

MAGYAR ÁLLATORVOSOK LAPJA

Hungarian Veterinary Journal
Vol. 144. No. 4. – Budapest, April 2022.
Established by Prof. B. Nádaskay, 1878

Fragmentumképződés ló hátulsó csüdizületében

LÓ

Az osteochondralis ízületi fragmentumok ízfelszín károsító hatása lovakban

ÁLLATTENYÉSZTÉS

Az alföldi suta racka juh mint genetikai zárványfajta filogenetikai hátterének és haplotípus-diverzitásának feltárása a kontrollrégió alapján

ÁLLATVÉDELEM

A kutyaválasztás szempontjai és a felelős állattartás a COVID-19-világjárvány idején

GENETIKA

Kutya, vagy farkas?
Igazságügyi célú molekuláris genetikai vizsgálatok a két taxon fajon belüli elkülönítésére

BESZÁMOLÓ

MASETA Ősz – Az antibiotikumhasználat rögös útján

IN MEMORIAM

Dr. Hajós Ferenc (1936–2022)

KÖNYVISMERTETÉS

Dr. Zöldág László: A kutya örökletes hátterű betegségei



Foresto®

„JÁTÉKRA FEL”

7-8
HÓNAP
VÉDETTSÉG



Játékra fel akár 7-8 hónapon át tartó védettséggel bolhák és kullancsok ellen

hatékony, praktikus, hosszan tartó
kedvencemenes.elanco.com



Az adatok megfelelnek a termék tulajdonságainak összefoglalójában (SPC) leírtaknak.
Foresto 1,25 g + 0,56 g nyakörv macskáknak és kutyáknak ≤ 8 kg A.U.V. **Hatóanyagok:** a 38 cm-es nyakörv (12,5 g) tartalmaz: 1,25 g imidakloprid és 0,56 g flumetrin
Foresto 4,50 + 2,03 g nyakörv kutyáknak > 8 kg A.U.V. **Hatóanyagok:** a 70 cm-es nyakörv (45 g) tartalmaz: 4,5 g imidakloprid és 2,03 g flumetrin
Alkalmazás előtt, illetve további információért olvassa el a használati utasítást, vagy kérdezze az Elanco Hungary Kft. képviselőjét:
Tel: +36 80 201 399, e-mail: allatgyogyszer@elancoah.com
A Foresto, az Elanco és az átlós sáv védjegyek, melyek az Elanco vagy leányvállalatainak birtokában vannak.
A Bayer és a Bayer kereszt a Bayer védjegye. ©2022 Elanco. PM-HU-21-0268



LÓ / EQUINE

- 195.** Palotás M., Izing S., Bodó G.: Az osteochondralis ízületi fragmentumok ízfelszín károsító hatása lovakban, artroszkópos műtéti dokumentációk alapján
M. Palotás, S. Izing, G. Bodó: Arthroscopic description of articular cartilage defects associated with the presence of osteochondral fragments in the fetlock joints of horses

ÁLLATTENYÉSZTÉS / ANIMAL BREEDING

- 213.** Gáspárdy A., Csurgay K., Harmat L., Mayer T., Zenke P., Barna M., Sáfár L., Maróti-Agóts Á.: Az alföldi suta racka juh mint genetikai zárványfajta filogenetikai hátterének és haplotípus-diverzitásának feltárása a kontrollrégió alapján
A. Gáspárdy, K. Csurgay, L. Harmat, T. Mayer, P. Zenke, M. Barna, L. Sáfár, Á. Maróti-Agóts: Exploration of the phylogenetic background and haplotype diversity of the Lowland Polled Racka sheep as a genetic inclusion breed based on the control region

ÁLLATVÉDELEM / ANIMAL PROTECTION

- 223.** Tóth Sz., Vetter Sz., Ózsvári L., Sajtos V.: A kutyaválasztás szempontjai és a felelős állattartás a COVID-19- világvárvány idején: felmérés leendő kutyatartók és állatvédelemmel foglalkozó civil szervezetek körében
Sz. Tóth, Sz. Vetter, L. Ózsvári, V. Sajtos: Dog selection and responsible animal keeping during the COVID-19 pandemic: survey among future owners and animal welfare NGOs

GENETIKA / GENETICS

- 233.** Szives A., Zorkóczy O., Lehotzky P., Somogyi N., Gáspárdy A., Zenke P.: Kutya, vagy farkas? Igazságügyi célú molekuláris genetikai vizsgálatok a két taxon fajon belüli elkülönítésére
A. Szives, O. Zorkóczy, P. Lehotzky, N. Somogyi, A. Gáspárdy, P. Zenke: Molecular genetic studies to distinguish dogs and wolves for forensic purposes

BESZÁMOLÓ

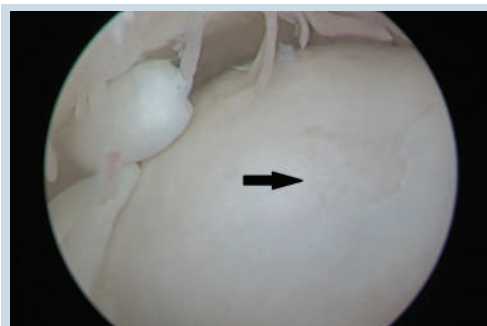
- 248.** Beszámoló a „MASETA Ősz – Az antibiotikumhasználat rögös útján” címmel megtartott sertés egészségügyi szakmai konferenciáról – 2021. november 4.

IN MEMORIAM

- 252.** Dr. Hajós Ferenc (1936–2022)

KÖNYVISMERTETÉS

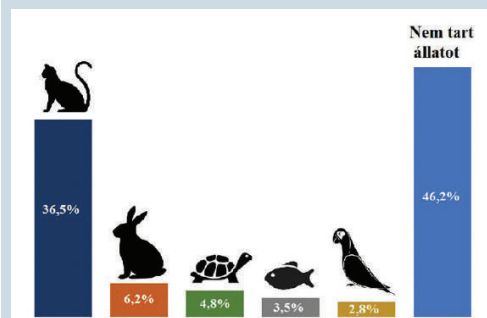
- 254.** Dr. Zöldág László: A kutya örökletes hátterű betegségei



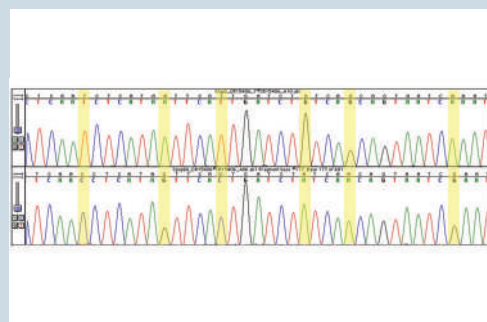
204. A csüdizület felszínének eróziója lóban



215. Alföldi suta racka juhok



226. Leendő kutyatartók meglévő háziállatai



241. Kutya- és farkasminták genotipizálása

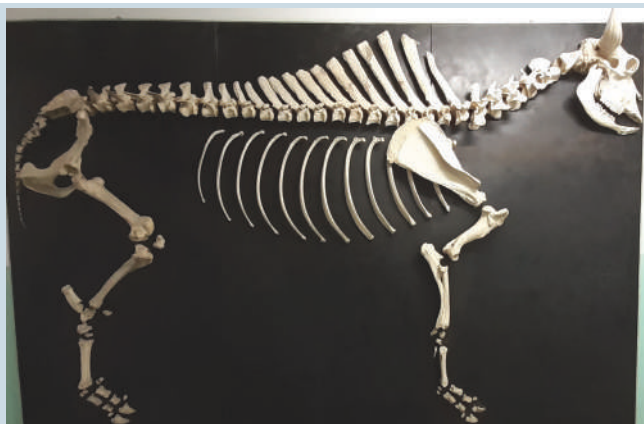
A folyóiratot indexeli és referálja/The journal is indexed and abstracted by: CAB Abstracts (CABI), Science Citation Index Expanded, Zoological Record, BIOSIS previews (Thomson Reuters), Scopus (Elsevier).

Tartalom/Contents: Current Contents – Agriculture, Biology & Environmental Sciences (Thomson Reuters)

Ingyenes mutatószám kérhető a főszerkesztőtől/Free sample copies are available from the editor-in-chief: H-1078 Budapest, István utca 2. Hungary

Megrendelhető a fenti címen a szerkesztőségtől/ Subscription orders to the Editorial Office (address above)

*** Internet address
 (English contents pages, subscription price, etc.)
<http://www.univet.hu/mal>



Böleyncsontváz

Száz évvel ezelőtt kongatták meg a vészharangot az európai böleynyekért. Az első világháború ugyanis tönkretette az Európában helyenként szabadon élő állományukat: mindössze 54 példány maradt életben. Hazánkban már a középkor végére kipusztították a honfoglalás óta egyre inkább az erdőbe szoruló állatokat utolsó menedékhelyéből, Erdélyből is. RAITSITS EMIL, akkoriban az állatkert állatorvosa, lelkesen fogadta a Hagenbeck Állatkert tudományos vezetője, Ludwig Zukowsky 1922-es felhívását. Úgy vélte, hogy a budapesti állatkert három tehénből és két bikából álló kis csordája megfelelő alapot nyújt a tenyésztésre, és hozzájárulhat a faj megmentéséhez. A következő évben megvalósult az az elképzelése is, hogy szűkös állatkerti kifutójukból a böleynyek természetes körülmények közé, a visegrádi királyi vadászterület legvadregényesebb vidékére kerüljenek. A befogás során az egyik tehén hirtelen összeesett és elpusztult, de a csorda négy tagja birtokba vette új otthonát. (Sajnos az ott töltött nyolc év alatt nem szaporodtak, ezért a megmaradt három példány visszakerült az állatkertbe, ahol viszont 1938-ig két utód született.)

1927-ben Budapesten rendezték meg az addigra 420 tagot számláló Nemzetközi Böleynvédelmi Társaság IV. kongresszusát, amelyen a szervező RAITSITS mellett KOTLÁN SÁNDOR is előadást tartott a böleynyek parazitás betegségei elleni védekezéséről. ZIMMERMANN ÁGOSTON a Királyi Magyar Természettudományi Társulatot képviselte. A résztvevők meglátogatták a visegrádi böleynparkot is. Ekkor már Német- és Svédországban is létesítettek hasonlókat.

Ha valaki napjainkban természetes élőhelyén szeretné megfigyelni ezeket a méltóságos óriásokat, a lengyel-belarusz határon átnyúló Białowieża Nemzeti Parkba kell ellátogatnia. Az egykori cári vadászterületen az első világháború előtt kb. 700 védelmet és gondoskodást élvező böleyn élt szabadon, amelyek egytől egyig áldozatul estek a harcoló katonáknak. Az utolsó vadon élő példányt 1919-ben ejthették el.

A böleynyek tudatos tenyésztése Białowiezában – állatkerti körülmények között – már 1929-ben megkezdődött, részben más alfajok bevonásával. A második világháborút szerencsésen túlélte a meglévő 17 példány, és sikerült az európai böleyn tiszta vérvonalát tovább vinni. 1952 óta ismét szabadon élnek az állatok. Ma a 2500 egyedre becsült, vadon élő európai böleynállományból bő 700 él a Białowieża-erdőben. Talán innét származik a lublini állatorvosi fakultás nagy boncterméhez vezető folyosót díszítő hatalmas európaiböleyn-csontváz is.

Orbán Éva

FŐSZERKESZTŐ / EDITOR-IN-CHIEF

Dr. BALKÁ Gyula

SZERKESZTŐBIZOTTSÁG / EDITORIAL BOARD

Dr. Abonyi Tamás
 Dr. Balka Gyula (elnök), Dr. Bándy Pál
 Dr. Bíró Ferenc, Dr. Bodó Gábor
 Dr. Búza László, Dr. Dunay Miklós Pál
 Dr. Farkas Róbert, Dr. Fekete Sándor György
 Dr. Fodor László, Dr. Gál János
 Dr. Gálfi Péter, Dr. Gönczi Gábor
 Dr. Jakab Csaba, Dr. Jerzsele Ákos
 Dr. Korzenszky Emőd, Dr. Laczay Péter
 Dr. Magyar Tibor, Dr. Manczur Ferenc
 Dr. Molnár Viktor, Dr. Nagy Béla
 Dr. Nemes Imre, Dr. Németh Tibor
 Dr. Ózsvári László, †Dr. Sályi Gábor
 Dr. Seregi János, Dr. Solti László
 Dr. Sótonyi Péter, Dr. Szieberth István
 Dr. Tóth Balázs, †Dr. Tuboly Tamás
 Dr. Varga János, †Dr. Vetési Ferenc
 Dr. Visnyei László, Dr. Vörös Károly

SZERKESZTŐSÉGI TITKÁR

Tóth Zsuzsanna

SZERKESZTŐSÉG / EDITORIAL OFFICE

H-1078 Budapest, István u. 2. Hungary
 Levélcím: 1400 Budapest 7. Pf. 2.
 Telefon/fax: (36-1) 341-3023
 Internet: <http://www.univet.hu/mal>
 E-mail: mal@univet.hu

KIADÓ / PUBLISHER

Herman Ottó Intézet Nonprofit Kft.
 H-1223 Budapest, Park u. 2.
 Telefon: (36-1) 362-8100
 Telefax: (36-1) 362-8104
 Internet: www.agrarlapok.hu
 E-mail: info@agrarlapok.hu
 Felelős kiadó: Bozzay Péter ügyvezető

HIRDETÉSEK FELVÉTELE

Telefon: (36-70) 232-4231, (36-1) 362-8100
 Telefax: (36-1) 470-0410
 E-mail: info@agrarlapok.hu

Minden jog fenntartva. A lapból értesítéseket átvenni csak a Magyar Állatorvosok Lapjára való hivatkozással lehet. A hirdetések és egyéb reklámkiadványok tartalmáért a kiadó felelősséget nem vállal.

LAPTERV

made by zwoelf – www.zwoelf.hu

TERVEZŐSZERKESZTŐ

Markovics Réka

NYOMÁS

Zemplén-Vektor Kft.
 3900 Szerencs, Csalogány köz 5.

INDEX: 25531
 HU ISSN 0025-004X

LAPTULAJDONOS



KIADÓ



Arthroscopic description
of articular cartilage
defects associated with the
presence of osteochondral
fragments in the fetlock
joints of horses

M. Palotás*
S. Izing
G. Bodó

Állatorvostudományi Egyetem,
Lógyógyászati Tanszék és Klinika
H-2225 Üllő, Dóra major

*e-mail: palotas.mark@univet.hu

Az osteochondralis ízületi fragmentumok ízfelszín károsító hatása lovakban, artroszkópos műtéti dokumentációk alapján

Palotás Márk*, Izing Simon, Bodó Gábor

ÖSSZEFOGLALÁS

Az osteochondralis fragmentumok artroszkópos műtét során történő eltávolítása rendszeresen végzett beavatkozás a ló klinikákon. Vizsgálatukban a szerzők 2018 és 2020 között, csüdízületi artroszkópos műtéten átesett lovak videófelvevételeinek segítségével kívánták elemezni a fragmentumok ízfelszínre gyakorolt hatását. 22 ízületben írták le az ízfelszíneken megfigyelhető porclelváltozások elhelyezkedését, makroszkópos megjelenését és meghatározták súlyosságukat. Az eredményeket összehasonlították a lovak preoperatív állapotával (ízületi effúzió, sántaság). Negatív kontrollként fragmentumokat nem tartalmazó, kadaver-csüdízületek artroszkópos vizsgálatára is sor került.

SUMMARY

Background: Osteochondral fragments (OCFs) are frequently identified at specific predilection sites in equine joints. Arthroscopic fragment removal is the recommended treatment for most of these cases. There is however limited information available on cartilage lesions secondary to OCFs and on their impact on the soundness and athletic career of horses.

Objectives: The aim of the current study was to evaluate the location, type and severity of articular cartilage lesions secondary to OCFs, by analysing arthroscopic videos and comparing these data to findings of preoperative lameness and radiographic examinations.

Materials and Methods: Arthroscopic videos of twenty-two fetlock joints were included in the study. The location and type of cartilage lesions secondary to OCFs were described, and their severity classified using the International Cartilage Repair Society (ICRS) scoring system. Preoperative presence of lameness and joint effusion was recorded and compared to the arthroscopic findings in two age groups. The severity of secondary articular cartilage lesions was also compared to findings obtained from ten cadaver joints, which were not affected with osteochondral fragmentation.

Results and Discussion: Twenty of twenty-two joints had secondary articular cartilage injuries. The most common types of lesions were wear lines (14/22) and erosions (10/22). The severity (ICRS score) of lesions was significantly ($p = 0.03$) higher in horses older than 4 years of age. All horses with fetlock joint effusion (9/22) had an ICRS score of 2 or greater. Similarly, the ICRS score of 4/5 horses diagnosed with concurrent lameness was at least 3.

In conclusion, our finding suggest that OCFs of the metacarpo(metatarso)phalangeal joints are often associated with the presence of mild to severe secondary cartilage lesions.

A fiatal, fejlődésben lévő lovak csontvázrendszerét és ízületeit érintő elváltozások széleskörű vizsgálata az utóbbi 30 év egyik legfontosabb témája volt az állatorvoslásban. A csikók későbbi, versenysportban mutatott teljesítményét befolyásoló ortopédiai betegségek legnagyobb része a végtagok csontjainak epifízisét, ill. metafízisét érinti. Ezen rendellenességek összefoglaló elnevezéseként 1986-ban MCLLWRAITH bevezette a „Developmental Orthopedic Disease” (DOD) fogalmát. A DOD magába foglalja az ízületi porcot és a subchondralis csontszövetet érintő, úgynevezett osteochondralis elváltozásokat, a végtagcsontok növekedési zónáját érintő gyulladásokat (physisitis), ill. az inak lazaságából vagy a hajlítóizmok kontrakciójából eredő végtag deformitásokat egyaránt [1].

Lovakban a fejlődésben lévő ízületeket érintő elváltozások gyakori formája az osteochondrosis

Az OC az enchondralis csontosodás helyi zavarának az eredménye

Az OC-t befolyásoló gének különböző fajtákban igen eltérőek lehetnek és különböző szomatikus kromoszómákon fordulnak elő

A fejlődésben lévő ízületeket érintő elváltozások gyakori formája az osteochondrosis (OC), amely lovakban jellemző anatómiai helyeződéssel jelentkezik, legfőképp a femoropatellaris, a tarsocruralis és a csüdi ízületben [2]. A betegség kórfejlődése a mai napig nem egyértelműen tisztázott. A jelenleg széles körben elfogadott szemlélet alapján az osteochondrosis az enchondralis csontosodás helyi zavarának eredménye, amely egy adott ízületi porc felszín fejlődése közben alakul ki [3].

Ezt a csontosodási zavart számos tényező alakítja ki, így egy multifaktoriális eredetű kórképről beszélünk [4]. A folyamat fontos bevezető tényezője a csikók ízületeit érő biomechanikai terhelés. A biomechanikai hatások korai, ill. késői szakaszban is befolyásolhatják a léziók kialakulását. A korai fázisban hatással lehetnek az újszülött állat ízületeiben az epifízisporc vérellátására, amelynek sérülése az enchondralis csontosodás folyamatának zavarához vezethet. Később egy meglévő, helyi csontosodási zavar esetén akár normális terhelési viszonyok is hozzájárulhatnak porcos, csontos-porcos fragmentumok kialakulásához és az ízfelszínről történő leválásához [3]. Több tanulmány foglalkozott a csikók kontrollált mozgatásának és az OC-s elváltozások előfordulási gyakoriságának összefüggésével. Megfigyelhető volt, hogy a hosszabb ideig trenírozott csikók tarsocruralis ízületeiben kevesebb OC-lézió alakult ki, mint boxban tartott, vagy rövidebb ideig trenírozott társaiknál. Megemlítendő azonban, hogy az edzésbe vett csikók femoropatellaris ízületeiben nagy számban találtak a femur trochleájának lateralis taraját érintő elváltozásokat, amelyek a boxban tartott csoportra nem voltak jellemzőek. Ezt a leletet kifejezetten a rendszeres mozgásból adódó, a patella által a lateralis trochleára gyakorolt terheléssel magyarázták. Összességében arra következtettek, hogy a csikók mozgatásának nem elsődlegesen az osteochondrosis kialakulásában van etiológiai szerepe, hanem a más faktorok eredményeként kialakult elváltozások végső megjelenési formájára van hatással az egyes predilekciós helyeken [5, 6].

A tenyészállatok eredményesebb szelekciója érdekében számos kutatás foglalkozott az osteochondrosis örökölhetőségével és olyan lókusok keresésével a lovak genomjában, amelyek befolyásolhatják a betegség kialakulását. A legnagyobb mértékű örökölhetőséget a csánkízületben talált elváltozásokkal kapcsolatban sikerült kimutatni. Ez az érték (h^2) francia ügetőkben 0,19 és 0,45 között változott [7, 8]. Holland melegvérű lovakban 0,26 és 0,36 közötti eredmények születtek [9]. A lovak teljes genomjának megismerése óta több tanulmány is foglalkozott olyan mennyiségi tulajdonságokat meghatározó génhelyekkel (quantitative trait loci, QTL), amelyek hatással lehetnek az OC elváltozások kialakulására. A fenotípusosan (radiológiai) elváltozást mutató lovak genetikai állományában egy nukleotidot érintő polimorfizmusok (single nucleotide polymorphism, SNP) alapján keresték a gyakran előforduló QTL-eket. Az eddigi eredmények arra engednek következtetni, hogy az OC-t befolyásoló gének különböző fajtákban igen eltérőek lehetnek, és különböző szomatikus kromoszómákon fordulnak elő [10, 11].

A különböző okok tehát hozzájárulnak egy OC-elváltozás kialakulásához, a legfontosabb tényező azonban a jelenleg elfogadott álláspont szerint az epifízisporc

Az OC hátterében az epifízisporc csatornáinak záródása és a bennük található tápláló erek regressziója áll

csatornáinak záródása és a bennük található tápláló erek regressziója, ami a vérellátás elégtelensége miatt az enchondralis csontosodás folyamatának zavarához vezet. Egyes vélemények szerint a vérellátás szempontjából az a periódus a legérzékenyebb, amikor a növekedési zóna táplálását a csontosodási front felől érkező arteriolák veszik át a perichondrium irányából belépő arterioláktól [12].

A helyileg meggyengült, ill. rossz tápanyagellátású ízületi porcban, valamint az alatta fekvő subchondralis csontban az idő előrehaladtával az adott területet érő erőhatások függvényében alakulnak ki a különböző elváltozások. Ezek megjelenési formáját befolyásolja az ízület anatómiai felépítése és mozgástartománya is. Denoix szerint a fiatal (<2 éves) lovak végtagízületeiben megfigyelhető OC-elváltozások (juvenile osteochondral conditions, JOCC) kategorizálhatók aszerint, hogy milyen típusú terhelés hatására alakultak ki [12].

Kompressziós, és az egymáson elmozduló felületek között ható ún. "nyíró" erők jellemzően éles ízületi felszíneken, pl. a femur trochleájának lateralis taraján, vagy a III-as metacarpalis vagy metatarsalis csont (Mc/Mt III) sagittalis taraján alakítanak ki elváltozásokat (articular surface osteochondral fragmentation, AS-OCF).

Szintén kompressziós erők hatnak egyes ízületek periarticularis területein teljes hajlításban vagy nyújtásban. Az ilyen területeken létrejövő elváltozásokat periarticularis osteochondralis fragmentekként (PA-OCF) jellemezhetjük. Kialakulásukra legtöbbször a tibia distalis középső taraján (distal intermediate ridge of the tibia, DIRT), ill. a csüdcsontok proximalis ízületi felszínének dorsalis peremén lehet számítani. A Denoix által említett harmadik kategóriába a húzóerők által okozott elváltozások tartoznak. Ilyen hatás a különböző szalagok tapadási helyein keletkezik és eredményezheti egy osteochondralis fragmentum leválását (osteochondral fragmentation resulting from ligament avulsion, LA-OCF). Ilyen típusú elváltozás gyakran figyelhető meg a csüdcsont proximalis részének palmaris vagy plantaris felületén (palmar/plantar osteochondral fragments, POFs), amely területre a proximalis szezámcsontok rövid és kereszteződő szalagjai fejtenek ki húzóerőt [12]. Mivel azonban ezek a szalagok nem a subchondralis csontra, hanem attól távolabb eső csontfelületekre hatnak, kétségbe vonható ezen fragmentumok OC-os eredete, és felmerül azok traumás oktana. Egy 21 lovat vizsgáló kutatás eredményei alapján az ujjtengely kifelé rotálódása és a csüdízület medialis területének megnövekedett terhelése okozza nagyobb részben a medialis oldalon megfigyelt palmaris/plantar fragmentumokat. Szintén a traumás eredetre utal, hogy ebben a tanulmányban a fragmentumok kórszövetteni vizsgálata során nem találtak OC-ra utaló eltérést a csontosodás folyamatában [13].

Az artroszkópos beavatkozások során megfigyelt járulékos ízfelszínsérülések hatással vannak a betegség prognózisára és a ló későbbi sportteljesítményére

Mivel az OC-s hátterű elváltozások körjelzésének elsődleges módszere a radiológiai vizsgálat, az ilyen témájú tanulmányokban a szerzők jellemzően nem térnek ki röntgenfelvételeken nem megjelenő, artroszkópos vizsgálat során azonban vizualizálható és diagnosztizálható porcsérülésekre. Ismert ugyanakkor, hogy az artroszkópos beavatkozások során megfigyelt járulékos ízfelszínsérülések hatással vannak a betegség prognózisára és a ló későbbi sportteljesítményére [14]. Az ízületi porc elváltozásainak makroszkópos megjelenésével a nemzetközi szakirodalomban osteoarthritis témában íródott értekezések foglalkoznak [15, 16]. Ezekben a megfigyelt elváltozások különböző mélységű, hosszúságú és szélességű "kopási vonalak" (wear lines), valamint változó területű és mélységű eróziók voltak [16].

Terápiaként konzervatív kezelés vagy artroszkópos műtéttel történő fragmentumeltávolítás választható

Osteochondralis elváltozások diagnosztizálása esetén terápiaként konzervatív kezelés vagy artroszkópos műtéttel történő fragmentumeltávolítás választható. A konzervatív kezelés lehetősége általában akkor jön szóba, ha a diagnosztizált defektus az adott ízület dimenzióival összehasonlítva kisméretű, nincs fragmentképződés, a ló nem mutat sántaságot és nincs jele ízületi kiteltségnek. Ekkor ajánlott a boxnyugalom vagy csökkentett intenzitású tréning és csökkentett energiatartalmú takarmányozás [5]. Fragmentumképződés, ízületi effúzió megjelenése, valamint az adott végtagon jelentkező sántaság esetében sebészi

Az artroszkópos beavatkozás során láthatóvá váló járulékos elváltozások rontják a prognózist

kezelés ajánlott, amelynek jelenleg elfogadott formája az artroszkópos feltárásból történő fragmentumeltávolítás és debridement [17]. Ezen beavatkozások során láthatóvá válnak azok a porcdefektusok is, amelyek radiológiai vizsgálat során nem detektálhatóak, a betegség prognózisát azonban jelentősen befolyásolhatják [14, 17, 18]. Az osteochondralis elváltozások artroszkópos műtéttel történő kezelésének a legtöbb esetben kiváló a kórjóslata, a lovak nagy része képes visszatérni korábbi aktivitási szintjére. Egy 161 lovat vizsgáló kutatás eredményei alapján a femoropatellaris ízület artroszkópiáján átesett páciensek 64%-a tért vissza eredeti teljesítményszintjére. Jobb prognózist figyeltek meg ebben a vizsgálatban a hároméves korban műtött egyedeknél a tanulmányban résztvevő idősebb lovakhoz képest, valamint azokban a lovakban, amelyekben a lézió mérete nem haladta meg a 2 cm-t [18]. Rontják azonban a prognózist a csak az artroszkópos beavatkozás során láthatóvá váló járulékos elváltozások. Ilyenek pl. az ízületi porc felrostozódása (fibrillációja), eróziója, kopási vonalak (wear line-ok) keletkezése és krónikus proliferatív synovitis kialakulása elhúzódó esetekben [14].

SAJÁT VIZSGÁLATOK

Artroszkópos műtéti felvételeket és kontroll kadaverizületeket vizsgáltak ízfelszín-elváltozásokat keresve

Jelen vizsgálatunk célkitűzése az volt, hogy osteochondralis fragmentum eltávolítása céljából végzett artroszkópos műtétek felvételeinek elemzése segítségével leírjuk a megfigyelt ízfelszín-elváltozásokat, ezeket összevessük negatív kontrollvizsgálatok eredményeivel, valamint vizsgáljuk a fragmentumokkal rendelkező ízületek klinikai megjelenését (ízületi effúzió, sántaság).

ANYAG ÉS MÓDSZER

Összesen 16 ló 22 csüdizületén elvégzett artroszkópos műtét felvételeit elemezték

A vizsgálat során 16 ló 22 csüdizületén elvégzett artroszkópos műtét felvételeinek elemzésére, valamint 10 radiológiailag negatív kadavervégtag csüdizületének artroszkópos vizsgálatára került sor. A résztvevő egyedek életkora 2 évtől 13 évig terjedt (átlagéletkor $5,80 \pm 3,23$ év), a kadavervizsgálatok esetében az életkorról pontos dokumentáció nem állt rendelkezésre. A kor befolyásának vizsgálata céljából az egyedeket két korcsoportba osztottuk. Az első csoportba a 4 éves és annál fiatalabb, míg a második csoportba a 4 évnél idősebb állatok kerültek (1. táblázat).

1. TÁBLÁZAT. A korcsoportok adatai

TABLE 1. Age groups

	1. Korcsoport	2. Korcsoport
Életkor	0–4 év	4 év felett
Egyedszám	9	7
Vizsgált ízületek száma	12	10
Átlagéletkor	$2,78 \pm 0,69$ év	$9,14 \pm 1,59$ év

PREOPERATÍV VIZSGÁLATOK

A műtétek előtt megtekintésen és tapintáson alapuló sántaságvizsgálatot végeztek

Fizikális vizsgálat

A lovak preoperatív állapotának megítéléséhez megtekintésen és tapintáson alapuló sántaságvizsgálatot végeztünk. A mozgásban történő sántaságdiagnosztika két jármódban (lépés, ügetés), kemény talajon, egyenes vonalon történt. A mutatott sántaság súlyosságát az Amerikai Lógyógyász Egyesület által kialakított, világ-

A sántaságot 0–5-ig terjedő AAEP-skálán értékelték

szerte használt, 0–5-ig terjedő szubjektív skálán értékeltük (American Association of Equine Practitioners, AAEP Lameness Scale, 2. táblázat). A mozgásban történő vizsgálat mellett a kutatás szempontjából releváns ízületek külső vizsgálatát is elvégeztük megtekintéssel, ill. tapintással. Ennek során figyelmet fordítottunk az ízületet és környékét érintő makroszkópos elváltozásokra (pl. látható és/vagy tapintható csontos elváltozások és lágyyszöveti duzzanatok), legfőképpen az ízületi tok fiziológiásnál nagyobb folyadéktartalmára (ízületi kiteltség, effúzió). A fizikális vizsgálat eredményei alapján a vizsgált végtagok és ízületek kategorizálása az alábbiak szerint történt:

- sántaság megállapítható az adott végtagon, ízületi effúzió jelentkezése mellett
- sántaság megállapítható az adott végtagon, ízületi effúzió jelentkezése nélkül
- sántaság nem állapítható meg, de ízületi effúzió igen,
- kóros eltérés nem tapasztalható.

2. TÁBLÁZAT. AAEP sántasági fokozatok

TABLE 2. AAEP Lameness Scale

Fokozat	Leírás
0	Sántaság nem észlelhető semmilyen körülmények között.
1	A sántaság nehezen észlelhető, nem következetesen jelentkezik, nem kapcsolódik adott körülményekhez (pl. lovas alatt, körön, kemény talajon).
2	A sántaság nehezen észlelhető lépésben és egyenes vonalon történő ügetés során, de következetesen jelentkezik adott körülmények megléte esetén (pl. lovas alatt, körön, kemény talajon).
3	A sántaság minden esetben következetesen észlelhető ügetésben.
4	A sántaság észlelhető lépésben.
5	Az adott végtag minimális terhelése mozgásban/nyugalomban/teljes mozgásképtelenség.

Az érintett csüdizületekről többirányú röntgenfelvételek készültek

Radiológiai vizsgálat

A műtéti eltávolításra kerülő osteochondralis fragmentumok preoperatív lokalizálása céljából az adott csüdizületekről többirányú röntgenfelvételek készültek. Ez minden esetben egy dorsopalmaris/plantaris (DP, 0°), egy lateromedialis (LM, 90°), egy dorsolateralis-palmaro(plantaro)medialis ferde (DLPMP, 45°) és egy dorsomedialis-palmaro(plantaro)lateralis ferde (DMPLO, 135°) felvételt jelentett. A csüdizületben megfigyelhető gyakoribb OC eredetű radiológiai elváltozások érinthetik a csüdcsont proximális ízfelszínének dorsalis és palmaris/plantaris peremeit, ill. a III-as metacarpalis/metatarsalis csontok (Mc/Mt III) distalis sagittalis taraját [12].

ARTROSKÓPOS MŰTÉT ÉS ÍZFELSZÍN-ÉRTÉKELÉS

Az artroszkópos műtéteket a lovak 12 órán keresztül történt koplaltatását követően, általános anesztéziában, a Lógyógyászati Tanszék és Klinika (LTK) állatorvos sebészei végezték. A műtéti terület aszeptikus előkészítése után a csüdizület steril Ringer-oldattal feltöltésre került, majd a fragmentum elhelyezkedésének megfelelően az ízület dorsalis vagy palmaris/plantaris recessusának területén két artroszkópos portál került kialakításra. A kutatás szempontjából kritérium volt, hogy az artroszkópos kamerával vizualizálható teljes ízfelszínről legalább egy videófelvétel rögzítésre kerüljön. Erre a fragmentum(ok) eltávolítása és az ízület debridement-je előtt az optika bevezetését követően került sor. A műtét során

Meghatározták az ízfelszín-elváltozások típusát, helyeződését és súlyosságát

készült videófelveteleket egyéni azonosítóval ellátva archiváltuk, és a későbbiekben elemeztük.

Az ízfelszínnek hyalinporcán kialakuló elváltozásokat három fő szempont alapján írtuk le. Elsőként makroszkópos megjelenés alapján meghatároztuk a típusát, amelyből négy formát különböztettünk meg. A leggyakrabban felfedezett elváltozások a hyalinporcot különböző mélységekben érintő vékony, legfeljebb 0,5–2 mm szélességű, vonalszerű porchiányok voltak, amelyeket a nemzetközi szakirodalom wear line-nak („kopási vonal” -nak) nevez. A nagyobb kiterjedésű, nem vonalszerű defektusok elnevezésekor a fő szempontot az elváltozás mélysége jelentette, vagyis, hogy milyen rétegvastagságban érintett az ízületi porc. A legenyhébb esetekben csak az ízfelszín felrostozódása (fibrillációja) volt megfigyelhető. Nagyobb mértékű porcvesztés esetén eróziókról, a teljes vastagságban eburnációról beszélhetünk.

A típus szerinti besorolást követően meghatároztuk az elváltozás pontos helyeződését az ízületen belül. A csüdcsont dorsoproximalis permén kialakuló fragmentumok esetében a másodlagos léziók a Mc/Mt III medialis és lateralis condylusának dorsalis felületén, ill. a sagittalis tarajon helyezkedhetnek el. Palmaro(plantar) proximalis helyzetű fragmentum esetében a Mc/Mt III condylusainak palmaris/plantar felülete, valamint az egyenítőcsontok ízesülési felszínei lehetnek érintettek. A típus és a lokalizáció meghatározása mellett a felfedezett elváltozásokat súlyosság szerint is osztályoztuk. Ehhez az International Cartilage Repair Society (ICRS) által használt osztályozási rendszert (3. táblázat) vettük alapul, amely annak mélysége alapján 0–4-ig terjedő skálát használ [19]. Az ICRS-besorolást minden vizsgált ízületben az abban talált legsúlyosabb elváltozás ICRS kategóriája szerint határoztuk meg.

3. TÁBLÁZAT. ICRS osztályozási rendszer

TABLE 3. ICRS scoring system

Kategória (súlyosság)	Leírás
ICRS 0	Egészséges porcfelszín.
ICRS 1 A és B	Közel normális porcfelszín, lágy bemélyedés (A) és/vagy felületes repedés (B).
ICRS 2	Rendellenes porcfelszín, a lézió a porc vastagságának kevesebb, mint 50%-át érinti.
ICRS 3	Súlyosan rendellenes porcfelszín, a lézió a porc vastagságának több mint 50%-át érinti.
ICRS 4	Súlyosan rendellenes porcfelszín, a lézió a subchondralis csontba vagy annál mélyebbre terjed.

Kontrollként megvizsgálák 10, más okból elaltatott ló radiológiai állapotát

NEGATÍV KONTROLL

Annak eldöntése céljából, hogy az ízületi felszíneken megfigyelt másodlagos porcelváltozások jelenléte kapcsolatban van-e az osteochondralis fragmentum jelenlétével, 10 radiológiai negatív csüdizület ízfelszíneit is megvizsgáltuk. Ezekhez a kontrollvizsgálatokhoz az LTK-n korábban, az általunk vizsgált ízületekhez nem kapcsolódó okok miatt végleges elaltatásra került lovak végtagjait használtuk fel. Az ízfelszínnek értékelését megelőző radiológiai vizsgálat során LM és DP felvételeket készítettünk a végtagok csüdizületeiről, amelyek alapján eldönthető volt, hogy az adott ízületben megfigyelhető-e osteochondralis fragmentumra és/vagy osteoarthritisre utaló radiológiai elváltozások. Az ízületi felszín artroszkópos technikával történő vizsgálatára és a videófelvetelek elemzésére csak a radiológiai elváltozást nem mutató csüdizületek esetében került sor, az artroszkópos műtétek esetében leírt szempontokat és osztályozási rendszert alkalmazva (1. ábra).

1. ÁBRA. A kontrollízületek arthroscópos vizsgálata

FIGURE 1. Arthroscopy of the cadaver joints



A kapott eredményeket statisztikai módszerekkel elemezték

A vizsgálat során keletkezett adatokat a Microsoft Office Excel táblázatkezelő programjában tároltuk. E szoftver segítségével végeztük el a kutatásban szereplő különböző számításokat és statisztikai próbákat. Az egyes csoportok között az ICRS súlyossági pontszámok és a sántasági fokozatok átlagainak összehasonlítására a Student-féle kétmintás t-próbát alkalmaztuk. A próba elvégzése során a szignifikancia szintjét $p \leq 0,05$ értékben határoztuk meg.

EREDMÉNYEK

PREOPERATÍV VIZSGÁLATOK

Fizikális vizsgálat

Az artroszkópos műtéteket megelőző sántaságvizsgálat során 5/16 ló esetében tapasztaltak sántaságot

Az artroszkópos műtéteket megelőző fizikális vizsgálat (sántaságvizsgálat) során 5/16 ló esetében tapasztaltunk sántaságot (31,25%), amely mindegyik esetben OC-elváltozással érintett végtagon jelentkezett, ügetés jármódban, kemény talajon, egyenes vonalon. Az 1. (fiatalabb) korcsoportban lévő kilenc ló közül egy esetében fordult elő sántaság (11,11%). A 2. korcsoportba sorolt hét egyed közül négy esetében figyeltünk meg sántaságot (57,14%). A sántaság súlyosságának megítélésére használt 5 fokozatú AAEP-skála szerint a vizsgált egyedek által mutatott sántaság mértéke 1/5 fokozatútól 2/5 fokozatúig terjedt.

Látható és tapintható csüdízületi effúziót a 22 vizsgált ízület közül kilencnél tapasztaltunk (40,9%). A 1. korcsoportban az OC-elváltozással érintett 12 ízület közül négy esetében (33,33%), a 2. korcsoportban 10 érintett ízület közül öt esetében (50%). A sántasággal diagnosztizált öt végtag közül négyénél megfigyelhető volt az ízületi fragmentumot tartalmazó csüdízület kiteltsége. A sántaságot nem mutató lovak közül öt érintett csüdízület esetében (29,41%) volt megfigyelhető effúzió.

Radiológiai vizsgálat

Az OC-elváltozások egyenlő arányban érintették az elülső és a hátsó végtag csüdízületeit

A vizsgált populációban az OC-elváltozások egyenlő arányban érintették az elülső és a hátsó végtag csüdízületeit. A röntgenfelvételeken felfedezett elváltozások egy kivételtől eltekintve a csüdízület dorsalis oldalát érintették. A leggyakrabban előforduló elváltozás a csüdcsont dorsoproximalis peremének fragmentációja volt (2. ábra). Ezt a fragmentumtípust a 22 vizsgált ízület közül 19-ben figyeltük meg. E 19 ízület mindegyikében a fragmentum a csüdcsont medialis eminentiáján

keletkezett, két ízületben pedig egyidejűleg lateralis eminentia fragmentációja is megfigyelhető volt. Két hátulsó csüdizület esetében a fragmentum a Mt III sagittalis tarajának proximalis részén képződött (3. ábra). Egy esetben diagnosztizáltunk plantaris helyzetű fragmentumot, amely a csüdcsont plantaro-proximo-medialis területén keletkezett (4. ábra).



2. ÁBRA. Osteochondralis fragmentum a csüdcsont dorsoproximalis peremén (LM felvétel)

FIGURE 2. Osteochondral fragmentation of the dorsoproximal margin of the first phalanx (LM view)



3. ÁBRA. Fragmentumképződés a Mt III sagittalis taraján (LM felvétel)

FIGURE 3. Osteochondral fragmentation of the sagittal ridge of Mt III (LM view)



4. ÁBRA. Osteochondralis fragmentum a csüdcsont plantaroproximalis peremén (LM felvétel)

FIGURE 4. Osteochondral fragmentation of the plantaroproximal eminence of the first phalanx (LM view)

Az összesen 22, artroszkópián átesett ízület közül 20-ban (90,91%) találtak másodlagos porcserüléseket

ARTROSKÓPOS ÍZFELSZÍN-ÉRTÉKELÉS

Az artroszkópos műtétek során dorsalis helyzetű csüdizületi fragmentumok esetében a Mc/Mt III distalis ízfelszínén, palmaris/plantaris fragmentumok esetében pedig a proximalis szézámcsontok ízfelszínein, ill. a csüdcsont proximo-plantaris területén kerestünk másodlagos elváltozásokat. Az összesen 22, artroszkópián átesett ízület közül 20-ban (90,91%) találtunk másodlagos porcserüléseket, vagyis mindössze két ízület esetében voltak a vizsgált porcfelületek teljesen épek (egy 2 és egy 4 éves ló esetében).

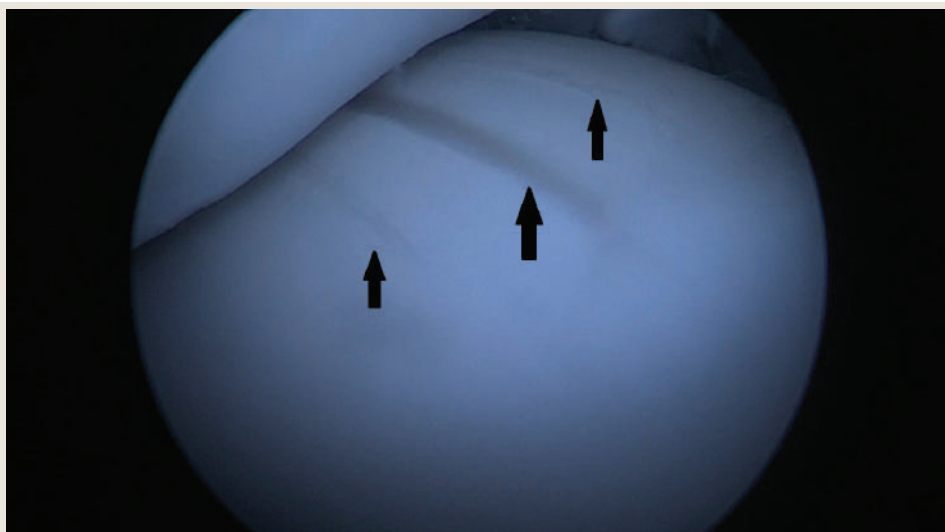
A leggyakrabban megfigyelt elváltozástípus az ún. wear line volt

A hyalinporc felrostozódása öt ízületben, erózió 10 ízületben, míg a legsúlyosabb eburnáció 3 esetben volt megfigyelhető

A leggyakrabban megfigyelt elváltozástípus az ún. wear line volt (5. ábra), amely a 20 másodlagos elváltozást mutató ízület közül 14-ben (70%) volt megtalálható. Egy ízület esetében mindössze egy ilyen vonalszerű porcsérülés volt felfedezhető, a többi ízfelszín esetében azonban kettő vagy annál több, különböző mélységű wear line-t figyeltünk meg a csüdízület mozgáspályájának megfelelő lefutással (dorsopalmaris/plantaris lefutás az ízfelszínen). A hyalinporc felrostozódása (fibrilláció, 6. ábra) öt ízületben jelentkezett, ezek közül egy esetben egyedüli elváltozásként. A hyalinporc eróziója (7. ábra) 10 ízületben (50%) volt megfigyelhető. Ez a különböző mértékű (de nem teljes) porcvesztés egy ízületen belül minden esetben csak egy területen jelentkezett. Az eróziós elváltozások négy ízületben a porcfelszín felrostozódásával együtt, hat ízületben pedig wear line-ok mellett voltak megfigyelhetőek. A legsúlyosabb megfigyelt porckárosodás az ízületi porc teljes vastagságban történő elvesztése (eburnáció, 8. ábra) volt, amely három esetben alakult ki, eltérő nagyságú területeken. Az eburnáció környezetében két ízület esetében további, kevésbé mély porchiányos területek (eróziók) voltak láthatóak. A teljes porcvesztés az eróziós elváltozásokhoz hasonlóan egy ízületen belül mindig csak egy területet érintett. Egy ízület esetében volt megfigyelhető a csüdízület dorsalis recessusában található synovialis redő megvastagodása és felrostozódása, ami az ízületben végbemenő krónikus gyulladásos folyamatra utal.

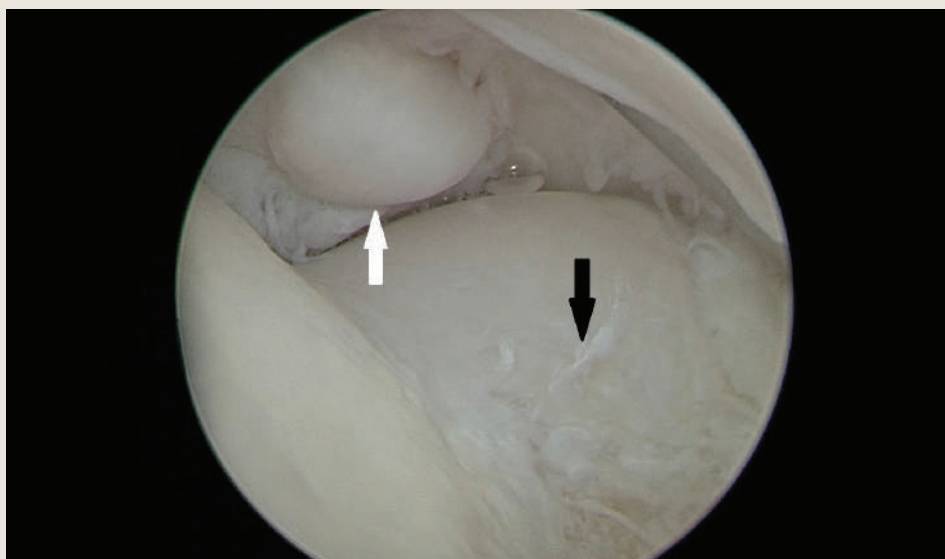
5. ÁBRA. Wear line típusú elváltozások (nyilak) a Mc III condylusán

FIGURE 5. Wear lines (arrows) involving the articular cartilage of the metacarpal condyle



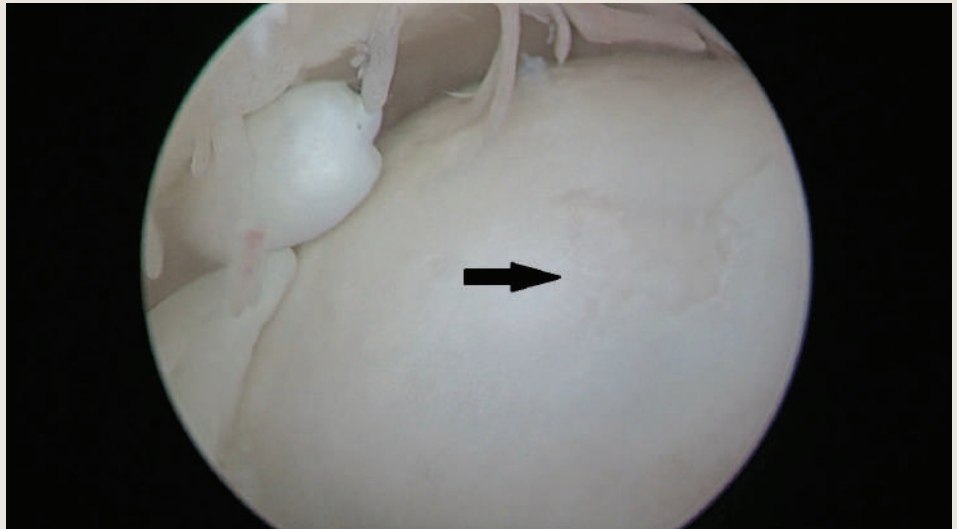
6. ÁBRA. Dorsoproximalis csüdcsontri fragmentum (fehér nyíl) és az ízületi porc fibrillációja (fekete nyíl)

FIGURE 6. Dorsoproximal osteochondral fragment (white arrow) of the first phalanx and associated fibrillation of the articular cartilage (black arrow) of the metacarpal condyle



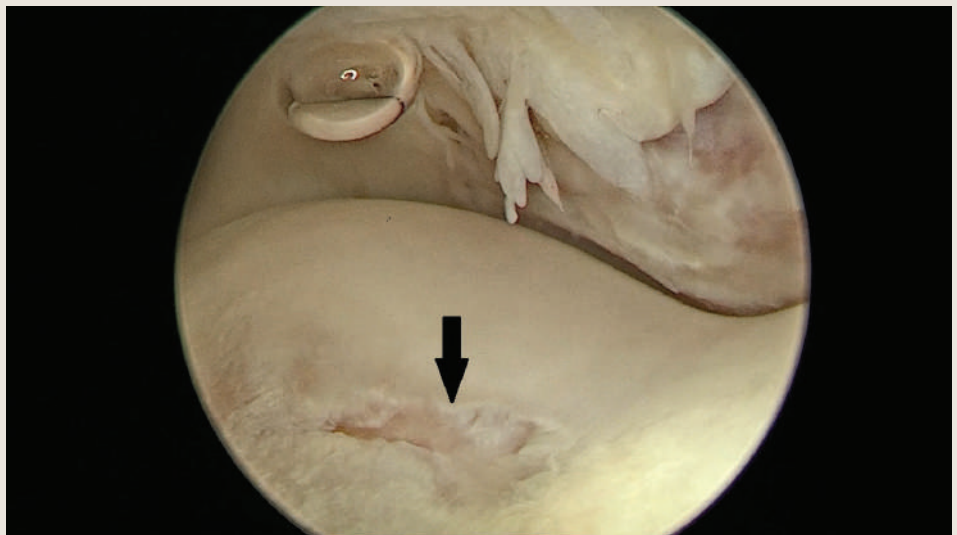
7. ÁBRA. Az ízfelszín eróziója (nyíl) a Mc III medialis condylusán

FIGURE 7. Partial thickness cartilage erosion (arrow) involving the medial condyle of Mc III



8. ÁBRA. Az ízfelszín eburnációja (nyíl) a Mc III medialis condylusán

FIGURE 8. Full thickness cartilage defect (arrow) involving the medial condyle of Mc III



Az elváltozások 45%-a 2-es súlyossági kategóriába tartozott

Az ízületi felszíneken megfigyelt másodlagos porcelváltozások súlyossága az ICRS osztályozási rendszer alapján 1-es kategóriától 4-es kategóriáig terjedt. Az 1-es súlyossági kategóriába 20 csüdízületből ötöt (25%) soroltunk. Ezen ízfelszíneken minden esetben felületes, wear line típusú elváltozásokat figyeltünk meg. A 2-es kategóriába eső léziókat kilenc (45%) ízület esetében találtunk. Ebbe a csoportba jellemzően a hyalinporcot nagyobb mélységben érintő wear line-okat, kisebb mélységű eróziókat és a porcszövet felrostozódásával járó elváltozásokat soroltunk. Három csüdízület (15%) másodlagos elváltozásai estek a 3-as kategóriába, amelyekben mindhárom esetben fő elváltozásként az ízületi porc nagyobb kiterjedésű eróziója volt megfigyelhető. A legsúlyosabb, 4-es kategóriába szintén három csüdízületet (15%) soroltunk, amelyekben minden esetben a fragmentummal azonos oldalon (medialis condylus) az ízületi porc teljes hiánya (eburnáció) és a subchondralis csontállomány láthatóvá válása volt megállapítható egy körülírt területen. Az artroszkópia során megfigyelt ízfelszín sérülések adatait a 4. táblázat tartalmazza.

Az átlagos súlyossági pontszám (ICRS score) a teljes vizsgálati csoportot tekintve $2 \pm 1,15$ volt. A négyéves vagy annál fiatalabb lovak súlyossági pontszáma (ICRS score: $1,58 \pm 0,9$) kisebb volt annál, mint amit a négyévesnél idősebb lovakban (ICRS score: $2,5 \pm 1,27$) találtunk ($p = 0,03$).

4. TÁBLÁZAT. A megfigyelt másodlagos porcelváltozások előfordulási gyakorisága, lokalizációja és súlyossága**TABLE 4.** Incidence, localisation and severity of secondary cartilage lesions

Elváltozás típusa	Esetszám összesen	Fragmentummal azonos oldalon	Ellenkező oldalon	Mindkét oldalon	Jellemző súlyosság (ICRS score)
wear line	14	9	2	3	1 és 2
fibrilláció	5	5	0	0	2
erózió	10	9	1	0	3
eburnáció	3	3	0	0	4

Azokban az csüdízületekben, amelyeknél a preoperatív vizsgálat során ízületi kiteltséget tapasztaltunk, az artroszkópos ízfelszín-értékelés során legalább ICRS 2-es súlyosságú másodlagos elváltozásokat figyeltünk meg (átlagos súlyossági pontszám: $2,22 \pm 0,67$). A műtétet megelőző sántaságvizsgálat során sántasággal diagnosztizált öt végtag csüdízületeiben egy esetet kivéve (ICRS 1) legalább ICRS 3-as súlyosságú léziókat találtunk (átlagos súlyossági pontszám: $2,8 \pm 1,1$).

A kontroll kadaverízületek vizsgálatával 10-ből 3-ban találtak wear line elváltozásokat

NEGATÍV KONTROLL

A kontrollcsoportban 10 csüdízület dorsalis recessusának artroszkópos vizsgálatára és ízfelszíneik értékelésére került sor. Ezen ízületek közül négy elülső végtagon, hat pedig hátulsó végtagon volt található. Minden kadavervégtag radiológiailag kifejtett csontozatú lovakból származott. A Mc/Mt III condylusainak porcfelszínein három ízület esetében (30%) találtunk elváltozásokat. Ezek mindegyike wear line típusú ízfelszínsérülésnek felelt meg és mindhárom ízület esetében egyaránt kiterjedtek a medialis és a lateralis condylusra is. Hét csüdízület esetében az artroszkópia során ép porcfelszíneket lehetett megfigyelni. A felfedezett elváltozások súlyosságának értékelésére a kontrollízületek esetében is az ICRS osztályozási rendszerét használtuk. Két csüdízület az ICRS 1-es kategóriába került, egyet pedig a mélyebb és szélesebb wear line-ok jelenléte miatt az ICRS 2-es kategóriába soroltunk. A 10 kontrollcsüdízület tekintetében az átlagos súlyossági pontszám (ICRS score) $0,4 \pm 0,70$ volt. Ez az átlagos érték szignifikánsan kisebbnek bizonyult, mint az osteochondralis fragmentumot tartalmazó csüdízületek átlagos súlyossági pontszáma ($p < 0,01$).

MEGVITATÁS

22 csüdízület közül 19-ben a leggyakrabban fragmentumtípus, a csüdcsont dorsoproximalis peremének fragmentációja volt látható

Wear line típusú elváltozások egyaránt megtalálhatóak voltak a vizsgálati csoport és a kontrollcsoport ízületeiben

VIZSGÁLATI CSOPORT

Az artroszkópos műtétek során értékelt 22 csüdízület közül 19-ben a szakirodalmi adatok szerint leggyakrabban előforduló fragmentumtípust, a csüdcsont dorsoproximalis peremének fragmentációját találtuk [12, 17]. A fragmentum mellett az ízfelszíneken általunk megfigyelt másodlagos elváltozások típusai (wear line-ok, fibrilláció, erózió, eburnáció) szintén azonosak voltak a más szerzők által leírtakkal [14, 17]. A wear line típusú elváltozások egyaránt megtalálhatóak voltak a vizsgálati csoport és a kontrollcsoport ízületeiben. A vizsgálati csoportban ez az elváltozástípus a fragmentummal azonos (12/14) és az azzal ellenkező oldali (2/14) condylusokon is jelentkezett. Az erózió és a fibrilláció kategóriába sorolt léziók egy kivételtől eltekintve a fragmentummal azonos oldalon jelentkeztek. Ez a két másodlagos porcdefektus típus az általunk kontrollként vizsgált csüdízületekben nem volt megtalálható. A legsúlyosabb, eburnáció kategóriába tartozó

léziók minden esetben az osteochondralis fragmentummal azonos oldalon voltak megfigyelhetők és szintén nem voltak jelen a kontrollcsoport ízületeiben.

A leírt másodlagos porcelváltozások ICRS osztályozási rendszer szerinti súlyossága szignifikáns eltérést mutatott a vizsgálati csoport fiatalabb és idősebb korcsoportja között. Az idősebb korcsoportban általunk megfigyelt, átlagosan súlyosabb másodlagos porcsérülések a szakirodalomban szereplő, hasonló adatokkal egybevetve az idősebb korban eltávolított fragmentumok esetében rosszabb prognózist jelentenek a lovak műtét utáni sportcélú használata szempontjából [14, 17].

A preoperatív fizikális vizsgálat során ízületi effúziót csak olyan csüdízületek esetében figyeltünk meg, amelyekben artroszkópia során legalább ICRS 2-es súlyosságú léziók jelentkeztek. A műtétek előtt az érintett végtagra sántaságot mutató lovak csüdízületeiben egy kivételtől eltekintve legalább ICRS 3-as súlyosságú elváltozásokat találtunk.

ÖSSZEHASONLÍTÁS A KONTROLLCSOPORTTAL

Az osteochondralis fragmentumot tartalmazó ízületekben (vizsgálati csoport, $n = 22$) jelentősen nagyobb arányban (90,91%) találtunk másodlagos ízfelszín-elváltozásokat, mint a kontrollcsoport ($n = 10$) ízületeiben (33,33%). A vizsgálati csoportban leggyakrabban (70%) előforduló wear line típusú elváltozások kisebb arányban (33,33%) voltak megtalálhatóak a kontrollcsoport egyes ízületeiben is. Nem találtunk viszont a wear line-oknál súlyosabb kategóriába sorolható léziókat (fibrilláció, erózió, eburnáció) az általunk kontrollként megvizsgált ízületekben. A két csoport közötti összehasonlításban az általunk leírt elváltozások átlagos súlyossága (ICRS score) a kontrollcsoportban szignifikánsan kisebb volt, mint a vizsgálati csoport ízületeiben. Ez az eredmény arra utalhat, hogy a vizsgálati csoportban talált súlyosabb léziók kialakulásában döntő szerepet játszottak az ezekben az ízületekben megtalált osteochondralis fragmentumok. Ezt támaszthatja alá az az eredmény is, hogy a kizárólag fragmentumot tartalmazó ízületekben megfigyelt másodlagos porcelváltozások (fibrilláció, erózió, eburnáció) egy kivételtől eltekintve a fragmentum elhelyezkedésének megfelelő metacarpalis vagy metatarsalis condyluson alakultak ki.

KÖVETKEZTETÉSEK

A vizsgálat eredményei alapján megállapítható, hogy a csüdízületi osteochondralis fragmentumok túlnyomó többsége káros hatással lehet az ízületi felszínre, elsősorban a Mc/Mt III condylusainak hyalin porcára. A hosszabb ideje jelen lévő fragmentum(ok) mechanikai hatásai miatt az idősebb korban (pl. 5 éves kor felett) végzett artroszkópos fragmentum eltávolítás során nagyobb eséllyel figyelhetünk meg súlyosabb fokú ízfelszín-degenerációt [21]. Ezt támasztják alá a vizsgálati csoport 2. korcsoportjában talált átlagosan súlyosabb ízfelszín-elváltozások és a nagyobb arányban jelentkező ízületi kiteltség, valamint sántaság.

Az artroszkópos ízfelszín-értékelés során leírt porcelváltozások egyes típusainak előfordulása és az osteochondralis fragmentum jelenléte között szintén megállapítható kapcsolat. A fragmentummal azonos oldali metacarpalis vagy metatarsalis condyluson keletkező felrostozódások, eróziók vagy eburnációk kialakulásában nagy eséllyel a fragmentum ízfelszínre kifejtett mechanikai hatásának is jelentős szerepe lehet, mivel ezek a léziók nem, vagy alig voltak megtalálhatóak az ellenkező oldali condyluson. A wear line típusú elváltozások kialakulását egy ízületben nem lehet egyértelmű kapcsolatba hozni az osteochondralis fragmentumok jelenlétével. Az ilyen típusú porcdefektusok egyes fragmentumot nem tartalmazó kontrollízületekben is jelen voltak. Ezek a kopási vonalak nagyobb valószínűséggel korai, osteoarthritis hátterű elváltozások, amelyek jelen lehetnek az osteoarthritis radiológiai jeleit még nem mutató ízületekben is [15].

A fragmentum nélküli kontroll ízületekben nem voltak súlyos ízfelszín-elváltozások

A csüdízületi fragmentumok káros hatással vannak az ízületi felszínre

**A vizsgálati csoport
idősebb korosztályában
súlyosabb fokú és
nagyobb számú
ízfelszín-károsodás
volt látható**

A vizsgálati csoport idősebb korosztályában talált súlyosabb fokú ízfelszín-károsodás és nagyobb számú, a fragmentum jelenlétéhez köthető porcsérülés alapján javasolható a csüdízületi osteochondralis fragmentumok korai, leginkább a nagyobb intenzitású sportcélú használat és tréning megkezdése előtti eltávolítása. Ezzel elkerülhető lehet a fragmentumok okozta nagyobb mértékű károsodás az ízületi porcban és javulhat a műtét utáni prognózis a ló későbbi sporthasznosítása szempontjából [18, 20].

Vizsgálatunknak több limitáló tényezője is volt. Csak azokat az eseteket vehettük be kutatásunkba, ahol minden adat és artroszkópos felvétel is megfelelően rögzítésre került. Az elemszám tovább növelhető lett volna, ha sikerül minden esetben megfelelő felvételeket készítenie a műtétet végző állatorvosnak. A műtétet megelőző sántaságvizsgálatok alkalmával a sántaság okának pontosabb meghatározása érdekében célszerű lett volna diagnosztikai érzéstelenítéseket is elvégezni, de ez több nappal megnövelte volna a műtetre érkező lovak hospitalizációjának idejét, ezért ettől eltekintettünk, mivel ezeknél a sántaságot mutató lovaknál minden esetben egyéb tünetek, pl. csüdízületi effúzió is utalt az ízület érintettségére. A bonyolultabb esetek tisztázása érdekében a jövőben objektív sántaságvizsgáló műszerek alkalmazását is meg lehetne fontolni. A kontroll- és a vizsgálati csoport eredményeinek összehasonlításakor pontosabb eredményeket kaphattunk volna a kadavervizsgálatokhoz használt végtagok pontos korának ismeretében. A jövőben ezeket a limitációkat mindenképp ki szeretnénk küszöbölni, hogy a kutatás eredményeit tovább pontosíthassuk.

KÖSZÖNETNYILVÁNÍTÁS

A projekt az Európai Unió támogatásával, az Európai Szociális Alap (ESZA) társfinanszírozásával valósul meg (a támogatási szerződés száma: AZ EFOP-3.6.3-VEKOP-16-2017-00005, címe: „Tudományos utánpótlás erősítése a hallgatók tudományos műhelyeinek és programjainak támogatásával, a mentorálás folyamatának kidolgozásával”).

IRODALOM

- McIlwraith CW (1986) AQHA Developmental Orthopedic Disease Symposium, American Quarter Horse Association, Amarillo, Texas. pp 1-77
- Dik KJ, Enzerink E, van Weeren PR (1999) Radiographic development of osteochondral abnormalities, in the hock and stifle of Dutch Warmblood foals, from age 1 to 11 months. *Equine Vet J* 31: 9-15
- Van Weeren PR (2005) Osteochondrosis. In: Auer JA, Stick JA (Eds.): *Equine Surgery* (3rd ed). London, Elsevier Saunders. pp 1166-1178
- Ytrehus B, Carlson CS, Ekman S (2007) Etiology and Pathogenesis of Osteochondrosis. *Vet Pathol* 44: 429-448
- Barneveld A, van Weeren PR (1999) Conclusions regarding the influence of exercise on the development of the equine musculoskeletal system with special reference to osteochondrosis. *Equine Vet J* 31:112-119
- Wilke A (2003) Der Einfluss von Aufzucht und Haltung auf das Auftreten von Osteochondrose (OC) beim Reitpferd. Inaugural-Dissertation, Institut für Tierzucht und Vererbungsforschung, Tierärztlichen Hochschule Hannover, Institut für Tierzucht und Haustiergenetik, Georg-August-Universität Göttingen
- Ricard A, Perrocheau M, Couroucé-Malblanc A, Valette JP, Tourtoulou G, Duffoset J M, Robert C, Chaffaux S, Denoix J-M, Guérin G (2013) Genetic parameters of juvenile osteochondral conditions (JOCC) in French Trotters. *Vet J* 197:77-82
- Teyssédre S, Dupuis MC, Guérin G, Schibler L, Denoix J-M, Elsen JM, Ricard A (2012) Genome-wide association studies for osteochondrosis in French Trotter horses. *J Anim Sci* 90:45-53
- Van Grevenhof EM, Schurink A, Ducro BJ, van Weeren PR, van Tartwijk JM, Bijma P, van Arendonk JA (2009) Genetic variables of various manifestations of osteochondrosis and their correlations between and within joints in Dutch Warmblood horses. *J Anim Sci* 87:1906-1912
- Dierks C, Löhring K, Lampe V, Wittwer C, Drögemüller C, Distl O (2007) Genome-wide search for markers associated with osteochondrosis in Hanoverian warmblood horses. *Mamm Genome* 18:739-747
- Wittwer C, Löhring K, Drögemüller C, Hamann H, Rosenberger E, Distl O (2007) Mapping quantitative trait loci for osteochondrosis in fetlock and hock joints and palmar/plantar osseus fragments in fetlock joints of South German Coldblood horses. *Animal Genetics* 38:350-357

12. Denoix J-M, Jeffcott LB, McIlwraith CW, van Weeren PR (2013) A review of terminology for equine juvenile osteochondral conditions (JOCC) based on anatomical and functional considerations. *Vet J* 197:29–35
13. Dalin G, Sandgren B, Carlsten, J (1993) Plantar osteochondral fragments in the metatarsophalangeal joints in Standardbred trotters; result of osteochondrosis or trauma? *Equine Vet J* 25:62–65
14. McIlwraith CW, Foerner JJ, Davis DM (1991) Osteochondritis dissecans of the tarsocrural joint: Results of treatment with arthroscopic surgery. *Equine Vet J* 23:155–162
15. Cantley CEL, Firth EC, Delahunt JW, Pfeiffer DU, Thompson KG (1999) Naturally occurring osteoarthritis in the metacarpophalangeal joint of wild horses. *Equine Vet J* 31:73–81
16. McIlwraith CW, Frisbie DD, Kawcak CE (2012) The horse as a model of naturally occurring osteoarthritis. *Bone Joint Res* 1:297–309
17. McIlwraith CW, Nixon AJ, Wright IM, Boening KJ (2005) *Diagnostic and Surgical Arthroscopy in the Horse*. Third Ed. Edinburgh, Mosby Elsevier. pp 480
18. Foland JW, McIlwraith CW, Trotter GW (1992) Osteochondritis dissecans in the femoropatellar joint: Results of treatment with arthroscopic surgery. *Equine Vet J* 26:419–423
19. Brittberg M, Gersoff W (2012) *Cartilage Surgery—An operative Manual*. Philadelphia, Elsevier Saunders. 301:11–12
20. McIlwraith CW, Vorhees M (1990) Management of osteochondritis dissecans of the dorsal aspect of the distal metacarpus and metatarsus. In: *Proceedings American Association of Equine Practitioners Annual Convention*, San Antonio, TX. pp 35–44
21. Jacquet S, Robert C, Valette J-P, Denoix J-M (2013) Evolution of radiological findings detected in the limbs of 321 young horses between the ages of 6 and 18 months. *Vet J* 197:58–64

Közlésre érkező: 2022. febr. 8.

ÚJSZÜLÖTT MALACOK PASSZÍV VÉDELME

Dr. Lorenzo Fraile

Lleida Egyetem

Járványtani és Farmakológiai Tanszék

Az újszülötteknek passzív maternális védelemre van szükségük a saját aktív immunválaszuk kifejlődéséig annak érdekében, hogy csökkenjen az újszülöttkori fertőző betegségek kialakulásának a valószínűsége [1]. Sertésben a maternális védelem a tejmirigyszekrénum felvételével jut el az utódokba [2], mivel anatómiai sajátosságok miatt a magzatburok nem átjárható az immunglobulinok számára, így a malacok születésük idején hypo- vagy agam-maglobulinémiások [3].

KOLOSZTRUM- ÉS TEJTERMELÉS

Kolosztrumként definiáljuk azt a tejmirigy szekrénumot, amelyet a malacok a fialás megkezdését követő 24 órán belül vehetnek fel. A fialást követő 34–36 órától kb. a szoptatás 10. napjáig termelt szekrénum az ún. átmeneti tej. Végül érett tej a meghatározása a szoptatás 10. napjától kiválasztott mirigyváladéknak, amelynek az összetétele a továbbiakban tulajdonképpen már nem változik [4].

Az újszülött malacok túléléséhez a kolosztrum nélkülözhetetlen, mert nagy mennyiségben tartalmaz makro- és mikrotápanyagokat, bioaktív anyagokat (pl. immunglobulinok), növekedési faktorokat és enzimeket [5]. A főcstej összetétele tulajdonképpen óráról órára változik, de gyakorlati szempontból elegendő elkülöníteni a korai, az átlagos és a késői kolosztrumot (1. táblázat). A fehérjetartalom szolgáltatja részben az energiát, de más célokat is, mint pl. az immunitás átvitele (immunglobulinok) és a növekedés stimulálása (növekedési faktorok). Mindazonáltal a korai kolosztrum immunológiai és bioaktív tulajdonságai lényegesen meghaladják a késői kolosztrumét. Ezen oknál fogva biztosítani kell a főcstej születést követő mielőbbi felvételét, ezáltal optimalizálni a malacok passzív immunitását [6, 7].

1. TÁBLÁZAT. Kocakolosztrum, átmeneti és érett tej összetétele (4)

Fialást követő idő		Kolosztrum			Átmeneti tej		Érett tej
		Korai (0–12 óra)	Átlagos (12–24 óra)	Késői (24–36 óra)	36–72 óra	3–10 nap	10. naptól
összetétel (g/100g)	zsír	5,1 ^c	5,3 ^c	6,9 ^{bc}	9,1 ^a	9,8 ^a	8,2 ^b
	fehérje	17,7 ^{a*}	12,2 ^b	8,6 ^c	7,3 ^{cd}	6,1 ^d	4,7 ^{e*}
	laktóz	3,5 ^d	4,0 ^c	4,4 ^{bc}	4,6 ^b	4,6 ^b	5,1 ^a
	szárazanyag	27,3 ^a	22,4 ^b	20,6 ^b	21,4 ^b	21,2 ^b	18,9 ^c
Energia (KJ/100g)		260 ^d	276 ^d	346 ^c	435 ^{ab}	468 ^a	409 ^b

összetevő (mg/ml)	Korai kolosztrum	Érett tej
IgG (összes)	61,8	1,6
IgA	11,3	4,1
IgM	3,8	1,5

A különböző betűk egy soron belül statisztikailag szignifikáns eltérést jeleznek ($p < 0,05$)

A MALACOK TÚLÉLÉSE

Az újszülött malacoknak nagy az energiaszükséglete a fizikai aktivitás (mozgás, szopás és csecsekért folyó harc) és a testhőmérséklet-szabályozás biztosításához. A magzati glikogénraktárak körülbelül 16 órán keresztül nyújtanak elegendő energiát, ezt követően alapvetően a kolosztrumnak kell biztosítania a malacok túlélését a születést követő 16–34 óra között, mivel az átmeneti tej csak ezt követően fog elkezdni termelődni. A csekély veleszületett energiaraktár miatt az újszülött malacok életben maradása az élet első óráiban történő főcstej felvételén múlik [8, 7].

Azok a malacok, amelyek nem vagy nem kellő mértékben jutnak főcstejhez lesatnyulnak és sokkal nagyobb a koca általi agyonnyomatásuk vagy súlyos fertőzés kialakulásának az esélye. Így az elegendő kolosztrum felvétele csökkenti a választás előtti elhullás mértékét. A mortalitás szignifikánsan nő azoknál a malacoknál, amelyek < 200 g kolosztrumhoz jutnak, vagyis a szopósmalacok elhullási arányának csökkentéséhez szükséges minimális feltétel a 200 g/malac (vagy 180 g/születési ttkg) mennyiségű kolosztrum bevétele [8, 9]. Ezen elhullási mutatók szorosan kapcsolódnak a malacok későbbi potenciális teljesítményéhez is, és átlagosan kb. 250 g/malac főcstej felvétele ajánlott a jó napi testtömeg-gyarapodás eléréséhez és a 42 napos korban mért termelési mutatók optimalizálásához [7, 10].



1. ÁBRA. A kolosztrum felvételének születés után a lehető leghamarabb meg kell történnie, hogy a malacok optimális mértékű passzív védelemhez juthassanak

A HUMORÁLIS ÉS SEJTES IMMUNITÁS ÁTVITELE SZOPÓSMALACOKBA

A kolosztrumban található fehérjék nagyon fontosak a malacoknak, hiszen ezek között vannak az immunglobulinok, amelyek nélkülözhetetlen részét képezik az ún. szerzett humorális immunitásnak. Az IgG a kolosztrumban legnagyobb mennyiségben található immunglobulin-izotípus (81%), míg az érett tejben az IgA-ból van a legtöbb (57%) [3]. A koca kolosztrumában az érett tejnél kb. 11-szer több immunglobulin található (IgG, IgA, IgM), mivel a koca vérében lévő anyai ellenanyagok a tejmirigyekben bekonztrálódnak. A fialás napján a főcstej IgG-koncentrációja háromszorosa a koca szérumában lévőnek. Ez lehet a magyarázata annak is, hogy bizonyos kórokozókra szeronegatív kocáknak szeropozitív újszülöttei lesznek a kolosztrum felvétele után. Tudományos kísérletek igazolják, hogy a kolosztrumban lévő IgG közel 100%-a, az IgA 20–38%-a, az IgM 70–100%-a a koca véréből származik. Ezzel szemben a tejben lévő IgG 20–38%-a, az IgA 12–27%-a és az IgM 4–32%-a jön a koca szérumából, a többi ellenanyag természetesen a tejmirigyben termelődik. Különösen az IgA jelentős része szintetizálódik a tejmirigyekben [3].

Az újszülöttek bélszatornájának még éretlen szerkezete teszi lehetővé az immunglobulinok érintetlen felszívódását a születést követő 24–36 órában [11]. A szopósmalacok kolosztrumfelvételt követően mért IgG- és IgA-szintjének további elemzése pedig arra enged következtetni, hogy a felszívódás nem is szelektál, mivel az immunglobulinok aránya a malacok vérében követi a koca kolosztrumában mérhető IgG/IgA arányt [12]. 24–36 óra elteltével a bélhám (magzati típusú) enterocytái lecserélődnek új, érett bélhámsejtekre, amelyek már nem engedik ezeknek a makromolekuláknak az akadálytalan felszívódását, ezt a jelenséget hívjuk a bélhám záródásának. Mindemellett a felszívódott anyai IgM, IgA és IgG a hámsejteken átszűrődve a malacok bélhámjának felületére is kijut, ahol kulcsszerepet játszik az újszülöttek különböző enterális kórokozókval szembeni védelmében [13, 14]. Végül pedig a kolosztrummal és az érett tejjel is felvett IgA fontos helyi védelmet biztosít az emésztőszervek nyálkahártya felületén, így az IgA alapvető fontosságú az újszülöttkori emésztőszervi problémák megelőzésében.

Az anyai eredetű sejtés immunválasz úgyszintén nagyon fontos szerepet játszhat sok betegség megelőzésében, de a kolosztrum sejtösszetevőinek szerepe mindeddig kevesebb figyelmet kapott az immunglobulinok jelentősége miatt [15].

Érdeemes megjegyezni, hogy a főcstej aktív alakos elemeinek felszívódása csak a malac saját anyjának sejteire szorítkozik, más (dajka) koca vagy hőkezelt kolosztrum sejtjeit a malacok nem hasznosítják. Ezzel

szemben az immunglobulinok az adott időablakban eredetüktől függetlenül bekerülnek a keringésbe, így származhatnak más kocáktól vagy akár más állatfajból is. Ugyanakkor klasszikus immunológiai vizsgálatok igazolták, hogy a felszívódó maternális lymphocyták aktív funkcióval bírnak. Összefoglalva a malacok megfelelő kolosztrumfelvétele alapvető fontosságú a sejtés és humorális immunitás optimális átvitelében [16].

A MALACOK KOCAVAKCINÁZÁSON KERESZTÜL MEGVALÓSÍTOTT, NAPOSKORI BETEGSÉGEKKEL SZEMBENI VÉDELMÉNEK ALAPJAI

A malacok kolosztrumhasznosítása függ a koca kolosztrumtermelő képességétől és a malacok alkalmaságától, hogy felvegyék azt. Annak a fontos célnak az eléréséhez, hogy passzív, anyai celluláris és humorális védelmet biztosítsunk a malacoknak, növelni kell a koca immunitását vakcinázással és biztosítani kell a megfelelő kolosztrum mennyiség felvételét a malacokba [17].



2. ÁBRA. A malacok passzív védelmét célzó optimális immunátvitel érdekében alkalmazható általános vakcinázási protokoll kocák/kocasüldők részére

Ahogy korábban már megjegyeztük, a tejben lévő IgG 20–38%-a, az IgA 12–27%-a, az IgM 4–32%-a a koca vérsavójából származik. Ebből következik, hogy a vemhes kocák vérében lévő ellenanyagok és immunsejtek mennyiségének vakcinázással történő emelésével a tej ellenanyag szintje is emelkedni fog a szoptatási időszakban. A kérdést mindeddig kevésbé vizsgálták, de mindenképpen érdemes a jövőben kutatást folytatni ezzel kapcsolatban, mert az ilyen anyai ellenanyagok jelenléte a bél lumenében kiegészítő védelmet nyújthat a malacok emésztőszervi megbetegedéseivel szemben még a bélhámzáródást követően is.

A megelőző gyógykezelési programok általában magukba foglalják a vemhes kocák vakcinázását is, amely során az adott kórokozóval, vagy kórokozókkal szemben a másodlagos vagy harmadlagos immunválasz során jelentős mennyiségű ellenanyag

és immunsejt termelődik [18]. A legtöbb termelési rendszerben a kocákat rutinszerűen vakcinázzák több, kórokozó vírus és baktérium ellen, passzív védelmet nyújtva a malacoknak a maternális ellenanyagok és immunsejtek által [3].

Meg kell említeni, hogy ezek a megelőző gyógykezelési programok különösen a kocasüldők esetében fontosak, mivel ezek az állatok általában gyengébb minőségű kolosztrumot termelnek (kevesebb specifikus antigén inger is éri őket a fialásig, mint az idősebb kocákat), és a sokszor kisebb méretű malacok kevesebb főcstej felvételére képesek [19].

Ebből adódóan érthető módon a vemhes állatok vakcinázására regisztrált vakcinák általában két oltást írnak elő a kocasüldők és egy emlékeztető oltást az idősebb kocák részére, többnyire a vemhesség utolsó harmadában.



ÖSSZEFOGLALÓ

Az újszülött malacok korlátozott glikogénraktárai miatt a túlélés záloga a kolosztrum által biztosított energia felvétele mindjárt az élet első óráiban. Az immunglobulinok legnagyobb mennyiségben a korai kolosztrumban találhatóak. A malacoknak születés után mihamarabb fel kell venniük a főcstejet az optimális passzív védelem kialakulásához. A javasolt ideális főcstejmennyiség 250g/malac. A kolosztrumból és az érett tejből felvett IgA fontos szerepet játszik az emésztőtraktus lokális védelmében. A maternális sejtes immunválasz csak a malac saját anyjától származó kolosztrummal vihető át. A kocáktól származó passzív (sejtes és humorális) immunvédelem mértéke nagyban növelhető a kocasüldők és kocák megfelelő vakcinázásával.

IRODALOM

- Matias J, Berzosa M, Pastor Y, Irache JM, Gamazo C (2017) Maternal Vaccination. Immunization of Sows during Pregnancy against ETEC Infections. *Vaccines* 5:48
- Tizard IR (2013) *Veterinary Immunology*, ninth edition. St Louis, Missouri: Saunders Elsevier
- Poonsuk K, Zimmerman J (2018) Historical and contemporary aspects of maternal immunity in swine. *Anim Health Res Rev* 19:31–45
- Theil PK, Lauridsen C, Quesnel H (2014) Neonatal piglet survival: impact of sow nutrition around parturition on fetal glycogen deposition and production and composition of colostrum and transient milk. *Animal* 8:1021–1030
- Hurley WL, Theil PK (2011) Perspectives on immunoglobulins in colostrum and milk. *Nutrients* 3:442–474
- Devillers N, Le Dividich J, Prunier A (2011) Influence of colostrum intake on piglet survival and immunity. *Animal* 5:1605–1612
- Ferrari CV, Sbardella PE, Bernardi ML, Coutinho ML, Vaz IS, Wentz I, Bortolozzo FP (2014) Effect of birth weight and colostrum intake on mortality and performance of piglets after cross-fostering in sows of different parities. *Prev Vet Med* 114:259–266
- Decaluwe R, Maes D, Wuyts B, Cools A, Piepers S, Janssens G (2014) Piglets' colostrum intake associates with daily weight gain and survival until weaning *Livestock Science* 162:185–192
- Hasan S, Orro T, Valros A, Junnikkala S, Peltoniemi O, Oliviero C (2019) Factors affecting sow colostrum yield and composition, and their impact on piglet growth and health. *Livestock Science* 227:60–67
- Vallet JL, Miles JR, Rempel LA, Nonneman DJ, Lents CA (2015) Relationships between day one piglet serum immunoglobulin immunocrit and subsequent growth, puberty attainment, litter size, and lactation performance. *J Anim Sci* 93:2722–2729
- Klobasa F, Werhahn E, Butler JE (1981) Regulation of humoral immunity in the piglet by immunoglobulins of maternal origin. *Res Vet Sci* 31:195–206
- Bandrick M, Ariza-Nieto C, Baidoo SK, Molitor TW (2014) Colostral antibody-mediated and cell-mediated immunity contributes to innate and antigen-specific immunity in piglets. *Dev Comp Immunol* 43:114–120
- Poonsuk K, Zhang J, Chen Q, Gonzalez W, da Silva Carrion LC, Sun Y, Ji J, Wang C, Main R, Zimmerman J, Gimenez-Lirola L (2016) Quantifying the effect of lactogenic antibody on porcine epidemic diarrhea virus infection in neonatal piglets. *Vet Microbiol* 197:83–92a
- Poonsuk K, Gimenez-Lirola LG, Zhang J, Arruda P, Chen Q, Correa da Silva Carrion L, Magtoto R, Pineyro P, Sarmiento L, Wang C, Sun Y, Madson D, Johnson J, Yoon KJ, Zimmerman J (2016) Main R. Does Circulating Antibody Play a Role in the Protection of Piglets against Porcine Epidemic Diarrhea Virus? *PLoS One* 11:e0153041
- Bandrick M, Pieters M, Pijoan C, Molitor TW (2008) Passive transfer of maternal *Mycoplasma hyopneumoniae*-specific cellular immunity to piglets. *Clin Vaccine Immunol* 15:540–543
- Blecha F (2001) Immunomodulators for prevention and treatment of infectious diseases in food-producing animals. *Vet Clin North Am Food Anim Pract* 17:621–633
- Langel SN, Wang Q, Vlasova AN, Saif LJ (2020) Host Factors Affecting Generation of Immunity Against Porcine Epidemic Diarrhea Virus in Pregnant and Lactating Swine and Passive Protection of Neonates. *Pathogens* 9:130
- Hedegaard CJ, Heegaard PM (2016) Passive immunisation, an old idea revisited: Basic principles and application to modern animal production systems. *Vet Immunol Immunopathol* 174:50–63
- Quesnel H (2011) Colostrum production by sows: variability of colostrum yield and immunoglobulin G concentrations. *Animal* 5:1546–1553

Exploration of the phylogenetic background and haplotype diversity of the Lowland Polled Racka sheep as a genetic inclusion breed based on the control region

A. Gáspárdy^{1*}

K. Csurgay¹

L. Harmat²

T. Mayer³

P. Zenke¹

M. Barna⁴

L. Sáfár⁴

Á. Maróti-Agóts¹

1. Állattenyésztési, Takarmányozástani és Laborállat-tudományi Intézet, Állatorvostudományi Egyetem, H-1078 Budapest, István utca 2.

*e-mail: gaspardy.andras@univet.hu

2. Tangazdaság, Állatorvostudományi Egyetem, Üllő, Dóra-major

3. Nemzeti Biodiverzitás- és Génmegőrzési Központ, Haszonállat-génmegőrzési Intézet, Gödöllő

4. Magyar Juh- és Kecsketenyésztő Szövetség, Budapest

Az alföldi suta racka juh mint genetikai zárványfajta filogenetikai háttérének és haplotípus-diverzitásának feltárása a kontrollrégió alapján

Gáspárdy András^{1*}, Csurgay Kristóf¹, Harmat Levente², Mayer Tamás³, Zenke Petra¹, Barna Miklós⁴, Sáfár László⁴, Maróti-Agóts Ákos¹

ÖSSZEFOGLALÁS

Az alföldi suta racka a racka fajtakörbe tartozó, önálló törzskönyvben nyilvántartott, elkülönítetten fenntartott, kifejezetten veszélyeztetett szarvatlan változat. A szerzők a suta racka anyai genetikai háttéréről most számolnak be elsőként. Összesen 29 egyedről történt biológiai mintavétel 2019-ben, 2 tenyészetben. A filogenetikai és diverzitásvizsgálatok a minták mtDNS teljes kontrollrégiójának (1179 bp) szekvenálásán alapultak. A kis létszám ellenére viszonylag nagy változatosságot találtak, hiszen a haplotípusok száma 11 volt. Ezek nagyrészt az európai juhokra jellemző B haplocsoportot képviselték, de megjelent az indiai szubkontinensre jellemző A haplocsoport is.

SUMMARY

Background: Racka sheep have been part of the Hungarian animal husbandry and ethnographic culture for centuries. The Lowland Polled Racka is a preserved, but critically endangered variant of this breed-group.

Objectives: The aim of the authors is to include the Lowland Polled Racka in the genetic evaluation of Hungarian native sheep, to assess its maternal genetic diversity, and to present its phylogenetics using gene bank control sequences.

Materials and Methods: A total of 29 individuals from 2 flocks were sampled in 2019. This meant a 50% coverage of the whole pool. Investigations were performed based on the total sequence (1179 bp) of control region (CR) of the mtDNA.

Results and Discussion: The number of haplotypes in the total study population was 11, unexpectedly large. However, there was no overlap in their distribution between farms. These haplotypes largely represented the haplogroup B, which is mainly characteristic of the European region, but the haplogroup A also appeared, typical for the Indian subcontinent. Low nucleotide diversity ($\pi = 12.91 \cdot 10^{-3}$) and medium haplotype diversity ($H_d = 0.783$) confirm the bottle-neck effect on the life of that breed-variant. The significant ($p = 0.013$) positive value (4.955) for Fu's F_s is evidence for a deficiency of alleles, which also indicates a narrowing of genetic diversity throughout the population history. On the one hand, in order to ensure the success of gene conservation, it is advisable to select hoggets based on their haplotypes. On the other hand, it is recommended to increase the number of haplotype lineages with few representatives as soon as possible.

ÁLLAT-
TENYÉSZTÉS

A racka juhok Kárpát-medencébe érkezésének pontos ideje nem ismert, de ez a fajta, valójában *magyar juh* néven évszázadok óta a magyar állattenyésztési kultúra, a pásztorvilág szerves részévé vált [1]. Pödrött, egyenes szarva a juhok között egyedülálló. Amit jól ismerünk, és amiben ma gyönyörködhetünk az a magyar juh élő változata, a *hortobágyi racka*.

A racka juhok Kárpát-medencébe érkezésének pontos ideje nem ismert

Sajnos, sok korábban létezett változata mára kipusztult [2]. Ilyen volt a csákovai rackaváltozat, ami a múlt század második felére már csak hírében, főleg szűcsök emlékezetében élt [3]. A „*sodrottszarvú rackákat, amelyek a Maroson-túli vidékről származtak, a Hódmezővásárhely körüli pusztaiak csákovai-birkának nevezték. Ezek kis testű, hosszúszőrű, sárga lábú és pofájú, de nagyszarvú állatok voltak*” [4]. BöLÖNYI kunszentmártoni fríz juhainak értékelésében említést tesz a csákovai nagy rackákról. Ez tekinthető talán a legnagyobb testmértékű rackaváltozatnak, amiről sajnos nem sokat tudunk. A „*csáki nagy racka*” fajtaváltozat tejhozama is felülmúlta a fennmaradt hortobágyi racka (magyar) juhok mind a két színváltozatáét [5]. Feltételezhető, hogy a dél-alföldi szarvatlan változatnak volt a neve a *subajuh*, utalva az állat gereznájának nagy méretéből adódó gyakori, hatékony felhasználására.

Rackánk mindkét ivarban mindig szarvalt, noha a mai napig születnek – bár nagyon ritkán – szarvatlan bárányok. A fajtörténetből ismerünk szarvatlan nyájakat is. RÁcz írt az 1873 táján feltűnt, majd a Millenniumi Kiállításon a nagyközönségnek is bemutatott szarvatlan *horodenkai* (Bukovina) rackáról, ami végső soron racka keresztezés volt [6]. Valamint, a fehér színű, szarvatlan *rimaszombati* racka a báró ROMASZKÁN-féle horodenkai racka és az erdélyi racka keresztezett utóda volt. Öreg pásztorok elmondása szerint a Hortobágyon egykor tartották a szarvatlan *szamosháti rackát*, amit a magyar juh (hortobágyi racka juh) és az erdélyi racka keresztezésével állítottak elő [7]. A magyar juh többféle keveredéséből származó, de a magyar juhnál tömöttebb és hosszabb szőrű szarvatlan juhot mondták általában rackának, vagy más néven rackabirkának [8]. Lovassy megörökítésében az *alföldi fehér racka* anyái többnyire szarvatlanok, bundájuk hosszúszájú, és a kedvezőtlen viszonyokat az Alföldön igen jól elviselik, de létszámuk az 1920-as években már fogyóban volt [9].

Az 1970-es évek génmegőrzési besorolása értelmében a hortobágyi racka a szervezett fenntartású fajták körébe tartozott

Valószínűsíthető, hogy az alföldi suta racka az alföldi magyar racka vagy a szamosháti (suta) racka még élő leszármazottja

Az 1970-es évek génmegőrzési besorolása értelmében a *hortobágyi racka* a szervezett fenntartású fajták körébe tartozott. Ám, már ekkor megfogalmazódott, hogy a fenntartói munka a racka fajta-csoporton belül terjedjen ki az *alföldi magyar rackára*, az *erdélyi rackára* és a *szamosháti rackára* is. Ezek felkutatása, felvásárlása vagy szerződéssel a szervezett fenntartásba kapcsolása ekkor kezdetét is vette [10]. Azonban kiteljesedését nem érte meg, a génmentés az évek során abbamaradt.

A jelen közleményben vizsgált rackaváltozat, hivatalos nevén *alföldi suta racka* eredetét sem a néprajzi, sem az állattenyésztési, sem az agrártörténeti szakirodalom nem említi pontosan ezen a néven [11]. Mégis, valószínűsíthető, hogy vagy a korábban említett *alföldi magyar racka* vagy a *szamosháti (suta) racka* még élő leszármazottja. A BARNÁ-család elmondása szerint, alapvetően a hortobágyi racka juhok, ill. a Dél-Alföld egykori suta fajtaváltozatának a keresztezéséből alakult ki ez a fajtaváltozat [12]. Nem kizárt, hogy az erdélyi racka (purzsa) és a kelet-fríz juh is szerepet játszott a kialakulásában, hiszen az 1970-es évek végén fellelhető volt az erdélyi racka a vásárhelyi pusztán, a Fehér-tónál, illetőleg az alföldi suta racka nagy fokban hasonlít a korabeli fotókon látható keletfríz és erdélyi racka hibridekre [13].

Feltételezhetően, az alföldi suta racka, mint ahogyan a többi juh az I. világháborút követő 1930-as évi világválságot, majd az 1930–1931-es aszályt, az 1932-es nagy belvizeket, ill. a II. világháború pusztítását is megsínylette. Az alföldi fehér suta racka a II. világháború után még néhány évig a dél-alföldi tanyavilágnak egyik

gyakori fajtája volt. Kisebb, hozzávetőlegesen 15–20 egyedet számláló csoportokban tartották ezeket udvaronként, de volt, ahol létszámuk akár 70–100 egyedből álló nyajat is kitett [11].

1948-ban az Országos Mezőgazdasági Kiállítás és Tenyészállatvásáron (OMÉK) BARNA ISTVÁN mintagazda aranyoklevelet kapott a bemutatott *alföldi fehér racka* anyacsoportjéért – az oklevél ilyen néven említi [12]. Ez a fajtaváltozat szinte kipusztult, a múlt század végére egyetlen kis állományban maradt fenn BARNA FERENC juhos gazdánál (1. ábra), aki 2012-ben lépett be állományával a Magyar Juh- és Kecsketenyésztő Szövetségbe. 2013-tól születnek hivatalosan regisztrált, ismert származású utódok. A fajtaváltozat egyelőre nincs önálló fajtaként elismerve, ugyanakkor önálló, 2012-ben alapított törzskönyvvel rendelkezik, önmagában tenyésztett, fajtakódja 96. Az alföldi suta racka 2019-ben került be a Nemzeti Biodiverzitás és Génmegőrzési Központ (NBGK) fajtamentő programjába. Az alföldi suta racka jelenlegi állománya (összesen 48 nőivarú és 11 hímivarú tenyészállat) három tenyészetben található meg: BARNA FERENCnél Hódmezővásárhelyen, PAPP JÓZSEFNél Mezőhegyesen és a NBGK Haszonállat-génmegőrzési Intézetében, Gödöllőn. Valamennyi tenyészet állatai BARNA FERENC magnyájából származnak. Cél a fajta biztonságos fennmaradáshoz szükséges populációnagyság elérése, fenntartása.

1. ÁBRA. Az alföldi suta racka legelésző anyái Hódmezővásárhelyen, 2010-ben

FIGURE 1. Grazing ewes of the Lowland Polled Racka in Hódmezővásárhely, 2010



A vizsgálat célja az alföldi suta racka összehasonlító genetikai vizsgálata volt az mtDNS kontrollrégiójának szekvenálása által

Összesen 25 nőivarú és 4 hímivarú tenyészállattól gyűjtöttek vérmintát

A vizsgálatunk célja az alföldi suta racka bevonása a hazai őshonos juhok genetikai értékelésébe, a fajtaváltozat anyai háttérének, maternális genetikai diverzitásának felmérése volt. A genetikai értékelés alapjául a mitokondriális genom (mtDNS) kontrollrégiójának (CR) nukleotidsorrendje szolgált. Ez a szekvencia fontos filogenetikai információkat is hordoz, így másik célunk a fajtaváltozat elhelyezése volt a génbanki kontroll szekvenciák alkotta rokonsági hálózatba. Az eredményeinkkel hozzá szeretnénk járulni a fajtaváltozat családjainak genetikai azonosításához és a fajtaváltozat genetikai változatosságának sikeres fenntartásához.

ANYAG ÉS MÓDSZER

AZ ÁLLOMÁNY ÉS MINTAVÉTEL BEMUTATÁSA

2020. február 18-án két tenyészetben, BARNA FERENC a hódmezővásárhelyi és PAPP JÓZSEF mezőhegyesi állományában összesen 25 nőivarú és 4 hímivarú tenyészállattól gyűjtöttünk biológiai mintát. Ez legalább 50%-os mintázási lefedettséget jelent; feltehetőleg nagyobb, hiszen a gödöllői állatok is hódmezővásárhelyi

hátterűek. A kosok a mitokondriális genomot nem örökölik tovább, azonban a kosok mintái azok anyai hátterének és a fajtaváltozat diverzitásának felmérésére alkalmasak.

A vérmintákat a vena jugularisból vettük EDTA-s vérvételi csövekbe, majd az alvadásban gátolt vért Eppendorf-csövekbe áttöltve $-20\text{ }^{\circ}\text{C}$ -on még aznap lefagyasztottuk.

DNS TISZTÍTÁS, A CR SZAKASZ AMPLIFIKÁLÁSA

A DNS-t a GenElute Blood Genomic DNS kit (Sigma-Aldrich, St. Louis, MO, USA) segítségével extraháltuk, a gyártó utasításai szerint. Minden egyes mintához $25\text{ }\mu\text{L}$ PCR reakcióelegyet készítettünk, amely a következő összetevőket tartalmazta: $5\text{ }\mu\text{L}$ DreamTaq™ Green PCR Master Mix-et (ThermoFisher Scientific, Waltham, MA, USA), $1\text{--}1\text{ }\mu\text{L}$ forward és reverse primereket ($10\text{ }\mu\text{M}$), $1\text{ }\mu\text{L}$ BSA (20 mg/ml), továbbá 10 ng DNS-templátot, végül az egészet $25\text{ }\mu\text{L}$ -re kiegészítettük PCR-minőségű vízzel. Két primerpárt használtunk a vizsgálandó szegmens amplifikálására: egy saját tervezésű primerpárt a régió elejére [14], továbbá egy második primerpárt HIENDLEDER és mtsai [15] leírása szerint.

A PCR-termék várt mérete 1246 bp volt. A DNS-szekvencia amplifikálására egy programozható, Thermal Cycler 2720-típusú PCR-berendezést (Applied Biosystem, ThermoFisher Scientific, Waltham, MA, USA) használtunk. A PCR-termékeket SIGMA GenElute™ PCR Clean Up Kit-tel (Sigma-Aldrich) tisztítottuk, a protokoll szerint.

SZEKVENÁLÁS

A szekvenálási reakcióhoz BigDye® Terminator 3.1-es verziójú Cycle Sequencing Kit-et (ThermoFisher Scientific) használtunk a gyártó által javasolt módon. A szekvenciák adatainak elemzésére az ABI Prism 3130XL típusú Genetic Analyzer-t (Applied Biosystems) használtuk, a gyártó útmutatásai alapján. A szekvenciaadatokat a Sequencing Analysis Software 5.1 (Applied Biosystems) segítségével elemeztük ki, és ezt követően a Sequencher™ 4.1.2 szoftverrel (Gene Codes Corp, Ann Arbor, MI, USA) igazítottuk.

A SZEKVENCIÁK ÉRTÉKELÉSE

A mutációk kiértékelését a Fu és Li [16] által javasolt teszttel végeztük el, majd populációgenetikai értékelési módszerként a Tajima [17] által kifejlesztett D-tesztet alkalmaztuk a detektált szekvenciamutációk elemzésére.

A polimorf helyek számát a teljes vizsgálati mintában a DNAsp 6.0-s verziójú szoftver segítségével határoztuk meg, majd kiszámítottuk a csoporton belüli és a csoportok közötti átlagos nukleotidkülönbséget [18].

A bázishelyettesítések szekvenciákon belüli korrigált számát Jukes és Cantor módszerével határoztuk meg [19].

A haplotípusok megoszlását a Network 10.2.00 szoftver segítségével (fluxus-engineering.com; [20]) ábráztuk.

A minták haplocsoportokba rendezését a GenBank-i referenciaminták alapján végeztük (A-HM236174, B-HM236176, C-HM236178, D-HM236180, E-HM236182 [21]; *Ovis musimon* Muflon HM236184, *O. vignei* Urial HM236186 [22]). Továbbá, az eddig általunk tipizált hazai őrhonos juhajták (cikta és cigája) mintáiból is választottunk egy-egy gyakori reprezentánst haplocsoportonként. A cikta minták közül az A, B és C haplocsoportból [23]. A cigájaminták közül egyet az A és egyet pedig a B haplocsoportból [24].

Egy 1246 nukleotid hosszúságú mtDNS-szakaszt amplifikáltak PCR-módszerrel

A szekvenciaadatokat genetikai szoftverek segítségével elemezték

EREDMÉNYEK

**A vizsgált szakaszon
a monomorf
bázishelyek száma
1105, míg a polimorf
bázishelyeké 69 volt**

A tisztított és illesztett CR-szekvenciák hossza 1179 bp volt, és a referenciaszekvencia 15437–16615. közötti pozícióinak felelt meg (AF010406; [15]).

Az illesztés során, 5 bázishelyen elvesztek adatok, így ezeket a gap-eket nem számítva összesen 1174 bázispár alapján értékeltük a mtDNS kontroll régióját.

A teljes vizsgálati minta CR-régiójában a monomorf bázishelyek száma 1105, míg a polimorf bázishelyeké 69 volt. Utóbbi esetében ebből 8 szimpla (szimpla helyek: 63, 203, 303, 444, 466, 1166, 1168, 1172) és 61 parszimon volt (a parszimon olyan polimorf bázishely, ahol kettő vagy kettőnél több bázisváltozat is megfigyelhető, és ezekből kettő bázisváltozat legalább két alkalommal fordul elő). A parszimon helyek részletes felsorolása CSURGAY szakdolgozatában megtalálható [25]. Az egyedenkénti mutációk átlagos száma a populációban 2,38.

A vizsgált sutaracka-állományban a nukleotiddiverzitás (π) átlaga $12,91 \times 10^{-3}$, szórása (SD) $3,09 \times 10^{-3}$. A nukleotiddiverzitás JUKES és KANTOR szerint korrigált értéke $\pi(JC)$ $13,16 \times 10^{-3}$.

A haplotípus-diverzitás (Hd) értéke 0,783, varianciája 0,00393, szórása 0,063.

A páronkénti átlagos nukleotideltérés (k) 15,158. Mégis, az állomány kétharmadában 10 körül, egyharmadában 45 körül alakul a nukleotid eltérés.

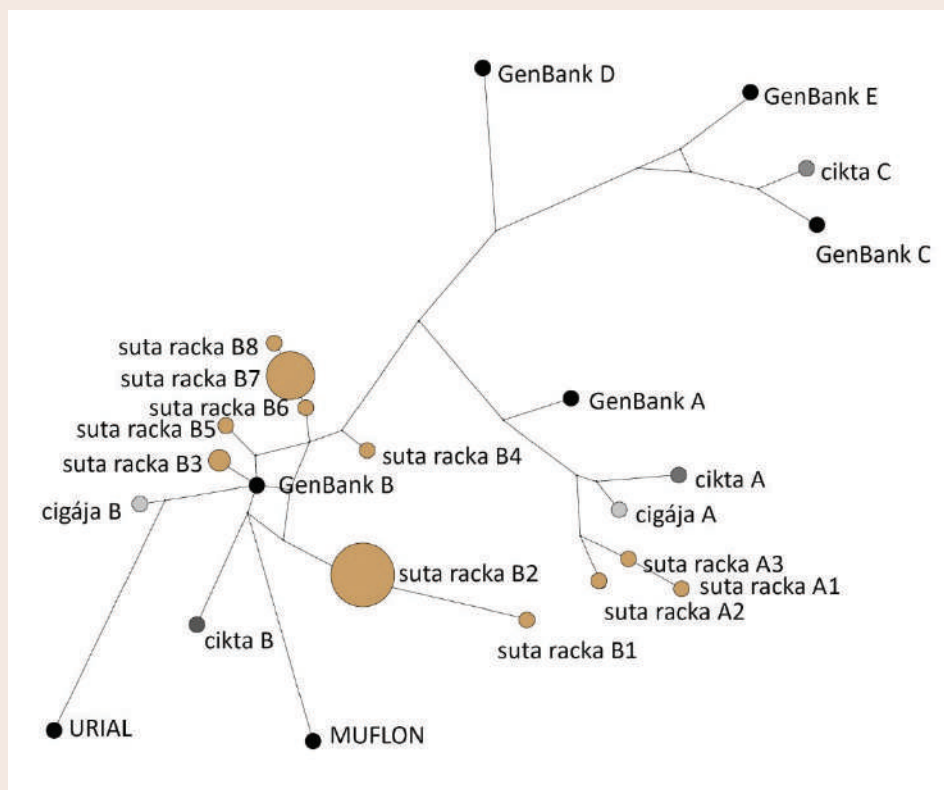
A teljes vizsgálati mintán elvégzett Fu és Li D- és F-tesztjei 1,04296 ($p > 0,10$) és 0,57741 ($p > 0,10$) nem adtak szignifikáns eredményt. Egyedül a Fu-féle Fs-statisztika értéke 4,955 adódott szignifikánsnak ($p = 0,013$). A TAJIMA D-teszt eredménye -0,522 volt, ami statisztikailag nem szignifikáns ($p > 0,10$) érték.

Az alföldi suta racka egyedeinek haplocsoport-, és haplotípus-eloszlását a Median-Joining (MJ) eljárással készült 2. ábra mutatja. A minták mtDNS-ének CR-régiója alapján 2 haplocsoport és 11 haplotípus különült el. Azonosítottuk az A és a B haplocsoportot. Az A haplocsoportba 3 haplotípus, míg a B haplocsoportba 8 haplotípus tartozik.

**A minták mtDNS-ének
CR-régiója alapján
2 haplocsoport és 11
haplotípus különült el**

2. ÁBRA. Az alföldi suta racka CR haplocsoportjainak és haplotípusainak megoszlása génbanki kontrollminták felhasználásával

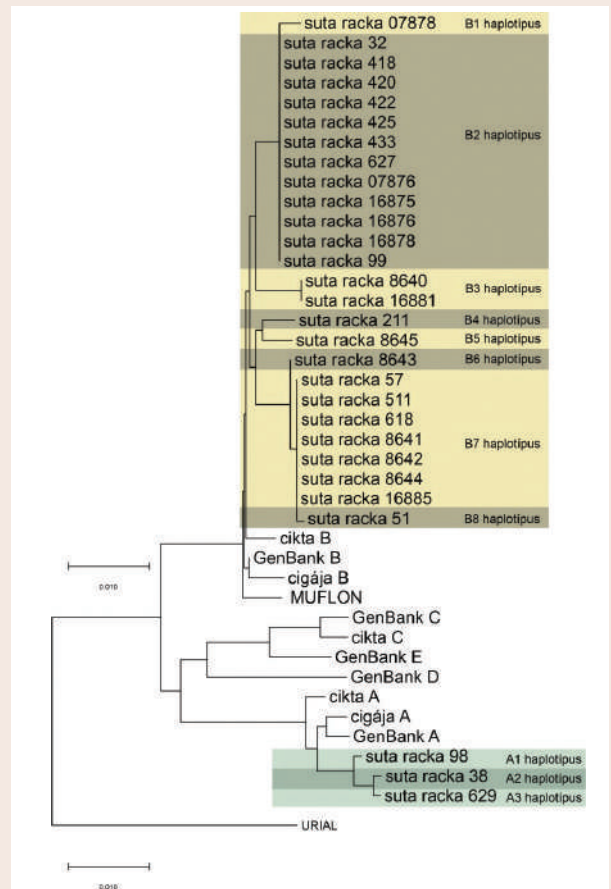
FIGURE 2. Distribution of CR haplogroups and haplotypes of the Lowland Polled Racka using GenBank control samples



A 3. ábra tárja fel az alföldi suta racka egyedeinek taxonómiai elhelyezkedését egymáshoz és a génbanki kontrollként felhasznált egyedekhez viszonyítva. A juhok korábban meghatározott B haplocsoportjával mutat a suta racka 26 egyede közeli rokonságot. Ebbe a haplocsoportba tartozik a muflon is. Látható, hogy a cikta és cigája őshonos fajták szintén felmutatnak olyan egyedeket, amelyek ebben a haplocsoportban vannak. A kis mintaszám ellenére, 3 egyed az ettől genetikailag jelentősen távol álló A haplocsoportba tartozik. Az outgroupként bevont urial, mint a házi juh távoli rokona egyértelműen elkülönül valamennyitől.

3. ÁBRA. Az alföldi suta racka juhok egyedenkénti rendszertani besorolása a genetikai távolság alapján génbanki kontroll minták felhasználásával

FIGURE 3. Systematic classification of Lowland Polled Racka based on genetic distance using GenBank control samples



MEGVITATÁS ÉS JAVASLATOK

A házi juhok mitokondriális haplocsoportjai közötti filogenetikai kapcsolatban a legnagyobb távolságot MEADOWS és mtsai B és C között figyelték meg [26]. A legkisebb számú nukleotidkülönbség az A és B, ill. a C és E között tapasztalható. Így is, az A és B haplocsoportok szétválási ideje körülbelül 1,5–0,45 millió évvel ezelőtre becsülhető [22]. A B haplocsoport Európa számos országában megtalálható (pl. [27, 28]) és úgy tartjuk, hogy körülbelül 6400 évvel ezelőtt került erre a kontinensre; kicsivel megelőzve az A haplocsoportot [29]. Európán belül a C haplocsoport eddig csak az Ibériai-félszigeten (Portugáliában [30] és Spanyolországban [31]), a Balkán-félsziget déli országaiban (Albániában és Görögországban [32]), továbbá Olaszországban a bergamasca és laticauda fajtákban fordult elő [33]. GÁSPÁRDY és mtsai C és D haplocsoportot tártak fel Közép-Európában a kihalt zaupel juhok utódfajtáiban [14].

**A suta racka évtizedekig
zártan, egyetlen
populációban maradt
fenn, genetikai
változatossága
beszűkült**

Ebben a tanulmányban 29 suta racka juhnak a mitokondriális kontrollrégióján alapuló filogenetikai vizsgálatát végeztük el. A vizsgálat rámutatott, hogy e hosszú idő óta zárt, kis létszámban fenntartott állományt változatos anyai genetikai háttér jellemez. Két haplocsoportot is sikerült azonosítani, amelyek közül a B haplocsoport a Közel-Keleten házasított juhokra jellemző [22], és a megmintázott egyedek között is ez dominál (86,2%). Három egyedet találtunk, amely az A haplocsoportba tartozik (13,8%) és itt minden egyed külön haplotípusba sorolható. Az A haplocsoport földrajzi eloszlása alapján az indiai szubkontinensre jellemző 77%-os megjelenéssel [34]. Hasonlóan az alföldi suta rackához, a romániai racka juhokban szintén két fő anyai származást, az A, ill. a B haplocsoportot azonosítottak Dupu és mtsai [35].

Az európai juhok körében a haplotípus-diverzitási értékek 0,872 és 0,988 közé estek [32, 33, 36], ezzel szemben a suta racka esetében ez ennél kisebb érték, $H_d = 0,783$. Ennek több oka is lehet. Az egyik, hogy a suta racka évtizedekig zártan, egyetlen populációban maradt fent, így az állomány erős palacknyakhatás alá került, azaz genetikai változatossága beszűkült. A másik, hogy az állománylétszám kicsi. Ezzel szemben felhozható, hogy az állomány nagy részétől vettünk mintát. E fajtaváltozat jellemzése maradéktalanná válhat, amennyiben a törzskönyvi adatok ismeretében a NBGK egyedait a megmintázott állománnyal származásilag összekötjük, valamint további egyedeket közvetlenül tipizálunk. A vizsgálatba vont nőivarú egyedek összesen 8 haplotípust képviseltek, míg a fajtaváltozatot – pedigrije alapján – 11 alapító anya, vagyis család jellemzi. Valószínűsíthető, hogy az alapító anyák is rokonai egymásnak, hiszen több család is azonos haplotípusú. A 2, 10 és 11-es család tagjai kizárólag az NBGK Haszonállat-génmegőrzési Intézetében lelhetők föl, így nagyon indokolt ezek anyai genetikai hátterét utólagosan megvizsgálni.

A nukleotiddiverzitást, ill. a haplotípus-diverzitást egymáshoz viszonyítva következtetéseket lehet levonni az állomány genetikai múltját illetően. A Fu-féle F_s szignifikáns ($p = 0,013$) pozitív értéke (4,955) az allélok hiányára utal, ami ugyancsak a populáció történetében fellépő genetikai diverzitás beszűkülését jelzi. A kis nukleotiddiverzitási érték ($\pi < 0,5$), nagy haplotípus-diverzitás mellett ($H_d > 0,5$) viszonylag kis populációméretből kiinduló, ám gyors növekedést mutató, ún. expanzió utáni állapotra utalhat [37]. A genetikai sokszínűség csökkenése valószínűleg azért alakult így, mert a tenyésztők az évtizedek során fenotípusosan és genetikai hátterük tekintetében is hasonló juhokat használtak az állomány fenntartásában.

A sutaracka-állomány expanzióját, a Tajima D-teszt nem szignifikáns, de negatív értéke ($D = -0,522$) csak sugallja. Amennyiben ez az érték szignifikánsan negatív lenne, úgy számunkra a nemkívánatos génekre történő szelekciót, vagy a populáció növekedését jelenthetné. Amennyiben ez az érték szignifikánsan pozitív lenne, úgy az az állomány genetikai beszűkülésére, vagy alpopulációkra való szétesésére engedne következtetni.

A javaslatok megtétele érdekében az egyedi fülszámok (ENAR használati szám tagja) a **Táblázat**ban is bemutatásra kerülnek feltüntetve az ivart, a tenyészetet, a haplocsoportot és a haplotípust.

A hódmezővásárhelyi állományban összesen 2 haplocsoporton (A és B) belül 6 haplotípust (A1, A2, A3, B1, B2, B4) azonosítottuk, a mezőhegyesi állományban 1 haplocsoporton belül (B), 5 haplotípust (B3, B5, B6, B7, B8). Azok az egyedek, amelyek azonos haplotípusba tartoznak, ugyanazon anyára vezethetők vissza. Érdekes, hogy annak ellenére, hogy a mezőhegyesi állományban relatíve kevesebb haplocsoportot, ill. haplotípust találtunk, mégis a potenciális genetikai diverzitás itt nagyobb. A Hódmezővásárhelyen megmintázott juhok között 4 kos is volt, amelyek közül 3 egyedül képvisel egy haplotípust (A1, A3, B4), és így gyakorlati szempontból a továbbörökíthető haplotípusok száma 3-ra korlátozódik (A2, B1, B2). Ez azt jelenti, hogy azok az anyák és anyai vonal-haplotípusok, amelyekről ezek a kosok származnak, már nincsenek a nyájban. Ugyancsak jelentős tényező, hogy a két állomány között haplotípusok tekintetében nincs átfedés.

TÁBLÁZAT. A megmintázott suta racka egyedek haplocsoport- és haplotípus-eloszlása tenyészetek szerint (H MV: Hódmezővásárhely, MH: Mezőhegyes)

TABLE. Haplogroup and haplotype distribution of the sampled individuals in Lowland Polled Racka according to the flock (H MV: Hódmezővásárhely, MH: Mezőhegyes)

Fülszám	Ivar	Tenyészet	Haplocsoport	Haplotípus
98	kos	H MV	A	A1
38	jerke	H MV	A	A2
629	kos	H MV	A	A3
07878	jerke	H MV	B	B1
32	jerke	H MV	B	B2
99	kos	H MV	B	B2
418	jerke	H MV	B	B2
420	jerke	H MV	B	B2
422	jerke	H MV	B	B2
425	jerke	H MV	B	B2
433	jerke	H MV	B	B2
627	jerke	H MV	B	B2
07876	jerke	H MV	B	B2
16875	jerke	H MV	B	B2
16876	jerke	H MV	B	B2
16878	jerke	H MV	B	B2
8640	jerke	MH	B	B3
16881	jerke	MH	B	B3
211	kos	H MV	B	B4
8645	jerke	MH	B	B5
8643	jerke	MH	B	B6
57	jerke	MH	B	B7
511	jerke	MH	B	B7
618	jerke	MH	B	B7
7645	jerke	MH	B	B7
8641	jerke	MH	B	B7
8642	jerke	MH	B	B7
16885	jerke	MH	B	B7
51	jerke	MH	B	B8

Tenyésztésbe vételnél, ill. selejtezésnél érdemes majd a jerkéket az mtDNS CR haplotípusaik alapján válogatni

Érdemes a kevés képviselővel bíró vonalak egyedszámát mielőbb felszaporítani

Tenyésztői oldalról ezekkel kapcsolatban a génmegőrzés sikerének érdekében a következő javaslatokat szeretnénk tenni: egyrészt, a tenyésztésbe vételnél, ill. selejtezésnél érdemes majd a jerkéket az mtDNS CR-haplotípusaik alapján válogatni: figyelni érdemes arra, hogy minden haplotípust képviselő anyai vonalból maradjon jerke továbbtenyésztésre. Eleinte legalább kettő (hogyha az egyik kikerül, maradjon még az anyai vonalnak képviselője), később, a teljes állomány növekedésével több is, így biztosítva a genetikai diverzitást. Továbbá, érdemes a kevés képviselővel bíró vonalak egyedszámát mielőbb felszaporítani. A hódmezővásárhelyi és a mezőhegyesi tenyészetek között a népesebb haplotípusok egyedeit már most érdemes lenne kicserélni. Jelenleg inkább tenyészet-specifikusak az anyai vonalak. A későbbiekben, a veszteség megelőzése érdekében az üzemek valamennyi család képviselőjét fenntarthatják. Napjainkban, az egy-két egyeddel képviselt családok megőrzése és az általuk hordozott genetikai érték végleges elvesztése nagy veszélynek van kitéve.

KÖSZÖNETNYILVÁNÍTÁS

A projekt az Európai Unió támogatásával, az Európai Regionális Fejlesztési Alap (ERFA) társfinanszírozásával valósult meg (VEKOP-2.3.2.-16-2016-00012).

IRODALOM

- Kiss L (1956) Vásárhelyi híres vásárok. Tiszatáji Magvető Kiadó, Szegedi Nyomda, pp 22
- Gáspárdy A (2012) Elfelejtethjük-e a racka juh egykori változatait? In: Jávorka L (ed) „Emberségről példát...”: Válogatott közlemények Bodó Imre 80. születésnapjára. Magyar Szürke Szarvasmarhát Tenyésztők Egyesülete, Budapest, pp 129–137
- Bálint S (1975) A szögedi nemzet. A szegedi nagytáj népelete. Első rész. Pásztorokodás, jószágtartás. Móra Ferenc Múzeum Évkönyve. 2., pp 443–512
- Nagy Gy (1968) Paraszti állattartás a Vásárhelyi-pusztán. Néprajzi Közlemények, 1-2., pp 29
- Bölonyi D (1906) A kelet-fríz juh hazájában és Magyarországon, szerepe hazánk fejős juhászataiban. A Kassai Magyar Királyi Gazdasági Tanintézet Vitéz A. utcai Könyvnyomdája, Kassa
- Rácz M (1914) Magyarország juhtenyésztése. Pátria Irodalmi Várlalat és Nyomdai Részvénytársaság, Kiadja: Rácz Mihály, Budapest
- Béres A (1972–1974) Erdélyi purzsások telettetése a Hortobágyon. In: Gunda Béla (ed) Tanulmányok a Hortobágy néprajzához. Műveltség és Hagomány XV–XVI, KLTE Néprajzi Tanszék, Debrecen, pp 139–152
- Szabó K (1942) I. Juhászat. Kecskemét pásztorélete. Néprajzi Értesítő, XXXIV. évf. 1. sz. 1–62
- Lovassy S (1927) Magyarország gerinces állatai és gazdasági vonatkozásai. Királyi Magyar Természettudományi Társulat, Budapest, pp 243–244
- Ferencz G (1975) Szervezetten tartott állományon felüli, génmegőrzési feladatkörbe tartozó fajták egyedeinek felkutatása. Az egyedek közti rokonsági fok megállapítása, párosítási rendszerek kialakítása (részjelentés). In: Az 1974 évi Környezetvédelmi Kutatási Eredmények I. Mezőgazdasági és Élelmiszerügyi Minisztérium. Budapest, pp 198–204
- MJKSZ: <https://mjkisz.hu/fajta/alfoldi-suta-racka-juh>. Accessed 18 Nov 2021
- Barna M (2021) szóbeli közlés
- Mayer T (2021) szóbeli közlés
- Gáspárdy A, Berger B, Zabavnik-Piano J, Kovács E, Annus K, Zenke P, Sáfár L, Maróti-Agóts Á (2021) Comparison of mtDNA control region among descendant breeds of the extinct Zaupeel sheep revealed haplogroup C and D in Central Europe. *Vet Med Sci* 7:2330–2338
- Hiendleder S, Lewalski H, Wassmuth R, Janke A (1998) The complete mitochondrial DNA sequence of the domestic sheep (*Ovis aries*) and comparison with the other major ovine haplotype. *J Mol Evol* 47:441–448
- Fu YX, Li WH (1993) Statistical tests of neutrality of mutations. *Genetics* 133:693–709
- Tajima F (1989) Statistical method for testing the neutral mutation hypothesis by DNA polymorphism. *Genetics* 123:585–595
- 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 datasets. *Mol Biol Evol* 34:3299–3302
- Jukes TH (1990) How Many Nucleotide Substitutions Actually Took Place? Department of biophysics and medical physics. <http://garfield.library.upenn.edu/classics1990/A>. Accessed 17 Nov 2021
- Bandelt H, Forster P, Röhl A (1999) Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. *Mol Biol Evol* 16:37–48
- Meadows JRS, Li K, Kantanen J, Tapio M, Sipos W, Pardeshi V, Gupta V, Calvo JH, Whan V, Norris B, Kijas JW (2005) Mitochondrial sequence reveals high levels of gene flow between sheep breeds from Asia and Europe. *J Hered* 96:494–501
- Hiendleder S, Kaube B, Wassmuth R, Janke A (2002) Molecular analysis of wild and domestic sheep questions current nomenclature and provides evidence for domestication from two different subspecies. *Proc R Soc B: Biol Sci* 269:893–904
- Kovács E, Maróti-Agóts Á, Harmat L, Annus K, Zenke P, Tempfli K, Sáfár L, Gáspárdy A (2020) A cikta juh jellemzése a mitokondriális DNS kontrollrégiója alapján. *Magy Állatorvosok Lapja* 142:421–428
- Gáspárdy A, Zenke P, Kovács E, Annus K, Posta J, Sáfár L, Maróti-Agóts Á (2021) Evaluation of maternal genetic background of two Hungarian autochthonous sheep breeds came from different geographical directions. *Animals* 12:218
- Csurgay K (2021) Az alföldi suta racka juh filogenetikai háttere a mitokondriális kontroll régió alapján. Szakdolgozat. Állatorvostudományi Egyetem, Budapest, pp 32
- Meadows JRS, Hiendleder S, Kijas JW (2011) Haplogroup relationships between domestic and wild sheep resolved using a mitogenome panel. *Heredity* 106:700–706
- Ćinkulov M, Popovski Z, Porcu K, Tanaskovska B, Hodžić A, Bytyqi H, Mehmeti H, Margeta V, Djedović R, Hoda A, Trailović R, Brka M, Marković B, Vazić B, Vegara M, Olsaker I, Kantanen J (2008) Genetic diversity and structure of the West Balkan Pramenka sheep types as revealed by microsatellite and mitochondrial DNA analysis. *J Anim Breed Genet* 125:417–426
- Lancioni H, Di Lorenzo P, Ceccobelli S, Perego UA, Miglio A, Landi V, Antognoni MT, Sarti FM, Lasagna E, Achilli A (2013) Phylogenetic relationships of three Italian Merino-derived sheep breeds evaluated through a complete mitogenome analysis. *Plos One* 8:e73712
- Sanna D, Barbato M, Hadjisterkotis E, Cossu P, Decandia L, Trova S, Pirastru M, Leoni GG, Naitana S, Francalacci P, Masala B, Manca L, Mereu P (2015) The first mitogenome of the Cyprus Mouflon (*Ovis gmelini ophion*): New insights into the phylogeny of the genus *Ovis*. *Plos One* 10:e0144257
- Pereira F, Davis SJM, Pereira L, McEvoy B, Bradley DG, Amorim A (2006) Genetic Signatures of a Mediterranean Influence in Iberian Peninsula Sheep Husbandry. *Mol Biol Evol* 23:1420–1426
- Pedrosa S, Arranz J-J, Brito N, Molina A, San Primitivo F, Bayón Y (2007) Mitochondrial diversity and the origin of Iberian sheep. *Genet Sel Evol* 39:91–103

31. Pariset L, Mariotti M, Gargani M, Joost S, Negrini R, Perez T, Bruford M, Marsan PA, Valentini A (2011) Genetic Diversity of Sheep Breeds from Albania, Greece, and Italy Assessed by Mitochondrial DNA and Nuclear Polymorphisms (SNPs). *Sci World J* 11:1641–1659

32. Mariotti M, Valentini A, Marsan PA, Pariset L (2013) Mitochondrial DNA of seven Italian sheep breeds shows faint signatures of domestication and suggests recent breed formation. *Mitochondrial DNA* 24:577–583

33. Lv F-H, Peng W-F, Yang J, Zhao Y-X, Li W-R, Liu M-J, Ma Y-H, Zhao Q-J, Yang G-L, Wang F, Li J-Q, Liu Y-G, Shen Z-Q, Zhao S-G, Hehua E, Gorkhali NA, Vahidi SMF, Muladno M, Naqvi AN, Tabell J, Iso-Touru T, Bruford MW, Kantanen J, Han J-L, Li M-H (2015) Mitogenomic meta-analysis identifies two stages of migration in the history of Eastern Eurasian sheep. *Mol Biol Evol* 32:2515–2533

34. Dudu A, Ghiță E, Costache M, Georgescu S (2016) Origin and genetic diversity of Romanian Racka sheep using mitochondrial markers. *Small Rumin Res* 144:276–282

35. Othman EO, Pariset L, Balabel EA, Mariotti M (2015) Genetic characterization of Egyptian and Italian sheep breeds using mitochondrial DNA. *J Genet Eng Biotechnol* 13:79–86

36. Grant WAS, Bowen BW (1998) Shallow population histories in deep evolutionary lineages of marine fishes: insights from sardines and anchovies and lessons for conservation. *J Hered* 89:415–426

Közlésre ér.: 2022. febr. 22.

Szolgáltatásaink:

- 🐾 társ- és haszonállatok laboratóriumi vizsgálata
- 🐾 terápiás szaktanácsadás
- 🐾 ingyenes mintavételi csövek biztosítása
- 🐾 ingyenes mintaszállítás az ország nagy részéről
- 🐾 folyamatosan bővülő vizsgálati paletta
- 🐾 gyors eredményközlés
- 🐾 rendszeres kedvezmények
- 🐾 mikrobiológiai vizsgálatok

Keresse bizalommal szakembereinket

+36 30 287 2991
www.cordenvet.hu
vet@cordenvet.hu



 **CordenVET**
 Állatorvosi Laboratóriumi Diagnosztika

Dog selection and responsible animal keeping during the COVID-19 pandemic: survey among future owners and animal welfare NGOs

Sz. Tóth¹
Sz. Vetter^{1*}
L. Ózsvári²
V. Sajtos¹

1. Állatorvostudományi Egyetem,
Állatvédelmi Jogi-, Elemző és
Módszertani Központ,
H-1078 Budapest, István u. 2.

*e-mail: vetter.szilvia@univet.hu

2. Állatorvostudományi Egyetem,
Törvényszéki Állatorvostani és
Gazdaságtudományi Tanszék,
Budapest

A kutyaválasztás szempontjai és a felelős állattartás a COVID-19-világjárvány idején: felmérés leendő kutyatartók és állatvédelemmel foglalkozó civil szervezetek körében

Tóth Szabina¹, Vetter Szilvia^{1*}, Ózsvári László², Sajtos Viktória¹

ÖSSZEFOGLALÁS

A szerzők felmérést végeztek 2021 őszén leendő kutyatartók és civil állatvédő szervezetek körében a COVID-19-világjárvány idején a kutyaválasztásról, eb-tartási szokásokról, a felelős állattartásról, ill. az örökbefogadások körülményeiről Magyarországon. Legnépszerűbbek a nőstény kölykök, a kutyával jelenleg nem rendelkező, de az eb-tartást tervező válaszadók pedig legnagyobb arányban 25 év feletti, legalább középiskolai végzettséggel rendelkező városi nők, akiknek az örökbefogadás sok esetben vonzó alternatíva. A kutyamentéssel foglalkozó szervezetek a javasolt állami intézkedések közül a büntetések szigorítását, az ivartalanítást és a szaporítók tevékenységének felszámolását emelték ki.

SUMMARY

Background: The COVID-19 pandemic has brought unexpected changes in people's lives with broad implications, possibly affecting pet ownership habits and adoption considerations while also posing new challenges to animal welfare organisations. Though previous studies explored different aspects of dog selection and responsible ownership, the potential changes brought by the pandemic have yet to be investigated.

Objectives: Our aims were to 1) evaluate the criteria of dog selection among prospective owners during the autumn of 2021 and the related views of non-governmental organisations (NGOs), 2) examine the need for potential changes in dog selection and ownership practices, 3) explore the opinion of prospective owners and NGOs on the necessity of a mandatory "dog licence", and 4) assess the need of NGOs for government support.

Materials and Methods: Specialized surveys were conducted among 146 prospective dog owners through social media and 51 NGOs through email from September to October 2021 in Hungary. Descriptive statistics were used to present the main findings.

Results and Discussion: Based on the unanimous opinion of prospective dog owners and NGOs, the results show that female puppy dogs are invariably the most popular in Hungary. However, the demand for pure breeding is declining, with a growing number of people preferring to adopt a mixed dog from animal shelters and rescue organizations. According to NGOs, neutering is becoming increasingly popular, with only 3.9% of them claiming that prospective owners are against the intervention. The majority of the prospective owners are urban women with tertiary education, many of whom already keep other pets. NGOs consider some prospective dog owners unprepared and ill-advised. Therefore, most of them would make it mandatory to obtain a "dog license", which is also supported by prospective owners. NGOs also stressed the importance of neutering and expected the state to tighten and enforce penalties.

Magyarországon először HERMAN OTTÓ alapított állatvédelmi egyesületet Országos Ornitológia Központ néven. A Magyar Állatvédő Egyesületek Szövetsége 1908-ban jött létre, és már akkor különös figyelmet és gondot fordítottak többek között a vadmadarak védelmére és téli etetésére [1]. A mai értelemben vett állatvédő civil szervezetek a rendszerváltás után alakultak meg nagyobb számban: az állatvédelem fejlődésében a mai napig pótolhatatlan szerepet játszik a nyilvánosság és a nonprofit társadalmi csoportosulások tevékenysége [2]. Magyarországon nincs tudomásunk olyan aktualizált adatbázisról, amely az összes állatvédelemmel foglalkozó szervezet nevét és elérhetőségeit tartalmazná. A KSH 2018. évi vizsgálata alapján a környezetvédelemben tevékenykedő szervezetek a nonprofit szektor mindösszesen 3,4%-át teszik ki [3], ennek részét képezik az állatvédelemre specializálódott szervezetek, úgymint állatotthont üzemeltető, a gazdátlan állatokat egyéb módon segítő vagy vadon élő állatok mentésével, repatriálásával (a vadonba való visszahelyezésével), elhelyezésével foglalkozó alapítványok vagy egyesületek. A lehetséges civil kedvezményezettet listázó weblap tanúsága szerint hazánkban 268 állatvédelemmel vagy állatvédelemmel is foglalkozó szervezetnek adományozható az adó 1%-a [4]. Az állatvédelmi hatóság nyilvántartásában szereplő állatmenhelyek száma a hivatalos weblap alapján 61 db [5], ebből is látszik, hogy nem minden állatvédő szervezet rendelkezik állatok befogadására alkalmas telephellyel, például azért, mert ideiglenes befogadókkal működik.

Magyarországon először Herman Ottó alapított állatvédelmi egyesületet

Korábban már készült a civil szervezetek körében felmérés azzal kapcsolatban, hogy milyen hiányosságokat látnak az állatvédelem területén állami szinten, és szerintük hol tart a magyar eb-tartási kultúra. A felmért szervezetek véleménye szerint a gazdák jelentős százaléka felelőtlenül fogad örökbe, nem gondolja át ezt a fontos döntést. A felnőtt kutyáknak lényegesen kevesebb esélyük van gazdára találni, 86%-ban a kölyökkutyákat preferálták a leendő tulajdonosok [6].

A KUTYAVÁLASZTÁS SZEMPONTJAI ÉS AZ ÁLLATTARTÓK ELVÁRÁSAI KUTYÁJUKKAL SZEMBEN

A harmonikus kutya-ember együttélés a jól megválasztott ebnél kezdődik

A harmonikus kutya-ember együttélés a jól megválasztott ebnél kezdődik [7], számos tényező befolyásolja az ideális kutyaválasztást. Többek között a leendő kutyatartó neme és iskolázottsága is hatással lehet a kutyatartás iránti motivációra, valamint az is, tart-e másik állatfajt is a háztartás. Egy Közép-Olaszországban végzett felmérés eredményei szerint pl. a felmérésben részt vevő kutyatartók 63%-a volt nő, és 69%-uk macskát is tartott otthon a kutyája mellett [8]. Az ebválasztást befolyásolhatja az állattartó iskolai végzettsége és lakhatási körülményei is. A magasabb szintű iskolai végzettséggel rendelkezők sok esetben kevésbé motiváltak és többször megkérdőjelezzik a saját rátermettségüket [9]. Magyarországon az eb-tartók leginkább a lakásban és a kertben is szeretik a kutyájukat tartani, kisebb arányban tartják kizárólag a lakásban vagy csak a kertben kedvencüket [10, 11]. Érdekes eredmény, hogy azoknál volt a kutyatartásra vonatkozó jogszabályok ismerete és betartásának a mértéke a legmagasabb, akik kutyájukat csak lakásban tartják. Ennek feltételezhetően a szorosabb együttélés és kötődés lehet az oka. Emellett azok a családok, akik tartanak otthon valamilyen háziállatot, nagyobb eséllyel laknak kertés házban, mint azok, akik nem állattartók [12].

A kutyatartáshoz fűződő várakozásokat nagyban befolyásolhatják az állattartás terén szerzett tapasztalatok is. Azoknak a gazdáknak, akiknek már volt tapasztalatuk kutyákkal, tartottak kutyát, jóval realitásabb elképzeléseik vannak többek között az állat viselkedéséről, neveléséről, ill. az állattartás költségeiről is [13]. A korábban megszerzett ismeretek azonban túlságosan optimistává és magabiztossá is tehetik a gazdákat. Emellett a tapasztaltabb kutyatartók nagyobb

A felelős állattartáshoz hozzátartozik az állattartással összefüggő költségek felmérése is

eséllyel visznek vissza kutyát menhelyre az állat nem várt viselkedésproblémái miatt, ami alapján azt feltételezhetjük, hogy ezek a gazdák kevésbé toleránsak a viselkedészavarokkal kapcsolatban. Mindazok, akik eddig még nem tartottak otthon kutyát, jóval elővigyázatosabbak és megfontoltabbak lehetnek mind a kutyaválasztást, mind a kutyatartás kihívásait illetően [14].

A felelős állattartáshoz hozzátartozik az állattartással összefüggő költségek felmérése is. A leendő brit kutyatartók 58%-a nem tudja, mennyi költséggel jár egy kutya tartása, sokan a számukra vonzó kutyafajta tenyésztői áraival sincsenek tisztában. Az Egyesült Királyságban a kutyatartással kapcsolatban felmerülő költségek közül a takarmányozás áll az élen, ezt követik a gyógyszerek és az állatorvosi díjak [15].

Nagy-Britanniában indultak kezdeményezések, amelyek szerint a felelős kutyatartásra való nevelést, oktatást már gyermekkorban el kellene kezdeni. A brit kutyatartók 86%-a jó ötletnek tartja az ún. „gazdijogosítvány” bevezetését a kutyatartáshoz. Úgy gondolják, hogy ezzel megnőne a felelős kutyatartók száma és nem lenne annyi elhagyott állat [13]. Egy olaszországi program keretein belül kiderült, hogy a menhelyi kutyák számára szervezett kutyakiképzéssel, szocializációval és a felnőtt, örökbefogadható kutyák megfelelő platformokon való hirdetésével kiemelkedő eredményeket lehetne elérni az örökbeadást illetően [16]. Ez nemcsak a kutyák számára járna előnyökkel, de a menhelyek állatsűrűsége is csökkenne. A programban résztvevő állatmenhelynél a többi környékbeli menhelyhez képest háromszorosára nőtt az örökbefogadások esélye.

Jelen kutatás célja, hogy bemutassa, hogyan gondolkodnak a kutyával a választáskor nem rendelkező, de az ebtartást tervező leendő gazdák a kutyaválasztásról és a kutyatartásról, ill. hogyan látják a felmérésben részt vevő civil szervezetek a kutyák örökbeadásának aktuális kérdéseit.

ANYAG ÉS MÓDSZER

Az adatok kutyatartók és civil állatvédő szervezetek körében készült kérdőíves felmérésekből származnak

A tanulmányhoz szükséges adatok kvantitatív módszertannal készült kérdőíves felmérésekből származnak. Két kérdőívet állítottunk össze, amelyből az első a leendő kutyatartóknak szól (vagyis olyan válaszolóknak, akik tervezik a kutyatartást, azonban ez valamilyen oknál fogva még nem valósult meg), a másodikban civil állatvédő szervezetek válaszait vártuk. Mindkét kérdőív esetében internetes felületen nyílt lehetőség a kitöltésre 2021. szeptember 5. és október 3. között. A gazdáknak szóló kérdőívet az Állatorvostudományi Egyetem Állatvédelmi Jogi-, Elemző- és Módszertani Központja osztotta meg a közösségi médiában, míg a civil állatvédőket az interneten fellelhető e-mail címek alapján kerestük meg. A leendő kutyatartóknak szóló kérdőívet összesen 146 fő töltötte ki, a másik kérdőív esetében összesen 51 szervezettől kaptunk válaszokat.

A kérdőívekben nyitott és zárt formátumú kérdések is szerepeltek, az előbbiekre adott válaszokat kategóriákba soroltuk. Az attitűd-jellegű kérdések esetében 5 fokozatú Likert-skálát alkalmaztunk, amelyen az 1-es érték a legkisebb, az 5-ös érték pedig a legnagyobb fokú egyetértést jelenti [17]. A felmérést követően a válaszokat Microsoft ExcelTM adatbázissá alakítottuk, és leíró módon ábráztuk.

EREDMÉNYEK ÉS MEGVITÁTÁS

A járvány kezdetekor világszerte, de főként Ázsiában, számos kutyát, macskát hagytak el vagy altattak el véglegesen

Hazánkban több tanulmány foglalkozott a COVID-19-világjárvány egészségügyi és gazdasági következményeivel [18, 19], azonban jelen kutatásig nem született olyan felmérés, amely a hazai civil szervezetek működését és megváltozott körülményeit vizsgálta volna a járványhelyzetben. A járvány kezdetekor az attól való félelemtől vezérelve, hogy a társállatok koronavírussal fertőzhetik gazdáikat, számos kutyát, macskát hagytak el, vagy altattak el véglegesen világszerte, főként

Ázsiában [20]. Nem csupán az örökbefogadási hajlandóság nőtt meg, hanem az utcára kerülő társállatok száma is [21]. Mindemellett az állatvédő civil szervezeteknek számos egyéb kihívással kell, kellett megküzdniük a járványidőszakban. Az Amerikai Egyesült Államokban a menhelyek között voltak olyanok, akik teljes vészhelyzet esetén életbe lépő tervet dolgoztak ki, míg mások csökkentették a fizetett állatgondozók számát, és inkább még több ideiglenes befogadó bevonásával igyekeztek átvészelni ezt az időszakot [22].

A civil szervezetek körében történt jelen felmérésben részt vevő válaszadók magyarországi megoszlása azt mutatja, hogy a fővárosban és környékén volt a legnagyobb a válaszadási hajlandóság (amely összefüggésben lehet az összes működő szervezet területi megoszlásával is). A szervezetek egy része országosan látja el feladatait. A válaszadó alapítványok és egyesületek 37%-a évente több, mint kétszáz kutyát ment, és csak 14% az, akiknél ez a szám 50 alatti.

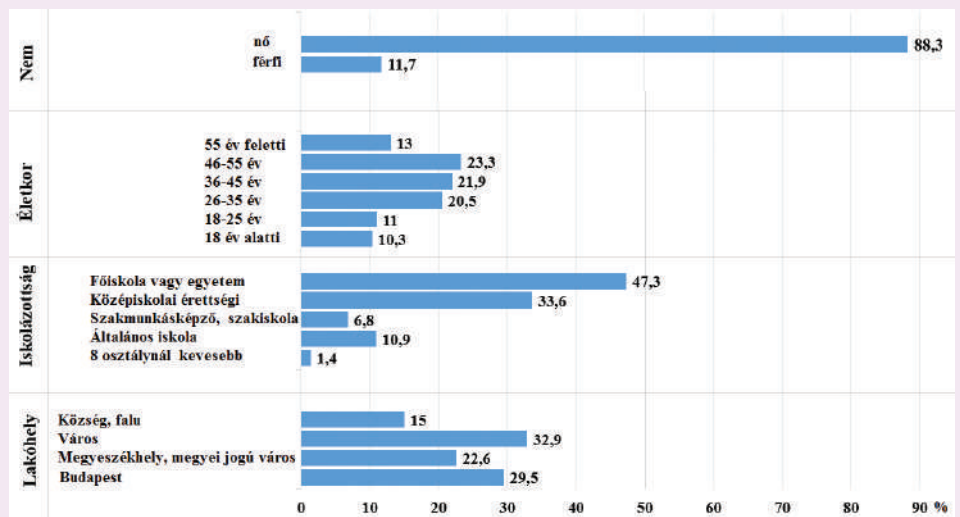
A leendő kutyatulajdonosoknak szóló kérdőívet kitöltők demográfiai eloszlásában azt figyelhettük meg, hogy túlnyomó részük nő, 25 év feletti, és rendelkezik legalább középszintű végzettséggel. A legtöbben kisebb városban élnek, de a fővárosban élők száma is jelentős (1. ábra). A kutyaválasztás szempontjából meghatározóak lehetnek a korábbi évek során szerzett állattartási tapasztalatok [12], és ennek megfelelően a kitöltők többségének (88%) volt már eddigi élete során kutyája. A válaszadók körülbelül fele (54,1%) tart otthon más háziállatot kutyán kívül. A legtöbben macskát, nyulat, teknőst, halat vagy papagájt tartanak, de szerepelt csincsilla, tengerimalac, hörcsög, ló és kecske is a válaszok között, ezeket a válaszokat az elenyésző számok miatt nem ábrázoltuk a 2. ábrán.

A leendő kutyatulajdonosok túlnyomó része nő, 25 év feletti, és rendelkezik legalább középszintű végzettséggel

A válaszadók körülbelül 54,1%-a tart otthon más háziállatot is kutyán kívül

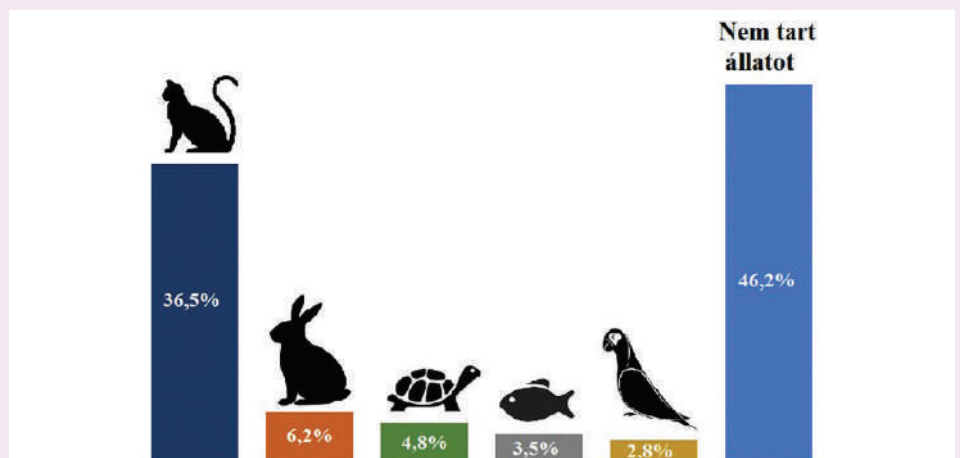
1. ÁBRA. A leendő kutyatartók demográfiai adatainak megoszlása (n = 146)

FIGURE 1. Distribution of demographic characteristics of prospective dog owners (n = 146)



2. ÁBRA. Kutyán kívül tartott más háziállatok megoszlása a leendő kutyatartók közt (n = 146)

FIGURE 2. Distribution of the pets that the prospective dog owners have at home (n = 146)



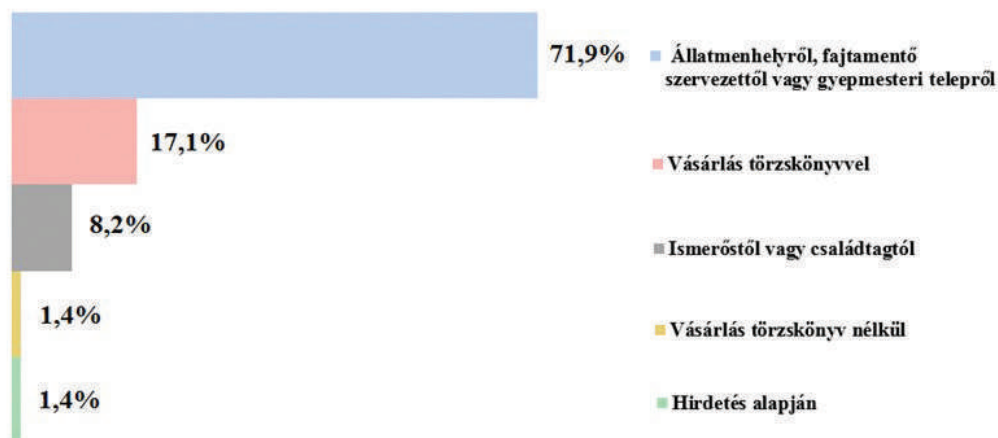
Egyes külföldi menhelyek az örökbefogadás 30–40%-os, vagy még nagyobb mértékű emelkedéséről számolnak be a járványt megelőző időszakhoz képest

Jelen kutatás alapján a gazdijelöltek 71,9%-a állatmenhelyről, gyepmesteri telepről vagy fajtamentő egyesülettől szeretne kutyát befogadni

A világjárvány sok esetben elmagányosodással járt, hiszen a karanténidőszak alatt az emberi kapcsolattartás korlátozódott és a napi rutinok megváltoztak [23]. A társállatok lehetőséget biztosíthatnak arra, hogy az emberektől való elszigeteltség alatt mégis kapcsolódás alakulhasson ki egy másik élőlényel, annak minden pozitív pszichés hozadékával. Sőt, egyes kutatások szerint a háziállattartók egészségére is pozitív hatással lehetnek állataik közelsége a válság idején [24]. A világjárvány alatt sokan úgy érezhetik, most jött el az ideje annak, hogy kutyatartóvá váljanak. A legtöbbeket a magány, a társaság keresése és a megnövekedett szabadidő-mennyiség motiválja a döntés meghozatalára. Egy társállatról való gondoskodás elfoglaltabbá teheti őket, és növelheti a felelősségtudatot is [25]. A „COVID-kutya” ismert fogalomná vált, egyes külföldi menhelyek az örökbefogadás 30–40%-os emelkedéséről számolnak be a járványt megelőző időszakhoz képest [26], míg más források ennél is nagyobb mértékű, 100%-os növekedést tapasztaltak [27].

Jelen kutatás alapján a gazdijelöltek túlnyomó része (71,9%) állatmenhelyről, gyepmesteri telepről vagy fajtamentő egyesülettől szeretne kutyát befogadni. A kitöltők 23%-a számára fontos, hogy fajtatiszta kutyája legyen, azonban csupán 17,1% tervez törzskönyvvel, tenyésztőtől vásárolni állatot. A legtöbb leendő gazdi számára nem lényeges szempont, hogy az állat fajtatiszta vagy keverék lesz-e (59%), de akadtak olyanok is, akik kizárólag keverék kutyát szeretnének (18%). Törzskönyv nélkül fajtatiszta kutyát pénzért vásárolni nagyon kevesen szeretnének (1,4%), úgy tűnik, sokak számára vonzó a fajtamentőtől való örökbefogadás lehetősége. Ez mindazok számára jó választás lehet, akik kötődnek egy konkrét kutyafajtához, azonban nem szeretnék az illegális szaporítókat támogatni [28], és az örökbefogadásra is nyitottak (3. ábra). Mindezzel szemben a már kutyatartók között végzett 2021-es felmérés alapján a gazdák nagy része végül nem egy átgondolt kiválasztási folyamat révén jutott állatához, hanem ismerőstől fogadta be (21,7%), ajándékba kapta (22,1%), az utcáról fogadta be (7,4%), vagy örökölte (2%) [29].

A leendő tulajdonosok havi költségterve elég nagy eltéréseket mutat, 49%-uk havi tíz- és húszezer forint között tervez a kutyára költeni, és mindössze 2%-uk gondolja úgy, hogy csupán ötezer forint alatti összeget hajlandó vagy tud erre fordítani (4. ábra).

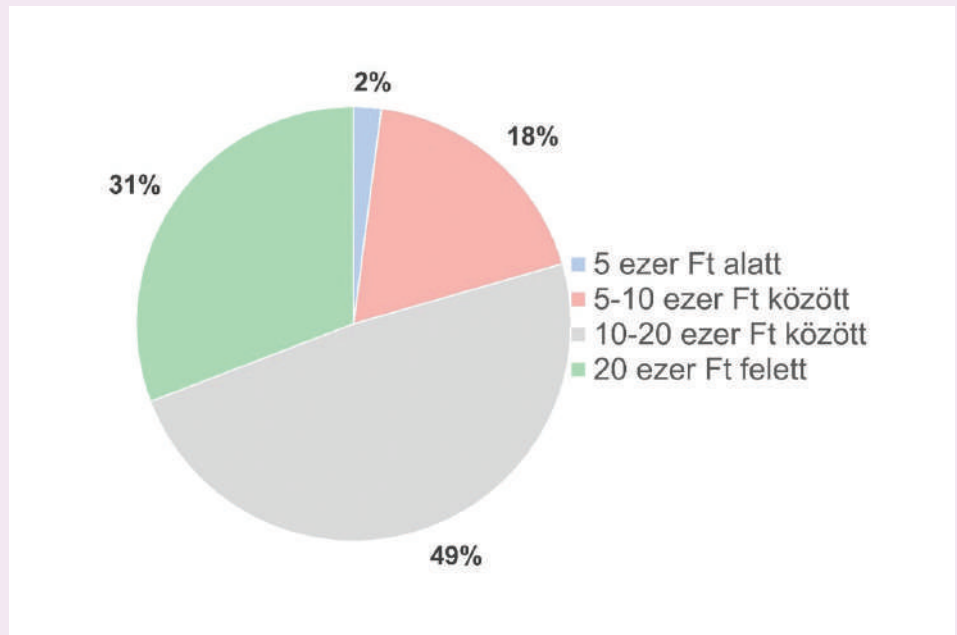


3. ÁBRA. A kutya örökbefogadás/vásárlás módjának megoszlása a leendő kutyatartók körében (n = 146)

FIGURE 3. Distribution of acquisition options among potential dog owners (n = 146)

4. ÁBRA. A leendő tulajdonosok kutyatartásra szánt havi költségkerete (n = 146)

FIGURE 4. Prospective owners' monthly budget allocated for dog expenses (n = 146)



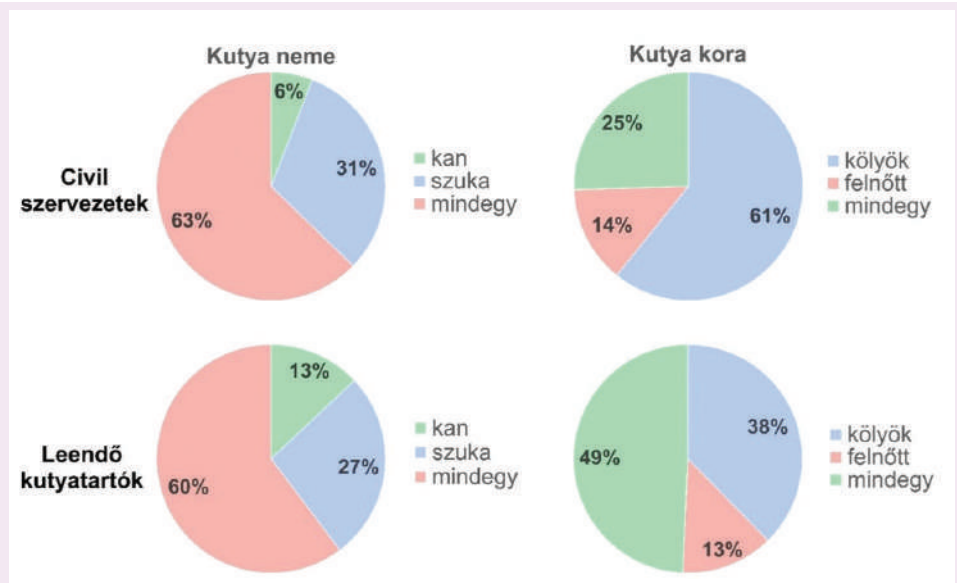
A leendő gazdák 27%-a ragaszkodik ahhoz, hogy szuka kutyája legyen, kan kutyát 13%-uk szeretne, 60% számára pedig nem lényeges a kutya neme

Arra a kérdésre, hogy a szervezetek szerint mennyire fontos a leendő gazdának a kutya neme, ill. kora, kiderült, hogy az alapítványok és egyesületek vezetői szerint az emberek többsége (61%) kölyköt szeretne befogadni, és ez összhangban van a leendő gazdák körében végzett felmérésünkkel, ugyanis a válaszadók 53%-a 1 év alatti kutyát szeretne. Egy 2013-ban végzett kutatás eredményei hasonlóak lettek, ott is látszott a kölyökkutya-preferencia [6].

Az eb neme a civil szervezetek szerint kevésbé fontos tényező (63%), de akiknél szempont, azokról úgy gondolják, hogy inkább szukát (31%) szeretnének, szemben a kanokkal (6%). A leendő gazdák 27%-a ragaszkodik ahhoz, hogy szuka kutyája legyen, kan kutyát viszont csupán feleannyian (13%) szeretnének, 60% számára pedig nem lényeges a kutya neme, mindkét ivarból szívesen választana (5. ábra). A nőstény kölyökkutyák preferenciájának az lehet az oka, hogy a felnőtt, ill. kan ivarú kutyák nevelésétől jobban tartanak a gazdák, szökősebbnek, agresszívebbnek és nehezebben nevelhetőnek vélik őket.

5. ÁBRA. A kutya korának és nemének fontossága örökbefogadáskor a leendő gazdák és a civil szervezetek megítélése szerint (n = 146, n = 51)

FIGURE 5. Importance of the age and sex of the adopted dogs, according to the opinion of potential dog owners and non-governmental organisations (n = 146, n = 51)



A szervezetek nagy hangsúlyt fektetnek az örökbe adni kívánt kutya leendő élőhelyének ellenőrzésére

A leendő állattulajdonosok közül a legtöbben kertben és lakásban egyaránt szeretnék kutyájukat tartani

Az örökbefogadott kutyák visszavételének a legfőbb oka a tulajdonos felkészületlensége

A leendő kutyatartók nagy 79,5%-a saját megítélése szerint igen jól tájékozott a jogilag előírt kötelezettségeit illetően

Az örökbefogadott kutyák ivartalanításának kérdéshez a civil szervezetek szerint a gazdák nagyobb része (54,9%) pozitívan áll hozzá, kis számban (3,9%) azonban akadnak olyanok is, akik teljes mértékben elzárkóznak attól (6. ábra).

A válaszokból az is kiderült, hogy a szervezetek nagy hangsúlyt fektetnek az örökbe adni kívánt kutya leendő élőhelyének ellenőrzésére, 60,8%-uk minden esetben meglátogatja az eb tartási helyét.

A leendő állattulajdonosok közül a legtöbben kertben és lakásban egyaránt szeretnék kutyájukat tartani (61%), míg 23%-uk csak lakásban, 16%-uk pedig csak kertben. A lakásban (is) tartott kutyákkal sokszor nagyobb kötődése alakul ki a gazdáknak, jobban észreveszik akár az egészségügyi problémákat is [10]. Ideálisnak talán a kinti-benti tartás mondható, hiszen ebben az esetben a nagyobb mozgástér is biztosított az állat számára.

A kapcsolattartás az új gazda és a civil szervezet között az örökbeadás után is megmarad, a legtöbb esetben (72%) ez eseti, míg másoknál rendszeresebb. Az örökbeadást követően sajnos előfordulhat, hogy a tulajdonos később visszavisi a menhelyre az ebet. A szervezetek egy részénél (12%) ez az arány nagyon nagy, az örökbeadott kutyák több, mint 10%-a kerül vissza hozzájuk, míg 53%-uk szerencsére nagyon ritkán, az ebek kevesebb, mint 1%-nál tapasztal hasonlókat (7. ábra). Az örökbefogadott kutyák visszakerülési körülményei és okai elég változatosak lehetnek, többek közt a nevelatlenség, a rendszertelen állatorvosi ellátás és az ivaros viselkedési problémák is felsorolhatóak [15].

Az örökbeadást követően később visszavitt kutyák esetében a civil szervezetek 49%-a gondolja úgy, hogy ez minden esetben a tulajdonos felkészületlensége miatt történik meg, amely talán a részletes elbeszélgetésekkel, próba napok bevezetésével csökkenthető. Talán éppen ennek is köszönhető, hogy a válaszadó civil szervezetek jelentős része (53%) teljes mértékben egyetért azzal, hogy Magyarországon a kutyatartást engedélyhez, ún. gazdijogosítvány megszerzéséhez kellene kötni. A leendő kutyatartóknál végzett felmérésben szintén 52,7% volt a felvetéssel teljes mértékben egyetértők aránya (8. ábra).

A visszakerülések számát a szervezetek nagyobb része (61%) azzal is igyekszik csökkenteni, hogy lehetőséget biztosít a leendő gazdáknak arra, hogy néhány napot próbaképpen együtt tölthessenek az ebbel, így felelősségteljesebb döntést tudnak hozni az örökbefogadást illetően.

Az örökbefogadás megbánása sajnos sok esetben a kutya nem megfelelő tréningje miatt történik. A leendő kutyatartók 62%-a szeretne kutyás foglalkozásokon részt venni a jövőben. Legtöbbjük (55%) kutyaiskolába, 30%-uk kutyaóvodába járna kutyájával, de voltak, akik a kutyás sportokat (például agility, canicross, flyball) vagy a munkakutya kiképzést választanák. A már kutyával rendelkezők kutyás foglalkozásokat érintő aktivitása sokkal alacsonyabb szintet mutat: párhuzamosan azzal a ténnyel, hogy a többség inkább elégedett kutyája engedelmességével, a 84,7%-uk se iskolába, se kiképzőhöz nem viszi a kutyáját, és nem is tervezi ezt [29]. Mindez arra is utalhat, hogy a leendő gazdák még más elképzelésekkel és tervekkel rendelkeznek a kutyatartást illetően, mint a már gyakorló gazdák.

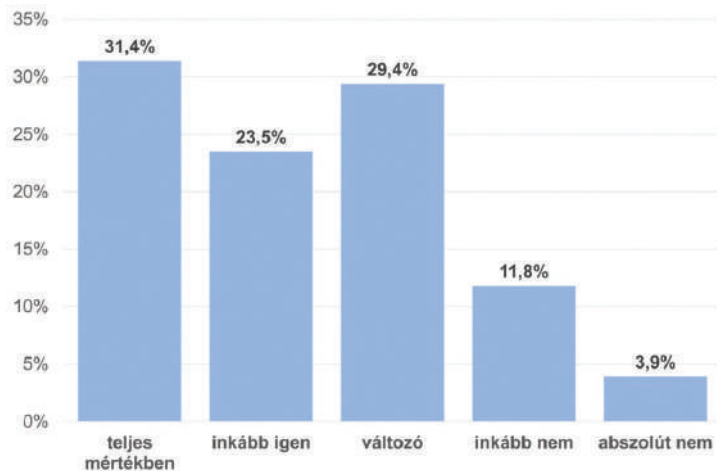
Egy-egy válaszadó civil szervezet több javaslatot is tehetett a kívánatos állami intézkedéseket illetően. Az alapítványok és egyesületek közül legtöbben (29,2%) a büntetések szigorítását és betartatását jelölték meg (9. ábra), ami egybeesik egy korábbi hazai kutatási eredménnyel [6]. Ezt követte az ivartalanítás fontossága, és az ún. szaporítók (vagyis törzskönyv nélkül kutyát kereskedelmi tevékenység keretein belül forgalmazók [28]) felszámolását is 7,9% javasolta.

A leendő kutyatartók nagy része (79,5%) saját megítélése szerint igen jól tájékozott a jogilag előírt kötelezettségeit illetően. A válaszadók 15%-a közepesnek ítélte meg saját jártasságát a témában, és csupán 5,5%-uk volt az, aki kevésbé tájékozottnak érezte magát. Ez az eredmény igencsak hasonlatos a már kutyatartók önbevalláson alapuló jogi magabiztosságával, amely szerint a gazdák többsége

úgy érzi, hogy inkább (33,8%), vagy teljes mértékben (46,5%) tisztában van az őket érintő jogi köteleességekkel, és csaknem 67%-uk véli úgy, hogy szófogadó a kutyája [29]. A tudás hiánya természetesen nem mentesít a betartás alól, így rendkívül fontos lenne a felelős kutyatartás ismereteinek terjesztésén, oktatásán belül különös hangsúlyt fektetni mindazokra a jogszabályokra, kötelezettségekre, amik egy kutyatartó számára jelentőséggel bírnak.

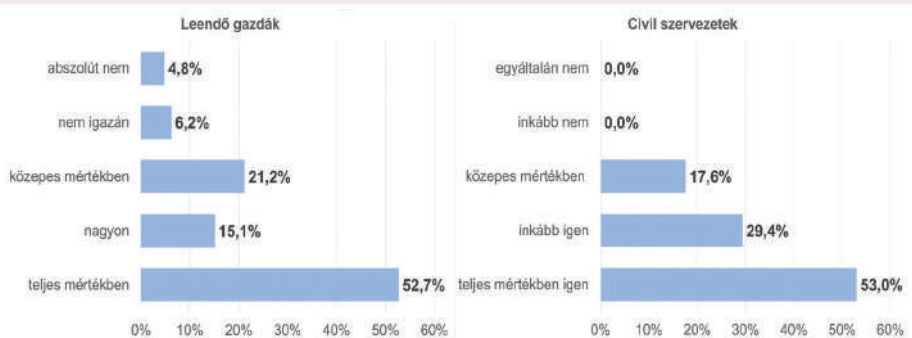
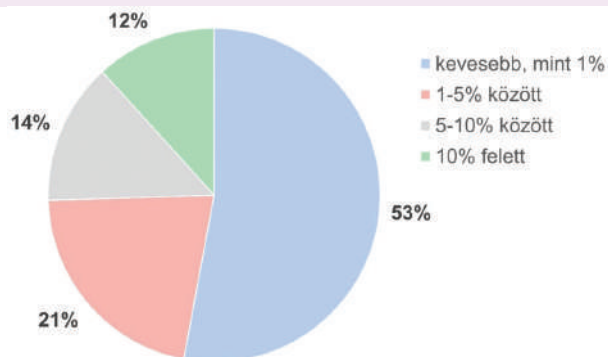
6. ÁBRA. Az ivartalanításra való hajlandóság a tulajdonosok körében a civil szervezetek megítélése szerint (ötös fokozatú skálán: 5 – teljes mértékben egyetért, 1 – abszolút elutasítja, n = 51)

FIGURE 6. Dog owners' willingness to neuter their dogs, according to the opinion of non-governmental organisations (on a five-point Likert scale: 5 – strongly agree, 1 – strongly disagree, n = 51)



7. ÁBRA. Örökbeadott kutyák visszakerülési gyakorisága (n = 51)

FIGURE 7. Return frequency of adopted dogs (n = 51)

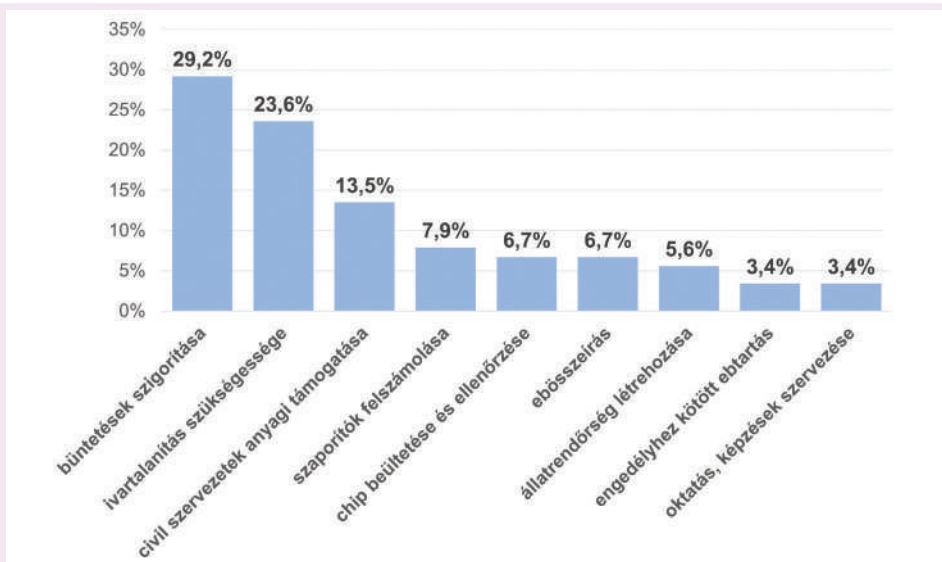


8. ÁBRA. Kötelező tanfolyam („gazdijogsi”) elvégzésének szükségessége a leendő kutyatartók és a civil szervezetek véleménye alapján (ötös fokozatú skálán: 5 – teljes mértékben egyetért, 1 – abszolút nem ért egyet, n = 146, n = 51)

FIGURE 8. Need for mandatory courses to obtain a dog licence, according to the opinion of potential dog owners and non-governmental organisations (on a five-point Likert scale: 5 – strongly agree, 1 – strongly disagree, n = 146, n = 51)

9. ÁBRA. Civil szervezetek javaslatai az állami intézkedésekre (n = 89)

FIGURE 9. Suggestions of non-governmental organisations for government support (n = 89)



KÖVETKEZTETÉSEK ÉS JAVASLATOK

A társadalom egyre fogékonyabb a felelős állattartásra

A leendő kutyatartók választási szempontjai az évek során változtak ugyan, de az alappillérek most is megfigyelhetők. Továbbra is a fiatal nőtény kutyáknak van a legtöbb esélyük a gazdatalálásra. Szerencsére egyre többen érdeklődnek a menhelyeken, gyepmesteri telepeken, civil szervezeteknél várakozó kutyák iránt, ezzel párhuzamosan egyre kevésbé fontos, hogy az eb fajtatizsza legyen. Ismeretterjesztéssel, oktatással meglátásunk szerint még népszerűbbek lehetnek a mentésre váró kutyák is. A társadalom szerencsére egyre fogékonyabb a felelős állattartásra, és már nem mennek el szóltanul az állatkínzásos esetek mellett [2].

A járványhelyzet és a karanténidőszak miatt sokkal többen szeretnének gazdákká válni. A civil szervezetek feladata nem egyszerű, hiszen a megváltozott körülmények és a megnövekedett örökbefogadási szándék miatt nagyon oda kell figyelniük, hogy a leendő tulajdonos felelős döntést hozzon, és a karanténidőszak végeztével ne kerüljön vissza az állat a menhelyre. A civil állatvédő szervezetek az államtól továbbra is a büntetések szigorítását és betartását várják, ezen kívül szeretnék, hogyha nem lenne ennyi chip nélküli eb, és fontosnak tartják az ivartalanítás állami támogatását is.

A leendő gazdák kutyatartásra szánt havi költségkeretét érdemes lenne egy újabb kutatás keretei között alaposabban megvizsgálni. Ennek során részletesen fel lehetne mérni a tartásra, takarmányozásra, állatorvosi ellátásra szánt anyagi lehetőségeket és azt, hogy ez mennyire felel meg az állatjóléti követelményeknek.

KÖSZÖNETNYILVÁNÍTÁS

A kutatás az Agrárminisztérium és a NÉBIH „Gazdijogsi” programjának keretei között készült.

IRODALOM

1. Jámbor A (2016) A kedvtelésből tartott állatok jogi védelme. Doktori disszertáció. http://193.6.1.94:9080/JaDoX_Portlets/documents/document_23930_section_20253.pdf
2. Vetter S (2020) Az állatkinzás szabályozása gazdasági és társadalmi mutatók tükrében. Doktori disszertáció. https://archive.szie.hu/sites/default/files/vetter_szilvia_ertekezes.pdf
3. Központi Statisztikai Hivatal (2019) A nonprofit szektor legfontosabb jellemzői 2019-ben. <https://www.ksh.hu/docs/hun/xftp/stattukor/nonprofit/2019/index.html>
4. 1%-ra jogosult állatvédő szervezetek. https://ado1szazalek.com/kedvezmenyezett_kereso/allatvedelem
5. Állatmenhelyek országszerte. <https://elemiszerlanc.kormany.hu/av-allatmenhelyek>
6. Németh A (2013) Felmérés a gazdátlan állatok helyzetéről Magyarországon. <http://www.huveta.hu/bitstream/handle/10832/1302/N%C3%A9methAndreaThesis.pdf?sequence=1&isAllowed=y>
7. Murphy AL (2021) Advising clients on choosing a pet. *Veterinary Nursing Journal* 36:281–284 <https://doi.org/10.1080/17415349.2021.1921643>
8. Carvelli A, Scaramozzino P, Iacoponi F, Condoleo R, Marta U della (2020) Size, demography, ownership profiles, and identification rate of the owned dog population in central Italy. *PLOS ONE* 15: e0240551 <https://doi.org/10.1371/JOURNAL.PONE.0240551>
9. Vink L, Dijkstra A (2019) A longitudinal study of decision making in the process of acquiring a dog. *Anthrozoös* 32:489–501 <https://doi.org/10.1080/08927936.2019.1621520>
10. Németh B (2014) Kutyatartók jogszabályban foglalt kötelezettségeinek betartási fegyelme, ill. a hazai ebtartási kultúra kérdőíves felmérése. <http://www.huveta.hu/handle/10832/1297>
11. Tóth L, Juhász Zs, Ózsvári L (2021) A kisállat-fizioterápia állatorvosi és állattulajdonosi megítélése Magyarországon. *Magy Állatorvosok Lapja* 143:717–728
12. Holland KE (2019) Acquiring a Pet Dog: A Review of Factors Affecting the Decision-Making of Prospective Dog Owners. *Animals* 9:124 <https://doi.org/10.3390/ANI9040124>
13. Bouma EMC, Vink LM, Dijkstra A (2020) Expectations Versus Reality: Long-Term Research on the Dog–Owner Relationship. *Animals* 10:772 <https://doi.org/10.3390/ANI10050772>
14. Mondelli F, Previde EP, Verga M, Levi D, Magistrelli S, Valsecchi P (2004) The bond that never developed: adoption and relinquishment of dogs in a rescue shelter. *Journal of applied animal welfare science* : *JAAWS* 7:253–266 https://doi.org/10.1207/S15327604JAWS0704_3
15. Spero R (2018) RSA Group. In: Future of Pet Ownership Report. <https://www.rsagroup.com/media/2673/future-of-pet-ownership-report-09042018-rsa-morethan.pdf>
16. Menchetti L, Mancini S, Catalani MC, Boccini B, Diverio S (2015) RandAgiamo™, a Pilot Project Increasing Adoptability of Shelter Dogs in the Umbria Region (Italy). *Animals* 5:774–792 <https://doi.org/10.3390/ANI5030383>
17. Clason DL, Dormody TJ (1994) Analyzing Data Measured by Individual Likert-Type Items. *Journal of Agricultural Education* 35:31–35
18. Balka Gy, Bálint Á, Cságola A, Farsang A, Kiss I, Zádori Z (2020) A coronavirusok biológiája, különös tekintettel a SARS-CoV-2-re és a COVID-19-re. *Magy Állatorvosok Lapja* 142:259–277
19. Balka Gy, Bálint Á, Cságola A, Farsang A, Jerzsele Á, Kiss I, Zádori Z (2020) A háziállatok főbb coronavirusai, és a SARS-CoV-2 elleni vakcinás és gyógyszeres védekezés lehetőségei. *Magy Állatorvosok Lapja* 142:323–348
20. Wan Y, Shang J, Graham R, Baric RS, Li F (2020) Receptor Recognition by the Novel Coronavirus from Wuhan: an Analysis Based on Decade-Long Structural Studies of SARS Coronavirus. *J Virol* 94:127–147 <https://doi.org/10.1128/JVI.00127-20>
21. Powell L, Houlihan C, Stone M, Gitlin I, Ji X, Reinhard CL, Watson B (2021) Animal Shelters' Response to the COVID-19 Pandemic: A Pilot Survey of 14 Shelters in the Northeastern United States. *Animals* 11:2532 <https://doi.org/10.3390/ANI11092669>
22. Lord LK, Reider L, Herron ME, Graszak K (2008) Health and behavior problems in dogs and cats one week and one month after adoption from animal shelters. *Journal of the American Veterinary Medical Association* 233:1715–1722 <https://doi.org/10.2460/JAVMA.233.11.1715>
23. Trad NK, Wharam JF, Druss B (2020) Addressing Loneliness in the Era of COVID-19. *JAMA Health Forum* 1:10.1001/jamahealthforum.2020.0631 <https://doi.org/10.1001/JAMAHEALTHFORUM.2020.0631>
24. Morgan L, Protopopova A, Birkler RID, Itin-Shwartz B, Sutton GA, Gamliel A, Yakobson B, Raz T (2020) Human–dog relationships during the COVID-19 pandemic: booming dog adoption during social isolation. *Humanities and Social Sciences Communications* 7:1–11 <https://doi.org/10.1057/s41599-020-00649-x>
25. Owen AQ (2020) Pet ownership to the rescue? Perceptions of becoming a pet owner during the COVID-19 pandemic. Oklahoma State University, ProQuest Dissertations Publishing, 2020. 28028796.
26. Hedgpeth D (2021) So many pets have been adopted during the pandemic that shelters are running out. *The Washington Post*. <https://www.washingtonpost.com/dc-md-va/2021/01/06/animal-shelters-coronavirus-pandemic/>
27. Vincent A, Mamzer H, Farkas KJ (2020) People and their pets in the times of the COVID-19 pandemic. *Society Register* 4:111–128 <https://doi.org/10.14746/SR.2020.4.3.06>
28. Novotný L (2020) How to Fight Puppy Mills: Toughening the Sentences for Animal Abuse in the Post-Communist Region. *Animals* 10:1020 <https://doi.org/10.3390/ANI10061020>
29. Vetter S, Vizi V, Ózsvári L (2022) A magyarországi kutyatartási szokások a COVID-19-világjárványban – 2021-es országos reprezentatív felmérés előzetes eredményei. *Magy Állatorvosok Lapja* 144:3–12.

Közlésre érck.: 2022. jan. 31.

**Molecular genetic studies
to distinguish dogs
and wolves for forensic
purposes**

A. Szives¹
O. Zorkóczy¹
P. Lehotzky²
N. Somogyi³
A. Gáspárdy¹
P. Zenke^{1*}

1. Állatorvostudományi Egyetem,
Állattenyésztési, Takarmányozástani,
és Laborállat-tudományi Intézet,
1078 Budapest, István utca 2.

*e-mail: zenke.petra@univet.hu

2. Országos Magyar Vadászkamara,
Fővárosi és Pest megyei
Területi Szervezete
Budapest

3. Szegedi Tudományegyetem
Mezőgazdasági Kar,
Növénytudományi és
Környezetvédelmi Intézet
Hódmezővásárhely

Kutya, vagy farkas? Igazságügyi célú molekuláris genetikai vizsgálatok a két taxon fajon belüli elkülönítésére

Szives András¹, Zorkóczy Orsolya¹, Lehotzky Pál², Somogyi Norbert³, Gáspárdy András¹, Zenke Petra^{1*}

ÖSSZEFOGLALÁS

A szerzők a kutyák és farkasok különböző genetikai markerekkel történő elkülönítésének lehetőségeit vizsgálják és bemutatják ennek fontosságát az igazságügyi alkalmazás területén. A rendelkezésre álló farkas- és kutyaeredetű mintákból meghatározott mitokondriális kontrollrégió-haplotípusok és a 14 vizsgált mikroszatellita-alléleloszlás adatai alapján különbség látható a farkas- és kutyaminták között. Az eddigi hazai eredmények is alátámasztják annak lehetőségét, hogy különböző genetikai markerek párhuzamos vizsgálatával – amelyek megfelelnek az igazságügyi célú alkalmazás kritériumainak –, kellő valószínűséggel alátámasztható egy kérdéses eredetű minta alfajszerű besorolása.

SUMMARY

Background: After several decades of absence, the grey wolf (*Canis lupus*) has started recolonizing its former territories in Hungary at the beginning of the 21st century. Due to the intense presence of mankind, wolves are forced to share great areas of land with humans, which potentially leads to several conflicts. From the wolves' perspective, it means the decimation of domestic livestock. As far as humans are concerned, these conflicts may manifest in the illegal hunting of wolves and trading with their products. When facing such case, it should be examined whether the perpetrator/victim is a wolf or a dog.

Objective: The aim of our study was to test genetic methods which can be used for forensic application as well to distinguish between wolves, dogs, or their hybrids.

Materials and Methods: Altogether 22 samples (hair, skin, faeces, saliva, and purified DNA) from wolves and wolf-dog hybrids were collected. For the comparative canine database DNA samples from Hungarian dog populations were used. After DNA isolation, the mitochondrial hypervariable region I (HVI) and 14 autosomal microsatellite markers were amplified by PCR (Polymerase Chain Reaction). Mitochondrial haplotypes determined by sequencing were grouped using PopART. Genetic profiles based on the detected microsatellite alleles were analysed using Structure 2.3.4 and were grouped based on a Bayesian approach.

Results and Discussion: The mitochondrial control region (HV1) haplotypes were successfully determined from the examined samples; these sequences were uploaded to the GenBank database. We did not find similar point mutation patterns between wolves and dogs. However, difference between wolf and dog groups was shown based on the detected microsatellite allele distribution, to make the results even more reliable further markers and more wolf samples should be involved. Overall, our preliminary results support that simultaneous application of large number of genetic markers – meeting the standards of forensic application criteria –, could be adequate to determine the precise taxonomic origin of questionable samples.

GENETIKA

Az elmúlt két évszázadban drasztikusan csökkent a farkaspopuláció világszinten [1], ami számos európai ország – köztük Magyarország – farkasállományának eltűnéséhez vezetett. Ez főleg a vadászatoknak és a fokozott emberi jelenlétnek a következménye [2]. A ma már CITES (Convention on International Trade in Endangered Species of Wild Fauna and Flora) listán szereplő, Európában kilenc állam kivételével védett, ill. fokozottan védett állatként nyilvántartott faj [3], a védelmüknek köszönhetően stabilizálni tudta megmaradt populációit, és elkezdte rekolonizálni hajdani területeit [4, 5]. Napjainkban az európai farkasállomány lassan növekvő tendenciát mutat. Közel egy évszázad után hazánkba is elkezdtek visszatérni a szürke farkasok (*Canis lupus* LINNAEUS, 1758) [6], és az 1990-es évektől számuk lassan emelkedni kezdett, majd 1993-ban megkapták a védett státuszt, 2001-ben pedig fokozottan védett státuszt [3, 7]. A Bükki Nemzeti Park területén 2010-től észlelik az újonnan visszatérő farkasokat, és ettől az évtől egy állandó farkaspopuláció figyelhető meg hazánkban [7]. Ennek az őshonos nagyragadozónak legjellemzőbb hazai előfordulási területe az Északi-középhegység, de az Alföldön és a Dunántúl területén is felbukkannak. A hazai állományt leginkább az illegális elejtések, valamint a kóbor kutyák és egyéb kutyaféle ragadozók, ill. a vaddisznók betegségei (pl. Aujeszky-betegség) veszélyeztethetik (a NÉBIH munkatársának személyes közlése alapján). Mivel a farkas fokozottan védett [8] és kiemelt közönségi jelentőségű faj hazánkban [9], engedély nélküli elejtése bűncselekmény. A kóbor kutya viszont az egyik legtöbb gondot okozó állat a vadászterületen, ezért indokolt esetekben kilövése engedélyezett. Mivel a vadász kizárólag a külleme alapján ítéli meg az adott egyed taxonómiai besorolását, szükségessé válhat a kilőtt állat genetikai vizsgálatokkal történő azonosítása.

Az elmúlt két évszázadban drasztikusan csökkent a farkaspopuláció világszinten

Napjainkban az európai farkasállomány lassan növekvő tendenciát mutat

A 14–15 ezer évvel ezelőtől kezdődően házasított kutya a farkas egyik alfajának tekinthető

KUTYA-FARKAS HIBRIDIZÁCIÓ

A kutya farkastól eredő domesztikációja 14–15 ezer évvel ezelőtt kezdődhetett az ősi Kínában és Közel-Keleten, ill. nagyjából 12 ezer évvel ezelőtt Amerikában, amelynek eredményeként létrejött a *Canis lupus familiaris*, amely az általánosan elfogadott nézet szerint a farkas egyik alfajának tekinthető.

Hibridizációnak nevezzük azt a jelenséget, amikor két rokonságban álló taxon (faj, alfaj) kereszteződik, ill., ha a vad ős és a házasított alak között jön létre párosodás. A kereszteződésből hibridek születnek, amelyek lehetnek fertilisek (pl. farkas-kutya hibrid). A valódi fajhibridizációból született utódok, amelyek mindkét szülő (azaz mindkét taxon) genetikai állományát hordozzák, többnyire sterilek (pl. ló és szamár párosításából létrejövő öszvér), azonban lehetnek szaporodóképesek is (pl. marha és bölény párosításából született „cattalo”). Különösen igaz a fajhibridizáció a *Canis* nemzetség tagjaira (pl. szürke farkas, vörös farkas, aranyakál, prérifarkas), amelyek könnyen képesek szaporodóképes utódokat létrehozni egymással a nagyfokú genetikai hasonlóság miatt [10–12]. A természetes hibridizáció oka a két taxon által birtokolt területhatárok közelsége vagy azok átfedése. A farkasok kutyákkal való kereszteződése sok tényezőtől függ: a farkasok egyedszámától [13, 14], a kóbor kutyák jelenlététől és mennyiségétől [15], ill. a szexuális interakcióktól, ha van átfedés farkas és kutya populációk között egy területen [16]. A Baltikum és Balkán térségekben jelentős introgresszió (populációk közötti génáramlás) jellemző [17–19], de Európán belül Olaszországban [20, 21], ritka esetben a Skandináv térségben [22, 23], és az Ibériai-félszigeten [16] is dokumentáltan előfordul a hibridizáció.

A felsorolt tényezőkön kívül, bizonyos feladatokra is kitenyészthetnek farkas-kutya-hibrideket [24]. Ilyen célból hozták létre a csehszlovák farkaskutyát is, amit a tulajdon őrzésére használtak [25]. A hibridizáció potenciálisan megváltoztatja az egyed küllemét, fiziológiáját és viselkedését, így a kutya-farkas hibridek nem tartanak úgy az embertől, mint a farkasok, ugyanakkor nehezebben kezelhetők [26].

A Canis nemzetség tagjai között gyakran fordul elő szaporodóképes utódokat eredményező hibridizáció

A TAXONÓMIAI ÉS HIBRIDAZONOSÍTÁSBAN ALKALMAZOTT MARKEREK

Morfológia és viselkedés

A hibridek azonosítására alkalmas morfológiai jegyek:
 - atipikus bunda
 - testi arányok
 - farkaskarom megléte
 - fehér karomszín

Nincs konkrétan bizonyítva, hogy csupán morfológiai jegyek alapján azonosítani lehet a hibrideket, ennek ellenére farkasok esetén általánosságban négy fő külső jellemző alapján már feltételes hibridnek tekintik a vizsgált állatot; (i) atipikus bunda, annak színe (pl. fekete), mintázata (pl. foltos), és a szőr formája (pl. göndör), (ii) testi arányok (végtagok hossza, koponya méretei), (iii) farkaskarom megléte és (iv) fehér karomszín [27–29]. A kameracsapdás módszer is egy lehetséges megoldás a farkasok és kóborló kuttyák, ill. hibridjeik küllem alapján történő megkülönböztetésére. Ilyen esetekben az említett bélyegek alapján meg lehet becsülni, hogy a lencsevégre kapott állatok közül melyik farkas, kutya, ill. hibrid. Ezen kívül még a viselkedésmintázatok is segíthetnek az ivar és a taxon azonosításban [30, 31]. Morfológiai adatok hiányában, vagy azok megerősítése érdekében azonban genetikai vizsgálatokhoz kell fordulni.

Uniparentális markerek

A csak anyai ágon öröklődő mitokondriális DNS polimorf régiói alkalmasak közeli rokonságban álló fajok elkülönítésére

Az uniparentális, azaz egyszülős markerek, csak apai, vagy csak anyai ágon adódnak át az utódokba. A mitokondriális DNS (mtDNS) csak anyai ágon öröklődik, polimorf régióit az elmúlt évtizedekben sikeresen alkalmazták közeli rokonságban álló fajok különböző populációi közötti kapcsolatainak feltárására, így kuttyák és farkasok esetében is [32]. A mtDNS-vizsgálatok emellett alkalmasak a minimális mennyiségű és degradált minták vizsgálatához, mivel a mitokondriumok száma a különböző sejt típusokban 100 és 1000 között van, egy mitokondriumban pedig a cirkuláris genom 9–12 kópiaszámban van jelen [33]. Populáció-, evolúció- és igazságügyi genetikai kutatásokhoz a mtDNS kontroll régiójának (KR) hipervariábilis régióira (HVI és HVII) helyezik a hangsúlyt, mivel ezeken a nem kódoló szakaszokon jellemzően nagymértékű a polimorfizmus, amely a régió nagy mutációs rátájának köszönhető [34]. A kuttyában beltenyésztésük miatt gyakran azonos lokuszokon azonos mutációk figyelhetők meg, emiatt egy haplotípushoz több egyedet lehet hozzárendelni [35], míg farkasoknál nagyobb a diverzitás [36].

Az apai ágon öröklődő Y-kromoszóma is alkalmas populációgenetikai vizsgálatokra

A mtDNS mellett, az Y-kromoszómára is uniparentális öröklődés jellemző. Mivel ez a gonoszóma kizárólag apai ágon öröklődik, kiegészítésül szolgál a mtDNS-vizsgálatokhoz, pontosabb képet adva a leszármazási viszonyokról [36]. Ezen felül az Y-kromoszóma méretéből adódóan, szinte kifogyhatatlan forrása a polimorfizmusoknak, nagy részét nem kódoló régiók alkotják és nem rekombinálódik, emiatt szintén alkalmas populációgenetikai és hibridazonosítási vizsgálatokra [37].

A rekombináció hiánya miatt az uniparentális markerek megfelelő tulajdonsággal bírnak, hogy nyomon követhessük a fajspecifikus allélek átadódását az utódokba. Mivel hibridek mind anyai, mind apai úton létrejöhetnek, ezért az uniparentális markerek önmagukban vizsgálva nem feltétlenül alkalmasak a hibridizáció igazolására. Együtt vizsgálva azonban az anyai öröklődésű mtDNS-t és az apai ágon öröklődő Y-kromoszómás tulajdonságokat, igazolható a különböző taxonok – akár több generációval korábban történt – kereszteződése.

Biparentális markerek

A genetikai profil felállítása a mindkét szülő által továbbörökített markerek tipizálásán alapul

Biparentális genetikai markereknek nevezzük azokat a tulajdonságokat, amelyeket mindkét szülő továbbörökít az utódokba. Konzervációbiológiai kutatások és igazságügyi vizsgálatok során egyik leggyakoribb feladat az egyedek azonosítása, ehhez a helyszínen talált biológiai mintákból (vér, nyál, szőr, ürülék stb.) határozzák meg az egyed DNS-profilját. Ezen vizsgálatok a mikroszatelliták tipizálásán alapulnak, amelyek rövid, 2–6 bázispárnyi (bp) tandem ismétlődő egységek (STRs, Short Tandem Repeats) a genomban. Az ismétlődések száma adja a változathoz az egyedek között. Ebből kifolyólag ezekből a hosszpolimorfizmussal

rendelkező, változatos méretű szakaszokból egyedi kombinációjú DNS-profil lehet nyerni. Mivel mindkét szülő tovább örökíti génállományával a rá jellemző mikroszatellita-alléleket, nem csak egyedazonosításra, de rokonsági viszonyok feltárására is alkalmasak [38, 39]. Diverzitásuk és megbízható tipizálásuk miatt, gyakran használják a mikroszatellitákat fajok, alfajok elkülönítésére is; pl. zebra fajok és hibridjeik megkülönböztetése [40], szamár, ló és hibridjeik elkülönítésére [41], valamint házi sertés, vaddisznó és hibridjeik azonosítására is [42].

A mtDNS-vizsgálatokhoz hasonlóan a nuclearis genomban is vizsgálják a pontmutációk hatására kialakult fajok közötti szekvenciális eltéréseket. Ezeket hívják egy pontos nukleotid-polimorfizmusoknak (single-nucleotide polymorphism, SNP). Nuclearis pontmutációkon alapuló vizsgálatokat végeznek az európai farkaspopuláción is, annak genetikai diverzitásának felmérésére [43], továbbá használják a domesztikáció hatására kialakult génmutációk feltárására [44] és hibridek detektálására [45].

KUTYÁK ÉS FARKASOK GENETIKAI ALAPÚ ELKÜLÖNÍTÉSE

A farkasok és kutyák első, filogenetikai irányú analízise már csaknem 25 évvel ezelőtt kezdődött a mitokondriális KR vizsgálatával [32], amit gyorsan követték további genetikai tesztek filogeográfiai, hibridizáció és igazságügyi azonosítás, valamint a genetikai diverzitás felmérése céljából [17, 46–52]. Bár az mtDNS csak anyai ágon öröklődik, így egyedüli alkalmazása nem ad teljes képet hibridizációs kérdésekben, a KR vizsgálata mégis hasznos módszernek bizonyult későbbi kutatásokban [6, 53–55]. Pontosabb eredményeket hoztak a biparentális mikroszatellitákat használó vizsgálatok, amelyeket vagy önmagukban [28, 56, 57], vagy uniparentális markerekkel kiegészítve alkalmaznak [4, 58]. A két markertípus együttes használata a korábbiaknál megbízhatóbb és pontosabb eredményt ad, így manapság is javasolt közel rokon taxonok megkülönböztetésére, valamint a hibridek detektálására [18, 19, 23, 24, 59, 60–75].

IGAZSÁGÜGYI VADVILÁG-GENETIKA

A genetikai vizsgálatokat már régóta alkalmazzák bűnügyi esetek megoldására humán területen sikeresen, és bár a humán és nem-humán alkalmazás kérdésfelvetése más – előbbinél legtöbbször a kérdés, hogy ki volt az elkövető, áldozat stb., míg utóbbinál, hogy történt-e egyáltalán bűncselekmény – az alkalmazott eszközök hasonlóak. Az igazságügyi genetikai széleskörű alkalmazásai között a taxonómiai azonosítás az egyik leggyakoribb kihívás. A vadvilágot érintő bűncselekmények elleni harc során szükséges a védett fajok, ill. azok származékjaiknak azonosítása (pl. orvvadászat, mérgezéses esetek, illegális tartás és kereskedelem), fogyasztóvédelmi és élelmiszer-biztonsági szempontból a termék összetételének meghatározása, állattámadás és gazdasági károkozás esetén pedig az elkövető állat faji (olykor alfaj, fajta) azonosítása szükséges.

A konzervációbiológia és állattenyésztés már régóta használ genetikai markereket különböző állatfajoknál/fajtáknál, köztük a farkasoknál és kutyáknál is a populáció diverzitásának [56, 76], ill. az egyedek megkülönböztetése céljából [6, 77]. Ezek a módszerek, bár jó alapot nyújtanak, nem minden esetben felelnek meg a törvényszéki genetikai alkalmazás kritériumainak. Ezért adott fajra és adott populációra az igazságügyi felhasználás igényeinek megfelelően validált markerkészlet fejlesztése, ill. tesztelése indokolt [78, 79]. A hatósági felhasználás követelményeit a jogszabályokon kívül nemzetközi standardok és szakmai ajánlások határozzák meg [80]. Így javasolják mikroszatelliták esetén a tetra-, ill. pentamer ismétlődésű szerkezetet (a megbízhatóbb genotipizálás miatt), és az átfogó validálást az alkalmazott módszerek, markerek érzékenységére, specificitására, reprodukálhatóságára és megbízhatóságára vonatkozóan, valamint a vizsgálható mintatípusok vonatkozásában.

A farkasok és kutyák első, filogenetikai irányú vizsgálata már csaknem 25 évvel ezelőtt kezdődött

A genetikai vizsgálatokat már régóta, sikerrel alkalmazzák bűnügyi esetek megoldására humán területen

Az egyes markerek törvényszéki genetikai használatát kiterjedt előzetes validálási lépések előzik meg

Mindamellet, hogy a hazai kutyafajták mellett számos vadon élő állat genetikai vizsgálata Magyarországon is megkezdődött, az igazságügyi célú, a hazai és nemzetközi jogviták rendezésére szolgáló vizsgálómódszerek csupán részben állnak a hatóságok, ill. a jogi vagy természetes személyek rendelkezésére [79, 81–85]. Az igazságügyi szempontrendszernek megfelelő genetikai markerek számos Magyarországon élő fajra nézve még kidolgozatlanok.

FARKASOK ÉRINTETTSÉGE TÖRVÉNYSZÉKI ESETEKBEN

Állattámadás és gazdasági károkozás

A farkas közeli jelenléte veszélyt jelent a háztáji állatállományra és a tenyésztett nagytestű haszonállatokra

A farkas közeli jelenléte a háztáji állatállományra és a tenyésztett nagytestű haszonállatokra is negatív hatással van [7, 64], amely Magyarországon és közvetlen szomszédjaink közül Szlovákiában is komoly problémát okoz [86]. Főleg igaz ez azon területekre, ahol még gyakorolják a hagyományos állatlegeltetést/állattartást. A ragadozó támadások elleni védekezés részeként újra kezd elterjedni az őrkutyák használata, köztük számos közkedvelt magyar kutyafajtaival (pl. kuvasz), de ez sem elég önmagában a farkastámadások megelőzésére. Az elmúlt évtizedektől kezdődően Európa más országaiban is egyre több helyen lehet találkozni farkasokkal [87, 88]. Lengyelországban, 2018-ban, két esetet jegyeztek fel, öt ember elleni farkas támadásokról. A támadások falvakban, falvak és erdők határán történtek, amiket fiatal farkasok követtek el. Általában a farkasok elkerülik az embert és a településeket, mert félnek az emberektől, nem megszokott számukra az ember közelsége. Ezzel szemben az újabb farkasgenerációk, akik már falvak melletti falkákba születtek, hamar hozzászoknak az ember jelenlétéhez, bemerészkednek a településekre, és nem csak a haszonállatokat, de a lakosokat is megtámadják [87]. Állattámadás és gazdasági károkozás esetén a felelősnek feltételezett kutyatartók megkísérelhetik elkerülni a jogi lépéseket azzal az állítással, hogy az elkövető fajt farkasként nevezik meg, megkerülve így az emberi mulasztás miatt történő felelősségre vonást. Olaszországban számos esetet jelentettek be, ahol háziállatokat, ill. embert farkasnak feltételezett állat támadott meg, de a genetikai vizsgálatok kimutatták, hogy kutyák voltak a felelősek [64, 65].

Állattámadás és gazdasági károkozás esetén fontos lehet a támadó alfajszintű azonosítása

Orvvadászat és illegális kereskedelem

Bár a farkas védett faj, világszinten mégis gyakran előfordul orvvadászata, ill. a termékeivel történő kereskedelem [65]. Ilyen bűncselekmények gyanúja esetén az érintettek azzal az állítással próbálhatják meg elkerülni a jogi lépéseket, hogy az érintett állatokat kutyaként nevezik meg. A fentebb bemutatott esetekre való hatékony reagáláshoz a bűnüldöző szerveknek az adott területen élő kutya- és farkaspopulációk genetikai adatbázisára, valamint megbízható és robusztus módszerekre van szüksége a megkülönböztetéshez.

SAJÁT VIZSGÁLAT

A szerzők bi- és uniparentális markereket teszteltek farkas-, kutya- ill. kutya-farkas hibridmintákon

Munkánk célja olyan módszertani tesztelések megkezdése volt, amelyek a nemzetközi igazságügyi ajánlásoknak is megfelelő markerkészlet alkalmazásával lehetővé teszik a két taxon elkülönítését. Ehhez olyan bi- és uniparentális (autoszómás, valamint mitokondriális) markerek (mikroszatelliták és SNP-k) tesztelését terveztük farkas- és kutyamintákon, amelyeket a szakirodalom alapján a leggyakrabban használnak, akár bűnügyi esetekben is.

ANYAG ÉS MÓDSZER

A vizsgálatokhoz szükséges biológiai mintákat hazai, túlnyomórészt fogságban tartott farkasokból, kutyákból, ill. kutya-farkas hibridekből vettük, nem invazív

*Szőr, bőr, ürülék,
nyál, tisztított DNS
-mintákat vizsgáltak*

módon, az állattartók beleegyezésével. Az Állatorvostudományi Egyetem mellett több intézmény is, mint a Magyar Természettudományi Múzeum, az Európa Vadvilágának Megmentéséért Alapítvány és a Bécsi Állatorvostudományi Egyetem biztosította számunkra a mintavételt, ill. küldött mintákat. Összesen így 22 farkas- és 35 kutyamintán (szőr, bőr, ürülék, nyál, tisztított DNS) kezdtük meg a vizsgálatokat (1. ábra, Táblázat). Szőrminták esetén fénymikroszkóppal ellenőriztük, hogy azok tartalmaznak-e elegendő mennyiségű gyökérhüvelyi sejtet, azaz, hogy alkalmasak-e nuclearis DNS-vizsgálatra. A fagyott bélsárminták felszínéről steril szikével kaparékot készítettünk, a Magyar Természettudományi Múzeumból kapott kikészített, szőrös bőrmintákból apró darabokat vágunk, a szájnyálkahártyából pedig törlet segítségével vettünk DNS-mintát. Ezt követően a DNS-kivonást szőrminták esetén QIAamp® DNA Mini Kit-et (Qiagen), bélsár esetén QIAamp® Fast DNA Stool Mini Kit-et (Qiagen), szájnyálkahártya-törletnél QIAamp® DNeasy Blood and Tissue Kit-et (Qiagen), ill. a bőrmintákhoz FavorPrep™ Tissue Genomic DNA Extraction Mini Kit-et (Favorgen) használtunk a gyártók által leírt protokoll szerint. A DNS-tisztítás sikerességét agarózgél-elektroforézissel és Qubit-fluorométerrel ellenőriztük. A kutatásban felhasznált mintákat, az elvégzett vizsgálatokat, ill. az elemzésekhez letöltött szekvenciákat a Táblázat foglalja össze.



1. ÁBRA. A genetikai vizsgálatokhoz felhasznált leggyakoribb mintatípusok: tépett és hullott/kitépedt szőrök, múzeumi kikészített bőrminta, ürülék

FIGURE 1. Most frequent sample types used for our genetic investigation: hairs (pulled out and shed), prepared skin, faeces

TÁBLÁZAT. A kutya és farkasminták vizsgálatait összegző táblázat, kiegészítve az NCBI GenBank-ból letöltött szekvenciákkal
A farkas fajtáknál szereplő nagybetűk a minta származási országának rövidítései. A kutyaminták Magyarországról származnak.
További rövidítések: C.l.: *Canis lupus*, Gold. retr.: golden retriever, Labr. retr.: labrador retriever, Erdélyi k.: erdélyi kopó, Drsz. m. vzs.: drótszőrű magyar vizsla, Rsz. m. vzs.: rövidszőrű magyar vizsla

TABLE. Applied methods used on wolf and dog samples in this study, completed with sequences downloaded from NCBI GenBank

The capital letters at the wolf samples are the ISO 3166 codes of the sample providing country. Dog samples were collected in Hungary. Further abbreviations: C. l.: *Canis lupus*, Gold. retr.: golden retriever, Labr. retr.: labrador retriever, Erdélyi k.: Transylvanian Hound, Drsz. m. vzs.: Wirehaired Vizsla, Rsz. m. vzs.: Smooth-Haired Vizsla

Farkas				Kutya			
Minta ID	Minta eredete	STR	mtDNS	Minta ID	Fajta	STR	mtDNS
W1	C.l. H (fogság)	X	X	D1	Csehszlovák farkaskutya	X	X
W2	C.l. H (fogság)	X	X	D2	Berni pásztorkutya	X	X
W3	C.l. H (fogság)	X	X	D3	Bordeaux-i dog	X	X
W4	C.l. H (fogság)	X	X	D4	Golden retriever	X	X
W5	C.l. H (fogság)	X	X	D5	Rövidsz. német vizsla	X	X
W6	C.l. H (fogság)	X	X	D6	Kaukázusi juhászkutya	X	
W7	C. l. arctos H (fogság)		X	D7	Am. staffordshire terrier	X	X
W8	C.l. H (fogság)	X		D8	Szibériai husky	X	
W9	C.l. H (fogság)		X	D9	Dobermann	X	X
W10	C.l. H (fogság)	X		D10	Puli	X	
W11	C. l. italicus H (fogság)		X	D11	Óangol juhászkutya	X	
W12	C.l. H (fogság)	X		D12	Nápolyi masztiff	X	
W13	C.l. H		X	D13	Komondor	X	
W14	C.l. H		X	D14	Német dog	X	X
W15	C.l. H		X	D15	Labrador retriever	X	
W16	C.l. H		X	D16	Berni pásztorkutya	X	
W17	C.l. A	X		D17	Mudi	X	
W18	C.l italicus. A	X	X	D18	Rövidsz. német vizsla	X	X
W19	C.l italicus. A	X	X	D19	Ír szetter	X	X
W20	C.l. A	X	X	D20	Brie-i juhászkutya	X	
W21	C.l. A	X	X	D21	Weimari vizsla	X	
W22	C.l italicus. A	X	X	D22	Német dog	X	X
W23	C. l. IL (KF661042)		X	D23	Sarplaninai juhászkutya	X	
W24	C. l. FIN (KF661053)		X	D24	Magyar agár	X	
W25	C. l. LV (JN182087)		X	D25	Hovawart	X	
W26	C. l. EST (JN182046)		X	D26	Leonbergi	X	
W27	C. l. BG (KY550005)		X	D27	Moszkvai őrkutya	X	
W28	C. l. LV (JN182060)		X	D28	Hannoveri véreb	X	X
W29	C. l. LV (JN182074)		X	D29	Szibériai husky	X	
W30	C. l. pallipes E (KU644666)		X	D30	Szamojéd	X	
W31	C. l. E (KU696391)		X	D31	Csau csau	X	
W32	C. l. E (KU644669)		X	D32	Kuvasz	X	
W33	C. l. S (DQ480504)		X	D33	Kaukázusi juhászkutya	X	X
W34	C. l. H (KP665915)		X	D34	Csau csau	X	
W35	C. l. H (KP665919)		X	D35	Fox terrier	X	X
W36	C. l. H (KP665921)		X	D36	Gold. retr. (KP665906)		X
				D37	Pumi (KP665907)		X
				D38	Pumi (KP665908)		X
				D39	Labr. retr. (KP665909)		X
				D40	Németjuh. (KP665910)		X
				D41	Erdélyi k. (KP665911)		X
				D42	Puli (KP665912)		X
				D43	Komondor (KP665916)		X
				D44	Mudi (KP665917)		X

Farkas				Kutya			
Minta ID	Fajta	STR	mtDNS	Minta ID	Fajta	STR	mtDNS
				D45	Pumi (KP665918)		X
				D46	Gold. retr. (KP665920)		X
				D47	Magyar agár (KP665923)		X
				D48	Drsz. m. vzs. (KP665930)		X
				D49	Rsz. m. vzs. (KP665932)		X
				D50	Rsz. m. vzs. (KP665934)		X
				D51	Rsz. m. vzs. (KP665935)		X

A mitokondriális DNS-vizsgálatokat 18 farkas- és 14 kutyamintán végezték el

MITOKONDRIÁLIS KONTROLLRÉGIÓ-VIZSGÁLATOK

A mitokondriális DNS-vizsgálatokat 18 farkas- és 14 kutyamintán végeztük el, amelyek a meglévő adataink alapján nincsenek egymással anyai ágú rokonságban. Mivel a legtöbb SNP a kontrollrégió HVI-részén (15 45–16 130 bázispozíciók között) található, ezt a szakaszt sokszorosítottuk fel PCR-módszerrel az F15406 és R16147 primerek segítségével [89]. Az eredmények elemzéséhez a kapott szekvenciaadatokat a Sequencher™ 4.1.2 (Gene Codes Corp) programmal értékeltük ki és a következő paramétereket állapítottuk meg: a referenciaszekvenciához (Acc. Number: NC_002008) viszonyított megfigyelt összes polimorf nukleotidpozíció és a populációban megfigyelt összes eltérő haplotípus. Farkasadatbázisunk saját vizsgálatból származó szekvenciáit kiegészítettük 14 GenBank-ból letöltött, Európából származó farkasszekvenciával (táblázat). Mitokondriális adatbázisunk 15 saját vizsgálatból származó szekvenciából és 16 letöltött, közepes-nagyméretű fajtákból nyert szekvenciákból állt, köztük több magyar kutyafajtaival (táblázat). A minták SNP-mutációkon alapuló összehasonlítását, ill. csoportosítást a PopART (Population Analysis with Reticulate Trees) programmal végeztük [90]. Az adatok analíziséhez a Minimum spanning network módszert alkalmaztunk.

A biparentális vizsgálatokhoz mikroszatellitákat elemeztek farkas- és kutyamintákon

BIPARENTÁLIS MIKROSZATELLITA-VIZSGÁLATOK

A biparentális vizsgálatokhoz az igazságügyi felhasználásra is alkalmas StockMarks™ for Dogs Genotyping Kit (ThermoFisher) segítségével kilenc tetramer és egy trimer szerkezetű mikroszatellitát sokszorosítottunk fel a farkasmintákon, kutyákból ezek a genotípus adatok részben rendelkezésre álltak [79]. Annak érdekében, hogy minél több alléleloszlási adat álljon rendelkezésünkre a két taxon elválasztásához, további négy polimorf, tetra- ill. pentamer szerkezetű STR-lokuszt (PEZ21, PEZ16, REN124, WILMS-TF) vizsgálatával egészítettük ki a markerkészletünket. Az amplifikálási reakciókat és PCR-programokat egy korábbi tanulmány alapján állítottuk be [91].

Az elektroforetikus elválasztás ABI Prism3130XL Genetic Analyzer készüléken (Applied Biosystems), GeneScan™ 500 LIZ™ méret standarddal és a GeneScanAnalysis v3.1 software (Applied Biosystems) segítségével történt. A kapott eredményeket a GeneMapper™ (Applied Biosystems) szoftverrel értékeltük ki és határoztuk meg az egyes minták genotípusát.

Már meglévő kutyaadatbázisból [79, 91] választottunk ki DNS-profilokat olyan fajtájú kutyáktól (D2–35), amelyek méretükből és életkörülményükből adódóan képesek lehetnek farkasokkal kereszteződni, ill. egészítettük ki egy cseh-szlóvák farkaskutya (D1) mintájának vizsgálatával. A kutya-profilokat a Structure 2.3.4 program [92] alkalmazásával hasonlítottuk össze az általunk genotipizált farkasok ($n = 15$) profiljaival. A programban az elemzéshez az admixture és a független allél frekvencia (Admixture model, Allele frequency independent model) modelleket használtuk. A Structure-t 104 Burn-in periódussal és 105 MCMC (Markov Chain Monte Carlo) iterációval futtattuk, minden $K = 1$ –10-re ötször.

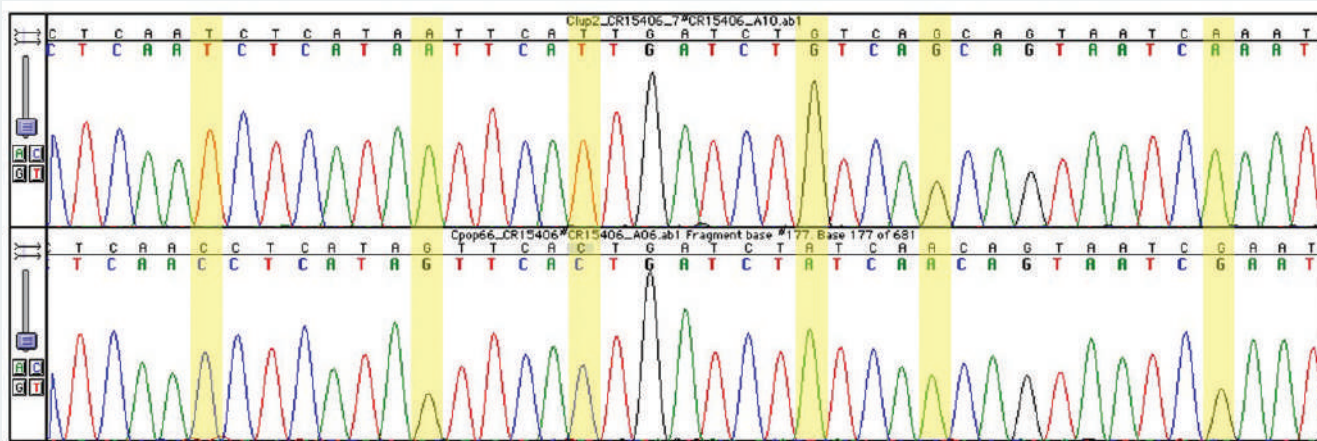
EREDMÉNYEK

Az összesen vizsgált 22 farkaseredetű minta változó minőségének és mennyiségének köszönhetően egyes mintákból csak a nuclearis, vagy a mitokondriális információk kinyerése volt sikeres. A kutyaminták esetében az STR-profilokból már egy kész adatbázis állt rendelkezésünkre, viszont csak 14 mintánál volt elegendő mennyiségű DNS-preparátum, hogy mitokondriális vizsgálatokhoz fel tudjuk használni.

MITOKONDRIÁLIS VIZSGÁLATOK

Összesen 33 mintából (18 farkas és 14 kutya) sikerült felsokszorosítani az mtDNS HVI régióját és szekvenálással megállapítani a haplotípusokat. Összesen 11 különböző farkas-, ill. tíz kutyahaplotípust mutattunk ki, a két taxon eredményei között nem volt megegyező mutációs mintázat (2. ábra). Az összes polimorf nukleotidpozíció száma a saját mintákban farkasokban 30, kutyaiban pedig 27 volt a vizsgált régióban. A farkasmintáinkban gyakori volt a bázisdelécio a 15938-as pozícióban, ezen felül farkasokban több esetben citozin inszerciót is detektáltunk a 15534-es pozícióban. A vizsgált mintáink közül a releváns, Magyarországon természetes körülmények között élő vagy élt egyedek szekvenciáit a NCBI GenBank adatbázisába töltöttük fel, melyek a következő azonosító számokkal szerepelnek: MZ927017–MZ927031 (D1–5, D7, D9, D14, D18, D19, D22, D28, D33, D35) és OK513084–OK513087 (W16, W13, W15, W14). A saját eredményeket kiegészítve a GenBankból letöltött szekvenciákkal, a kimutatott szekvenciális különbségek (pontmutációk) alapján a PopART program segítségével gráffal vizualizáltuk a kapcsolatokat és azok erősségét a minták között (3. ábra). A kutyamintákat többnyire két nagyobb halmazba osztotta a program, amely halmazon belül az 1–2 pontmutációs különbségek vannak feltüntetve. Ezzel szemben a farkasokat jobban szétszórta és gyakoribb a farkasszekvenciák között a kettőnél több pontmutációs eltérés. Öt farkasmintát osztott be a program valamely kutyacsoportba (W2, W9, W15), ill. kapcsolt kutyamintákhoz a nagyfokú hasonlóság miatt (W7, W13). A rendkívül sok eltérés miatt a program egy kutya- és egy farkasmintát (D28 és W14) elkülönített a farkasoktól és kutyaiktól (9, ill. 6–9 báziskülönbség).

Összesen 11 különböző farkas-, ill. tíz kutyahaplotípust mutattak ki, a két taxon eredményei között nem volt megegyező mutációs mintázat

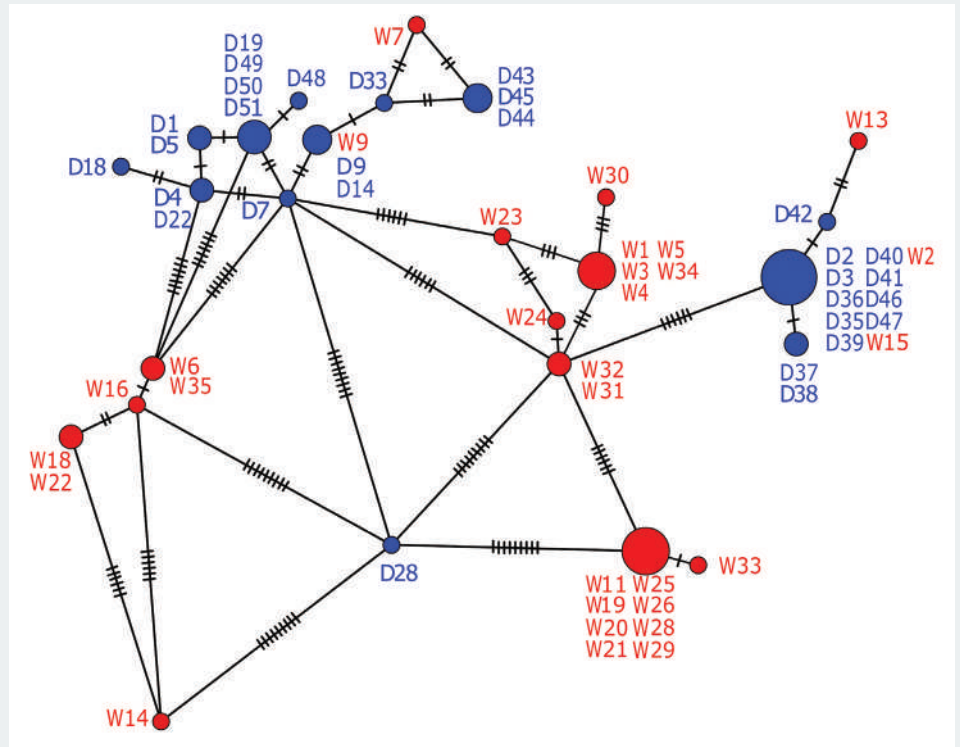


2. ÁBRA. Farkas- (felső sor) és kutyaszekvencia (alsó sor) részlete a mitokondriális kontroll régió I. hipervariábilis (HVI) szakaszának ún. „mutációs hot-spot” helyéről – sárga háttérszínnel kiemelve hat pontmutációs különbséget

FIGURE 2. Partial sequence from wolf (top row) and from dog (bottom row) within the mitochondrial control region hypervariable I. (HVI) section, the so called “mutation hot-spot” – six point mutations are highlighted with yellow background

3. ÁBRA. Farkas- (W) és kutyaminták (D) csoportosítása, ill. hálózatos elrendezése a KR HVI szakaszán kimutatott szekvenciális hasonlóságok és pontmutációs különbségek alapján PopArt programmal. Az élek a hasonló szekvenciájú mintákat kötik össze, amiken a kereszt vonalak száma jelöli a pontmutációk számát a két szekvencia között.

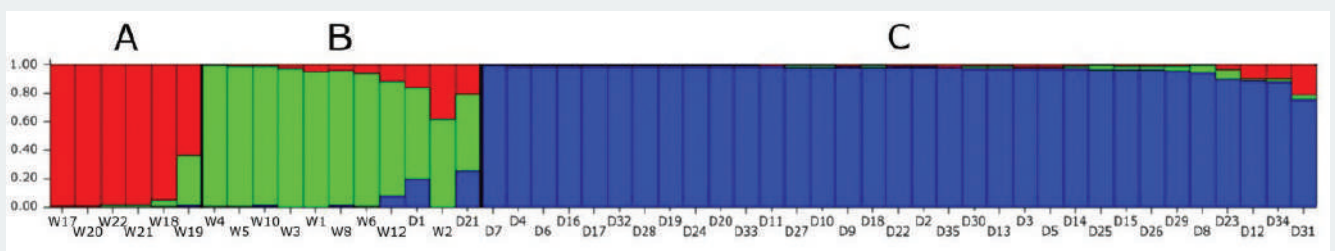
FIGURE 3. PopART graph shows the clustering of the wolf (W) and dog (D) samples based on point mutation differences within their CR HVI sequences. The edges connect the samples with the greatest similarity. Short cross lines indicate the number of point mutation differences.



Mikroszatellita-vizsgálatokat 15 farkasminta esetében tudtak végezni

MIKROSZATELLITA-VIZSGÁLATOK

Az összesen rendelkezésre álló 22 farkasmintából 15-nél tudunk kinyerni teljes, vagy részleges (minimum 10 lokusz) genetikai profilt, amiken el tudtuk végezni a statisztikai elemzést. A kutyák és farkasok Structure programmal történő csoportosítása során K = 3 bizonyult az optimális csoportszámnak. A három klaszter egy kutya- és két farkas- (hazai, ill. osztrák) csoportból áll (4. ábra). A klaszterek jól elkülönülnek egymástól, csak a két farkascsoport között volt kismértékű átfedés két egyedben (W2, W19). Az elemzésbe beemelt feltételezett hibrideket (W1-5, W7, W16) a farkasok közé sorolta a program. A program két kutyát is a hazai farkascsoportba sorolt, az egyik a Csehszlovák farkaskutya (D1), ami legalább 60%-ban megegyezik a hazai farkasmintákkal. A másik, farkasokhoz sorolt kutya egy Weimari vizsla (D21), ami csaknem 60%-ban megegyezik a hazai farkasklaszterrel a kimutatott genetikai profilja alapján.



4. ÁBRA. 14 STR-marker alapján készített barplot (K=3) a Structure programmal. A (piros): osztrák farkas minták, B (zöld): hazai farkas minták, C (kék): hazai kutya minták. Minden oszlop egy egyed jelöl.

FIGURE 4. Three clusters (K=3) were created by Structure software based on 14 STRs. A (red): Austrian wolves, B (green) Hungarian wolves, C (blue) Hungarian dogs.

MEGVITATÁS

Az elmúlt két évtizedben Európában és világszinten is egyre jobban elterjedt a genetikai módszerek alkalmazása a hibridek detektálására és a fajok elkülönítésére [28, 53, 93]. Az eddigi módszerek fejlődésével és új technikák megjelenésével egyre megbízhatóbb eredményeket sikerül felmutatni a hibridizáció és a farkas-kutya elkülönítése terén [2, 94]. Európában eddig Spanyolországban, Olaszországban, a Skandináv és a kelet európai térségben foglalkoztak a farkasok elterjedésével és kutyákkal történő kereszteződésükkel [16, 37, 51, 61]. A farkasállományok genetikai vizsgálata Európa más térségeiben, így hazánkban is korán megkezdődött [6]. Magyarország már 2010 óta rendelkezik egy kis létszámú, de növekvő farkas populációval [7], ezért minket is érint a faj védelme és a farkas-ember konfliktusok megelőzése, megoldása. Eddigi tapasztalatok alapján, ahol az emberi településekhez közeli farkaspopuláció növekszik, ott előbb-utóbb megjelenhet a haszonállatok megtizedelése [64, 95, 96], az emberek elleni vélt vagy valós támadások bejelentése [65, 97] valamint a farkasok illegális vadászata és termékeikkel való kereskedelem [2, 66]. Az ilyen igazságügyi esetek háttérének felderítéséhez általában különböző típusú molekuláris genetikai markereket, ill. ezek analízisének ötvözetét használják [2, 47, 64–66].

Az összesített eredmények alapján többnyire sikeresek voltak a bi- és uniparentális módszerekkel végzett genetikai vizsgálatok

Az autoszómás mikroszatellita-alléloszlások alapján is elkülöníthetők voltak a farkasok és a kutyák a legtöbb esetben

A mitokondriális HVI-régió vizsgálata önmagában nem elegendő a két taxon megbízható elkülönítésére

Munkánk során mi is megkezdtük azon markerek tesztelését, amelyek a kitűzött céljainknak leginkább megfelelnek, és az összesített eredményeink alapján többnyire sikeresnek bizonyultak a bi- és uniparentális módszerekkel végzett genetikai kutatásaink. Az autoszómás mikroszatellita-alléloszlások alapján – más, hasonló számú STR-lokuszt vizsgáló kutatásokhoz hasonlóan [28, 56, 58, 74] – az alkalmazott statisztikai program a legtöbb esetben egyértelműen el tudta különíteni a farkasokat a kutyáktól. A Csehszlovák farkaskutya (D1) farkasokhoz sorolása várható volt, mivel ezt a fajtát az '50-es években tenyésztették ki, így bőven tartalmazhat farkasokra jellemző allélokot [25]. Meglepőnek tűnhet viszont a Weimari vizsla (D21) farkasokhoz csoportosítása, de a profilt alkotó allélek alapján nem kizárt, hogy valamelyik felmenője találkozhatott a múltban farkassal, ugyanis a fajtát eredetileg vadászathoz tenyésztették ki a 19. században [98], azaz volt alkalom kereszteződésre. Mivel ezen a mintán nem tudtunk vizsgálatot végezni az apai és anyai öröklődésű markerekre, így nem jelenthetjük ki biztosan a hibridizációt, csupán feltételezhetjük.

A mitokondriális kontroll régió HVI-részének szekvenciaeredményei azt mutatják, hogy csupán ezzel a módszerrel a kutyákat nem lehet minden esetben elkülöníteni a farkasoktól, amint ez a korábbi kutatások alapján várható volt [18, 23]. A magyarországi kutyák mtDNS-szekvenciái kevésbé bizonyultak diverznek – így kevésbé válnak el az csoportosításon belül egymástól – a farkasokhoz képest, amint ezt más kutatások is alátámasztják [35, 36, 52, 59]. Azon feltételezett hibridek közül – amiket az STR-vizsgálatokba is bevettünk (W1–5, W6) és a Structure farkasnak jelölt – csupán a W2 került a kutyákkal egy csoportba. Mitokondriális szekvencia alapján továbbá a W7, W9, W13, W15 minták kerültek a kutyákkal közös csoportba, ami azt mutatja – amennyiben a hibridizációs esemény kizárható –, hogy a mitokondriális HVI-régió vizsgálata önmagában nem elegendő a két taxon megbízható elkülönítésére [19].

Összegezve kijelenthetjük, hogy a tesztelt 14 autoszómás STR-markerünk és a mtDNS HVI-régió együttes vizsgálata többnyire alkalmas volt a farkasok és kutyák helyes besorolására, azaz a házasítás (beleértve a tenyész kiválasztást és az új mutációkat) olyan mértékű, hogy a kutya genetikai szempontból elkülöníthető vad őstől. Ahol nem, ott nagy a közeli farkashatásnak a gyanúja, illetőleg fordítva (kutya genomot mutató farkas a genetikai kontamináció miatt). A kérdéses mintáknál ezért szükségesnek látjuk további uni-, és biparentális markerek, a megkülönböztetést lehetővé tevő gének [61, 99], ill. az ősi (farkas) vagy házasított

A tesztelt 14 autoszómás STR-markerünk és a mtDNS HVI-régió együttes vizsgálata többnyire alkalmas volt a farkasok és kutyák helyes besorolására

(kutya) csoportokra jellemző SNP-k [2] bevonását a kutatásba. A magyarországi farkas- és kutyapopuláció elkülönítéséhez szükséges genetikai adatbázisok létrehozása során tervezzük a releváns minták számának növelése mellett olyan további lokuszok vizsgálatát, amelyek a jövőben megfelelnek az igazságügyi alkalmazáshoz szükséges kritériumoknak [100], valamint lehetővé teszik az eredmények nemzetközi szintű összehasonlítását. Mivel a farkasok genetikai kutatásával világszinten igen intenzíven foglalkoznak, ezért számos mikroszatellita, mtDNS és nuclearis SNP-vizsgálati módszert és markert használnak [100]. Egy nemzetközileg elfogadott és harmonizált markerkészlettel és módszertannal, így eredményeink összevethetőségével segíteni tudjuk a kontinensen, ill. a hazánkban is zajló farkasgenetikai kutatásokat mind a konzervációbiológia, mind pedig az igazságügyi alkalmazás területén.

KÖSZÖNETNYILVÁNÍTÁS

Köszönetünket szeretnénk kifejezni a mintákat biztosító intézményeknek (Európa Vadvilágának Megmentéséért Alapítvány, Budakeszi Vadaspark, Miskolci Állatkert és Kultúrpark, Magyar Természettudományi Múzeum, Bécsi Állatorvostudományi Egyetem) és munkatársaiknak az önzetlen segítségnyújtásukat, ill. LADISLAV MOLNÁR DR. tanzékvezetőnek (Kassai Állatorvosi Egyetem, Egzotikus és Vadon Élő Állatok Klinikája) a szakmai konzultációkért. A kutyaeredetű minták genetikai vizsgálatainak elvégzése és feldolgozása az „Európai Unió támogatásával, az Európai Regionális Fejlesztési Alap (ERFA) társfinanszírozásával (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)” pályázatok segítségével valósult meg.

IRODALOM

- Leonard JA, Vilá C, Wayne RK (2005) FAST TRACK: Legacy lost: genetic variability and population size of extirpated US grey wolves (*Canis lupus*). *Mol Ecol* 14:9–17
- Jiang HH, Li B, Ma Y, Bai SY, Dahmer TD, Linacre A, Xu YC (2020) Forensic validation of a panel of 12 SNPs for identification of Mongolian wolf and dog. *Sci Rep* 10:13249
- International Wolf Center <https://wolf.org/wow/europe/>. Látogatva: 2021.04.16
- Đana M, Šnjegotab D, Veličkovića N, Stefanovića M, Vidakovića DO, Čirović D (2016) Genetic Variability and Population Structure of Grey Wolf (*Canis lupus*) in Serbia. *Russ J Genet* 52:821–827
- Chapron G, López-Bao JV (2014) Conserving Carnivores: Politics in Play. *Science* 343:1199–1200
- Hausknecht R, Szabó Á, Firmánszky G, Gula R, Kuehn R (2010) Confirmation of wolf residence in Northern Hungary by field and genetic monitoring. *Mamm Biol* 75:348–352
- Anthony BP, Tarr K (2019) The wolves are back! Local attitudes towards the recently re-populated grey wolf and wolf management, in Bükk National Park, Hungary. *Acta Zool Acad Sci H* 65:195–214
- 13/2001. (V. 9.) KöM rendelet a védett és a fokozottan védett növény- és állatfajokról, a fokozottan védett barlangok köréről, valamint az Európai Közösségben természetvédelmi szempontból jelentős növény- és állatfajok közöttételéről
- 275/2004. (X. 8.) Korm. rendelet az európai közösségi jelentőségű természetvédelmi rendeltetésű területekről
- Gottelli D, Sillero-Zubiri C, Applebaum GD, Roy MS, Girman DJ, Garcia-Moreno J, Ostrander EA, Wayne RK (1994) Molecular genetics of the most endangered canid: the Ethiopian wolf *Canis simensis*. *Mol Ecol* 3:301–312
- Wayne RK, Brown DM (2001) Hybridization and conservation of carnivores. In: Gittleman, JL, Funk S, Macdonald DW, Wayne RK (Eds.) *Carnivore Conservation*. Cambridge University Press, Cambridge, pp 145–162
- Adams JR, Kelly BT, Waits LP (2003) Using faecal DNA sampling and GIS to monitor hybridization between red wolves (*Canis rufus*) and coyotes (*Canis latrans*). *Mol Ecol* 12:2175–2186
- Boitani L (1992) Wolf research and conservation in Italy. *Biol Conserv* 61:125–132
- Boitani L (2003) Wolf conservation and recovery. In: Mech LD, Boitani L (Eds.) *Wolves: Behaviour, Ecology and Conservation*. University of Chicago Press, Chicago, pp 317–340
- Fico R, Verdona M, (1995) Lo studio delle popolazioni canine. Rapporti di Sanità Pubblica Veterinaria. Igiene Urbana Veterinaria, ISS/WHO/FAO-CC/IZSTe/95.25 (in Italian).
- Godinho R, Llaneza L, Blanco JC, Lopes S, Álvares F, García EJ, Palacios V, Cortés Y, Tategón J, Ferrand N (2011) Genetic evidence for multiple events of hybridization between wolves and domestic dogs in the Iberian Peninsula. *Mol Ecol* 20:5154–5166
- Randi E, Lucchini V, Christensen MF, Mucci N, Funk SM, Dolf G, Loeschcke V (2000) Mitochondrial DNA variability in Italian and East European wolves: detecting the consequences of small population size and hybridization. *Conserv Biol* 14:464–473

18. Andersone Z, Lucchini V, Randi E, Ozolins J (2002) Hybridisation between wolves and dogs in Latvia as documented using mitochondrial and microsatellite DNA markers. *Mamm Biol* 67:79–90
19. Hindrikson M, Mannil P, Ozolins J, Krzywinski A, Saarma U (2012) Bucking the Trend in Wolf–Dog Hybridization: First Evidence from Europe of Hybridization between Female Dogs and Male Wolves. *PLOS ONE* 7:e46465
20. Randi E, Lucchini V (2002) Detecting rare introgression of domestic dog genes into wild wolf (*Canis lupus*) populations by Bayesian admixture analyses of microsatellite variation. *Conserv Genet* 3:31–45
21. Verardi A, Lucchini V, Randi E (2006) Detecting introgressive hybridisation between free-ranging domestic dogs and wild wolves (*Canis lupus*) by admixture linkage disequilibrium analysis. *Mol Ecol* 15:2845–2855
22. Smeds L, Aspi J, Berglund J, Kojola I, Tirronen K, Ellegren H (2020) Whole-genome analyses provide no evidence for dog introgression in Fennoscandian wolf populations. *Evol Appl* 14:721–734
23. Vilá C, Walker C, Sundqvist A-K, Flagstad Ø, Andersone Z, Casulli A, Kojola I, Valdmann H, Halverson J, Ellegren H (2003) Combined use of maternal, paternal and bi-parental genetic markers for the identification of wolf-dog hybrids. *Heredity* 90:17–24
24. Aghbolaghi MA, Rezaei HR, Scandura M, Kaboli M (2014) Low gene flow between Iranian Grey Wolves (*Canis lupus*) and dogs documented using uniparental genetic markers. *Zool Middle East* 60:95–106
25. Caniglia R, Fabbri E, Hulva P, Bolfíková BC, Jindřichová M, Stronen AV, Dykyy I, Camatta A, Carnier P, Randi E, Galaverni M (2018) Wolf outside, dog inside? The genomic make-up of the Czechoslovakian Wolfdog. *BMC Genomics* 19:533
26. Bibikov DI, Ovsyannikov NG, Filimonov AN (1985) The status and management of the wolf populations in the USSR. *Acta Zool Fennica* 174: 269–271
27. Ciucci P, Lucchini V, Boitani L, Randi E (2003) Dewclaws in wolves as evidence of admixed ancestry with dogs. *Can J Zool* 81:2077–2081
28. Lorenzini R, Fanelli R, Grifoni G, Scholl F, Fico R (2013) Wolf–dog crossbreeding: “Smelling” a hybrid may not be easy. *Mam Biol* 79:149–156
29. Boitani L (1983) Wolf and dog competition in Italy. *Acta Zool Fenn* 174:259–264
30. Popova E, Zlatanova D (2019) Living a dog’s life: a putative gray wolf in a feral dog group. *Mamm* 84:115–120
31. Crispino F, Costanzo M, Lucia A, Gervasio G (2021) Early and double breeding in a pack of hybrid wolves in Calabria (Southern Italy). *Biodiversity Journal* 12:379–384
32. Tsuda K, Kikkawa Y, Yonekawa H, Tanabe Y (1997) Extensive interbreeding occurred among multiple matriarchal ancestors during the domestication of dogs: Evidence from inter- and intraspecies polymorphisms in the D-loop region of mitochondrial DNA between dogs and wolves. *Genes Genet Syst* 72:229–238
33. Just RS, Irwin JA, O’Callaghan JE, Saunier JL, Coble MD, Vallone PM, Butler JM, Barritt SM, Parsons TJ (2004) Toward increased utility of mtDNA in forensic identifications. *Forensic Sci Int* 146:147–149
34. Kim KS, Lee SE, Jeong HW, Ha JH (1998) The complete nucleotide sequence of the domestic dog (*Canis familiaris*) mitochondrial genome. *Molecular phylogenetics and evolution*, 10:210–220
35. Eichmann C, Parson W (2007) Molecular characterization of the canine mitochondrial DNA control region for forensic applications. *Int J Legal Med* 121:411–416
36. Sindičić M, Gomerčić T, Galov A, Arbanasić H, Slavica A, Huber D, Kusak J, Sindičić A, Slavica (2011) Mitochondrial DNA control region as a tool for species identification and distinction between wolves and dogs from Croatia. *Verterinarski Arhiv* 81:249–258
37. Sundqvist A-K, Ellegren H, Oliver M, Vilá C (2001) Y chromosome haplotyping in Scandinavian wolves (*Canis lupus*) based on microsatellite markers. *Mol Ecol* 10:1959–1966
38. Eichmann C, Berger B, Reinhold M, Lutz M, Parson W (2004) Canine-specific STR typing of saliva traces on dog bite wounds. *Int J Legal Med* 118:337–342
39. Pádár Z, Egyed B, Kontadakis K, Zöldág L, Fekete S (2001) Resolution of parentage in dogs by examination of microsatellites after death of putative sire: case report. *Acta Vet Hung* 49:269–273
40. Ito H, Langenhorst T, Ogden R, Inoue-Murayama M (2015) Population genetic diversity and hybrid detection in captive zebras. *Sci Rep* 5:13171
41. Dang W, Shang S, Zhang X, Yu Y, Irwin DM, Wang Z, Zhang S (2020) A novel 13-plex STR typing system for individual identification and parentage testing of donkeys (*Equus asinus*). *Equine Vet J* 52:290–297
42. Lorenzini R, Fanelli R, Tancredi F, Siclari A, Garofalo L (2020) Matching STR and SNP genotyping to discriminate between wild boar, domestic pigs and their recent hybrids for forensic purposes. *Sci Rep* 10:3188
43. Stronen AV, Jędrzejewska B, Pertoldi C, Demontis D, Randi E, Niedziakowska M, Pilot M, Sidorovich VE, Dykyy I, Kusak J, Tsingarska E, Kojola I, Karamanlidis AA, Ornicans A, Lobkov VA, Durmenko V, Czarnomska SD (2013) North-South Differentiation and a Region of High Diversity in European Wolves (*Canis lupus*). *PLOS ONE* 8:e76454
44. [44] Pendleton AL, Shen F, Taravella AM, Emery S, Veeramah KR, Boyko AR, Kidd JM (2018) Comparison of village dog and wolf genomes highlights the role of the neural crest in dog domestication. *BMC Biol*. 16(1) 64 <https://doi.org/10.1186/s12915-018-0535-2>
45. Harmoinen J, von Thaden A, Aspi J, Kvist L, Cocchiaro B, Jarausch A, Gazzola A, Sin T, Lohi H, Hytönen M, Kojola I, Stronen AV, Caniglia R, Mattucci F, Galaverni M, Godinho R, Ruiz-González A, Randi E, Muñoz-Fuentes V, Nowak C (2021) Reliable wolf-dog hybrid detection in Europe using a reduced SNP panel developed for non-invasively collected samples. *BMC Genomics* 22:473
46. Vilá C, Maldonado J, Wayne R (1999) Phylogenetic relationships, evolution, and genetic diversity of the domestic dog. *J Hered* 90:71–77
47. Savolainen P, Lundeberg J. (1999) Forensic evidence based on mtDNA from dog and wolf hairs. *J Forensic Sci* 44:77–81
48. Savolainen P, Zhang Y, Luo J, Lundeberg J, Leitner T (2002) Genetic evidence for an East Asian origin of domestic dogs. *Science* 298:1610–1613
49. Leonard JA, Wayne RK, Wheeler J, Valadez R, Guillén S, Vilá C (2002) Ancient DNA Evidence for Old World Origin of New World Dogs. *Science* 298:1613–1616
50. Valière N, Fumagalli L, Gielly L, Miquel C, Lequette B, Poulle M-L, Weber J-M, Arlettaz R, Taberlet P (2003) Long-distance wolf recolonization of France and Switzerland inferred from non-invasive genetic sampling over a period of 10 years. *Anim Conserv* 6:83–92
51. Verginelli F, Capelli C, Coia V, Musiani M, Falchetti M, Ottini L, Palmirota R, Tagliacozzo A, De Grossi Mazzorin I, Mariani-Costantini R (2005) Mitochondrial DNA from prehistoric canids highlights relationships between dogs and South-East European wolves. *Mol Biol Evol* 22:2541–2551

52. Ryabinina OM (2006) Mitochondrial DNA variation in Asian Shepherd Dogs. *Russ J Genet* 42:748–751
53. Ishiguro N, Inoshima Y, Shigehara N (2009) Mitochondrial DNA analysis of the Japanese wolf (*Canis lupus hodophilax* Temminck, 1839) and comparison with representative wolf and domestic dog haplotypes. *Zool J Linn Soc* 163:765–770
54. Pilot M, Branicki W, Jędrzejewski W, Goszczyński J, Jędrzejewska B, Dykyy I, Shkvyrya M, Tsingarska E (2010) Phylogeographic history of grey wolves in Europe. *BMC Evol Biol* 10:104
55. Djan M, Maletić V, Trbojević I, Popović D, Veličković N, Burazerović J, Čirović D (2014) Genetic diversity and structuring of the grey wolf population from the Central Balkans based on mitochondrial DNA variation. *Mam Biol* 79:277–282
56. Korbalev MP, Korablev NP, Korablev PN (2020) Genetic diversity and population structure of the grey wolf (*Canis lupus* Linnaeus, 1758) and evidence of wolf-dog hybridisation in the centre of European Russia. *Mamm Biol* 101:91–104
57. Godinho R, Llaneza L, Blanco JC, Lopes S, Álvares F, García EJ, Palacios V, Cortés Y, Tategón J, Ferrand N (2011) Genetic evidence for multiple events of hybridization between wolves and domestic dogs in the Iberian Peninsula. *Mol Ecol* 20:5154–5166
58. van Asch B, Alves C, Santos L, Pinheiro R, Pereira F, Gusmão L, Amorim A (2010) Genetic profiles and sex identification of found-dead wolves determined by the use of an 11-loci PCR multiplex. *Forensic Sci Int Genet* 4:68–72
59. Kusak J, Fabbri E, Galov A, Gomerčić T, Arbanasić H, Caniglia R, Galaverni M, Reljić S, Huber D, Randi E (2018) Wolf-dog hybridization in Croatia. *Vet arhiv* 88:375–395
60. Randi E (2008) Blackwell Publishing Ltd Detecting hybridization between wild species and their domesticated relatives. *Mol Ecol* 17:285–293
61. Randi E, Hulva P, Fabbri E, Galaverni M, Galov A, Kusak J, Bigi D, Bolíková BC, Smetanová M, Caniglia R (2014) Multilocus Detection of Wolf x Dog Hybridization in Italy, and Guidelines for Marker Selection. *PLOS ONE* 9:e86409
62. Koblmüller S, Nord M, Wayne RK, Leonard JA (2009) Origin and status of the Great Lakes wolf. *Mol Ecol* 18:2313–2326
63. Munoz-Fuentes V, Darimont CT, Paquet PC, Leonard JA (2010) The genetic legacy of extirpation and re-colonization in Vancouver Island wolves. *Conserv Genet* 11:547–556
64. Caniglia R, Fabbri E, Mastrogiuseppe L, Randi E (2013) Who is who? Identification of livestock predators using forensic genetic approaches. *Forensic Sci Int Genet* 7:397–404
65. Caniglia R, Galaverni M, Delogu M, Fabbri E, Musto C, Randi E (2016) Big bad wolf or man's best friend? Unmasking a false wolf aggression on humans. *Forensic Sci Int Genet* 24:E4–E6
66. Caniglia R, Fabbri E, Greco C, Galaverni M, Randi E (2010) Forensic DNA against wildlife poaching: Identification of a serial wolf killing in Italy. *Forensic Sci Int Genet* 4:334–338
67. Iacolina L, Scandura M, Gazzola A, Cappai N, Capitani C, Mattili L, Vercillo F, Apollonio M (2010) Y-chromosome microsatellite variation in Italian wolves: A contribution to the study of wolf-dog hybridization patterns. *Mam Biol* 75:341–347
68. Wesselink M, Kuiper I (2011) Individual identification of fox (*Vulpes vulpes*) in forensic wildlife investigations. *Forensic Sci Int Genet* 3:214–215
69. Kopaliani N, Shakarashvili M, Guriedze Z, Qurkhuli T, Tarkhnishvili D (2014) Gene Flow between Wolf and Shepherd Dog Populations in Georgia (Caucasus). *J Hered* 105:345–353
70. Fabbri E, Caniglia R, Kusak J, Galov A, Gomerčić T, Arbanasić H, Huber D, Randi E (2014) Genetic structure of expanding wolf (*Canis lupus*) populations in Italy and Croatia, and the early steps of the recolonization of the Eastern Alps. *Mam Biol* 79:138–148
71. Torres RT, Ferreria E, Rocha RG, Fonseca C (2017) Hybridization between wolf and domestic dog: First evidence from an endangered population in central Portugal. *Mam Biol* 86:70–74
72. Bassi E, Canu A, Firmo I, Mattioli L, Scandura M, Apollonio M (2017) Trophic overlap between wolves and free-ranging wolf x dog hybrids in the Apennine Mountains, Italy. *Global Ecol Conserv* 9:39–49
73. Pacheco C, López-Bao JV, García EJ, Lema FJ, Llaneza L, Palacios V, Godinho R (2017) Spatial assessment of wolf-dog hybridization in a single breeding period. *Sci Rep* 7:42475
74. Dufrenes C, Remollino N, Stoffel C, Manz R, Weber J-M, Fumagalli L (2018) Two decades of non-invasive genetic monitoring of the grey wolves recolonizing the Alps support very limited dog introgression. *Sci Rep* 9:148
75. Santostasi NL, Gimenez O, Caniglia R, Fabbri E, Molinari L, Reggioni W, Ciucci P (2021) Estimating Admixture at the Population Scale: Taking Imperfect Detectability and Uncertainty in Hybrid Classification Seriously. *J Wildlife Manage* 85:1031–1046
76. Zenke P, Padar Z, Zöldag L (2006) Molekuláris genetika és kutya-tenyésztés: Molecular genetics and dog breeding. *Magy Állatorvosok Lapja* 128:544–550
77. Zenke P, Maróti-Agóts A, Pádár Zs, Zöldág L (2009) Characterization of the WILMS-TF microsatellite marker in Hungarian dog populations. *Acta Biol Hung* 60:329–332
78. Linacre A (2021) Animal Forensic Genetics. *Genes (Basel)* 12:515
79. Zenke P, Egyed B, Zöldág L, Pádár Zs (2011) Population genetic study in Hungarian canine populations using forensically informative STR loci. *Forensic Sci Int Genet* 5:31–36
80. Linacre A, Gusmão L, Hecht W, Hellmann AP, Mayr WR, Parson W, Prinz M, Schneider PM, Morling N (2011) ISFG: Recommendations regarding the use of non-human (animal) DNA in forensic genetic investigations. *Forensic Sci Int Genet* 5:501–505
81. Szabolcsi Z, Egyed B, Zenke P, Pádár Zs, Borsy A, Stéger V, Páasztor E, Csányi S, Búzás Zs, Orosz L (2014) Constructing STR Multiplexes for Individual Identification of Hungarian Red Deer. *J Forensic Sci* 59:1090–1099
82. Zenke P, Egyed B, Padar Zs, Kovacs G (2015) Increasing relevance of non-human genetics in Hungarian forensic practice. *Forensic Sci Int Genet Suppl Ser* 5:250–252
83. Zenke P, Egyed B, Pádár Zs (2017) A vadászható fajok védelme: az orvvadászat bizonyíthatósága az igazságügyi genetika segítségével. *Magy Állatorvosok Lapja* 139:631–639
84. Zenke P, Egyed B, Kovács G, Pádár Zs (2019) Implementation of genetic based individualization of White stork (*Ciconia ciconia*) in forensic casework. *Forensic Sci Int Genet* 40:245–247
85. Pádár Zs, Kovács G, Nogel M, Czebe A, Zenke P, Kozma Zs (2019) Genetika és bűnüldözés - Az igazságügyi célú DNS-vizsgálatok első negyedszázada Magyarországon I. Belügyi szemle 67:7–34
86. Arnold J, Miller C, Sürth P, Heltai M, Patkó L (2020) Az együttélés lehetséges: Kérdések és válaszok a farkasokról. - WFF Magyarország, Magyarország pp 101
87. Nowak S, Szewczyk M, Tomczak P, Całus I, Figura M, Mysłajek RW (2021) Social and environmental factors influencing contemporary cases of wolf aggression towards people in Poland. *Eur J Wildl Res* 67:69

88. Schley L, Jacobs M, Collet S, Kristiansen A, Herr J (2021) First wolves in Luxembourg since 1893, originating from the Alpine and Central European populations. *Mamm* 85:193–197
89. Berger C, Berger B, Parson W (2012) Sequence Analysis of the Canine Mitochondrial DNA Control Region from Shed Hair Samples in Criminal Investigations. In: Alonso A (eds) *DNA Electrophoresis Protocols for Forensic Genetics. Methods in Molecular Biology (Methods and Protocols)* vol 830, Humana Press
90. Leigh JW, Bryant D (2015) POPART: full-feature software for haplotype network construction. *Methods Ecol Evol* 6:1110–1116
91. Zenke P. (2010) Mikroszatellita-polimorfizmusok vizsgálata kutya eredetű anyagmaradványokból. Phd értekezés, Szent István Egyetem Állatorvos-tudományi Doktori Iskola
92. Pritchard JK, Stephens M, Donnelly P (2000) Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* 155:945–959
93. Hailer F, Leonard JA (2008) Hybridization among Three Native North American *Canis* Species in a Region of Natural Sympatry. *PLOS ONE* 3:e3333
94. Ghanatsaman ZA, Wang G-D, Nanaei HA, Fozi MA, Peng M-S, Esmailizadeh A, Zhang Y (2020) Whole genome resequencing of the Iranian native dogs and wolves to unravel variome during dog domestication. *BMC Genomics* 21:207
95. Rákaptak a borjúhúsról a zempléni farkasfalkák (videó) Kisalföld.hu 2020.10.18. <https://www.kisalfold.hu/egyperces/rakaptak-a-borjuhusra-a-zempleni-farkasfalkak-video-10364660/> (Látogatva: 2021.10.17.)
96. Véget kell vetni a farkasromantikának? Új szó 2021.10.17. <https://ujso.com/panorama/veget-kell-vetni-a-farkasromantikanak> (Látogatva: 2021.10.17.)
97. Brutális farkastámadások a megyénkben BOON A Borsod-Abaúj-Zemplén megyei hírportál 2021.03.01. <https://boon.hu/kozelet/helyi-kozelet/brutalis-farkastamadasok-a-megyenkben-5242498/> (Látogatva: 2021.10.17.)
98. Kropatsh R, Streitberger K, Schulte-Middelmann T, Dekomien G, Epplen JT (2011) On ancestors of dog breeds with focus on Weimaraner hunting dogs. *J Anim Breed Genet* 128:64–72
99. Axelsson E, Ratnakumar A, Arendt M, Maqbool K, Webster MT, Perloski M, Liberg O, Arnemo JM, Hedhammar Å, Lindblad-Toh K (2013) The genomic signature of dog domestication reveals adaptation to a starch-rich diet. *Nature* 495:360–364
100. de Groot A, Nowak C, Skrbinšek T, Asip J, Godinho R, Jansman HAH, Liberg O, Marucco F, Nowak S, Randi E, Śmietana W, Taberlet P, Muñoz-Fuentes V, Mystajek RW, Pilot M, Reinhardt I, Szewczyk M, Vilá C (2015) Decades of population genetic research reveal the need for harmonization of molecular markers: The grey wolf *Canis lupus* as a case study. *Mamm Rev* 46:44–59

Közlésre érk.: 2022. jan. 21.

Beszámoló a „MASETA Ősz – Az antibiotikumhasználat rögzös útján” címmel megtartott sertéségszségügyi szakmai konferenciáról – 2021. november 4.

A Magyar Sertéségszségügyi Társaság megújítása érdekében 2016-ban egy asztalhoz ült néhány, a sertéságazatban dolgozó állatorvos. Volt közöttük hivatali tisztséget betöltő, tudományos kutató, laboratóriumi, szaktanácsadói, üzleti életből jövő szakember, akik együtt elhatározták, hogy a korábban szép múlttal rendelkező, de az utóbbi évek során csendben elsorvadó szakmai tömörülést fönixmadárként a hamvaiból élesztik újjá.

A korábban a Magyar Állatorvosok Társasága Sertéségszségügyi Szakosztálya nevet viselő szervezet 1963-ban alakult és egészen a kétezres évek elejéig jó hívszónak számított a konferenciák rendezése során a Társaság részvétele a szakmai programok összeállításában. A magyarországi sertéshelyzet '90-es évektől látott mélyrepülése azonban szép lassan kivérezttette a sertéságazatban dolgozó kollégákat, így a Társaság alól is elfogyott az utánpótlás, inentől kezdve leginkább csak a Köves Napok társrendezőjeként lehetett találkozni a nevükkel.

Az újjáalakult civil szervezet a Magyar Sertéségszségügyi Társaság, rövidebben MASETA nevet viseli, jogutódja a réginek és két korábbi elnök is részt vett az alapításban, ám jelen összefoglalóban DR. VETÉSI FERENC és DR. MOLNÁR TAMÁS sajnos már csak nekrológjukban kerülhet megemlítésre.

A MASETA független, nonprofit szervezet, alapszabályban lefektetett céljai közül a legfontosabb: egy magas színvonalon működő, hiteles szakmai műhely megteremtése. További kitűzött célok:

- A határainkon belül és kívül élő, a sertéségszségüggyel kapcsolatos területen tevékenkedő, más szakmákhoz tartozó szakemberek számára is nyitott egyesületként kívánnak működni.
- Részt kíván venni a hazai a szakképzésben, a sertéségszségüggyel kapcsolatos kutatási, fejlesztési és innovációs tevékenységével aktív szerepet kíván vállalni a hazai sertéságazat versenyképességének javításában.
- Ismeretterjesztés, a kutatási eredmények gyakorlati felhasználásának elősegítése, nemzetközi szakmai, tudományos kapcsolatok ápolása, szakmai állásfoglalás a sertéségszségügyet érintő kérdésekben.



Az újjászerveződés nehezen indult, adminisztratív okokból 2018-tól működik megfelelő módon a Társaság. Kiseb konferenciát, online előadásokat már korábban is sikerült megszervezni (pl. a Kaposvári Állattenyésztési Napok keretében), és ezek sikerein felbuzdulva az elnökség és a közgyűlés úgy döntött, hogy évente egy alkalommal nagyobb volumenű, sok szakembert vonzó önálló rendezvényt kell elindítani, MASETA Ősz néven, az adott időszakban legfontosabbnak tartott sertés-egészségügyi vagy sertéstartási problémakorról.

2021-ben már jól látszódott, hogy a 2022-ben életbe lépő, a felelős antibiotikumfelhasználással kapcsolatos rendeletek lesznek a legfontosabbak a sertéstartók számára, így nem volt sok mérlegelés arról, mi legyen a központi téma, így lett a konferencia alcíme: „Az antibiotikumhasználat rögös útján.”

Egyetlen fontos, a szervezés korai időszakában nem látható helyzettel kapcsolatos döntés volt kérdéses: merjük-e az év eleji járványhelyzetből kiindulva az év vége felé a klasszikus, „élőszereplős” konferenciát vállalni, vagy online módon legyen megtartva? Utólag visszatekintve merész, de jó döntésnek bizonyult a helyszíni rendezés, mert 2021-ben ez volt a nagyobb sertéses rendezvények közül az egyetlen ilyen és jól érzékelhetően nagyon ki voltak éhezve a kollégák, szakemberek a személyes találkozásra!

A helyszín a Four Points by Sheraton Kecskemét Hotel és Konferenciaközpont volt, ami kitűnő választás volt az autópályához való közelsége és a kényelmes, tágas terei miatt.

Az előadókat kifejezetten úgy hívta meg a szervezőbizottság, hogy több oldalról tudják bemutatni az antibiotikumokkal kapcsolatos feladatokat, problémákat és inkább több, rövid előadás legyen, mint kevés, hosszú.

Az előadások összefoglalója röviden:

DR. NEMES IMRE, a MASETA elnöke megnyitója és köszöntője után következtek a közelmúltban elhunyt három ismert és neves sertés-egészségügyi állatorvos emlékére megtartott búcsúbeszéd.

DR. VETÉSI FERENC (1935–2021), az Egyetem Kórbonctani/Patológiai Tanszékének egykori tanszékvezetőjének búcsúbeszédét DR. BALKA GYULA egyetemi docens olvasta fel, aki a „Tanár Úr” életútja és megszámlálhatatlan szakmai elismerésének méltatása mellett személyes élményekkel is búcsúzott egykori tanárától.

DR. MOLNÁR TAMÁS (1943–2020), a NÉBIH-ÁDI, a korábbi OÁI osztályvezetőjének, az Egyetem címzetes egyetemi docensének búcsúztatóját DR. SZABÓ ISTVÁN kandidátus, MOLNÁR doktor kollégája és barátja mondta el, aki elérzékenyülve köszönt el tőle a rengeteg együtt eltöltött idő után.

DR. MOCSÁRI ENDRE (1939–2021), a Topigs-Norsvin Közép-Európa Kft. szaktanácsadó állatorvosának, az

OÁI egykori igazgatójának búcsúztatóját SIMON GYULA, a Kft. vezetőjének megbetegedése miatt DR. FÖLDI JÓZSEF, a MASETA titkára, „Bandi bácsi” egykori kollégája olvasta fel.

A Magyar Sertés-egészségügyi Társaság mindhárom egykori kolléga részére bronz emléklakettet adományozott, amelyet később juttatott el a családjaikhoz.

A búcsúzás lezárásaként a résztvevők néma felállással emlékeztek az elhunytakra.

A továbbiakban DR. ALBERT MIHÁLY levezető elnökként ismertette a szakmai program felosztását, miszerint három csoportba kerültek az előadások:

1. Antibiotikumhasználat és rezisztencia – „One Health”
2. Jelen állapot és merre tovább, magyar sertéságazat?
3. Követendő gyakorlatok a hazai sertéságazatban

Elsőként DR. BOGNÁR LAJOS országos főállatorvos urat kérte fel az előadása megtartására.

A 128/2009 (X. 6.) FVM rendelet módosításainak használat-vonatkozásai

BOGNÁR Dr. az antimikrobiális rezisztencia (AMR) fogalmának bemutatásával megalapozta, majd részletekbe menően kibontotta a kérdéskört, aminek hatósági oldalról való megközelítése 2022 első hónapjától már élesben fog zajlani. EU-s és hazai rezisztenciaadatok ismertetése után a jogalkotási folyamatot bemutatva teljes keresztmetszetet adott a telepi és a hatósági állatorvosok, gyógyszerforgalmazók számára előírt feladatokról. A jelen helyzet az, hogy egyelőre nagyon rossz helyen vagyunk az antibiotikumok felhasználásának ranglétráján, van javulási tendencia, de ezen a folyamaton gyorsítani kell. Az állatorvosoknak a gyógyító munka mellett komplex menedzselési feladatuk is lesz, ha egy telep teljesíteni akarja a kitűzött célokat. Járványtani és egyéb támogatások elérhetők lesznek a későbbiekben is, erre ígéretet tett a főállatorvos.

Ezt követően egy, a sertés-egészségügyi fórumokon ritkán hallható megközelítéssel a humánorvosi szakma képviselőjében DR. KARDOS GÁBOR egyetemi docens lépett színpadra, aki az AMR népegészségügyi aspektusait ismertette.

Antibiotikumhasználat és -rezisztencia – "One Health" – Népegészségügyi aspektusok

Az előadó nagyon lendületesen és mondandóját jó humorral fűszerezve ismertette a humánorvosi adatokat, a fekvő-, ill. járóbeteg-ellátásból származó antibiotikumfelhasználási - kedvezőtlen - adatokat, a rezisztencia terjedését befolyásoló tényezőket és a csökkenéshez vezető út egyes lépéseit is. Kiemelte a rezisztenciaspirál okozta gyors lejtmenetet, ami pillanatok alatt multi-, ill. pánrezisztenciává fejlődhet, amennyiben nem szakértő módon próbálunk megoldást találni, ami a hatóanyagok helyes menedzselését jelenti. Hogy előbbre tart az állatorvosi szakma e kérdéskörben, azt az is mutatja, hogy állatorvosok-

kal és környezetbiológusokkal együtt elkészült már egy hiánypótló szakpolitikai program a humánorvosi vonalra is, viszont ez még nincs hivatalosan elfogadva.

A harmadik, egyben az általános témakör utolsó előadója DR. ALBERT ERVIN lett volna, de betegsége miatt DR. BIKSI IMRE (MASETA) mutatta be a rengeteg gyakorlati adatot tartalmazó előadást.

Sertés-kórokozók antibiotikumérzékenységének változása

BIKSI IMRE a tőle megszokott vicces, önkritikára hajlamos stílusában ismertetett meg a hallgatósággal egy tudományosan feldolgozott klinikai AMR- esetet (ló esteiben), ahol több éven keresztül követve két antibiotikum rezisztenciaviszonyainak változásait, kiderült, hogy ez jól monitorozható és a beavatkozások eredményeképpen az AMR terjedése megállítható, ill. visszafordítható. A sertésből származó kórokozók közül pedig az *E. coli* és a *Streptococcus* sp. nagyobb számú mintáiból készült grafikonjain mutatta be a leggyakrabban használt hatóanyagokra való érzékenységet/rezisztenciát. Az egyik levonható következtetés az volt, hogy a nem klasszikus patogén (nem β -hemolizáló) *E. coli*- törzsek a patogénnel szemben jóval szélesebb körű rezisztenciát mutatnak, de ezt nem szabad kontroll nélkül a patogén törzsekre kivetíteni. További konklúzióként megállapítható, hogy egyelőre nincsenek igazi multirezisztens törzsek egy átlagos sertéstelepen.

A második blokkban a magyar viszonyokról próbáltak képet adni az előadót, elsőként DR. SZABÓ ISTVÁN kandidátus (MASETA), aki a jelenlegi sertéstelepi gyakorlatról beszélt.

Jelen állapot és merre tovább, magyar sertéságazat? Jelen sertéstelepi gyakorlat

SZABÓ Dr. a megszokott jellegzetes orgánumával kezdte azt a kevésbé hálás témát, ami a magyar telepi valóságot mutatja be. A sertéstartási struktúra felépítése, változásainak ismertetése után az európai számokkal való összevetés következett, és kellő kritikával megfogalmazva látni kell, hogy nem állunk jól. Amennyiben 50 %-os javulást tudna az ágazat felmutatni 2030-ig, csak a jelenlegi alsó középmezőnybe kerülnénk! A külföldi országok már működő rendszereit bemutatva a kiutat az azonnali szakmai alapú cselekvésben látja, kezdve a valós tényekkel való szembenézést és a folyamatos adatgyűjtésen alapuló beavatkozási láncolatot.

Az antibiotikumok csökkentésének egyik legnagyobb letéteményesei mindenképpen a takarmánygyártók lesznek, ezért az ő véleményüket is meg kellett kérdezni. DR. NOCHTA IMRE (MASETA) vállalkozott a feladatra, hogy korszerű takarmányozási megoldásokat mutasson be.

Antibiotikumhasználat a takarmányipar szemszögéből

NOCHTA IMRE szerint a takarmányozásban mindenképpen szemléletváltásra van szükség, új, egysége-

sebb megközelítésre a fejlesztések és a felhasználás területén, korszerű gyártási folyamatokra és nagyon jó színvonalú alapanyagokra. Mint majdnem mind előadó, ő is felhívta a figyelmet arra, hogy önmagában egyik fél sem tudja megoldani a problémát, a takarmányipar erőfeszítései mellé a telepi szakemberek és a hatóságok segítsége is ugyanolyan fontos lesz. Kiemelte a bélegézségügy jelentőségét az antibiotikumok csökkentésének egyik legfontosabb lépéseként.

Nem lenne teljes a kép az élelmiszeriparból származó információk nélkül, ezt az ágazatot pedig HOLLÓSY TIBOR (Kométa) képviselte.

Az élelmiszeripar és a fogyasztók elvárásai

A fogyasztói piac és verseny bemutatásával kezdte mondandóját HOLLÓSY TIBOR, amiből kiderült, hogy a vevőknek komoly befolyása lehet egy-egy termékre nézve, társadalmi nyomással hatva pl. az antibiotikummentes vagy állatjólétilag kifogástalan állattartásra, és ezekhez a gyártóknak mindenképpen alkalmazkodniuk kell. A vevők bizonyos hívószavakra reagálva többletkiadást is fognak vállalni, ezeket kell megkeresni az ágazat szereplőinek és egészen a termelőig visszanyúlva változásokat eszközölni teljes élelmiszerláncban.

A harmadik felvonásban – kissé eltérve a megszokott formátumoktól – a rendezvény szervezői lehetőséget adtak több felkért előadónak, hogy rövid prezentációjukban a saját telepükön elkezdett munkájukat, ill. elért eredményeiket bemutathassák, ösztönzésül a résztvevők számára.

Elsőként DR. SOMOGYI ZOLTÁN beszélt a Bonafarm Sertéságazatát érintő változásokról.

Antibiotikumhasználat változása a Bonafarm Sertéságazatában

Szerencsés konstelláció folytán az előadó egyetemi gyógyszer-tani oktató és telepi gyakorló állatorvos is egyben, így igazán hitelesen hangzottak az általa bemutatott eredmények. Kiemelten a *Lawsonia intracellularis* (ileitis) és a *Streptococcus* sp. elleni vakcinás védekezési stratégiára való váltás került a középpontba, egészen figyelemreméltó szakmai és gazdasági eredmények mellett. Ezek a betegségek kifejezetten a jó állategészségügyi státuszú telepeken okoznak gondot, amik így előbb-utóbb a legtöbb magyar telepet érinteni fogják. SOMOGYI doktor megemlítette, hogy a cégcsoportjukban kiemelt figyelemmel, központi koordinációval folyamatosan képzik a menedzsment tagjait és oktatásokat tartanak a dolgozók részére is.

Őt követte DR. LAJOS BALÁZS, aki jelenleg a nagyüzemi sertéstelepen állatorvos és ágazatvezető is egyben, ami szintén egészen jó egybeesés.

Állomány-egészségügy – One Health, felelős antibiotikumhasználat

A néhány éve újratelepített két sertéstelep vezetőjeként a felelős antibiotikumhasználat volt az egyik

kitűzött cél, amit apró lépésenként a dolgozóiban is tudatosítani kellett. Rengeteg adatgyűjtés és szakmai partnerek segítségével azok értelmezése egy másik fontos támasz, a környezetvizsgálat mellett. Az egész folyamat alapja az úratelepítés volt, a pihenési időben történt alapos takarítás és fertőtlenítés, erre az alapra épültek a további sarokkövek: a tudatos tervezés és az igényesség a vezetők és a dolgozók szintjén is.

DR. SOMOSI SZABOLCS, aki tromfolva az előző előadókat, állatorvos és tulajdonos is egyben, a saját telepének fejlődési görbáját rajzolta fel a háromhetes fiaztatási rendszer bevezetéséig.

Egy rögs út története az antibiotikum-mentes sertés-tartáshoz

20 éve kezdődött előadónk története egy korábbi termelőszövetkezeti telep megvásárlásával, ami „mindennek” fertőzött volt. Innen szívós munkával lassan mentesült az állomány több betegségtől is, az igazi segítséget a vakcinás védekezés mellett a háromhetes fiaztatási rendszer bevezetése hozta meg Somosi doktor szerint, a tervezhetőség miatt, nem melleleg pénzügyileg is jobban jártak vele. Az előadás legfőbb mondanivalója, hogy állománycsere nélkül is lehetséges mentesítési programokat végrehajtani, csökkenteni a gyógyszerfelhasználást.

Az utolsó előadásban DR. GOMBOS LÁSZLÓ a megszo- kottól eltérően nem külföldi tapasztalatairól mesélt, hanem az eredeti sertéstelepéről, ahol ma is ellátó állatorvos.

Antibiotikumfelhasználás-optimalizáció a sertéstelepeken – van-e fény az alagút végén?

GOMBOS doktor szintén a lendületes előadók sorát gyarapítva a saját telepén zajló légzőszervi kórképek kálváriáját ismertette, miszerint az APP és a *Streptococcus*-törzsek keveredése késői korban okozott problémákat és antibiotikumok mellett vakcinás védekezést kellett alkalmazni. A szaktanácsadóként szerzett tapasztalatai alapján döntési lépéseket javasol a tulajdonosoknak, telepi vezetőknek, de mindenképpen az állatorvosi ismeretek alkalmazásával. Summa summarum, van fény az alagút vége felé, de addig kacskaringós lesz még az út.

Az egyes blokkok végén minden előadóhoz kérdéseket intéztek a hallgatóságból, némely esetben a szünet kárára, de egy kérdés sem maradt megválaszolatlanul.

Utolsó utáni szószólóként DR. FÖLDI JÓZSEF MASETA-titkár kapott néhány percet, hogy ismertethesse a szakmai körökben eddigi legnagyobb sikerként értékelt konferenciaszervezési eredményt, ugyanis 2022-ben az Európai Sertéségészségügyi Társaság Magyarországnak adta a jogot az ESPHM 13. szimpóziumának megrendezésére. Ilyen szintű sertéségészségügyi nemzetközi rendezvény sosem volt még hazánkban, így méltán lehet büszke magára a MASETA minden, szervezésben részt vevő tagja.

A konferencia zárásaként DR. NEMES IMRE egy késő délutáni svédasztalos ebédhez invitálta a résztvevőket, ahol az asztalok mellett nagyon hosszú ideig beszélgettek a két éve egymással nem találkozó kollégák.

Visszatekintve a rendezvényre, kijelenthető, hogy sikeres volt, egyrészt a 162 regisztrált résztvevő, másrészt a Társasághoz visszajutó pozitív vélemények nagy száma miatt. A rendezésben való segítséget köszönjük a Yes Travel Kft.-nek és az MSTSZ-nek, továbbá a szponzoroknak, akik fantáziát láttak az esemény támogatásában: AlphaVet, Boehringer Ingelheim, Bonafarm Csoport, Ceva-Phylaxia, DSM-Biomin, Dunavet, Eurofins Vet Control, MSD, NÉBIH, Panadditív, Topigs Norsvin.

Az elhangzott előadások interneten visszanezhetők lesznek teljes egészében. Amennyiben a Tisztelt Olvasók érdeklődnek a Társaság munkája iránt, esetleg – egyetértve célkitűzéseinkkel – szeretnének belépni és együtt dolgozni a sertéságazat jövője érdekében, keressék fel honlapunkat (www.maseta.hu), Facebook-csoportunkat információért, írjanak nekünk bizalommal az info.maseta@gmail.com e-mail-címre.

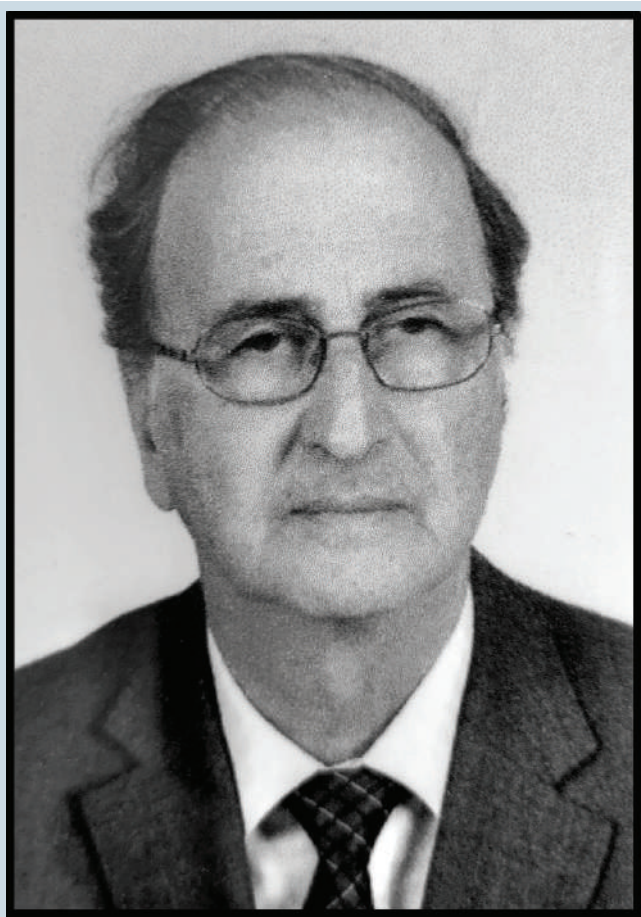
Találkozunk 2022-ben a MASETA Ősz rendezvényen!

Dr. Kiss Krisztián



Dr. Hajós Ferenc (1936–2022) egyetemi tanár, agykutató

2022. február 18-án 86 éves korában váratlanul távozott el DR. HAJÓS FERENC egyetemi tanár, az MTA doktora, az Egyetem Anatómiai és Szövet-tani Tanszékének korábbi tanszékvezetője. Elvesztésével egy kiváló egyetemi oktatóval, agykutatóval, iskolateremtő és -szervező egyéniséggel, kedves Baráttal lettünk szegényebbek. Mindenki számára, akik ismerhettük lesújtó volt a hír.



Hajós professzor 1936-ban született Budapesten, 1954-ben a Madách Imre Gimnáziumban kitűnő eredménnyel érettségizett. Tanulmányait a Budapesti Orvostudományi Egyetem Általános Orvosi Karán folytatta, ahol 1960-ban “summa cum laude” doktori diplomát kapott. Kétéves, Pásztón eltöltött sebészgyakornoki praxis után, csatlakozott a legendás

Szentágothai-iskolához a Pécsi Orvostudományi Egyetem Anatómiai Intézetében egyetemi tanársegédként. Mesterét követte Budapestre, a SOTE I. sz. Anatómiai Intézetébe, ahol 1965-től tanársegéd, adjunktus, majd egyetemi docens lett. A tudományos érdeklődésében mély nyomot hagyó Péccsett kezdett kutatómunkája végigkísérte életét. Az orvostudományok kandidátusa fokozatát 1972-ben szerezte meg, a Magyar Tudományos Akadémia doktori fokozatát a biológia tudományok területén 1983-ban, az “Izolált idegvégződések funkcionális morfológiája” címmel védte meg. Tudományos ismereteit német, angol, szovjet, kubai külföldi tanulmányutak során mélyítette, így jelentős nemzetközi kapcsolatrendszer építve ki, amellyel később tanítványai szakmai útját tudta önzetlenül és nagyvonalúan egyengetni. Oktatómunkáját a SOTE I.sz. Anatómiai Intézetében a magyar nyelvű oktatáson túl 1983-tól a német nyelvű oktatás bevezetésével bővítette.

1987-ben, egyetemi tanári kinevezését követően az Állatorvostudományi Egyetem Anatómiai és Szövet-tani Tanszékének vezetőjeként folytatta pályáját. Az új egyetem, új környezet kihívásait sikerrel teljesítve, korábbi munkahelyén szerzett népszerűségét csakhamar itt is élvezhette.

Az idegennyelvű oktatásban szerzett tapasztalatait kamatoztatva az állatorvosképzésben is elindítottuk a német, majd az angol nyelvű oktatást, amelynek kezdeti nehézségeit fantasztikus munkabíráásával példamutatóan küzdötte le. Három nyelven tartott anatómia és biológia, angolul és németül szövettan előadásokat, biológia és szövettan gyakorlatokat. Óráin a hallgató-ságot briliáns – sokszor kétkezes – rajzaival, csillogó humorával nyűgözte le. Egy Henle-kacs magyarázó ábrájaként képes volt egy szekérderék New Orleans-i jazzmuzsikust felrajzolni pillanatok alatt, ahol a pozanos a tolócsővel jelezte a “cortex-medulla” irányt. Az órái hangulatát, baráti beszélgetéseit gyakran színesítette széleskörű irodalmi, képzőművészeti, történelmi ismereteivel. Emellett legendás volt zenei műveltsége is: az Anatómiai Múzeumot kihasználta zenei programok céljára. Kiváló zongorajátékával, szerda délutáni magyar és angol nyelvű “Zeneóra” előadásaival sok rajongót vonzott a campuson kívülről is. Kamarakon-

certjei és tematikus zongoraverseny, opera "félévei" visszahatottak az órarendre és a kollégák szerdai időbeosztására is. Rajzkészsége és kreativitása nem állt meg a klasszikus médiumoknál: generációs hátrányát sutba vetve indított el – és fejezett be! – olyan anatómiai (AWA Anatomy with Apple) és szövettani (HistorClick, MicroClick) számítógépes oktatóprogram fejlesztéseket, amelyek a 90-es évek elején nemzetközi szinten is kuriózumnak számítottak.

Az 1994-es zoológus szak akkreditációja és elindítása szintén érdemben járult hozzá iskolateremtő munkájához. Az idegennyelvű képzés igazgatójaként hosszú éveken át képes volt úgy működtetni és szabályozni sok száz külföldi diák képzését, hogy közben bölcsen, a kellő empátiával kezelt minden egyes ügyet. Lenyűgöző volt az a nyelvi könnyedség, amivel munkatársai magyar, angol, vagy német leveleinek, cikkeinek nyakatekertségét – kérésükre – gordiuszi egyszerűséggel igazított ki.

Az oktatás mellett 1990-től kutatási rektorhelyettesként építette ki a rendszerváltást követő tudományos műhely intézményét egyetemünkön. A kandidatúra rendszerét felváltó PhD-képzés bevezetése sok esetben igényelte kreativitását és nemzetközi tudományos tapasztalatát. Kutatási területei igen széleskörűek vol-

tak: az idegrendszer ultrastruktúrájától az immunhisztokémián át az in vivo morfológiát érintve a mozgatópályák fejlődéséig terjedtek.

Tudományos társadalmi aktivitása széles területet ölelt fel. Elnöke volt a Felsőoktatási és Tudományos Tanács Képzési Bizottságának, elnökségi tagja a Magyar Anatómus és Hisztológusok Társaságának, továbbá a Magyar Idegtudományi Társaságnak; szerkesztőbizottsági tagja volt az Anatomy and Embryology, a Brain Research és az Acta Biologica folyóiratoknak; főszerkesztője a Neurobiology című lapnak. Munkásságát Szent-Györgyi Albert-díjjal, a Szent István Egyetem Babérkoszorúja aranyfokozat, valamint Magyar Köztársaság Érdemkeresztje aranyfokozat kitüntetéssel ismerték el.

HAJÓS FERENC, az elismert oktató, a nemzetközi hírű tudós a zene, az irodalom, a képzőművészetek iránti rajongásával és aktív művelésével igazi polihisztorrá vált. Sikerei ellenére mindvégig szerény maradt, kollégáinak, tanítványainak örök példát állított emberségből, szorgalomból, kitartásból.

Hajós Professzor, nyugodj békében!

Dr. Sótonyi Péter

Könyvismertetés

A *kutya örökletes hátterű betegségei* c. könyv szerzője DR. ZÖLDÁG LÁSZLÓ, a kézirat lektora DR. ZENKE PETRA genetikus. A témában, magyar nyelven, első ízben megjelenő munka összefoglalja a kutyafaj molekulárisan megismert, mutáns génműködésekre visszavezethető betegségeit és rendellenességeit. A 230 oldal terjedelmű mű, mutatós kivitelezésben és szerkesztésben, a Magyar Tudományos Akadémia 2021. évi támogatásával készült. Három nagyobb fejezetre különül el. (1) *Örökléstan alapfogalmak*. Ez a terminológiai bevezető rész a mendeli, a populációs, a molekuláris és a klinikai genetika alapfogalmait ismerteti abc betűrendben. (2) *A kutya örökldő betegségeinek klinikai genetikai alapjai*. A fejezet a genetikai hátterű betegségek molekuláris alapjait és a mutáns gének megmutatkozásának klinikai szempontjait és megelőzésének lehetőségeit taglalja. (3) *Szervek és szervrendszerek örökldő betegségei*. Ebben a fejezetben kerül sor az egyes genetikai betegségek részletes ismertetésére, amely elsősorban a kisállatorvoslásban dolgozó kollégák számára jelent segítséget. Az írott anyagot 29 színes kép, 7 ábra és 6 táblázat teszi szemléletessé. A könyv végét egy jól megválogatott irodalomjegyzék zárja.

Nem újdonság annak hangsúlyozása, hogy a kutya felelős tenyésztésének legfontosabb feladata a genetikai terheltségektől mentes egyedek születésének biztosítása. A kiadvány, ennek az állatvédelmi szempontból is aktuális szemléletmódnak a következetes megvalósításához kíván segítséget nyújtani.

Az olvasó logikus rendszerezésben, szervek és szervrendszerek szerinti csoportosításban, megismerheti a DNS-tesztekkel is vizsgálható örökletes alapú bántalmakat. A könyv meglepően nagyszámú, közel 200 genetikai terheltséget ismertet, amelyekre ma már DNS-teszt is végezhető. Nem véletlen, hogy az örökítő anyag molekuláris alapjaival foglalkozó kutya-genomika, de elsősorban a humán-genomika, meglehetősen fejlett szakterületnek számítanak. Mindkettő sok szálon kapcsolódik egymáshoz, ezek közül említésre méltó pl., hogy a kutya több, genetikai hátterű betegsége a humán-genetika számára is tanulmányozható állati modell-

nek számít. Ezt a lehetőséget az emlős fajok közötti nagyfokú genomikai hasonlatosság teszi lehetővé. „Szerencsés” esetekben, a kutyákban is ugyanazon génmutáció, vagy allélikus mutáns változata okozza a betegséget, mint az emberben.

A kutyák betegellátása során a kisállatpraxisban egyre gyakrabban találkozhatunk olyan megbetegedésekkel és rendellenességekkel, amelyeknek genetikai háttere van. A genetikai anomáliák száma, a háziállataink között, közismerten, a kutyafajban a legnagyobb. A jelenség alapvetően a rejtetten örökldő génmutációk állomány szintű felszaporodásának a következménye számos kutyafajtában. A mutáns gének gyakoriságának növekedése, nagy valószínűséggel, a genetikai hátterű betegségek megmutatkozását is maga után vonja. A kialakult helyzet a gyakorlatban a beltenyésztésre, a felelőtlen szaporításra, a természetes szelekció hiányára és a mutagén környezeti hatásokra vezethető vissza. A környezeti tényezők szerepe nem meglepő, hiszen az ember és a kutya szinte azonos, vagy legalább is nagyon hasonló környezetben él. A használatok tenyésztése során feltűnően ritkán találkozunk genetikai terheltségekkel, aminek legfőbb oka az, hogy a termelő állatpopulációk esetében a tenyésztéshigiéniai alapelvek következetesen megvalósíthatók.



A kutya örökítő anyagával foglalkozó genomika napjainkban nagyon gyorsan fejlődő tudományterület. A kutya genom gyakorlatilag feltártnak tekinthető, számos kutya fajtában elvégezték már a teljes genom szekvenálását. A kutya genom megismerésével számos génmutáció és rendellenesség molekuláris azonosítása is megtörtént. Napjainkban a kutya küllemével kapcsolatban megismert mutációk (rendellenességek) száma meghaladja a százat, az egygénés öröklődő betegségeké pedig az ezret. A különféle egygénés (monogén), mendeli öröklést mutató genetikai terheltségekre kidolgozott DNS-tesztek száma napról-napra növekszik. Érdekes, hogy a szembetegségekkel – főleg a PRA (progresszív retinaatrophia) rendellenességekkel – kapcsolatos mutációk és tesztek száma viszonylag nagy, harminc körül mozog, a különféle szövetek és szervek betegségeinél pedig ez a szám már elérte a 250-et. A jellemzően monogén betegségek mellett, több sokgénés (poligén), komplex öröklődést mutató ren-

dellenesség is ismertté vált, ezek egy részénél ma már DNS-markeres vizsgálatok végezhetők.

Összegezve, a könyv a kutya napjainkig megismert örökletes hátterű betegségeit foglalja össze, közülük a legfontosabbakat részletesen ismerteti, oktani, klinikai jellemzők, megelőzés és védekezés taglalásban. Az olvasó szervek és szervrendszerek szerinti csoportosításban ismerheti meg a kutya DNS-tesztekkel is vizsgálható öröklődő bántalmait és betegségeit. A kiadvány Magyarországon hiánypótlónak számít és elsősorban az állatorvosok számára nyújt nagy segítséget a kutya genetikai hátterű betegségeinek a megismerésében és megelőzésében. A könyv elsősorban a kisállatpraxisban dolgozó kollégáknak, állatorvostan-hallgatóknak, de a téma iránt érdeklődő és szakismerettel rendelkező kutyatenyésztőknek is ajánlható.

Prof. Dr. Cseh Sándor
MTA doktora

Vitaminthe

FÉRGEK ELLEN..



MINDENKINEK..



SZARDELLA ÍZŰ..

HMMM.. NAGYON SZERETEM!



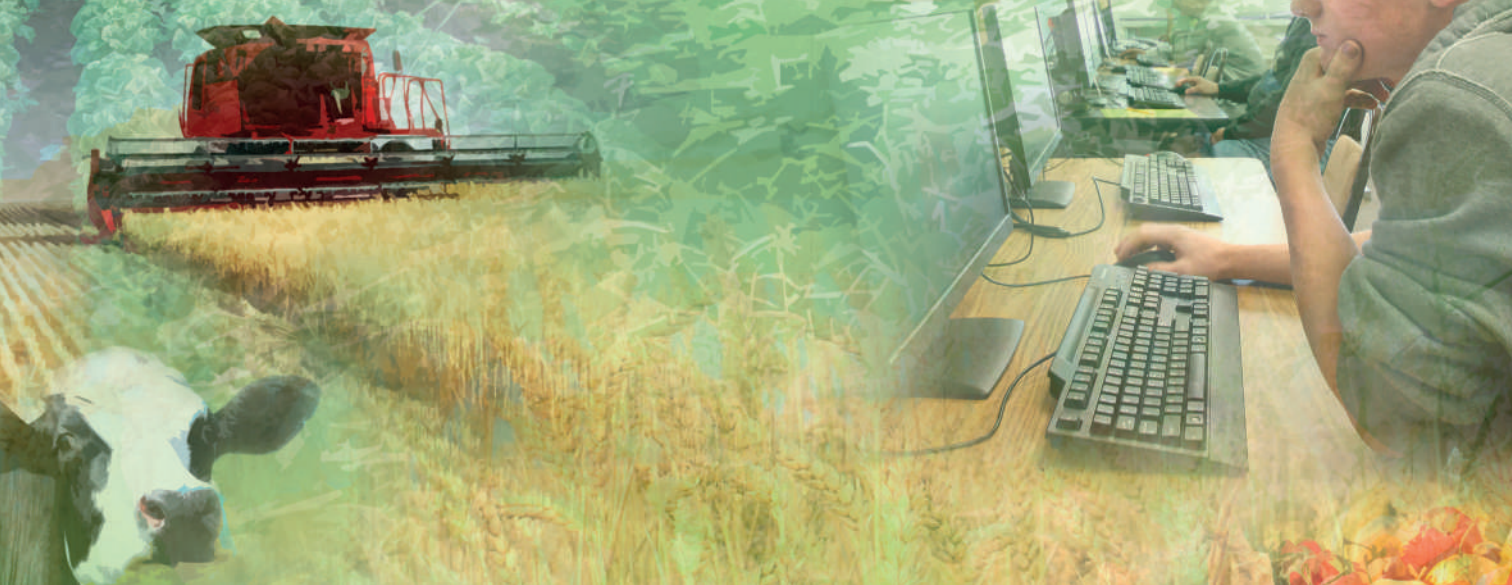
Virbac
ANIMAL HEALTH

(70) 776-15-74 • (70) 365-75-48 • (70) 776-10-55
www.virbac.hu



HERMAN OTTÓ INTÉZET

„Legyünk büszkék arra,
amik voltunk, s igyekezzünk
különbek lenni annál,
amik vagyunk!”



VAN MÉG MIT MONDANUNK:



LAPOZZON BELE
TOVÁBBI FOLYÓIRATAINKBA IS!

Archív lapszámok és előfizetési információk a www.agrarlapok.hu oldalon.

