

MTA ÁLLATORVOS-TUDOMÁNYI BIZOTTSÁGA
ÁTE ÁLLATORVOSTUDOMÁNYI DOKTORI ISKOLA

AKADÉMIAI BESZÁMOLÓK
(2022. JANUÁR 18.)

**ÁLLATHIGIÉNYIA
ÁLLATTENYÉSZTÉS
GENETIKA
TAKARMÁNYOZÁSTAN**

2021. évi 48. füzet

ELŐSZÓ

Kedves Kollegánók és Kollegák!

Az MTA Állatorvos-tudományi Bizottsága és az Állatorvostudományi Egyetem Állatorvostudományi Doktori Iskolája 2022. január 17-én és 18-án online tartja a legújabb kutatási eredményeink bemutatására szolgáló **Akadémiai Beszámoló**k ülésorozatot, amelyre idén 48. alkalommal kerül sor az Állatorvostudományi Egyetemen.

Az előző évek gyakorlatának megfelelően a beszámolókon PhD-hallgatók és a kiemelkedő munkát végző TDK-hallgatók szereplését külön is szorgalmazzuk, és reméljük, hogy a rendezvény jó alkalmat nyújt a különböző tudományos-szakmai műhelyeket és korosztályokat képviselő, egymás munkája iránt érdeklődő szakemberek találkozására.

Az előadások összefoglalóit – szekciófüzetekbe csoportosítva – elektronikus úton adjuk közre.

Tekintettel az érvényben lévő járványügyi korlátozásokra, a lebonyolítás on-line formában a zoom program használatával történik. A szekciókhoz a programban szereplő időpontban a <https://us02web.zoom.us/j/85430206032?pwd=dHJHZ1d6a3J5SDI2aDNhcG9KMWdOUT09> linken keresztül lehet csatlakozni. Az előadások időtartama legfeljebb 10 perc, további 2 percet számoltunk a kérdésekre. Kérjük, hogy a megadott időtartamot senki ne lépje túl. Az előző évek gyakorlatának megfelelően, nem az előadások számára, hanem azok szakmai-tudományos értékére helyezük a súlyt.

A szekciók titkárait arra is kérjük, hogy a szekcióülésről február végéig készítsenek és juttassanak el az Állatorvos-tudományi Bizottság titkárához (fodor.laszlo@univet.hu) egy-egy rövid, közérthető formában megírt, a szekció elnökökkel egyeztetett tájékoztatót (a Magyar Állatorvosok Lapjában való közlés céljából), amely tartalmazza az előadások legfontosabb megállapításait.

Kérjük az intézetek vezetőit, hogy az elektronikus úton megküldött anyagot továbbítsák munkatársaik és érdeklődő nyugdíjasaik számára is. Kérjük, továbbá, hogy tegyék lehetővé munkatársaik online részvételét az üléseken.

Előre is köszönjük a szekció elnökök, a titkárok, a bizottsági tagok és valamennyi előadó munkáját.

Kívánunk mindenkinek eredményes előadást.

Solti László
MTA ÁTB elnöke

Sótonyi Péter
Rektor, TDK elnök

Bartha Tibor
ÁODI elnöke

Fodor László
MTA ÁTB titkára

MTA Állatorvos-tudományi Bizottság és az ÁTE Állatorvostudományi DI akadémiai beszámolóinak programja és szekcióbizottságai
(2022. január 17-18.)

A szekció megnevezése	A szekcióülés napja	A szekcióülés időpontja	Társelnökök	Titkár	Bizottsági tagok
Élettan és biokémia Kórtan Gyógyszertan és toxikológia Morfológia	2022. január 17. hétfő	8.30-12.00	Bartha Tibor Jerzsele Ákos Neogrady Zsuzsanna Sótonyi Péter	Farkas Orsolya Mátis Gábor	Csikó György Halasy Katalin Rác Bence Zsarnovszky Attila
Élelmiszer-higiéna: Dr. Takács János Emléktűlés Állategészségügyi Igazgatás	2022. január 17. hétfő	13.00-16.00	Lacszay Péter Nagy Attila Ózsvári László	Darnay Lívia	Józwiak Ákos Kovács Sándor, Lehel József, Süth Miklós, Szita Géza
Viroológia Bakteriológia Immunológia	2022. január 18. kedd	8.30-11.30	Dénes Béla Harrach Balázs Fodor László Magyar Tibor	Kaján Győző Kreizinger Zsuzsa	Benkő Mária, Dán Ádám, Pénzes Zoltán, Rusvai Miklós, Soós Tibor, Zádori Zoltán, Bernáth Sándor, Hajtós István, Jánosi Szilárd, Gyuranecz Miklós, Makrai László, Szmolka Ama, Tenk Miklós
Parazitológia Állattan Halkórtan	2022. január 18. kedd	11.30-13.00	Baska Ferenc Farkas Róbert	Eszterbauer Edit Hornung Erzsébet Sréter Tamás	Békési László, Csaba György, Hornok Sándor, Kassai Tibor, Molnár Kálmán, Majoros Gábor, Varga István
Klinikumok	2022. január 18. kedd	13.00-15.40	Bakos Zoltán Bodó Gábor Cseh Sándor Németh Tibor	Becker Zsolt Szelényi Zoltán	Biksi Imre, Gál János Szenci Ottó Vajdovich Péter
Állathigiéna Állattenyésztés Genetika Takarmányozás	2022. január 18. kedd	15.40-17.00	Könyves László Szabó József	Bersényi András	Brydl Endre, Cseh Sándor, Fekete Sándor, Gáspárdy András, Jakab László, Rafai Pál, Zöldág László

Tartalomjegyzék

Állathigiéniá

1. HAGYOMÁNYOS ÉS KISCSOPORTOS BORJÚNEVELŐ EGYSÉGEK KLIMATIKUS JELLEMZŐINEK LEÍRÓ ELEMZÉSE EGY HOLSTEIN-FRÍZ ÁLLOMÁNYBAN
Sáfár János, Hejyel Péter, Bognár Barbara, Kiss László, Könyves László

Állattenyésztés

2. LEHETŐSÉGEK A PREANTRÁLIS TÜSZÖK TENYÉSZTÉSÉBEN ÉS FAGYASZTÁSÁBAN
Bordás Lilla, Török Dóra, Müller Linda, Cseh Sándor, Somoskői Bence
3. AUTOMATIKUS ÁTHALADÁSI MÉRLEG FEJLESZTÉSE ÉS ALKALMAZÁSA EXTENZÍV SZARVASMARHA-ÁLLOMÁNYBAN
Fodor Bálint, Beck Attila, Fűrlinger Dóra, Maróti-Agóts Ákos
4. A TÖRZSKÖNYVI ADATOKBÓL BECSÜLT ÉS A GENETIKAI SZÁRMAZÁSELLENŐRZÉSI VIZSGÁLATOK EREDMÉNYEIBŐL SZÁMÍTOTT BELTENYÉSZTÉSI MÉRŐSZÁMOK A KUVASZ FAJTÁBAN
Kiss Daniella, Maróti-Agóts Ákos

Genetika

5. IGAZSÁGÜGYI CÉLÚ MOLEKULÁRIS GENETIKAI VIZSGÁLATOK A KUTYÁK ÉS FARKASOK ELKÜLÖNÍTÉSÉRE POLIMORF MARKEREK ALAPJÁN
Szives András, Zorkóczy Orsolya, Lehotzky Pál, Gáspárdy András, Zenke Petra
6. FORENZIKUS CÉLÚ GENETIKAI MARKERKÉSZLET FEJLESZTÉSE A MAGYARORSZÁGI DÁMSZARVASOKRA
Zorkóczy Orsolya Krisztina, Lehotzky Pál, Zenke Petra

HAGYOMÁNYOS ÉS KISCOPORTOS BORJÚNEVELŐ EGYSÉGEK KLIMATIKUS JELLEMZŐINEK LEÍRÓ ELEMZÉSE EGY HOLSTEIN-FRÍZ ÁLLOMÁNYBAN

Sáfár János^{1*}, Hejel Péter¹, Bognár Barbara¹, Kiss László², Könyves László¹

A szarvasmarhák légzőszervi betegségkomplexe (BRDC) összetett okú megbetegedés, melynek kialakulásában menedzsment eredetű tényezők és klimatikus faktorok is szereppel bírnak. Az állattartó épületek aeroszoljait takarmány, alom, állatokról származó (pl. hámsejtek, szőr, vizelet, bélsár) szerves anyagok, mikroorganizmusok és toxinok alkotják. Közülük főként a PM₁₀ és PM_{2,5} szállópor részecskék bírnak jelentőséggel, mivel ingerlik a kötőhártyát és a légutakat, mi több a PM_{2,5} partikulák a tüdőparenchymában felhalmozódva súlyos légzőszervi és szisztémás megbetegedésekhez vezethetnek. A magas hőmérséklet, alacsony páratartalom, a légmozgás (különösen a huzat), valamint az állatok fokozott aktivitása is elősegíti az alom kiszáradását, porrá alakulását és a részecskék levegőbe jutását. Az istállógázok közül az ammónia bírhat a legnagyobb jelentőséggel, mivel közvetlenül károsítja a légzőhámot, csökkenti a csillós hámsejtek számát, ezáltal a mukociliáris áramlást, teret engedve a patogén és oportunisták mikrobáknak. Többféle szállópor-koncentráció mintázat is azonosítható a borjúistállókban, sőt, ultrahanggal detektálható szöveti elváltozásokhoz kapcsolódó PM és NH₃ koncentrációkat is meghatároztak.

Hipotézisünk szerint a környezet folyamatos ellenőrzésével a megbetegedések szempontjából kockázatos mikroklíma-változások és az állattartó épületek gyenge pontjai könnyebben azonosíthatók, mérséklésükre intézkedések foganatosíthatók, így az esetleges (elsősorban légzőszervi) megbetegedések előfordulása, károkozása enyhíthető.

A vizsgálataink során (2019 szept. – 2019 nov.) egy hazai tejhasznú állományban kiscsoportos borjúházak (U1 és U2) és egy hagyományos borjúnevelő istálló (U3) mikroklimatikus jellemzőit (hőmérséklet, relatív páratartalom, szélsébség, szállópor, káros gázok) monitoroztuk folyamatos mérésre és valós idejű online adatregisztrációra képes műszerekkel, valamint pontmérésre alkalmas kézi mérőeszközökkel.

Hasonló hőmérséklet, páratartalom és légmozgás (gyakran huzatos környezet) jellemezte az U1 és U2 helyszíneket, míg az U3 helyszín mintázata eltért az előbbiektől. A PM_{2,5} és PM₁₀ koncentrációk havi átlaga egyes esetekben meghaladta a WHO által humán viszonylatban ajánlott éves határértékeket. A napi átlagértékek között főképp a PM_{2,5} frakciónál tapasztaltunk a javasoltnál magasabb koncentrációt, viszont az egyórás átlagok között igen magas napi csúcserkékek is előfordultak mindkét frakciónál. Az U3 istállóban az egyes gázok havi átlagos koncentrációja jelentősen alacsonyabb volt a határértékeknél, bár az NH₃ esetén előfordultak a BRDC szempontjából kockázatos egyórás átlagok. Hasonló a CO₂-nál is előfordult, ami a légmozgást is figyelembe véve az istálló átszellőzetlenségére utal.

Vizsgáltuk a borjúnevelésben hazánkban is használatos tartási rendszerek mikroklimatikus viszonyait. A továbbiakban elemezzük a BRDC szempontjából kockázatos paraméterek diurnális mintázatát, és induktív statisztikai módszerekkel feltárjuk az egyes paraméterek közötti összefüggéseket, valamint a tartási helyek esetleges különbözőségeit.

Köszönetnyilvánítás: A kutatás finanszírozása az EFOP-3.6.2-16-20017-00012 projekt révén valósult meg.

LEHETŐSÉGEK A PREANTRÁLIS TÜSZŐK TENYÉSZTÉSÉBEN ÉS FAGYASZTÁSÁBAN

Bordás Lilla^{1*}, Török Dóra¹, Müller Linda¹, Cseh Sándor¹, Somoskői Bence¹

Az emlősök petefészke nagy számban tartalmaz preantrális follikulákat, melyeknek többlépcsős érési folyamaton kell átesniük a tüszőfejlődés során ahhoz, hogy fertilizációra alkalmas petesejtek jöjjenek létre. Ezeknek a képleteknek az *in vitro* tenyésztésével és a későbbiekben alkalmazott *in vitro* maturációjával rendkívül jelentős mennyiségű érett petesejtre tehetünk szert. Ezek a petesejtek *in vitro* termékenyíthetők és a kifejlődött embriók beültethetők vagy akár fagyasztva tárolhatók. Ezzel lehetőség nyílik a nagy genetikai értékű vagy veszélyeztetett állatok reprodukciós életkorának kiterjesztésére, e mellett a humán medicinában is szerepet kaphat a kemoterápiás kezelések előtti fertilitás megőrzésben. Jelen vizsgálatunk célja olyan *in vitro* tenyésztési rendszer kidolgozása, mely alkalmazható rágcsáló és kutya preantrális follikulák tenyésztésére. További kísérleteink során azt vizsgáltuk, hogy alkalmazható-e tüszők vitrifikációjához az embriók fagyasztására kifejlesztett OPS protokoll, valamint növeli-e a hűtve tárolt follikulák felolvasztás utáni túlélését.

A preantrális tüszőket BDF1 8-12 hetes egerekből izoláltuk, mechanikus szeparálással. A kutya follikulákat ivartalanítási programból származó petefészkekből kollagenázos oldást követően szintén mechanikusan nyertük ki. A morfológiai bírálatot követően a tüszőket speciális méiumban tenyésztettük (Advanced-MEM + 5% FBS + 100 mIU/ml eCG), 20 µl-es cseppekben, olajjal fedve, inkubátorban (36.5 °C, 6.5% CO₂). A tápfolyadék felét minden második nap frissre cseréltük. A tüszők növekedését a 3., 5., 7., 11. napon dokumentáltuk. A kinyert follikulák egy részét embriókra kifejlesztett OPS protokoll szerint fagyasztottuk és tároltuk. Felolvasztást követően a sejtek életképességét az anyagcsere folyamatokon alapuló élő / elhalt, valamint immunfluoreszcens festéssel ellenőriztük.

Sikeresen kialakítottunk egy jól működő protokollt az egér follikulák tenyésztésére, mellyel érett petesejteket hoztunk létre. Az egérről kidolgozott tenyésztő rendszerrel, a kutya follikuláknál szintén növekedést értünk el. Eredményeink alapján elmondható, hogy az embriókra kifejlesztett OPS vitrifikáció hatékonyan alkalmazható a preantrális tüszők fagyasztására és tárolására is, használata magas túlélési arányt biztosít, azonban a megbízható minőségbiárlathoz a felolvasztott tüszők *in vitro* tenyésztése szükséges.

A 134887 számú projekt az Innovációs és Technológiai Minisztérium Nemzeti Kutatási Fejlesztési és Innovációs Alapból nyújtott támogatásával, a FK_20 pályázati program finanszírozásában valósult meg. A TKP2020-NKA-01 számú projekt a Nemzeti Kutatási Fejlesztési és Innovációs Alapból biztosított támogatással, a Tématerületi Kiválósági Program 2020 (2020-4.1.1-TKP2020) pályázati program finanszírozásában valósult meg.

AUTOMATIKUS ÁTHALADÁSI MÉRLEG FEJLESZTÉSE ÉS ALKALMAZÁSA EXTENZÍV SZARVASMARHA-ÁLLOMÁNYBAN

Fodor Bálint^{1*}, Beck Attila¹, Fűrlinger Dóra¹, Maróti-Agóts Ákos¹

Az élősúly az extenzív szarvasmarha-állományoknál, szinte az egyetlen hagyományos paraméter, amivel az állatok teljesítményét egyszerűen, bármikor vizsgálhatjuk. A legújabb mérlegeken az állatoknak nem kell megállnia, elég átsétálniuk a mérőfelületen és egy algoritmus a felterhelési görbe alapján számolja ki az élősúlyt.

Célom az elektromos mérlegek közé tartozó automatikus (walk-over-weighing) “áthaladási” mérleg mérési pontosságának meghatározása volt az extenzív magyar szürke szarvasmarha-állományban. Valamint az, hogy a mérési időket összehasonlítsam a mechanikus, hagyományos digitális és az automatikus áthaladási mérleg esetében az állatokat érő stresszhatás mértékének vizsgálata céljából.

Az apaji és hortobágyi saját-teljesítmény vizsgáló telepen összegyűlt bikákat mérlegeltük az általunk használt automatikus mérleggel, melyet az Emalog Kft. készített. A kontroll mérlegeléseket Apajon egy Test EziWeigh 7i típusú mérlegműszerrel szerelt digitális mérlegen, Hortobágyon pedig egy Metripond típusú mechanikus mérlegen végeztük. A mérési időket mértük.

Apajon 51 mért állatból 13-nak (25,5 %) tudtuk sikeresen meghatározni a súlyát. Az automatikus és a kontrollmérleg által mért értékek között az átlagos eltérés 21 kg volt. Ezek az adatok a mérlegünk kedvezőtlen elhelyezésének tudhatóak be. Az egy állatra jutó mérési és az oltófolyosón való áthajtási idő az áthaladási mérlegen 28 mp, a kontroll-mérlegen 48 mp volt. Hortobágyon 105 állatból 64 sikeres mérést (61 %) végeztünk. A két mérési módszer által kapott élősúlyok között az átlagos eltérés 1,8 kg-volt. Az egy állatra jutó mérési és az áthajtási idő az áthaladási mérlegen 66 mp, a kontroll-mérlegen 76 mp volt.

A kutatás lezárásakor arra következtetésre jutottam, hogy automatikus áthaladási mérleg megfelelő pontosságú az extenzív szarvasmarha állományokban. A mérési sikeresség szempontjából kulcsfontosságú a mérleg megfelelő helyen történő elhelyezése. Az automatikus mérleg esetében az állatokat érő stressz-hatás mérsékeltebb, az állatokat kisebb törésével jár a folyamat.

Ez úton szeretnék köszönetet mondani témavezetőmnek, Dr. Maróti-Agóts Ákosnak. A kutatás az EFOP-3.6.3.-Vekop-16-2017-00005 és a VEKOP-2.3.2-16-2016-00012 pályázat keretében valósulhatott meg.

A TÖRZSKÖNYVI ADATOKBÓL BECSÜLT ÉS A GENETIKAI SZÁRMAZÁSELLENŐRZÉSI VIZSGÁLATOK EREDMÉNYEIBŐL SZÁMÍTOTT BELTENYÉSZTÉSI MÉRŐSZÁMOK A KUVASZ FAJTÁBAN

Kiss Daniella¹, Maróti-Agóts Ákos^{1*}

Őshonos kutyafajtánk, a kuvasz a magyar pásztorkutyák legősibb típusához tartozik. Legkorábbi írásos említése a XV. századból maradt ránk. Napjainkban a fajtatiszta kutyatenyésztés komoly állatjóléti és állategészségügyi problémákkal szembesül a beltenyésztés miatt növekedő homozigotizáció okozta genetikai betegségek miatt. A 150 éves fajtatiszta kutyatenyésztés úgy tűnik, hogy most ért el ahhoz a ponthoz, amikor a folyamatosan fogyatkozó genetikai diverzitás már nem képes ellensúlyozni a beltenyésztés káros hatásait.

Ez standard adó országszerte az őshonos kutyafajtáink esetében fokozottan a hazai fajtaklubok felelőssége. Ezt felismerve a [Magyar Kuvasz Fajtagondozó Egyesület](#) és az Állattenyésztési és Genetikai tanszék együttműködésével a MEOESZ és Hungarikum pályázat segítségével létrehozták a fedeztetés online, azaz FEDO.HU rendszert. Ezzel a szabadon hozzáférhető, törzskönyvi adatokra alapozott internetes rendszerrel a tenyésztők kiszámolhatják a tervezett párosításokból születendő kölykök BTE értékeit, amit a teljes élő állomány aktuális átlagos BTE értékével együtt mutat meg a FEDO.

A FEDO rendszer számította, az állományra vonatkozó pontos BTE értékek felvetették azt a kérdést, hogy a NÉBIH származásellenőrzési laborjában az őshonos fajtáknak végzett származásellenőrzési STR vizsgálatok eredménye hogyan viszonyul a számított eredményekhez.

Dolgozatomban a törzskönyvi adatok alapján számított és a molekuláris genetikai mikroszatellit genotipizálási vizsgálatokkal megfigyelt beltenyésztésre vonatkozó mérőszámokat hasonlítottam össze.

A FEDO rendszer BTE számítási algoritmusát a 7. generációig veszi tekintetbe a rokonsági kapcsolatokat, tekintettel a számítási idő optimalizálására. Összesen 7713 kuvasz törzskönyvi adatát dolgoztuk fel az első bejegyzés 1987-ből található. 517 alapítóegyedet, találtunk, ennek ismeretével lehetséges az egyes vonalak összehasonlítása, mellyel a genetikai diverzitás, illetve a homozigotizáció jelenléte is detektálható.

A molekuláris vizsgálatokhoz 768 egyed STR vizsgálati eredményeit használtuk. A genetikai sokszínűséget az STR vizsgálatok eredményeiből a PIC in STR vizsgálatok alapján a H_O , H_E és a F_{IS} értékeket határoztuk meg.

Eredményeink alapján a laborvizsgálatok eredményiből, hasonlóan a törzskönyvi adatokból számított mérőszámok alacsony beltenyésztettségre utalnak.

Őshonos fajtánk genetikai sokszínűségét meg kell őriznünk, azaz a fedeztetéseket nem csak a rövidtávon remélt küllemi tulajdonságok alapján, de kutyáink jövőbeni egészségére is tekintettel kell terveznünk! Erre úgy tűnik a FEDO.HU első használati statisztikái alapján, hogy a kuvasz tenyésztők nyitottak!

IGAZSÁGÜGYI CÉLÚ MOLEKULÁRIS GENETIKAI VIZSGÁLATOK A KUTYÁK ÉS FARKASOK ELKÜLÖNÍTÉSÉRE POLIMORF MARKEREK ALAPJÁN

Szives András^{1*}, Zorkóczy Orsolya¹, Lehotzky Pál², Gáspárdy András¹, Zenke Petra¹

Több évtizednyi távollét után a szürke farkas (*Canis lupus* L., 1758) a 21. század elején rekolonizálni kezdte egykori területeit az Aggteleki és a Bükk Nemzeti Parkban. Európában az erős emberi jelenlét miatt a farkasok kénytelenek nagy területeken osztozni az emberekkel, ami konfliktusokhoz vezet. Farkas oldalról ez a háziállat állományok megtizedelésében, emberi oldalról pedig a farkasok elleni illegális vadászatban és a termékeikkel való kereskedelemben mutatkozik meg. Az ilyen és ehhez hasonló (bűn)cselekményeknél vizsgált kérdés, hogy az elkövető/áldozat farkas vagy kutya, esetleg hibrid. Erre a kérdésre évtizedek óta számos genetikai kutatás próbál választ adni.

Jelen kutatásunkban azt vizsgáljuk, hogy igazságügyi alkalmazás szempontjából mely genetikai módszerek a legalkalmasabbak farkasok, kutyák, illetve hibridjeik egymástól való elkülönítésére megbízható módon.

A vizsgálatokhoz összesen 35 darab farkastól, kutya-farkas hibridtől, illetve csehszlovák farkaskutyától származó (szőr, bőr, ürülék, nyál, tisztított DNS) mintát gyűjtöttünk/kaptunk. Az összehasonlító kutya adatbázis kialakításához magyarországi kutyáktól származó tisztított DNS mintákat használtunk. Vizsgálatainkhoz a DNS kivonás után egyaránt alkalmaztunk uniparentális (mitochondriális kontroll régió, Y-kromoszómás mikroszatellita ill. SRY) és biparentális (autoszómás mikroszatellita) markereket, melyeket PCR technikával sokszorosítottunk. A kontroll régió szekvencia analízissel kapott pontmutációs mintázata alapján meghatároztuk a kérdéses kutya és farkas egyedek haplotípusát, majd a PopART programmal analizáltuk az eredményeket. A multiplex formában, fluoreszcensen jelölt primerekkel sokszorosított mikroszatellita markereket kapilláris elektroforézissel detektáltuk. A kimutatott allélekből felállított genetikai profilokat a Structure 2.3.4 programmal bayesi csoportosítással analizáltuk.

A vizsgált farkas és kutyamintákból sikerült a mitochondriális kontroll régió alapján a haplotípust meghatározni, és nem találtunk azonos pontmutációs mintázatot kutyák és farkasok között. A kimutatott mikroszatellita alléleloszlások alapján szintén különbség mutatkozott a farkas- és kutyaállományok között.

Összességében eddigi eredményeink is alátámasztják annak lehetőségét, hogy nagyszámú genetikai marker párhuzamos vizsgálatával – melyek megfelelnek az igazságügyi célú alkalmazás kritériumrendszerének –, kellő statisztikai valószínűséggel alátámasztható egy kérdéses eredetű minta alfaj szintű besorolása.

Köszönjük a mintákat biztosító intézményeknek (Budakeszi Vadaspark, Miskolci Állatkert és Kultúrpark, Magyar Természettudományi Múzeum, Bécsi Állatorvostudományi Egyetem) és dolgozóinak önzetlen segítségnyújtásukat, illetve a kutyaminták szekvenálásának finanszírozását, amely „Az Európai Unió támogatásával, az Európai Regionális Fejlesztési Alap (ERFA) társfinanszírozásával valósult meg (a támogatási szerződés száma: VEKOP-2.3.2.-16-2016-00012, címe: A Kárpát-medencei őshonos haszonállatfajok, -fajták és -ökotípusok XXI. századi génbanki stratégiájának tudományos megalapozása és fejlesztése)”.

FORENZIKUS CÉLÚ GENETIKAI MARKERKÉSZLET FEJLESZTÉSE A MAGYARORSZÁGI DÁMSZARVASOKRA

Zorkóczy Orsolya Krisztina*, Lehotzky Pál, Zenke Petra

Az európai dámszarvas (*Dama dama*) eredetével és betelepülésének időpontjával több évtizede foglalkoznak kutatások. A legtöbben egyetértenek abban, hogy az észak- és közép-európai területekre a jégkorszak utáni természetes visszatelepülés nem történt meg, és ezen populációk megjelenése emberi beavatkozásnak köszönhető. Először a 17-dik században tettek említést nagyobb számú dámszarvasról Magyarországon Gyulaj környékén. A térség a vadászok által mai napig kedvelt, a C.I.C (International Council For Game & Wildlife Conservation) ranglista első 50 trófeájából 60% innen került ki.

Az ilyen értékes trófeával rendelkező vadállatok vadászata során többször fordulnak elő visszaélések. Ilyen esetek például, mikor a bírálatra kerülő tetemek vagy trófeák nem a megjelölt időpontban vagy helyen kerülnek terítékre, nem egyezik meg az ivar a megnevezett egyedével, vagy egy illegálisan elejtett állat maradványainak azonosítása szükséges. Ezek utólagos ellenőrzése és a bemutatott, krotáliával ellátott, zsigerelt tetemekhez, vagy feltételezett orvvadászhoz kapcsolása hagyományos módszerekkel – a hatósági vizsgálódás során is – csak vitatható módon és megkérdőjelezhető eredménnyel történik. Ezek mellett az állomány beltenyésztési fokáról – amire a kis alapító populáció és a diverzifikációhoz viszonylag kevés eltelt idő miatt komoly esély lehet – és ezáltal például fertőző betegségeknek vagy a káros mutációk felszaporodásának való kitétségéről is fontos lenne információval rendelkezni kezelési, esetleg betelepítési tervek kidolgozásához az állományjavítás céljából. Ezekben az esetekben segíthetnek a genetikai vizsgálatok. Célunk egy erre alkalmas, igazságügyi felhasználás igényeinek is megfelelően validált markerszett fejlesztése.

Ehhez először új, tetramer szerkezetű mikroszatellitákat választottunk ki az irodalomban az adott vagy rokonfajra létező markerek alapján, majd szükség esetén saját primereket terveztünk, illetve módosítottuk (rövidítettük) a kimutatandó szakasz hosszát. Eddig 18 korábbi irodalomból vett és 13 saját tervezésű mikroszatellita marker tesztelését végeztük el. Itt első körben azt néztük, hogy az adott primer párral keletkezik-e termék. Ezt követően ennek a terméknek a specifikusságát vizsgáltuk. Ahol különféle hőmérsékleti beállításokkal sem tudtuk a nagyszámú melléktermék képződését kikérülni, vagy ahol a keletkezett termék a szekvenálást követően nem mutatott a mikroszatellitákra jellemző ismétlődő mintázatot, ott az adott markert kivontuk a további vizsgálatokból. Azokból a mikroszatellitákból, amik megfelelőnek bizonyultak, multiplexeket állítottunk össze a polimorfizmus felmérésére. A főként három populációból származó mintákon (n=45) való tesztelést követően négy mikroszatellita marker bizonyult eddig polimorfnek, ami további markerek keresését és tesztelését indokolja.

Kutatási finanszírozás: **KEDH106310** (PhD hallgatók kutatási célú dologi kiadásainak támogatása); (kötelezettségvállalás száma: 1300000120)