

Mihók Sándor

A hucul lófajta génállományának megőrzése napjainkban

A modern állattenyésztés az elsődleges értékmérő tulajdonságok növelésének mind nagyobb kényszere mellett a legdrasztikusabb módszerekkel változtatja meg a háziállatok génszerkezetét. Ez hasznos és törvényszerű tevékenység az emberiség jelene és jövője szempontjából, de csak akkor, ha egyidejűleg a kisebb termelésű fajták, a már értéktelennek látszó gének elvesztése és így a világ háziállatainak genetikai elszegényedése ellen is küzdelmet folytatunk. A nagy termelőképességű állatok óriási hozamainak élvezete, vele a termék-előállítás gazdaságossága, a társadalom egy részében érthetlenné teszik a szerény hozamú állományok, kisebb termelésű, de génmegőrzésre méltó fajták fenntartásának szükségességét.

A keresztezési hatásokon alapuló szintetikus populációk létrejöttével veszélyesen szűkké vált a versenyképes genetikai háttér, számtalan nemzeti populáció, fajta és vonal kihalt. (A sertésenyésztésben mindössze hat fajtával állítják elő a vágóállatok döntő hányadát. A világ étkezési tojástermelésének több mint felét három fajta adja. A brojlerhús-előállítás két fajtán nyugszik). Az azonos tenyészcél és használati forma a fajták egybemosásán túl a génkészletek szűkülését idézte elő a világ állattenyésztésében.

Ezzel együtt az urbanizált társadalom érdeklődése egyre nagyobb mértékben fordul a kipuhtól fenyegetett háziállatfajták felé, polgárjogot nyert a régi, veszélyeztetetté vált háziállat-fajták fenntartása. Minden magát valamire tartó állattenyésztő, és hagyományait tisztelő ország változékonyságuk fenntartásával, genetikai értékük tisztázásával kötelességének érzi megőrzésüket. Ez a tevékenység természetesen kiterjed a lótenyésztésre és ezen belül a kutatásra is. Hazánkban is egyre többen belátják hagyományos lófajtáink védelmének szükségességét, ami nemcsak hagyományörzés miatt fontos, hanem rendkívül jelentős a természetvédelem, a fenntartható fejlődés, a tájképi jelleg megőrzése, a szabadidő hasznos eltöltése, az ifjúság nevelése szempontjából is. De más megfontolások is számításba jönnek itt, mint pl., hogy állattenyésztésünk, benne lótenyésztésünk mélyen gyökerező kultúránk szerves része, emberi nemzedékek egymásra épülő munkájának eredménye, s nem tudhatjuk, hogy az igények módosulásával mikor lesz rájuk szükség egy megváltozott korban és értékrendben. A tenyésztőmunka során szükség lehet minden génre, így nagy súlyt kell fektetni a génapok megővésére. Az emberiség örökségét jelentő gazdag génkészletet áldozatvállalással is őrizni kell az utánunk jövő generáció számára. Az Európához való gazdasági csatlakozás idején ezeknek az identitásban betöltött szerepe is felértékelődött, s a csatlakozás után különösen fontos, hogy a magyar lófajták önállóságát és fajtajellegét fenntartsuk, általuk is érvényesítsük nemzeti értékeinket, nemzeti identitásunkat.

A hazai állattenyésztésben a biológiai sokféleség fenntartására Hankó (1940, 1942) munkássága irányította a figyelmet, majd Anghy (*idézi: Mihók, 2001*) az 1950-es 1960-as évek fordulóján már tevőlegesen is szerepet játszott ebben, míg a génmegőrzés tuda-

mányos alapjait Bodó (1991) rakta le. Bodó évtizedekkel korábbi munkássága folytán Magyarország a világon az elsők közé tartozott a génmegőrzés tekintetében. 1961-ben megkezdődött a régi fajták félhivatalos védelme. Az Állami Gazdaságok Országos Központja 1961 késő őszen kijelölt 100 magyar szürke tehenet, amelyeket a fajta fenntartására, fajtatiszta tenyésztés keretében kellett használni.

Történetünk szempontjából érdekes, hogy Hankó és Anghy is a Debreceni Egyetem jogelődjénél, ezen belül mindketten az Agrártudományi Centrum jogelődjénél is, az akkori Állattenyésztési Tanszéken dolgoztak. Mindketten jelentős erőfeszítéseket tettek arra, hogy felhívják a figyelmet a hucul ló értékeire, amelynek Anghy a megmentésén fáradozott. Ebből a szempontból a mai Állattenyésztési Intézeti Tanszéken végzett, a hucul lófajta megőrzésére irányuló génfenntartási tevékenységet munkájuk szerves folytatásának tekintjük.

A hucul lovat nem a hadászat igénye szerinti lóhasználat hozta létre, hanem a Kárpátok erdőövből kiemelkedő gerincén, a Tisza, a Prut, a Cseremosz, a Putila, a Brodina forrásvidékén, Bukovina, Galícia, Magyarország határterületén élő hucul nép kezén alakult ki. A hegyi környezetben végzett folytonos munka, a rendkívül hideg télben és forró nyárban több mint 2000 méter magasságban való állandó szabadtartás, a nagyon is szerény takarmányozás, az a bánásmód, amellyel minden primitív kultúrájú lovas nép bánik a maga lovával, roppant igénytelen, hihetetlen ellenálló típust alakított ki. De nem csak a Magyarország határterületén élő hucul nép használta és becsülte a nagy munkabírási, fáradhatatlan hucult, hanem a nemesi birtokokon is kedvelték feltétlen munkakészsége, igénytelensége és megbízhatósága miatt. Végül, nem minden ok nélkül mérete miatt is, a hadsereg is felfedezte magának és hegyi vadászalakulatok nélkülözhetetlen málhás lova lett. *A kancák jellemző mérete 131-142 cm/ 160-176 cm/ 17-19 cm. A mének jellemző mérete 133-145 cm/ 165-185 cm/ 17-19,5 cm. A fajta kifejlett kori méreteit 6 éves korában éri el (Mihók, 2001).*

Az I. világháború harcai megtizedelték az állományt, eltüntették a törzskönyvi adatbázist. A II. világháborúban a front előli menekítések útvesztői, a háború után a szinte mindenütt fellelhető lóellenesség hatottak károsan a fajta létszámára, de társadalmi elfogadottságára is. A Tisza felső folyásánál, a Prut, a Cseremosz, a Brodina forrásvidékén, Bukovina, Galícia, Magyarország határterületén kialakult hucul lófajta ma Közép-Európának mindössze néhány országában, köztük Magyarországon található, de együttes létszámában is a védendő kategóriába sorolható.

A fajta tenyésztése a génvédelem szigorú szabályai szerint, az Állattenyésztési Tanszék szakmai irányítása mellett, tenyésztőszervezeti keretek között folyik. A fenntartás jogi kereteit az 1993-as Állattenyésztési Törvény szabályozza.

A génmegőrzési program eleinte stabilizáló szelekció mellett a létszám fenntartására, megtartására korlátozódott. Rá kellett jönni, hogy a lótenyésztésben tarthatatlan, indokolatlan a stabilizáló szelekció módszerét alkalmazni. E szakmai irányzat a génállomány változatlan formájú megőrzésének indokára hivatkozik, miközben elfeledi, hogy a stabilizáló szelekció az átlagos típusnak kedvez, amelyiket a fajtahasználat sohasem részesített előnyben. Mindeközben a tenyésztő akarata ellenére mégis megváltozik a populáció genotípusos összetétele, mert a természetes kiválogatódás (környezethatás), és az elkerülhetetlen mesterséges szelekció miatt (minden szaporulatot fizikailag képtelenség felnevelni) okvetlenül módosul a genetikai összetétel.

Nem szabad ugyanakkor szem elől téveszteni, hogy mindegyik fajta, esetünkben a hucul is, könyörtelen szelekció hatására jött létre. Ha felhagyunk a szelekcióval, az adott teljesítményhez szükséges gén- és genotípus gyakoriság változik meg, széteshetnek azok a génkombinációk, amelyek az elért teljesítményt genetikai oldalról megeremeltették, felborul a genetikai struktúra, elvész a fajta. Csakis a szelekció tudja fenntartani azt a génszerkezetet, és az ennek kifejeződéséként megjelenő genotípust, ami a fajtára jellemző volt. Az egész munkát nehezíti, hogy tartási körülményekben ritkán lehet mintázni a fajta létrejöttének, virágzásának körülményeit, megszűntek a régi szelekciós okok (használati formák), megváltozott az a röghatás is, amely kielégítően szelektálta a fajtát. A génvédelmi munka sikere abban rejlik, hogy a megváltozott használati formában és környezetben mennyire sikerül olyan szelekciós célt kitűzni (használati és kipróbálási formát találni), amelyik az eredeti tulajdonságokra szelektál (Mihók, 2006). Igenis, mindazokra a tulajdonságokra szelektálni kell, amelyek eredetileg a fajta jellemzői voltak, de természetesen nem lehet cél a teljesítménynövelés, mert ezzel már génállomány-szűkítést idéznénk elő. Ebben a munkában nem adható fel a közös eredet (fajtatizta tenyésztés, pedigrisztika), a fajta egyéni arculata (azok a különlegességek, amelyek más fajtákban nem fordulnak elő) és fenotípusos egyöntetűsége. A génmegőrzésben a fajtatizta tenyésztés megkérdőjelezhetetlensége mellett tudomásul kell venni azt is, hogy a fajta nem veszítheti el eredeti jellegét.

A génmegőrzés célja az „eredeti”, a fajta története és teljesítménye legváltozatosabb génszerkezetének (nagy genetikai variabilitás) fenntartása. E tekintetben kiemelt szerepe van az alapító ősöknek, pontosabban annak, hogy mennyi leszármazott vezethető vissza az alapító ősökre, mert ez döntően meghatározza a rendelkezésre álló, megmaradt állomány genetikai diverzitását. Fontos a családok feltérképezése, amelyek meghatározzák a fajta hovatartozását, identitását. A hagyományos fajták génkészletének fenntartására érdemes a családtenyésztéssel foglalkozni, különösen akkor, ha az értékes tulajdonságok generációkon keresztül fenntartását hangsúlyozzuk, ha az eredeti genetikai struktúra megőrzését tartjuk fontosnak.

A génmegőrzésben későn ébredtek rá a családok tudatos megőrzésének fontosságára, pedig a családok elemzése és fenntartásukhoz való szigorú ragaszkodás több mint pedigrisztikai érdekesség, vagy elméleti okoskodás. A családok szerepet játszanak a hasonló populációktól való elkülönülésben, és ezzel rögvest gazdasági kategóriát képeznek.

A fajta identitásán túl a családnak az egységes örökítésében is meghatározó szerepe van. A generációk óta létező és népes családokban a tenyésztő szempontjából kívánatos tulajdonságok megjelenésének nagy a valószínűsége. E tapasztalatból szerzett megállapításnak tudományos bizonyítását a citoplazmatikus öröklődés adja. A citoplazmában helyet foglaló mitokondriumokban vannak olyan gének, genetikai információt magában hordozó olyan DNS, ami az egyed szaporodásakor az ivadéknak átadásra kerül.

Ez a genetikai információ-átadás azonban egy lényegbe vágó dologban különbözik a hímivarnál és a nőivarúnál. Az apaállatok csupán a sejtmagban tárolódó örökítő anyagot adják át ivadékaiknak, a nőivarú egyedek ellenben ezen túl a mitokondriumokban lévő örökletes anyagot is. A sejtmagon kívüli (citoplazmatikus) öröklés növeli meg a nőivar értékét és támasztja alá a sokgenerációs populációk anyai ági védelmének indokát.

A tudomány tehát megerősíti a kiváló tenyésztők megcáfolhatatlannak tartott állítását, miszerint az anyaállomány *legalább* felerészben felelős a tenyészanyag jó, vagy

rossz tulajdonságáért, míg az apaállatok *legfeljebb* felerészben határozzák meg az ivadékok genetikai értékét.

A kancák genetikai változatosságát a minél több kancacsalád képviselője garantálja. A Magyarországon jelenleg fellelhető 220 tenyészkanca állomány a génmegőrzés tudatosságával került felépítésre. Található nálunk 1 Panca*, 2 Lucsina, 3 Tatarca, 4 Kitka, 5 Ploska, 11 Rotunda, 12 Sarata, 17 Aglalia, 86 Deramoxa, Sekacka, Gelnica, Wydra alapító kancákra visszavezethető tenyészállat is. Mellettük népes egyszámmal képviselteti magát két, ún. magyar kancacsalád, az Aspiráns és az Árvácska még az un. Anghy-féle állományból származik.

A genetikai sokféleség erodálását megakadályozandó, folyamatosan végzünk molekuláris genetikai vizsgálatok a fajtában. A különböző mikroszatellitok változatosságának feltárása a nagyobb biztonságú szelekciós döntéseket alapozza meg. (*Józsa és mtsai 2005., Mihók és mtsai 2005.*)

Nemzetközileg is figyelemre méltó kutatóhelyekkel együttműködve a kancacsaládba besorolhatóság ellenőrzésére került sor a citoplazmatikus DNS vizsgálatával. Ez több mindenre fényt derített. A fajtának 22 nőivarú alapító ősről történő visszavezetésével 70 egyed szekvenciájának elemzésére került sor. (*Priskin, 2010.*)

Törzskönyvi besorolás szerint a 22 család mitokondriális DNS vizsgálatával 18 haplotípust (lényegében 18 alapítóra visszavezethető családot) lehetett kimutatni. Leggyakrabban az „A” haplocsoport, majd az „F” és „C” „D” csoportok következnek. Megtalálható volt a „B” haplocsoport is. A vizsgálatok rámutattak, hogy vagy több család azonos alapítóra vezethető vissza, vagy az idők folyamán a törzskönyvek vezetésében pontatlanság fordult elő. A vizsgálatokból az látszik kiderülni, hogy az Anghy-féle kancacsalád egyike azonos a lucsinai 1 Panca kancacsaláddal. Ez csak úgy lehetséges, hogy az 1 Panca és az Árvácska is még az első világháború előtt létezett valamelyik eredeti lucsinai kancacsalád sarja. Ugyanez tételezhető fel a Bajkalka és a Wydra, továbbá a Wolga és a Kitka kancacsaládok esetében is. (Ez esetben lengyel-magyar, illetve bukovinai-lengyel eredetű kancacsaládokról van szó.)

Ma a fajtafenntartással egybekötött génmegőrzésben a rendelkezésre álló valamennyi kancacsaládból több egyedet tartunk tenyésztésben. Tervezzük a fajta valamennyi kancacsaládjának megjelenítését Magyarországon. Az elmúlt 10 évben a korábbi kettővel szemben (Árvácska és Aspiráns kancacsaládok) 12-vel bővítettük a kancacsaládokat, ezzel a hazai állomány genetikai változatosságát.

A fajta továbbvitelében elvülhetetlen szerepet játszanak az alapító apaállatokra visszavezethető geneológiai vonalak is. A változatos génállomány fenntartásában kifejtett szerepük sem lehet kérdéses. Egy-egy geneológiai vonal megszűnése az általa hordozott génállomány elvesztését is jelenti. A génmegőrzés szempontjából persze hasznosabb lenne a geneológiai vonalaknak párosításokkal és szelekcióval tenyészvonalakká történő fejlesztése (*Bodó, 1996*). Ez a többi állományhányadtól való elkülönülést nagyobb valószínűséggel garantálná. Jellemző ugyanakkor a lótenyésztés több évszázados múltjára, hogy a tenyészvonalak mindig csak rövid ideig maradtak fenn, s bár a geneológiai vonalak megítélése ellentmondásos, a zárt törzskönyvű fajtáknál ezeknek mégis nagy a jelentősége. Ez elsősorban abban jut kifejezésre, hogy ma a fajtát tenyésztő hat ország állandó tenyészállatcserében áll egymással, s ezért a hucul fajta geneológiai vonalai

* A számok a fajta törzskönyvezési számát takarják.

genetikai értelemben félúton állnak a tenyésztési vonalak és a klasszikus geneológiai vonalak között.

Az elfogadott kancacsaládokon túl csakis a „huculvidék”-re jellemző, mára méntörzsekké fejlődő geneológiai vonalakat vihetik tovább a fajtát, nálunk épp úgy, mint a többi hucul lovat tenyésztő országban. Ezek a Hroby (született: 1898), Goral (1898), Prislop (1936), Pietrosu (1933), Ousor (1933), Gurgul (1924), Polan (1929.) A Hroby és a Goral még az első világháború előtti geneológiai vonalalapítókra vezethetők vissza. Magyarországon 2010-től valamennyi geneológiai vonalnak van megjelölt ménje. A fajtafenntartást és a szelekciót az adott létszámú állományban úgy végezzük, hogy néhány kiváló apaállat utáni ivadékok ne domináljanak a tenyésztésben.

A fajta több mint csupán a neve, az egyes tulajdonságok megjelenítését képező géneket meg kell menteni a fajtafenntartás során.

A tudomány fejlődésével, a szerológiai vizsgálatok, a biokémiai analízisek, a fentebb már részletezett molekuláris genetika eredményeinek segítségével világosabban lehet látni azokat a kérdéseket, amelyeket a fajta története, a küllemtan és a pedigrisztika eredményei homályban hagytak. Ezek a modern módszerek katalizátorként hatnak az integrált fejlesztésre.

A fajták genetikai szerkezetének jobb megismerése, a ritka genotípusok óvása érdekében számos vércsoport és molekuláris genetikai vizsgálat történt az elmúlt időszakban, sajnos csak állomány szinten.

A biokémiai polimorf rendszerekben (transzferin, albumin, eszteráz, GC, AIB rendszerek, szerológia) lényegesen elkülönül a hucul lófajta a Mezőhegyesen kitenyésztett angol-félvér fajtáktól.

A ló esetén a leginkább polimorf vércsoport rendszer a „D”. Ebben 9 allélt sikerült kimutatni, s a huculra a *delo* (0.4558) vércsoport allél a jellemző. Sikerült kimutatni, „D” vércsoport rendszeren belüli allélgyakoriság fajtafüggőségét.

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 tudnánk adni. Az *F albumin* allél egyáltalán nem volt a huculban kimutatható.

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

Az eszteráz rendszerben az *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 allélszámmal (14 allél).

Ebben a fajtában néhány mikroszatellit esetében nem lehetett kimutatni a telivérre jellemző alléleket, viszont olyan ritka allélek jelentkeztek, amelyek a többi fajtákban nem voltak találhatóak (*AHT4-T*, *HMS2-P*, *ASB2-E*). (Mihók, 2006).

A szerológiai, biokémiai, molekuláris genetikai analízisek egyik fő szempontja a megőrzendő állományok belső genetikai szerkezetének megismerése, változatosságuk meghatározása, a ritka allélok megőrzése. Jelenlegi kutatómunkánk egyre inkább erre irányul. Ezekkel az integrált vizsgálatokkal megvalósítható lesz a genetikai sokféleség speciális formájának fenntartása, az információk tágabb köréhez lehet jutni, de a mindennapi gyakorlat tenyésztői adatait egyeztetni kell a laboratóriumban kapott eredményekkel. Ez segítheti elő a védelemben került fajta diverzitását, az értékes gének valósa-

gos védelmét. A géngazdálkodás sikere érdekében már ma is integráljuk, hasznosítjuk a hagyományos és új módszereket a célok és lehetőségek gondos mérlegelésével.

Az integrált rendszerekre alapozott tenyésztési módszer lehetőséget kínál a génmegőrzés újszerű módjára, mindezt a jelenlegi tartás körülményei között. Ügyelni lehet a ritka allélek fennmaradására a génsodródás veszélyének elhárítására. Ezeknek a módszereknek a felhasználásával kialakíthatók azok a családok és vonalak, amelyek genetikailag különböznek egymástól, ezt a célpárosítás során érvényesíteni lehet. (Szóke és mtsai 2004) A tenyészpárok kialakításakor pl. a DNS mikroszatellitek alapján homogén párosítást végezhetünk (pulykaállományunkban végzünk is) a vonalak, allélek fenntartására, illetve heterogén párosítást a rokontenyésztés elkerülésére, a célnak megfelelően. Ez lehetővé teszi azt a rotációs párosítást és szubpopulációk kialakítását (a tanszék génrezerv pulykaállományában alkalmazzuk is), amely a génmegőrzés legkorszerűbb formája. Mindezekkel megvalósítható a géngazdálkodás reneszánsza, amelyben a biológiai sokféleséget az emberiség egyrészt a több és hatékonyabb termelés, másrészt az életminőség javítása érdekében kamatoztathatja.



Polo Polan (fotó: Robinson Club szívességéből)

Felhasznált irodalom

- BODÓ I. (1991): A géntartalékok megőrzése az állattenyésztésben. (Conservation of genetic resources in animal breeding. Academic doctoral thesis.) Akadémiai doktori értekezés. Budapest.
- BODÓ I. (1996): Génkészletek megőrzése a szarvasmarhatenyésztésben. Magyar Állatorvosok Lapja, Budapest 9.520-522.
- HANKÓ B. (1940): Ősi magyar háziállataink. Tiszántúli Mezőgazdasági Kamara Kiadványa, Debrecen. 160.
- HANKÓ B. (1942): A hucul ló és tenyésztése Turjaremetén. A M. Kir. Földművelésügyi Lótenyésztési Főosztályának kiadása. Minerva Irodalmi és Nyomdai Műintézet Rt., Kolozsvár. 82.
- JÓZSA CS. – BÁN B. – MIHÓK S. – BODÓ I. – HÚSVÉTH F. (2005): DNS microsatellite test of Hucul horses in Hungary. 56th Annual Meeting of the European Association for Animal Production. 11. Uppsala, Sweden 25.
- MIHÓK S. – BÁN B. – JÓZSA CS. – BODÓ I. (2005): Estimation of genetic distance between traditional horse breeds in Hungary. Conservation genetics of endangered horse breeds. EAAP publication. 116. 111-122.
- MIHÓK S. – PATAKI B. – E. KALM – ERNST J.: Gazdasági Állataink – Fajtatan: Ló és Szamár. Mezőgazdasági Kiadó, Budapest. 2001. 1-360.
- MIHÓK S. (2001): Fajtatan, gazdasági állataink /- Ló és szamár, Mezőgazda Kiadó, Budapest.
- MIHÓK S. (2006): Génmegőrzés. „Hagyományos háziállatfajták genetikai és gazdasági értékének tudományos feltárása”. Szerk.: Mihók S., Debreceni Egyetem ATC kiadványa. 364.
- MIHÓK S.: The Hucul in Living Heritage. Old Historical Hungarian Livestock. Agroinform Kiadó, Budapest. Managing Editor Bodó Imre. 2001. 24-26.p., 80-87.p.
- PRISKIN K. (2010): A Kárpát-medence avar és honfoglalás-kori lóállományának archaeogenetikai elemzése. PhD értekezés, MTA Szegedi Biológiai Központ.
- SZ. SZŐKE – I. KOMLÓSI – E. KOROM – M. ISPÁNY – S. MIHÓK: A statistical analysis of population variability in Bronze Turkey considering gene conservation. Archives of Animal Breeding. Dummerstorf. 2004. 47. 4. 377-385.