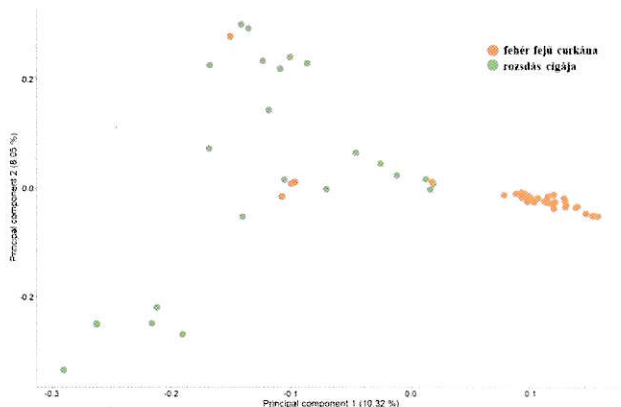
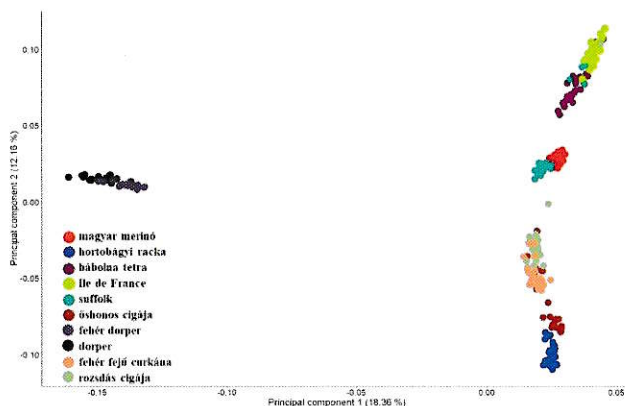




amit vártunk. Tehát a két trópusi éghajlati övön kialakult, nálunk még nem régen tenyésztett, dorper és fehér dorper teljesen elkülönül a többi fajtától. Míg a Kárpát medencében régóta jelenlevő fajták (az őshonos cigája, a hortobágyi racka, a rozsás cigája és a curkána) egy csoportot kialakítva különülnek el a többi vizsgálatba bevont de régiókban nem őshonos fajtától, melyek az ile de france, a magyar merino, a suffolk és a bábolna tetra voltak.



Eredményeink alapján elmondhatjuk, hogy a vizsgált fajták tenyésztési programjában továbbra is célul kell kitűzni a genetikai diverzitás fenntartását. Igazoltuk a fajták eredetét is, valamint azok egymáshoz való viszonyát. A SMARTER projekt keretében végzett vizsgálatsorozatban sikerült megállapítanunk számos fajta esetében a jelenlegi geneti-

kai sokféleségi szinteket. Ezeket azonban folyamatosan monitorozni, újra és újra ellenőrizni szükséges. Így néhány évente majd újra el kell végezni hasonló vizsgálatokat, hogy a tenyésztési munka hatékonyságát nyomon kövessük, az esetleges változásokat észleljük és szükség esetén a tenyésztés eszközeivel korrigáljuk, annak érdekében, hogy az elődeinktől örökölt genetikai vagyont megőrizzük.

Bízunk benne, hogy a jövőben lesz még lehetőségünk hasonló projektek keretében tovább építeni az itt elkezdetteket. Ez minden szereplő érdekét szolgálja.



Smarter
SMAII RuminanTs breeding for Efficiency and Resilience



Ez a projekt az Európai Unió Horizont 2020 kutatási és innovációs programjából kapott finanszírozást a 772787. sz. támogatási megállapodás (SMARTER) keretében.

A SMARTER PROJEKT MAGYAR EREDMÉNYEI

Talán már közhely és sokan unják, hogy a klímaváltozás milyen súlyos meteorológiai, biológiai, és ezek által társadalmi hatásokkal fenyeget. Számunkra, akik a mezőgazdaságban dolgozunk, ez azonban a mindennapok rideg valósága. Egyre romló környezeti és termelési feltételek mellett kell az egyre növekvő emberi népesség biztonságos ételmezését biztosítanunk, úgy, hogy közben fenntartható módon gazdálkodunk erőforrásaikkal és megőrizzük a biológiai sokféleséget és a mezőgazdasághoz kapcsolódó kulturális értékeket is. Az élővilág sokszínűségének megőrzése, valamint a változó környezethez sikeresen alkalmazkodó növény és állatfajok, illetve haszonállat fajták jobb megismerése csak a tudomány eszközeivel érhető el. Mivel az állatállomány genetikai sokféleségének fenntartása a jelen és a jövő egyik kulcskérdése, így a gazdálkodóknak az állattenyésztésben is érdemes a tudományos eredményeket felhasználniuk munkájuk során.

A különböző fajok és fajták genetikai összetétele, szerkezetük és a helyi környezeti viszonyokra adott válaszaik még kevésbé ismertek, pedig olyan genetikai variánsokat tartalmazhatnak melyek a megváltozó környezeti feltételekhez, illetve betegségekhez való alkalmazkodás szempontjából értékesek lehetnek. Ezért olyan fontos számunkra az őshonos fajták védelme és adaptációs tulajdonságuk vizsgálata, melyhez többek között genomikai és bioinformatikai módszereket alkalmazunk.

Közép- és Dél-Európa, azon belül is a Kárpát-medence kiemelten értékes területnek számít a genetikai sokféleség szempontjából. A kontinens szívében elhelyezkedő medencén keresztül a szomszédos régiók intenzív gazdasági, kereskedelmi (és alkalmanként politikai) kapcsolatban álltak és állnak egymással évszázadok óta, így a háziasított állatfajok elterjedése, illetve sokféleségének

kialakulása tekintetében is komoly hatást gyakoroltak egymásra. Fontos azt is megemlíteni, hogy e térség a nedves óceáni, a száraz kontinentális és a mediterrán éghajlati régiók határán helyezkedik el, így az éghajlati övek már kisebb eltolódása is oda vezethet, hogy országunk és annak közvetlen földrajzi környezete átcsúszhat a három régió valamelyikének domináns hatása alá, ami alapjaiban borítaná fel a régió ökológiai egyensúlyát, és súlyos csapást mérne a mezőgazdaságra is.

Ennek az imént említett gazdag örökségnek azonban csak elenyésző százalékát sikerült mindeddig vizsgálat tárgyává tenni a genetikai sokféleség szempontjából. Mivel a populációs szinten folytatott vizsgálatok elterjedésével egyre szorosabbá vált a kapcsolat az evolúciobiológia és az ökológia között is, természetesen kiszélesedett a megválaszolandó kérdések köre is. A kutyáknak van tehát feladata bőven. Lássuk mi, milyen elemekkel tudunk hozzájárulni ehhez a nagy kirakóshoz.

A SMARTER projekt keretében lehetőségünk volt magyar, illetve azokhoz kötődő –ma Romániában élő– juhajtók genetikai sokféleségének vizsgálatára, korszerű, nagy elemezhető információtömeget biztosító, úgynevezett SNP chipek felhasználásával. A vizsgálatunkban szereplő fajták nagy részét korábban nem kutatták ilyen eszközökkel, így a projektől sok új és hasznos eredményt vártunk, ami a tudományos közösséget és a juhtenyésztőket is gazdagíthatja.

Az itt látható juhajtók összesen 260 egyedet vettek be a vizsgálatokba. Az elemzések során az úgynevezett beltenyésztési együttható értékeit is meghatároztuk a fajták vizsgált populációinak, mely értékek azt jelezték, hogy egyes fajták, például a dorper, a fehér dorper esetén tartani kell a beltenyésztéses leromlástól, míg az őshonos cigája, suffolk, hortobágyi racka beltenyésztési szintjét közepes szintűnek tekinthetjük.

A fajták genetikai szerkezetének vizsgálata azt mutatta, hogy az összes megfigyelt genetikai eltérés nagyobb része a fajták génállományán belülről származik, és sokkal kevesebb különbözőség volt olyan, amit kizárólag csak az határozott meg, hogy melyik fajtába tartozik a vizsgált állat. Ez az eredmény rámutat, hogy nagy lehetőségei vannak a fajtákon és populációkon belüli szelekcióra a tenyésztőknek.

A filogenetikai, tehát a fajták vagy populációk leszármazási kapcsolatainak vizsgálata során struktúráltságot találtunk, ami statisztikailag is alátámasztható. Magyarul, a fajták többsége jól elkülöníthető volt, nem jellemezte őket genetikai keveredés.

A főkomponens-analízissel végzett klaszterezés, ami szintén a genetikai jellemzők alapján való csoportosításra szolgáló statisztikai eljárás, azt mutatta,

