alkotják
- Haplotípus = a DNS/RNS olyan szakasza, melyeket az adott élőlény csak az egyik szülőtől örököl
- $MgCl_2$ = magnézium-klorid
- Mitokondriális hipervariabilis szegmens = D-hurok
- MtDNS = mitokondriális DNS
- PCR = polimeráz láncreakció; kis mennyiségű DNS megsokszorozására alkalmazható molekuláris biológiai technológia
- Primer = a PCR során felsokszorozni kívánt DNS szakasz elejét és végét határozza meg
- Taq polimeráz = a Thermus aquaticus baktérium hőrezisztens DNS másoló enzime
- Templát = DNS szakasz vagy RNS, mely az új DNS vagy RNS szál szintéziséhez mintául szolgál
- UP = csak H2O-t tartalmazó, tisztított víz

1. Bevezető

Az őshonos magyar lovak között, mint például a hucul, a gidrán vagy a lipicai, a székely kisló, mint lófajta, nem szerepel, hiszen amikor az erre vonatkozó törvényt készítették, Kászonban még nem kezdődött meg a fajtarekonstrukciós program.

Ifjabb Bodó Imre 2012-ben, gyaníthatóan az utolsó pillanatban kezdte el a székely kisló fajtarekonstrukciós programját. A helyzet csaknem kilátástalan volt, mivel a II. Világháborút követően a fajta törzskönyve megsemmisült, a hidegvérű lovakkal való átkeresztezés általánossá vált és a motorizáció a lótartás egészét kérdőjelezte meg.

De lassan, lassan édesapja, Prof. id. Bodó Imre segítségével, a szülőföld kevés, de annál lelkesebb tenyésztőivel és az anyaország támogatásával létrejött 2020-21-re egy küllemileg egységes, a fajtarekonstrukció valódi nukleuszát adó állomány.

Tanszékünk ekkor kapcsolódott be a fajtarekonstrukciós munkába, a projekt tudományos hátterének biztosítása céljából. Elsődleges célunk a fajtarekonstrukció folyamatának küllemi és genetikai dokumentálása és archiválása volt. Mindemellett a vizsgálatok eredményei és ezek összefüggései tudományos szempontból is érdekesek, hiszen maga a fajtarekonstrukciós folyamat igazán alaposan még nem vizsgált!

TDK dolgozatom témája a székely ló fajtarekonstrukciós állományának filogenetikai vizsgálata a mitokondriális D-loop szekvencia alapján.

TDK munkám a tanszékvezető és a témavezetőm 2021-ben írt, és 2023-ban megjelent angol nyelvű cikkének kibővítése a 2022-es és 2023-as adatokkal, mintákkal. Továbbá fontos célom, hogy a TDK dolgozat bemutatása után, egy szakmai újságban magyar nyelvű cikket jelentessünk meg a kutatásról.

2. Irodalmi áttekintés

2.1. A székely ló története

A székely ló, amely egykor Európa legértékesebb lófajtái közé tartozott, a nyugati lovakkal történő nemesítések és a világháborúk miatt csaknem teljesen eltűnt [1]. Ennek a szívós kislónak a fennmaradása, melyet a kilencedik magyar lófajtaként is emlegetnek, főként kiváló tulajdonságainak köszönhető [2].

2.1.1. A székely ló külleme

A székely ló, amely az erdélyi parlagi lóból alakult ki, elsősorban a Kárpátok hegyes, dombos vidékein maradt fenn, ahova idegen fajták nemesítő hatásai nem igazán értek el. Azonosítása főként kizárásos alapon lehetséges, hiszen a fajtán belül sok az olyan ló, mely lipicai, kis nóniusz vagy magyar félvérhez hasonlító, bár ezektől testméreteiben és testarányaiban azért eltér. Maga a fajta, mely feltehetően a tarpán vérű fajták keveredéséből jött létre, marmagassága 135 cm körüli, a törzshossza a marmagasságnál körülbelül 5-7 cm-el hosszabb. Ezek a lovak megjelenésükben az arab fajtához hasonlatosak, középmagasak, jó a testtartásuk, lábaik rövidek, törzsük hosszú, széles szüggyel, csípővel, és viszonylag kicsi, száraz fejjel rendelkeznek, melyet magasan hordanak. Igénytelen és edzett állatok, hátaslónak is éppoly alkalmasak, mint igavonónak. Erejükről árulkodik a nagy mar-öv méret különbség is [1]. Ezek a kislovak ősi jegyeket hordoznak mind testalkat, mind pedig tűrőképesség szempontjából (1. kép). Tenyésztésük során azok a tulajdonságok voltak kívánatosak melyek lehetővé tették az adott természeti körülményekhez való alkalmazkodásukat, használhatóságukat [2].



1.kép: Képek Hankó Béla 1941-ben megjelent Székely lovak című könyvéből. (II. Tábla, III. Tábla, IV. Tábla) [1]

Fontos megkülönböztetnünk a székely lovaktól az erdélyi lovat, mely a székely ló nemesített változata, és Erdély sík vidékeihez kötődik [2]. *„Az Erdélyi ló, amely a lovazásra szer-felett*

kellemetes, középszerű magas, tetszetősen hajlott fejét ékesen hordja; fülei hosszak, de jól állanak; szemei nagyon tüzesek szája hegyes; pofái keskenyek; nyaka erős és hosszú, szegye széles, teste erős, izmos ágyékai alant állók; fara hosszú és gömbölyű, alsó első lábszárai hosszak, miért maga alá játszó és felséges a járása" [3]. Tulajdonságaiban nagyrészt a székely lóhoz hasonló, ám a tenyésztőmunka következtében az évek alatt jelentősen átalakult és egyre jobban elkülönült régi formájától [1].

2.1.2. Történelmi áttekintés

2.1.2.1. A honfoglalástól a magyar lótenyésztés átalakulásáig

A székely ló története egészen a honfoglalás koráig vezethető vissza, azonban az ekkor élt lovak tulajdonságaira és kinézetére csak következtetni tudunk az Árpád kori régészeti leletekből. Mindezek alapján őseink lovai feltehetően apró termetűek, ugyanakkor kitartóak voltak, hosszabb távokat is gond nélkül teljesítettek, melynek során az abrakolás nem volt szükséges, igényeiket a legeltetés megfelelően kielégítette [2].

A következő fontos esemény a székely lovak történetében a török hódoltság idejére vezethető vissza. A törökök kivonulását követően mind Magyarországon, mind pedig Erdélyben a lóállományok jelentős veszteségeket szenvedtek, hiszen a törökök lovaink nagyrészét távozásukkor magukkal vitték. A túlélő lovak további leromlását okozta egyrészt az, hogy a lakosság, tekintettel a munkaképes lovak hiányára, a csikókat hamar igába fogta, másrészt fedező ménből is kevés maradt, így a fedeztetést is fiatal lovakkal végezték. Ezen megpróbáltatások ellenére azonban az állomány nem veszített régi fényéből [1].

A székely ló történetének további lényeges állomása a magyar lótenyésztés átalakulása volt. A magyar királyok korában, a háborúk állandó jelenléte miatt megnőtt az igény a nagyobb méretű katonalovak iránt. A magyar lovak méretének megnövelése érdekében III. Károly berber lovakat hozatott Spanyolországból és Mária Terézia is felszólította a lakosságot nagyobb méretű lovak tenyésztésére, melyeket az adók alól is mentesített, II. József pedig Ukrajnából és Moldovából hozatott méneket, melyek a megyékben aztán szétosztásra kerültek. II. József uralkodásának idejéhez kötődik a mezőhegyesi ménes 1785-ös megalapítása is, mely az országos lóállomány nemesítésére volt hivatott. Mezőhegyes után a következő ménes Bábolnán alakult meg 1789-ben, főként arab fajtájú lovakkal. Mindkét ménes feladata az volt, hogy a magyar lakosság kancáinak méneket biztosítson. Ezt követően országosan számos magánménes

létesült, így Magyarországon 40, Erdélyben pedig 124, melyek száma folyamatosan emelkedett [1].

A fő irányvonal, vagyis a lóállomány méretének megnövelése, Magyarországon nagyobb sikerrel járt Erdéllyel ellentétben, ahol a kemény munka miatt minden fajtájú ló eleve kisebb volt a Magyarországihoz képest. Ez a megállapítás elsősorban a hegyvidékekre, és az ott élő székely lovakra érvényes, mely lovak erős csontozattal, jó teherbírással, környezethez alkalmazkodva kisebb mérettel rendelkeztek, és ősi tulajdonságaikat mindinkább megőrizték. Ezzel szemben az erdélyi úri ló, melynek tenyésztése elsősorban a sík vidékekhez kötődik, a nyugati fajtákkal való keresztezések hatására jelentősen megváltozott [1].

Számos írást találhatunk történelmünk során, amelyekben elismerően beszélnek az erdélyi és székely lovakról. Ezek közé tartozik báró Wesselényi Miklós 1829-ben megjelent „A régi híres ménesek egyike megszűnésének okairól" című műve [4], amelyben a következőket írja: *„Csak derék csontjaik, s a benne lévő jó vér teheti azt, hogy ezek apró lovacskák oly nagy terheket húzván, vagy hátakon vivén, valóban többet tesznek, mint azokról csak fel is lehetne tenni."*



2.kép: Báró ifj. Wesselényi Miklós méneséből származó mén, melynek apja angol telivér, anyja székely lóból nemesített erdélyi félvér (Wragnel: Ungarns Pferdezucht, 1895) [2]

Wesselényi fő törekvései között szerepelt már akkor is, az igazi erdélyi ló feltámasztása. Tervének megvalósításához Csíkban vásárolt székelyló kancákat, és ezeket angol telivér ménekkel (2. kép) fedeztette zsibói ménesében [4]. Wesselényi zsibói ménese mellett ebben az időben számos híres ménes alakult, így például Bánffy György bonchidai ménese, gróf Mikes Ármin marosújvári ménese, a Dániel család datosi ménese, valamint gróf Mikes Ármin zabolai ménese (3. kép) [2].



3.kép: Gróf Mikes Ármin zabolai ménese (Tadeusz Ajdukiewicz festménye) [2]

Az 1848-49-es szabadságharc ideje alatt az erdélyi ménesek nagyrésze megszűnt, állományuk pedig szétszóródott. Tovább rontotta a helyzetet az első világháború, mely jelentősen lecsökkentette az erdélyi lóállomány méretét. A probléma megoldására a székelyeknek olcsón adtak el alföldi lovakat, melyek azonban a helyi lovakkal párosítva rövid idő alatt leromlottak a kemény munka és az abrakmentes takarmányozás miatt. Az alföldi lovak körében további gondot okozott, hogy az erdélyi legelőkön tartva őket, sokuknál a fertőző havi vakság jelentkezett. Ez volt az oka annak is, hogy a Fogarason létesült lipicai ménest visszaköltöztették Bábolnára [1].

2.1.2.2. Az első fajtarekonstrukciós kísérletek

A székely, erdélyi ló megmentésére, amelynek értékét és kimagasló tulajdonságait a magyar kormány is elismerte, több fajta rekonstrukciós kísérlet is született [2].

Az első még a világháború előtti időkre 1896-ra tehető, ez pedig a kolozsi ménes megalapítása. A ménes erdélyi lótenyésztők kérésére jött létre, annak érdekében, hogy a nyugati hatások miatt átalakult erdélyi lovat visszahozzák. A kancákat erdélyi magántenyésztőktől vásárolták, ügyelve arra, hogy az eredeti típusba illőek legyenek. A kolozsi ménesből, melynek irányítása gróf D'Orsay kezében volt, számos kiváló erdélyi jellegű mén került ki [5].

A második kísérlet Pettkó-Szandtner Tibor nevéhez fűződik, akinek irányításával 1942-ben megalakult a zsuki ménes, melynek célja a román megszállás alatt megfogyatkozott erdélyi és székely lóállomány megmentése volt. Utóbbi fajta tenyésztésének központja Retyeza, ahol korábban számos székely ló élt, és amely elzártsága miatt nagyjából tiszta formában őrizte meg a fajtát [6].



4.kép: Törzsmének a zsuki ménesben (Magyar Mezőgazdasági Múzeum Fotó Archívuma) [2]

Fordulópontot jelentett az erdélyi és székely lovak történetében, illetve a zsuki ménes (4. kép) működésében a második világháború. Pettkó-Szandtner Tibor, aki a magyar lótenyésztés főfelügyelője volt ebben az időben, az állami lóállomány értékesebb felét Bajorországba menekítette az orosz front közeledtével [2]. A hucul és székely ménes Mannsbachba, a Bábolnai és Kisbéri ménes Bergstettenbe menekült a háború elől. Az alsózsuki ménes felszámolása során a lovak egy részét a környékbeli kisgazdák birtokába juttatták. A világháború végével a magyar lóállomány egy része, így az erdélyi és székely lovak is szétszóródtak, s csaknem teljesen el is tűntek [7]. A fajta életben maradása Pettkó-Szandtner Tibornak köszönhető, aki az alsózsuki ménes egy részét az erdélyi gazdák birtokába juttatta [2].

A székely lovak története tehát a második világháborúval úgy tűnt lezárul, hiszen tenyésztésének központja, a zsuki ménes, méneskönyvével együtt megsemmisült a háború alatt. A fajta megmentésére az elkövetkező időkben nem történtek próbálkozások, és mint fajta kezdett feledésbe merülni [2].

2.1.2.3. A második fajtarekonstrukció

Az áttörés a székely ló fajtatörténetében 2008-ban következett be, amikor a Mereklye Kulturális Egyesület célul tűzte ki a fajta megmentését és rekonstrukcióját. A feladat meglehetősen nehezen indult, mert csupán kevés olyan ló volt fellelhető, amely a típusnak megfelelt. Hosszas kutatómunka után végül Háromkúton több olyan kislovat találtak, amelyek a székely ló típusába illettek. A területen a félnomád állattartás volt jellemző, melynek során tavasszal, a nyári munka során nem használt lovakat a havasi legelőkre hajtották, ahol teljesen magukra voltak hagyva. Ez a tartásmód jól tükrözi azokat a körülményeket, melyek között őseink ezeket a lovakat tartották. Bár Háromkúton számos, a fajtához tartozónak vélt ló volt fellelhető, a megfelelő mént csak további keresés után sikerült megtalálni [2].

Az egyesület részletes fajtamentési tervet dolgozott ki, melynek részét képezte egy méneskönyv, csikókönyv, Tenyésztési Szabályzat és egy magyarországi testvér egyesület létrehozása (Székely Lovat Tenyésztők Egyesülete) [2].

A megfelelő adminisztratív háttér megteremtése után elindult a tenyészállatok vásárlása, valamint egy saját törzsménes kialakítása Kászonban. A mének kiválogatása (5.kép), melyek később a fajtamentés fő pillérei lesznek, szigorú szabályok szerint zajlott [2].



5. kép: A képen látható székely lovak, bal oldalon Villám, a Mereklye Egyesület, jobbról Hassan a zabolai ménes ménje (Székely Ló Mustra, Kászonaltíz, 2023)

A székely ló típusába illő mének mellett az elmúlt évek ismeretlen eredetű keveredésének ellensúlyozására egy fajtatiszta arab telivér is került a méneshez Bábolnáról. Hamad B, akinek kiválóak a tulajdonságai, egyetlen „hibája” a viszonylag alacsony marmagassága, ez azonban tökéletesen alkalmassá tette a tenyésztésbe való bevonáshoz [2].



6.kép: A képen balról-jobbra látható székely ló kancák Sára, a zabolai ménes lova és Rigó (Székely Ló Mustra, Kászonaltíz, 2023)

A tenyésztés során a szelekció alapját képező tenyészcél a következő volt: *„bottal mérve 147 cm marmagasságot nem meghaladó, küllemileg a Hankó Béla által jelzett típusba illő, arabos finom fejformával, kifejező szemekkel, stabil, de filigrán lábszerkezettel, tömör és kisméretű*

patákkal rendelkező, nyugodt vérmérsékletű, de jókedvvel dolgozó, strapabíró, hosszú távon is kitartó, fogatban és nyereg alatt egyaránt használható" (6.kép) lovak kiválasztása [1, 2].

A szelekció fő szempontja a küllem mellett a használhatóság volt, melynek kiderítésére az állatoknak feladatra, munkára van szüksége. Ennek érdekében a lovakat különféle próbáknak tették ki nyereg alatt, fogatban, erdei munkáknál és gyerekek lovagoltatásánál [2].

Annak érdekében, hogy egy fajta megmentése eredményes legyen, megfelelő társadalmi bázist kellet kialakítani. Ennek részét képezte a Kászoni lovarda létrehozása, valamint a 2017-ben megrendezésre kerülő első Székely Ló Mustra is, melyen számos neves magyarországi lótenyésztő vett részt. A Bábolnán 2020 szeptemberében megrendezett szakmai konferencia fő témája is a székely ló volt. Ez a konferencia lehetőséget teremtett arra, hogy a magyar lovas közösség betekintést kapjon a fajtarekonstrukciós törekvésekbe. A második Székely Ló Mustra 2021 októberében került megrendezésre, melyen a magyar lótenyésztők mellett sokan érkeztek Hargita községből is. A szemlén összesen 47, a típusba beleillő ló vett részt [2].

A székely ló megmentésének szintén nem elhanyagolható elemét képezi maga a divat. A lovak mezőgazdaságban és katonaságban betöltött szerepe mára nagyrészt megszűnt, helyette gyermekek lovagoltatása és a hobby lovaglás került előtérbe. Ezen feladatok betöltésére a kislovak a leginkább alkalmasak, melyek elég nagyok ahhoz, hogy erősek és gyorsak, és elég kicsik, hogy ellenállóak legyenek. Számos lovassportban eredményesen használhatóak (7. kép), mint például a lovaspólóban, lovas íjászatban, a terápiás lovaglásban, gyermekek oktatásánál és túralovaglásnál [2].



7.kép: Lovas kaszkadőr bemutató székely lovakkal (Kászonaltíz, 2023)

A székely lovakra, kislovak lévén, ahogy láthatjuk, egyre nagyobb társadalmi igény mutatkozik, így ez a fajta megmentéséhez jó kiindulópontot és húzóerőt szolgáltat [2].

2.2. A mitokondriális DNS

Az emberi fejlődés alapvető részét képezi az állatok háziasítása, amelynek fontos lépése az Equus ferus, azaz a mai modern ló (Equus caballus) ősének a háziasítása. A lovak amellett, hogy élelemként szolgáltak az emberek számára, fontos szerepet játszottak a közlekedésben, a földművelésben és a háborúkban. A vadló háziasításának idejére és módjára vonatkozó genetikai és régészeti adatok azonban máig vitatottak [8–10].

Az állatok háziasításának feltérképezéséhez mind a nukleáris, mind pedig a mitokondriális DNS felhasználható, melyek közül utóbbinál a teljes szekvencia 1994 óta áll a rendelkezésünkre [11, 12]. Mindezek ellenére a ló mitokondriális DNS-ét molekuláris és evolúciós szempontból vizsgáló kutatások csak két hipervariabilis szegmensre öszpontosítottak (HVS-I: 15469–15834 nukleotid pozíció; HVS-II: 16351–16660 nukleotid pozíció) [10, 13–15]. A mitokondriális genom ezen rövid szakaszainak eltérései gyakran járnak együtt mutációval, melynek következtében a filogenetikai fa szerkezete értelmezhetetlenné válik [16, 17].

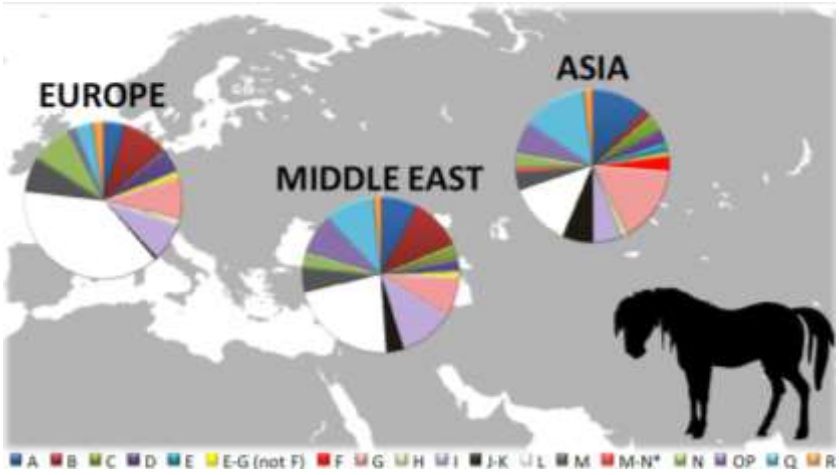
Egy adott területen élő állatpopuláció genetikai állománya jól szemlélteti azon egyedek hatását, melyek az állományon kívülről érkeztek. Attól függően, hogy milyen tenyésztési eljárás kerül alkalmazásra, az új egyedek hatása az eredeti populáció genetikai szerkezetére lehet erősebb vagy gyengébb. Ez a hatás elsősorban az autoszómákon keresztül érvényesül [18].

A mitkondriális DNS vizsgálatával az anyai oldal hatásai térképezhetőek fel. Ez azért lehetséges mivel a mitokondrium az emlősállatok szaporodásakor csak anyai ágon öröklődik, hiszen az embrió csak a petesejt mitokondriumait tartalmazza [19]. A nem kódoló, tulajdonképpen intron szerepű, aránylag változékony mtDNS D-loop alkalmas a háziállatok eredetének vizsgálatára is [10, 18, 20, 21].

Napjainkban folytatott genetikai kutatások a mitokondriális genom egészét, azaz a mitogenomot vizsgálják. Achilli és kutatócsoportja (2012) a mitogenom vizsgálata során 18 haplocsoportot (8. kép), melyek A-tól R-ig terjedő betűkkel jelölhetőek és ezen belül 83 haplotípust különített el. Kutatásukhoz Európából, Amerikából, Ázsiából és a Közel-Keletről származó lovakat használtak fel [20].

Az azonosított haplocsoportok közül az ázsai lovakban majdnem mindet kimutatták, de jellemző volt a G, Q és A csoportok dominanciája. Az F csoport csak az Prewalsky lóban volt fellelhető, amely az ősi vadlovakhoz a legközelebb áll [20, 22]. Ez alátámasztja azt a

megállapítást, miszerint a Prewalsky ló nem a házi ló mitokondriális DNS-ének forrása [10, 11, 20].



8.kép: A haplocsoportok jellemző földrajzi eloszlása Achilli és munkatársainak kutatásai alapján [20]

Kezdetben a haplocsoportokat bizonyos mértékű földrajzi csoportosulás jellemezte. Az L csoport Európában, míg a Q csoport Közép-Ázsiában volt gyakoribb. Napjainkban a tenyésztési és vásárlási szokások átalakulásával ezek a haplocsoportok jelentős mértékű keveredést mutatnak és kevésbé kötődnek egy konkrét földrajzi területhez. A haplocsoportok mintázata és eloszlása ennek ellenére jellemző egy adott régióra [18, 20].

A mai modern lovak mitokondriális DNS-e haplocsoportok szempontjából nagy diverzitást mutat [20]. Fontos megemlíteni azonban, hogy a ménektől örökölt Y kromoszómán hasonló szekvenciadiverzitás nem látható [23]. Ez utalhat arra, hogy a vadlovak háziasítása során főként rokon méneket használtak, míg a kancák tekintetében nagyobb változatosság tapasztalható. Achilli és munkatársainak kutatásai (2012) alapján több kancavonalat háziasítottak, melyeknek száma valószínűsíthetően 17, az azonosított haplocsoportokból kiindulva, bár ez a szám a valóságban magasabb lehet [20].

A mitokondriális DNS szekvenciaelemzése a fajták származásának vizsgálatában azért is eredményes, mivel a tenyésztés legelterjedtebb módja a magasan szelektált mének használata, ami az anyai mitokondriális DNS-t nem vagy kevésbé befolyásolja. Nem elhanyagolható természetesen az Y kromoszóma hímspecifikus régiója sem, melynek segítségével a háziasítás folyamata jobban megérthető, valamint magyarázat adható a mai fajták genetikai változatosságára [18,24].

3. Célkitűzések

Munkám előzményeként témavezetőm és munkatársai 2023-ban publikáltak egy cikket a székely kisló fajtarekonstrukciós állományának maternális filogenetikai hátteréről a 2021-ben gyűjtött vérminták alapján. Azóta a 2022-es és a 2023-as szaporulattal (kancák, csikók) növekedett a fajtarekonstrukciós populáció mérete. Sajnos a ragadozó támadások miatt néhány ló és csikó elpusztult, tehát a haplotípusok megoszlása, ugyan kis mértékben, de változott.

Tudományos diákköri dolgozatom célja, hogy a jelenlegi, élő székelyló fajtarekonstrukciós állomány összes kancacsaládjának, lovának mitokondriális D-hurok DNS szekvenciáit meghatározzam, haplotipizáljam és az eredményeket filogenetikai szempontból értékeljem.

Ezzel célom volt hozzájárulni a még folyamatosan változó fajtarekonstrukciós állomány monitorozásához, és a mitokondriális D-hurok haplotípusok populációdinamikai változásainak nyomonkövetéséhez.

4. Anyag és módszer

Jelen fejezetben a minták kiválasztását és összegyűjtését, majd a molekuláris genetikai vizsgálatokat írom le.

4.1. A minták összegyűjtése

A kutatásban részt vevő egyedek száma 77, amelyből 2022-ben 10, 2023-ban 8 új lovat mintáztunk. Az új vérmintákat 2022 januárjában, valamint 2023 februárjában és szeptemberében gyűjtöttük rutin állatorvosi vérvétel során, a fertőző kevésvérűség tesztelése céljából. A helyi állatorvosok, és Prof. Dr. Bodó Gábor, valamint Bodó Barnabás állatorvostan hallgató segítségét köszönjük a minták összegyűjtésének lebonyolításában.

Ezen minták felhasználása további kutatási célokra, a 63/2010/EU irányelv alapján nem minősül állatkísérletnek, ezért jelen vizsgálathoz etikai engedély nem szükséges.

A ménektől származó vérminták vizsgálata, bár a következő generációra a mitokondriális DNS-üket nem örökítik át, de az autoszomális genetikai hatás, és a haplotípus diverzitás szempontjából fontos lehet.

4.2. A molekuláris genetikai vizsgálat

A minták levétele EDTA-s vérvételi csövekbe történt, az így alvadásában gátolt vért hűtőben, a régebbi mintákat fagyasztóban tároltuk.

4.2.1. DNS tisztítás

Az alvadásban gátolt vérből a DNS izolálása a GenElute Blood Genomic DNA Kit (Sigma-Aldrich, St. Louis, MO, USA) segítségével történt. A tisztítást követően a minták DNS koncentrációját agaróz gél elektroforézissel ellenőriztük.

4.2.2. PCR reakció

A DNS kinyerése után a következő lépés az amplifikáció, melyhez a Thermal Cycler 2720 PCR-t (Applied Biosystem, Waltham, MA, USA) használtuk, a gyártó utasításainak megfelelően.

A PCR használata előtt mintánként szükséges egy PCR reakcióelegy előállítása. A PCR reakcióelegy 25 µL, mely tartalmaz 2,5 µL dNTP - t (10mM), 2.5 µL 10× PCR puffert, 1.5 µL

$MgCl_2$ –t (25 mM), 2 µL primert (10µM), 1 µL BSA- t (20 mg/mL), 0.4 µL Taq polymerast (5 U/µL) (ThermoFisher Scientific, Waltham, MA, USA), 10 ng DNS templátot és UP-ből annyit, hogy a vésző mennyiség 25 µL legyen.

A PCR-hez felhasznált primerek forward EqCRF 5′-AAACCAGAAAGGGGGAAAA-3′ és reverse EqCRR 5′-TGGCGAATAGCTTTGTTGTG-3′. A primereket Hóvirág Lancioni, a peruggiai egyetem kutatója tervezte és használta korábbi hasonló témájú kutatásaiban [25].

A PCR reakcióelegy összeállítása utáni lépésben következett az amplifikáció. A PCR program első ciklusa 20 másodpercig tart 94 fokon. Ezután 34 ciklus következik 94 fokon 30 másodpercig, 55 fokon 30 másodpercig, és 72 fokon 45 másodpercig. Végső lépésként egy 7 percig tartó ciklus következik 72 fokon. A PCR-termék mérete 1860 bázispár volt. A PCR-t követően a termékeket agaróz gél elektroforézissel ellenőriztük.

4.2.3. PCR termék tisztítása

A PCR-t követően a termékek tisztítása SIGMA GenElute™ PCR Clean Up Kit (Sigma-Aldrich, St. Louis, MO, USA) segítségével, a gyártó utasításainak megfelelően történt.

4.2.4. Szekvenálás és bioinformatikai feldolgozás

A tisztítást követően a termékek szekvenálását a BIOMI Kft végezte az forward irányban az EqCrF és reverse irányban az EQcrq (5’-CACCCAAAGCTGAAATTCTA-3’) primer segítségével, Sanger szekvenálással.

A BigDye® Terminator version 3.1 Cycle Sequencing Kit (ThermoFisher Scientific, Walthem, MA, USA) szekvenálási reakció, valamint a szekvenciák detektálásához az ABI Prism 3130XL Genetic Analyzer (Applied Biosystem, ThermoFisher Scientific, Walthem, MA, USA) készülék az utasításoknak megfelelően került alkalmazásra.

Következő lépés a mitokondriális DNS D-hurok szekvenciáinak illesztése és a MEGA 11 [26] segítségével a haplotípusok és haplocsoportok megállapítása.

A genetikai diverzitás indexeinek becslésére, melyek közé a haplotípusdiverzitás és a nukleotiddiverzitás is tartozik, valamint a Tajima D [27] és a Fu Fs [28] teszteken alapuló semlegességi teszteknél, a DnaSP6 szoftver [29] került alkalmazásra. A korábbi mitokondriális D-hurok szekvenciák a GenBankban az OL445148-OL445206 szám alatt találhatóak.

A 18 darab általam megállapított mitokondriális D hurok szekvencia a GenBank-ba feltöltésre kerül az OR672533-OR672550 azonosítók alatt, publikálása 2023. decemberében várható.

5. Eredmények

A minták tisztítása, PCR felsokszorozása, és szekvenálása sikeresen megtörtént.

5.1. A székely ló szekvenciák vizsgálata

A 2022-23-as mintákat ($n_{22\text{-}23}$=18) a korábbi mintákkal (n_{21}=59) együtt értékeltem, hogy a teljes fajtarekonstrukciós állomány (n=77) aktuális állapotát tükröző adatokat kapjunk.

A 77 székely lóból származó vérminták mitokondriális DNS-ének (608 bp) vizsgálata során 522 monomorf és 80 polimorf hely került azonosításra. A mutációk teljes száma 83 volt. A vizsgált populációban a haplocsoportok száma 15, a haplotípusok száma 58 volt. A minta haplotípus diverzitása (Hd) 0,990, nukleotid diverzitása (π) 0,02484. A Tajima D teszt eredménye -0,38473, ami statisztikailag nem szignifikáns (p>0,10), az Fu Fs statisztikáé pedig -31,199. A Fu és Li D^* teszt -0,51281, a Fu és Li F^* teszt eredménye -0,55327, amely teszteredmények közül egyik sem bizonyult szignifikánsnak (p>0,10).

Az Achilli és munkatársai által meghatározott 18 haplocsoport közül, melyek A-tól R-ig terjedő betűkkel jelölhetőek, jelen esetben 15 (n=77) volt megtalálható, szemben a 2021-es vizsgálattal, ahol a haplocsoportok száma 13 (n_{21}=59). Vizsgálatunkban a 2021-es adatokhoz képest két új haplocsoportot, a C (1) és a H (2) került azonosításra.

Az általunk vizsgált 18 új ló az A (1), C (1), D (3), H (1), I (1), N (4), és Q (3) haplocsoportokba tarozott.

A teljes székely ló fajtarekonstrukciós állomány haplocsoport megoszlása az új mintákkal kiegészülve a következő.

Vizsgálatunkban (n=77) nagyobb arányban fordult elő a B (7), L (9) és különösen a Q (18) haplocsoport. A haplocsoportok közül az A (7), I (5) és az N (6) csoportnál találtunk még nagyobb számú képviselőt, míg a D (4), E (2), G (4), H (2), J-K (1), M (4), O'P (4) és R (1) csoportokban kevesebbet. Ezen eredmények összhangban vannak a 2021-es kutatás eredményeivel [18].

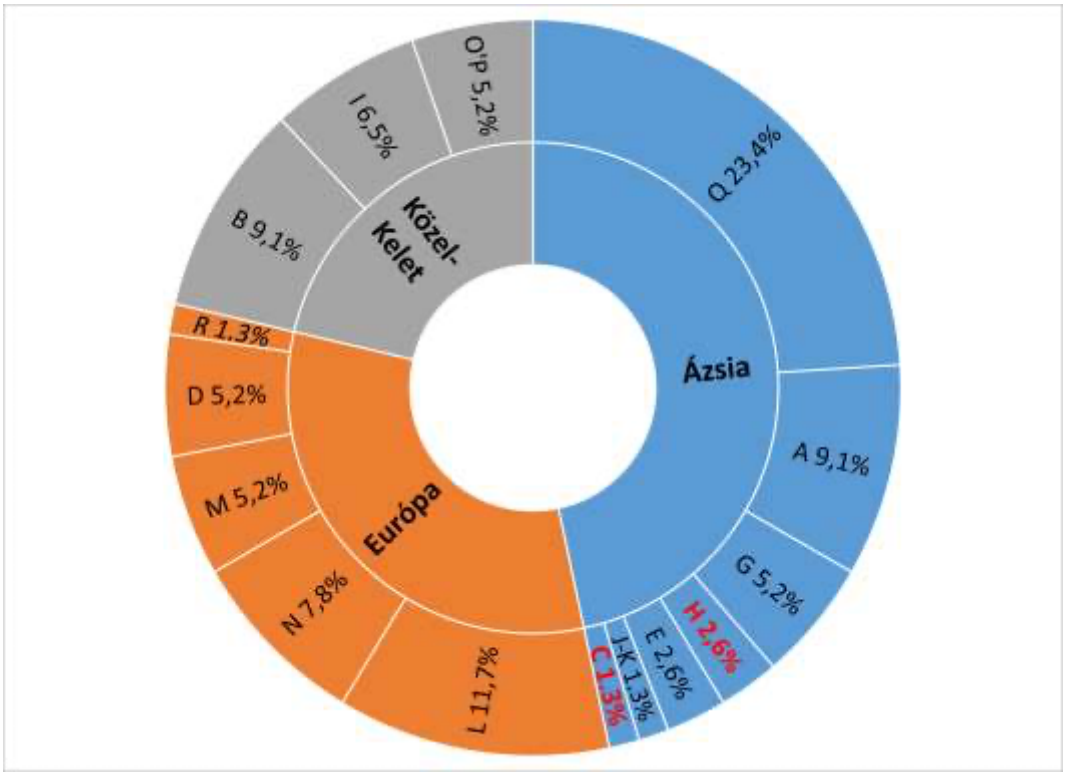
Az egyes haplocsoportok előfordulási gyakoriságát három földrajzi régió (Ázsia, Európa, Közel-Kelet) alapján az 1. táblázat foglalja össze. Ezen táblázat adatait összehasonlítva a vizsgált székely ló populáció gyakorisági értékeivel, az látható, hogy négy haplocsoport (D, E, H, Q) esetében a gyakoriságok meghaladják, míg háromnál (G, L, R) alulmaradnak az egyes

földrajzi régiók előfordulási gyakoriságaihoz képest. Nyolc haplocsoport (A, B, C, I, J-K, M, N, O'P) esetében a székely ló előfordulási gyakoriságai beleolvadtak a táblázatban szereplő földrajzi régiók gyakorisági értékeibe [18].

1. táblázat: A székely ló haplocsoport-frekvenciái a korábbi eredményekkel összehasonlítva [18]

Haplocsoportok	**Ázsia**		**Közel-Kelet**		**Európa**		**Székely ló**	
	n	**%**	**n**	**%**	**n**	**%**	**n**	**%**
Teljes mintaszám	587	100	192	100	1249	100	77	100
A	70	11,9	15	7,8	56	4,5	7	9,1
B	10	1,7	21	10,9	117	9,4	7	9,1
C	21	3,6	6	3,1	5	0,3	1	1,3
D	17	2,9	4	2,1	57	4,6	4	5,2
E	13	2,2	1	0,5	6	0,5	2	2,6
E-G	4	0,7	2	1,0	13	1,0	-	-
F	18	3,1	-	-	-	-	-	-
G	96	16,4	16	8,3	109	8,7	4	5,2
H	8	1,4	-	-	13	1,0	2	2,6
I	36	6,1	22	11,5	100	8,0	5	6,5
J-K	38	6,5	7	3,7	7	0,6	1	1,3
L	79	13,5	43	22,4	475	38,1	9	11,7
M	24	4,1	10	5,2	91	7,3	4	5,2
M'N	5	0,9	-	-	1	0,1	-	-
N	17	2,9	6	3,1	106	8,5	6	7,8
O'P	39	6,6	16	8,3	17	1,4	4	5,2
Q	81	13,8	20	10,4	48	3,9	18	23,4
R	11	1,9	3	1,6	28	2,2	1	1,3

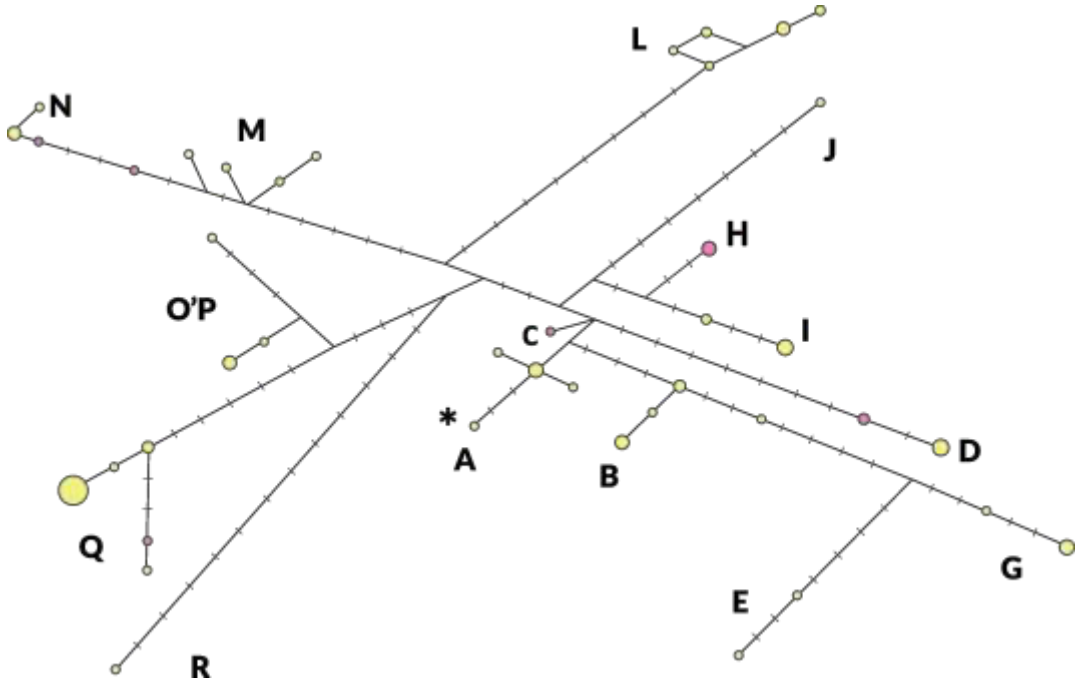
A székely ló haplocsoportjainak összehasonlítását az egyes földrajzi régiók jellemző haplocsoportjaival az 1. ábra szemlélteti. Az ábra alapján látható, hogy a székely ló valamennyi haplocsoportban osztozik a három földrajzi régió jellemző haplocsoportjaival. Az 1. táblázat alapján az Európára jellemző haplocsoportok a D, L, M, N és az R, az Ázsiára jellemzőek az A, C, E, G, H, J-K, és a Q, míg a Közel-Keletre jellemzőek a B, I és O'P haplocsoportok. Az egyes régiók fő haplocsoportjaiban, amelyek Európában az L, Közel-Keleten a B, Ázsiában pedig a Q, a székely lovak szintén nagyobb arányban képviselik magukat. Az ábra alapján látható, hogy az általunk vizsgált székely ló populáció haplocsoportok szempontjából nagyrészt ázsiai eredetűnek tekinthető. Ezt jól tükrözi a Q haplocsoportban mutatott 23,4 %-os előfordulás is. Az ázsiai eredet mellet a lovak génállományát az európai és közel-keleti lovak genetikai tulajdonságai is befolyásolták.



1. ábra: A fajtarekonstrukciós székely ló populáció haplocsoport összetételének százalékos aránya (n=77) a földrajzi területekre leginkább jellemző haplocsoportok szerint, az 1. táblázat adatait felhasználva. Pirossal a 2022-23-as adatok bevonásával talált két új haplocsoport látható. [18]

6. Megbeszélés/Következtetések

A kutatásban résztvevő székely ló populáció vizsgálatának eredményeképpen ez a fajta nagyrészt keleti eredetűnek mondható, melyet európai és közel keleti lovak genetikai tulajdonságai is formáltak. A székely ló fajtarekonstrukciós állomány (n=77) mitokondriális D-loopjának szekvenálása során megállapított haplocsoportok és haplotípusok eloszlását a 2. ábra szemlélteti. Az ábrán is jól látható, hogy a székely lovak az ázsiai lovakra főként jellemző Q haplocsoportban képviselik magukat a legnagyobb számban.



2. ábra: A székely lóban (n = 77) kimutatott haplocsoportok (A-R) és haplotípusok (sárga körök -2021, rózsaszín körök 2022-2023) eloszlása. A körök mérete arányos a megfigyelt egyedek számával haplotípusonként. A haplotípusokat összekötő metszetekben áthúzott vonalak a köztük lévő mutációk számát jelzik. A csillag jelzi a GenBankban közzétett Equine Reference Sequence, NC001640 haplotípust. [18]

Más fajták mitokondriális DNS-ének vizsgálatával foglalkozó kutatások eredményeit összehasonlítva a székely ló fajtarekonstrukciós populáció vizsgálata során kapott eredményekkel a következőket figyelhetjük meg [18].

A kelet bolgár lófajtánál, mely őshonos kancák és arab, angol telivérek keresztezésével jött létre, szintén az ázsiai lovakra nagyban jellemző Q haplocsoport volt a leggyakoribb [30]. Ez,

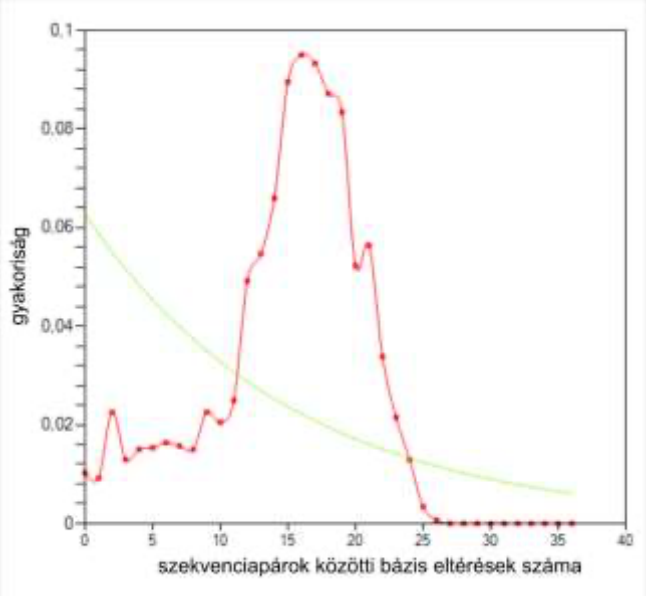
valamint a székely lovaknál kapott eredmények is mutatják az anyai háttér erős hatását, mely az idő előrehaladtával csak kis mértékben változik [18].

Moridi és munkatársainak (2013) kutatása során, melyben az iráni lófajták közül ötöt vizsgáltak, a szekvenciaelemzés eredményeképpen 12 haplocsoport és 27 haplotípus került megállapításra [21]. A haplocsoportok közül azonban a székely lovakkal ellentétben itt az X2 csoport volt a leggyakoribb [18, 21]. Ez a haplocsoport a késő vaskori lovak mitokondriális DNS-ének vizsgálata során került azonosításra Svájban Elsner és munkatársainak (2016) köszönhetően. Az X2 csoport mellett ezeknél az ókori lófajtáknál a közép-európai főbb haplocsoportok, mint például a B, D, F, I és X1 is megjelennek, de az A, G, és Q haplocsoport, mely a közép-ázsiai lovak jellemzője nem volt megtalálható [31].

Egy másik kutatás, mely a Cleveland Bay lovak vizsgálatára helyezte a hangsúlyt, főként az A, B és D haplocsoport jelenlétét igazolta ebben a fajtában. A Cleveland Bay bár Anglia egyik legrégebbi fajtájának tekinthető, mégis a haplocsoportok alapján feltehetően spanyol és észak-afrikai eredettel rendelkezik. A fajtára jellemző további haplocsoport a C, mely igazolja a lovak angliai származását, hiszen ez a csoport az őshonos brit póni fő jellemzője [34].

Horvátország veszélyeztetett fajtái a Posavina, a horvát hidegvérű és a muraközi fajta több ősi anyai vonalat is magukban hordoznak. Ezen fajták mitokondriális DNS-ének vizsgálata során a D és F haplocsoport mellett az A, H, C és B csoportok voltak túlsúlyban, melyek alapján rokonság feltételezhető a belga és arab lovakkal. A horvátországi fajták közül a muraközi az, amelyet a székely lóval leginkább párhuzamba tudunk állítani, hiszen ez a fajta is fajtarekonstrukción megy keresztül, szintén a tenyésztés II. világháború utáni megszűnése miatt [10, 36].

Érdekes, mikor egy fajtarekonstrukció egyedeinek mtDNS-ét, azonbelül a D-loop-ot vizsgálva számítjuk ki a populáció nagyság változására utaló (esetlegesen új haplocsoportokat hordozó, más populációból származó egyedek érkezése, palacknyak effektus) szekvenciák páronkénti eltérését (mismatch distribution). A 3. ábrán látható, hogy dacára a csupán tíz éves rekonstrukciós folyamatnak a grafikon unimodális, tehát nem mutatja a gene flow-t, vagy palacknyak effektust jelző bimodalitást.



3. ábra: A vizsgált székely ló minta különbözőségi D-loopra vonatkozó eloszlásgörbéje *(mismatch distribution)*

Természetesen jelen esetben ez az értéket csak érdekességként számoltam ki, mivel a próba előfeltételei nem állnak fenn.

A mitokondriális DNS vizsgálata, ahogy a fent említett kutatások is mutatják, számos fajta eredetének, származásának feltérképezéséhez szolgáltat alapot. A székely ló mitokondriális DNS-ének vizsgálata során megállapított polimorf helyek és haplotípusok magas száma jól tükrözi a fajtarekonstrukciós állomány genetikai diverzitását. Ezt a megállapítást tovább erősíti a magas haplotípus diverzitás (Hd=0,990) és alacsony nukleotid diverzitás (π=0,02484) is. Az mtDNS vizsgálata során megállapított haplocsoportok szintén a fajta genetikai sokszínűségét támasztják alá, hiszen a domináns ázsiai eredet mellett a fajta alakulásához európai és közel keleti lovak génállománya is hozzájárult.

A fajtarekonstrukció folyamatos fenotípusos és genotípusos monitorozását, valamint a fajta mitokondriális haplotípusos összetételének nyomon követését a székely ló esetében különösen fontos a jövőben is folytatni!

7. Összefoglaló

A székely ló, amelyet a kilencedik magyar lófajtaként is szokás említeni, a Kárpátok kistermetű szívós hegyi lova. Számos írás elismerően beszél a fajtáról, mely ősi jegyeket hordoz mind testalkat, mind tűrőképesség szempontjából. A fajta fenntartására, megszilárdítására már történtek a múltban is kísérletek, amelyek közül talán a legismertebb a Pettkó-Szandtner Tibor nevéhez fűződő zsuki ménes megalapítása.
A fajta története a II. világháborúval ért véget, a meglévő állományok szétszóródtak, a törzskönyvek megsemmisültek, és a székely ló, mint fajta kezdett feledésbe merülni.

A székely ló legújabb fajtarekonstrukciója 2012-ben kezdődött ifj. Bodó Imre vezetésével, és így 2020-21-re Kászonban létrejött egy fenotípusában többnyire egységes állomány.

TDK dolgozatom célja a székely ló fajtarekonstrukciós állományának filogenetikai vizsgálata a mitokondriális CR régió alapján. Munkám a tanszéken hasonló témában 2021-ben írt, és 2023-ban megjelent angol nyelvű cikk kibővítése, a 2022-es és 2023-as adatokkal, mintákkal.

Munkám során 77 székely ló mitokondriális DNS-ét vizsgáltuk, melynek eredményeképpen 80 polimorf hely, 15 haplocsoport és 58 haplotípus került azonosításra. A minta haplotípus diverzitása (Hd) 0,990, nukleotid diverzitása (π) pedig 0,02484 volt. A haplocsoportok A-tól R-ig terjedő betűkkel jelöltek, melyek közül jelen esetben az A (7), B (7), C (1), D (4), E (2), G (4), H (2), I (5), J-K (1), L (9), M (4), N (6), O'P (4), Q (18) és R (1) haplocsoportok voltak a jellemzőek. A B, L és különösen a Q haplocsoport a fajtában nagyobb arányban fordult elő. A 2022-23-as új kancacsaládok túlnyomórészt a meglévő haplocsoportokba tartoztak és azok arányát nem változtatták meg. Az új C és a H haplocsoport 1-1 kancacsaládban fordul elő.

A leggyakoribb haplocsoportok közül a B a Közel-Keleti, az L az Európai, a Q pedig az ázsiai lovak génállományára jellemző. Mindezek alapján a székely ló eredetét tekintve sokszínűnek mondható, ám a Q haplocsoport jelentős előfordulása továbbra is a keleti származást helyezi előtérbe.

8. Summary

The Szekler horse, which is also referred to as the ninth Hungarian horse breed, as the hardy mountain horse of the Carpathians. Many writings speak highly of the breed, which bears ancient traits in both conformation and endurance. Attempts to maintain and consolidate the breed have been made in the past, perhaps the most famous of which was the establishment of the Zsuk stud farm by Tibor Pettkó-Szandtner.
The history of the breed ended with the Second World War, the herd was dispersed, the pedigrees were destroyed and the Székely horse as a breed began to be forgotten.

The most recent reconstruction of the Szekler horse breed started in 2012 under the leadership of Imre Bodó, and by in 2020-21 a mostly phenotypically unified herd was established in Kászon.

The aim of my work is the phylogenetic analysis of the Szekler horse breed reconstruction population based on the mitochondrial CR region. My work is an extension of an English-language article of our Departement, written in 2021 and published in 2023 on a similar topic, with data and samples from 2022 and 2023.

In this study, the mitochondrial DNA of 77 Szekler horses was analysed, resulting in the identification of 80 polymorphic sites, 15 haplotype groups and 58 haplotypes The sample had a haplotype diversity (Hd) of 0.990 and a nucleotide diversity (π) of 0.02484. The haplotype groups are indicated by letters A to R, of which in this case the haplotype groups A (7), B (7), C (1), D (4), E (2), G (4), H (2), I (5), J-K (1), L (9), M (4), N (6), O'P (4), Q (18) and R (1) were the most typical. The haplogroups B, L and especially Q were more abundant in the variety. The new mare lines in 2022-23 were predominantly in the existing haplotype groups and their proportions were not changed. The new haplotype groups C and H occur in 1-1 mare family.

The most common haplotype groups are B for the Middle Eastern, L for the European and Q for the Asian horse genome. All these factors indicate that the Szekler horse is diverse in origin, but the high prevalence of the Q haplotype group suggests an eastern origin.

9. Köszönetnyilvánítás

Köszönjük a segítségét Prof. Dr. Bodó Gábornak, ifjabb Dr. Bodó Imrének, valamint Bodó Barnabás állatorvostan hallgatónak a székelyföldi minták összegyűjtésében. Szeretném továbbá megköszönni témavezetőm, Dr. Maróti-Agóts Ákos segítségét, valamint a lehetőséget, hogy részese lehetek egy értékes fajta megmentésének. Külön élmény volt számomra személyesen is részt venni a 2023-as Székely Ló Mustrán, amely Kászonaltízben került megrendezésre, valamint testközelből is megismerni azt a lófajtát, amely történelmi örökségünk.

10. Irodalomjegyzék

1. Hankó B (1941) Székely lovak, 1943rd ed. Nagy Jenő és Fia Könyvnyomdája, Kolozsvár

2. Bodó I, Hecker W, Surján G (2021) A székely ló. SzéLTE, Budapest

3. Alistai M, Nepomuki J (1828) A nemzeti lovag. Petrózai Trattner J. M. és Károlyi István betűjivel, Budapest

4. Wesselényi M báró (1829) A régi híres ménesek egyike megszűnésének okairól. Petrózai Trattner J. M. és Károlyi István intézetében., Budapest

5. Meissner K (1929) Magyarország lótenyésztése. Tiszántúli Könyv- és Lapkiadó Vállalat, Debrecen

6. Pettkó-Szandtner T (1943) Magyar Lótenyésztés. Közérdekű Könyvkiadó Vállalat, Budapest

7. Monostory K (1984) A hadak útján

8. Diamond J (2002) Evolution, consequences and future of plant and animal domestication. Nature 418:700–707. https://doi.org/10.1038/nature01019

9. Groeneveld LF, Lenstra JA, Eding H, Toro MA, Scherf B, Pilling D, Negrini R, Finlay EK, Jianlin H, Groeneveld E, Weigend S, The GLOBALDIV Consortium (2010) Genetic diversity in farm animals – a review. Animal Genetics 41:6–31. https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2010.02038.x

10. Jansen T, Forster P, Levine MA, Oelke H, Hurles M, Renfrew C, Weber J, Olek K (2002) Mitochondrial DNA and the origins of the domestic horse. Proc Natl Acad Sci USA 99:10905–10910. https://doi.org/10.1073/pnas.152330099

11. Wade CM, Giulotto E, Sigurdsson S, Zoli M, Gnerre S, Imsland F, Lear TL, Adelson DL, Bailey E, Bellone RR, Blöcker H, Distl O, Edgar RC, Garber M, Leeb T, Mauceli E, MacLeod JN, Penedo MCT, Raison JM, Sharpe T, Vogel J, Andersson L, Antczak DF, Biagi T, Binns MM, Chowdhary BP, Coleman SJ, Della Valle G, Fryc S, Guérin G, Hasegawa T, Hill EW, Jurka J, Kiialainen A, Lindgren G, Liu J, Magnani E, Mickelson JR, Murray J, Nergadze SG, Onofrio R, Pedroni S, Piras MF, Raudsepp T, Rocchi M, Røed KH, Ryder OA, Searle S, Skow L, Swinburne JE, Syvänen AC, Tozaki T, Valberg SJ, Vaudin M, White JR, Zody MC, Broad Institute Genome Sequencing Platform, Broad Institute Whole Genome Assembly Team, Lander ES, Lindblad-Toh K (2009) Genome Sequence, Comparative Analysis, and Population Genetics of the Domestic Horse. Science 326:865–867. https://doi.org/10.1126/science.1178158

12. Xiufeng X, Árnason Ú (1994) The complete mitochondrial DNA sequence of the horse, Equus caballus: extensive heteroplasmy of the control region. Gene 148:357–362. https://doi.org/10.1016/0378-1119(94)90713-7

13. Kavar T, Dovč P (2008) Domestication of the horse: Genetic relationships between domestic and wild horses. Livestock Science 116:1–14. https://doi.org/10.1016/j.livsci.2008.03.002

14. Vilà C, Leonard JA, Götherström A, Marklund S, Sandberg K, Lidén K, Wayne RK, Ellegren H (2001) Widespread Origins of Domestic Horse Lineages. Science 291:474–477. https://doi.org/10.1126/science.291.5503.474

15. Cieslak M, Pruvost M, Benecke N, Hofreiter M, Morales A, Reissmann M, Ludwig A (2010) Origin and History of Mitochondrial DNA Lineages in Domestic Horses. PLoS ONE 5:e15311. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0015311

16. Achilli A, Bonfiglio S, Olivieri A, Malusà A, Pala M, Kashani BH, Perego UA, Ajmone-Marsan P, Liotta L, Semino O, Bandelt H-J, Ferretti L, Torroni A (2009) The Multifaceted Origin of Taurine Cattle Reflected by the Mitochondrial Genome. PLoS ONE 4:e5753. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0005753

17. Taberlet P, Valentini A, Rezaei HR, Naderi S, Pompanon F, Negrini R, Ajmone-Marsan P (2008) Are cattle, sheep, and goats endangered species? Molecular Ecology 17:275–284. https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2007.03475.x

18. Gáspárdy A, Wagenhoffer Z, Fürlinger D, Halmágyi M, Bodó I, Lancioni H, Maróti-Agóts Á (2023) Matrilineal Composition of the Reconstructed Stock of the Szekler Horse Breed. Agriculture 13:456. https://doi.org/10.3390/agriculture13020456

19. Maróti-Agóts Á (2010) A magyar szürke szarvasmarhafajta fenotípusos és genotípusos vizsgálata.

20. Achilli A, Olivieri A, Soares P, Lancioni H, Kashani BH, Perego UA, Nergadze SG, Carossa V, Santagostino M, Capomaccio S, Felicetti M, Al-Achkar W, Penedo MCT, Verini-Supplizi A, Houshmand M, Woodward SR, Semino O, Silvestrelli M, Giulotto E, Pereira L, Bandelt H-J, Torroni A (2012) Mitochondrial genomes from modern horses reveal the major haplogroups that underwent domestication. Proc Natl Acad Sci USA 109:2449–2454. https://doi.org/10.1073/pnas.1111637109

21. Moridi M, Masoudi AA, Vaez Torshizi R, Hill EW (2013) Mitochondrial DNA D-loop sequence variation in maternal lineages of Iranian native horses. Anim Genet 44:209–213. https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2012.02389.x

22. Oakenfull EA, Ryder OA (1998) Mitochondrial control region and 12S rRNA variation in Przewalski's horse (*Equus przewalskii*). Animal Genetics 29:456–459. https://doi.org/10.1046/j.1365-2052.1998.296380.x

23. Lippold S, Knapp M, Kuznetsova T, Leonard JA, Benecke N, Ludwig A, Rasmussen M, Cooper A, Weinstock J, Willerslev E, Shapiro B, Hofreiter M (2011) Discovery of lost diversity of paternal horse lineages using ancient DNA. Nat Commun 2:450. https://doi.org/10.1038/ncomms1447

24. Cardinali I, Giontella A, Tommasi A, Silvestrelli M, Lancioni H (2022) Unlocking Horse Y Chromosome Diversity. Genes 13:2272. https://doi.org/10.3390/genes13122272

25. Cardinali I, Lancioni H, Giontella A, Capodiferro MR, Capomaccio S, Buttazzoni L, Biggio GP, Cherchi R, Albertini E, Olivieri A, Cappelli K, Achilli A, Silvestrelli M (2016) An Overview of Ten Italian Horse Breeds through Mitochondrial DNA. PLoS ONE 11:e0153004. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0153004

26. Tamura K, Stecher G, Kumar S (2021) MEGA11: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 11. Molecular Biology and Evolution 38:3022–3027. https://doi.org/10.1093/molbev/msab120

27. Tajima F (1989) Statistical method for testing the neutral mutation hypothesis by DNA polymorphism. Genetics 123:585–595. https://doi.org/10.1093/genetics/123.3.585

28. Fu Y-X (1997) Statistical Tests of Neutrality of Mutations Against Population Growth, Hitchhiking and Background Selection. Genetics 147:915–925. https://doi.org/10.1093/genetics/147.2.915

29. Rozas J, Ferrer-Mata A, Sánchez-DelBarrio JC, Guirao-Rico S, Librado P, Ramos-Onsins SE, Sánchez-Gracia A (2017) DnaSP 6: DNA Sequence Polymorphism Analysis of Large Data Sets. Molecular Biology and Evolution 34:3299–3302. https://doi.org/10.1093/molbev/msx248

30. Hristov P, Yordanov G, Vladov V, Neov B, Palova N, Radoslavov G (2020) Mitochondrial Profiles of the East Bulgarian and the Pleven Horse Breeds. Journal of Equine Veterinary Science 88:102933. https://doi.org/10.1016/j.jevs.2020.102933

31. Elsner J, Deschler-Erb S, Stopp B, Hofreiter M, Schibler J, Schlumbaum A (2016) Mitochondrial d-loop variation, coat colour and sex identification of Late Iron Age horses in Switzerland. Journal of Archaeological Science: Reports 6:386–396. https://doi.org/10.1016/j.jasrep.2016.03.007

32. Priskin K, Szabó K, Tömöry G, Bogácsi-Szabó E, Csányi B, Eördögh R, Downes CS, Raskó I (2010) Mitochondrial sequence variation in ancient horses from the Carpathian Basin and possible modern relatives. Genetica 138:211–218. https://doi.org/10.1007/s10709-009-9411-x

33. Kusza S, Priskin K, Ivankovic A, Jedrzejewska B, Podgorski T, Jávor A, Mihók S (2013) Genetic characterization and population bottleneck in the Hucul horse based on microsatellite and mitochondrial data: Genetic Characterization of the Hucul Horse. Biol J Linn Soc Lond 109:54–65. https://doi.org/10.1111/bij.12023

34. Dell AC, Curry MC, Yarnell KM, Starbuck GR, Wilson PB (2020) Mitochondrial D-loop sequence variation and maternal lineage in the endangered Cleveland Bay horse. PLoS ONE 15:e0243247. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0243247

35. Myćka G, Klecel W, Stefaniuk-Szmukier M, Jaworska J, Musiał AD, Ropka-Molik K (2022) Mitochondrial Whole D-Loop Variability in Polish Draft Horses of Sztumski Subtype. Animals 12:1870. https://doi.org/10.3390/ani12151870

36. Ivanković A, Ramljak J, Konjačić M, Kelava N, Dovč P, Mijić P (2009) Mitochondrial D-loop sequence variation among autochthonous horse breeds in Croatia. Czech J Anim Sci 54:101–111. https://doi.org/10.17221/1678-CJAS

37. Hristov P, Yordanov G, Ivanova A, Mitkov I, Sirakova D, Mehandzyiski I, Radoslavov G (2017) Mitochondrial diversity in mountain horse population from the South-Eastern Europe. Mitochondrial DNA Part A 28:787–792. https://doi.org/10.1080/24701394.2016.1186667

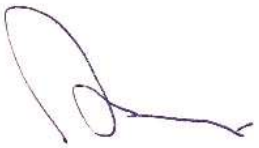
38. Khrabrova LA, Blohina NV, Bazaron BZ, Khamiruev TN (2021) Variability of mitochondrial DNA D-loop sequences in Zabaikalskaya horse breed. Vestn VOGiS 25:486–491. https://doi.org/10.18699/VJ21.055

11. Nyilatkozat

Témavezetői nyilatkozat TDK dolgozathoz

Alulírott Dr. Maróti-Agóts Ákos, mint témavezető nyilatkozom, hogy (név) Gyurkó Brigitta, 4. évfolyamos hallgató „A székely ló fajtarekonstrukciós állományának filogenetikai vizsgálata a mitokondriális D-loop szekvencia alapján” című dolgozatát átolvastam és jóváhagytam, részvételét támogatom az Állatorvostudományi Egyetem 2023. évi Tudományos Diákköri Konferenciáján. Továbbá nyilatkozom, hogy a feltöltött TDK dolgozat plágiumellenőrzésen sikeresen átesett és az esetlegesen feltárt egyezőség az Egyetemi iránymutatásoknak/szabályoknak megfelel.

Budapest, 2023 év 10. hó 20. nap.



……

témavezető

HuVetA

ELHELYEZÉSI MEGÁLLAPODÁS ÉS SZERZŐI JOGI NYILATKOZAT*

Név: Gyurkó Brigitta

Elérhetőség (e-mail cím): gyurko.brigitta98@gmail.com

A feltöltendő mű címe: A székely ló fajtarekonstrukciós állományának filogenetikai vizsgálata a mitokondriális D-loop szekvencia alapján

A mű megjelenési adatai: 2023. 10. 20.

Az átadott fájlok száma: 1

Jelen megállapodás elfogadásával a szerző, illetve a szerzői jogok tulajdonosa nem kizárólagos jogot biztosít a HuVetA számára, hogy archiválja (a tartalom megváltoztatása nélkül, a megőrzés és a hozzáférhetőség biztosításának érdekében) és másolásvédett PDF formára konvertálja és szolgáltassa a fenti dokumentumot (beleértve annak kivonatát is).

Beleegyezik, hogy a HuVetA egynél több (csak a HuVetA adminisztrátorai számára hozzáférhető) másolatot tároljon az Ön által átadott dokumentumból kizárólag biztonsági, visszaállítási és megőrzési célból.

Kijelenti, hogy az átadott dokumentum az Ön műve, és/vagy jogosult biztosítani a megállapodásban foglalt rendelkezéseket arra vonatkozóan. Kijelenti továbbá, hogy a mű eredeti és legjobb tudomása szerint nem sérti vele senki más szerzői jogát. Amennyiben a mű tartalmaz olyan anyagot, melyre nézve nem Ön birtokolja a szerzői jogokat, fel kell tüntetnie, hogy korlátlan engedélyt kapott a szerzői jog tulajdonosától arra, hogy engedélyezhesse a jelen megállapodásban szereplő jogokat, és a harmadik személy által birtokolt anyagrész mellett egyértelműen fel van tüntetve az eredeti szerző neve a művön belül.

A szerzői jogok tulajdonosa a hozzáférés körét az alábbiakban határozza meg (**egyetlen, a megfelelő négyzetben elhelyezett x jellel**):

☐ engedélyezi, hogy a HuVetA-ban -ban tárolt művek korlátlanul hozzáférhetővé váljanak a világhálón,

☒ az Állatorvostudományi Egyetem belső hálózatára (IP címeire) korlátozza a feltöltött dokumentum(ok) elérését,

☐ a Könyvtárban található, dedikált elérést biztosító számítógépre korlátozza a feltöltött dokumentum(ok) elérését,

☐ csak a dokumentum bibliográfiai adatainak és tartalmi kivonatának feltöltéséhez járul hozzá (korlátlan hozzáféréssel),

Kérjük, **nyilatkozzon a négyzetben elhelyezett jellel a helyben használatról** is:

☒ Engedélyezem a dokumentum(ok) nyomtatott változatának helyben olvasását a könyvtárban.

Amennyiben a feltöltés alapját olyan mű képezi, melyet valamely cég vagy szervezet támogatott illetve szponzorált, kijelenti, hogy jogosult egyetérteni jelen megállapodással a műre vonatkozóan.

A HuVetA üzemeltetői a szerző, illetve a jogokat gyakorló személyek és szervezetek irányában nem vállalnak semmilyen felelősséget annak jogi orvoslására, ha valamely felhasználó a HuVetÁ-ban engedéllyel elhelyezett anyaggal törvénysértő módon visszaélne.

Budapest, 2023 év 10. hó 20. nap



aláírás

szerző/a szerzői jog tulajdonosa

–

*A **HuVetAMagyar Állatorvos-tudományi Archívum – Hungarian Veterinary Archive** az Állatorvostudományi Egyetem Hutÿra Ferenc Könyvtár, Levéltár és Múzeum által működtetett egyetemi és szakterületi online adattár, melynek célja, hogy a magyar állatorvos-tudomány és -történet dokumentumait, tudásvagyonát elektronikus formában összegyűjtse, rendszerezze, megőrizze, kereshetővé és hozzáférhetővé tegye, szolgáltassa, a hatályos jogi szabályozások figyelembe vételével.*

A HuVetA a korszerű informatikai lehetőségek felhasználásával biztosítja a könnyű, (internetes keresőgépekkel is működő) kereshetőséget és lehetőség szerint a teljes szöveg azonnali elérését. Célja ezek révén

- *a magyar állatorvos-tudomány hazai és nemzetközi ismertségének növelése;*
- *a magyar állatorvosok publikációira történő hivatkozások számának, és ezen keresztül a hazai állatorvosi folyóiratok impakt faktorának növelése;*
- *az Állatorvostudományi Egyetem és az együttműködő partnerek tudásvagyonának koncentrált megjelenítése révén az intézmények és a hazai állatorvos-tudomány tekintélyének és versenyképességének növelése;*
- *a szakmai kapcsolatok és együttműködés elősegítése,*
- *a nyílt hozzáférés támogatása.*

NYILATKOZAT

Alulírott GYURKÓ BRIGITTA nyilatkozom, hogy diplomamunkám, melynek címe A nemzeti fajjarculatok állományának fizikai jellemzői vizsgálata a multidimenziós Procrustes rotáció alapján tartalmi és formai szempontból teljes mértékben megegyezik azonos című, a 2023 évi TDK konferencián szerepelt dolgozatommal.

Budapest, 2023. 11. 14.

GYURKÓ BRIGITTA

a hallgató neve és aláírása