

Mit tudunk a lovak genetikájáról?

Török Tibor 2015

Bevezetés:

A modern genetikai kutatások elsősorban az örökítő anyag, a DNS szekvencia vizsgálatából vonnak le következtetéseket. Ez a lovakról két egymástól független területen segítheti az ismereteink gyarapodását. Az egyik az örökletes tulajdonságok (pl: színváltozatok, betegségek) okainak megértése, a másik a faj földrajzi eredetének, a fajták rokonsági viszonyainak és leszármazásának tisztázása.

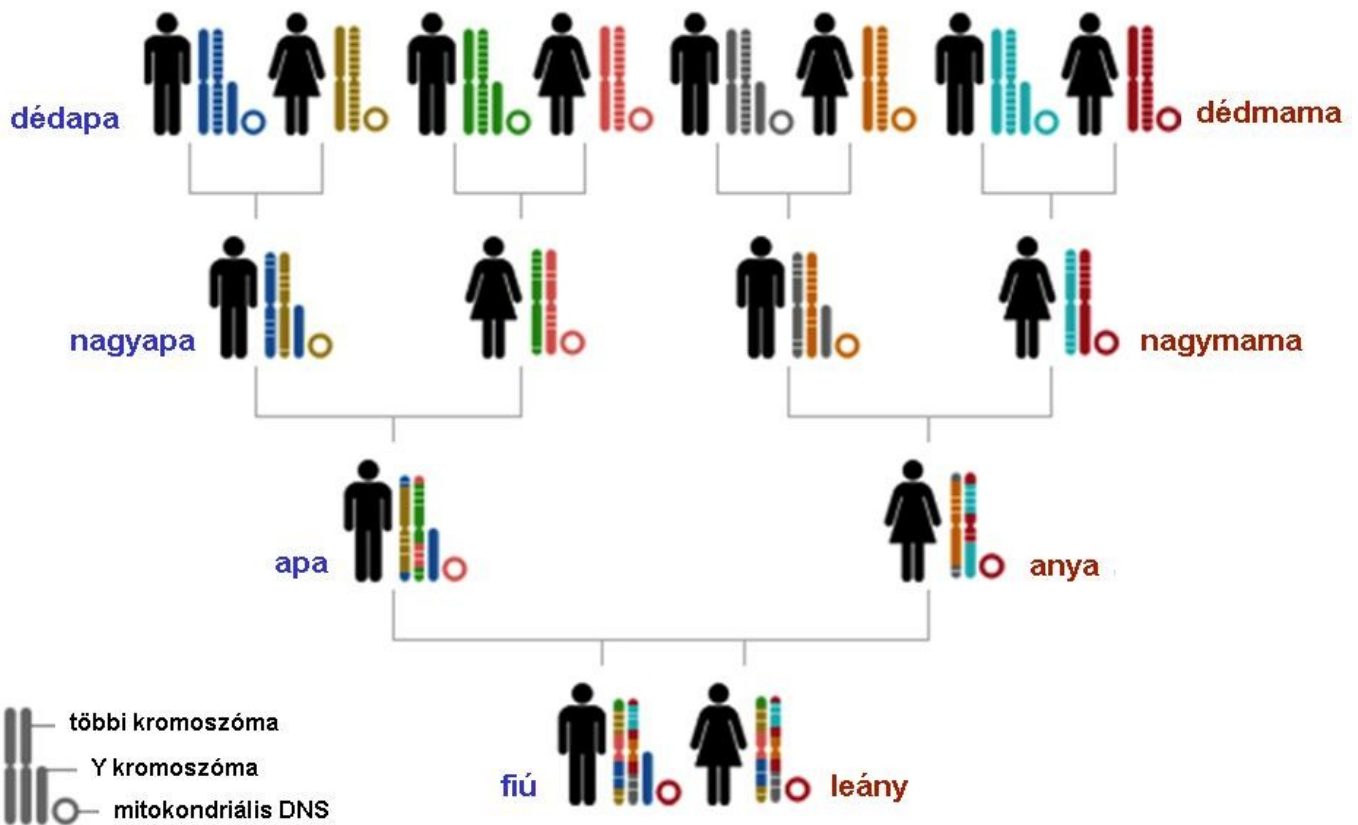
A teljes DNS állomány (genom) három eltérő öröklődésmenetet mutató szakaszra osztható. A gének túlnyomó többsége két példányban található a genomban (diploid), melynek fele az apától, másik fele az anyától származik. A továbbörökítés során az apai és anyai eredetű gének véletlenszerűen keverednek, majd pontosan elfeleződve kerülnek át az utódba. Az unokák kettős génkészletének (nekik is minden génből két példányuk van) mindegyike a négy nagyszülő valamelyikétől származik, de teljesen véletlenszerű, hogy melyiktől. Minden utód a négy nagyszülő génállományának teljesen véletlenszerű összeállítását kapja (lásd ábra), a nagy számok törvénye szerint mindegyik nagyszülő DNS készletének 1/4-ét. Mivel az egyes géntípusok kiszámíthatatlanul kerülnek – vagy nem kerülnek – át a szülőkből az utódba, ezért kiragadott DNS szakaszok alapján leszármazási vonalak nehezen, vagy nem azonosíthatók. Azonban a teljes genom szekvenciák birtokában számítógépes elemzéssel két egyed rokonságának mértéke jól megállapítható.

Az úgynevezett mitokondriális DNS-t (mtDNS) mindenki kizárólag az anyjától örökli. Az mtDNS az anyai vonalon adódik át anyáról lányára, majd lányunkájára (lásd ábra). A hímek is anyjuktól öröklik az mtDNS-t, de nem adják tovább utódaiknak, így annak öröklődése hím ágon megszakad. Az mtDNS szekvenciája csak véletlenszerű mutációkkal, lassan változik. Az évezredek során fokozatosan felhalmozódó mutációk miatt azonban egyes anyai vonalak mtDNS szekvenciája fokozatosan eltérővé válik, ami lehetővé teszi az anyai ágú leszármazás felderítését. Ennek az a lényege, hogy az egy anyától leszármazott generációk mindegyike ugyanazon mtDNS változatot hordozza. Az egyes változatok többnyire jellegzetes földrajzi elterjedést mutatnak, hiszen a leszármazottak többsége a szülők közelében marad. Ez lehetővé teszi egy változat (az ősök) földrajzi eredetének kiderítését is.

Az Y kromoszóma kizárólag apai ágon öröklődik apáról fiúra, és az mtDNS-el azonos módon lehetővé teszi az apai ágú leszármazás felderítését (lásd ábra).

A DNS vizsgálatok nagy előnye, hogy elhalt, több ezer éves csontmaradványokból is elvégezhetők, és ezzel tisztázható egy leszármazási vonal földrajzi eredete, és keletkezésének időpontja.

A mitokondriális DNS (körrel szimbolizálva), az Y-kromoszóma (rövid vonallal jelölve), és a többi kromoszóma (két hosszú vonallal jelölve) öröklésmenetének szemléltetése



A ló színváltozatainak öröklődése:

Az örökletes tulajdonságok genetikai meghatározottságáról azt kell tudni, hogy csak az egy, vagy néhány génhez köthető jellegek génei azonosíthatók - mint például a szőrszín, vagy néhány betegség génje - ezért ezeket elég jól ismerjük. Ezzel szemben a legtöbb tulajdonságot, - mint például a testmagasság, testtömeg, testalkat, vagy viselkedési hajlam - nagyszámú gén határozza meg a környezettel kölcsönhatásban, ezért ezek a gének nehezen, vagy egyáltalán nem azonosíthatók, és jórészt ismeretlenek.

A színt meghatározó gének többsége egyetlen génhez köthető öröklésmenetet mutat, és a több évtizedes tenyésztői munka keresztezéseiből számos gén öröklésmenetét felderítették. Ezek közül az utóbbi évtizedekben 15 gént molekuláris szinten is azonosítottak, vagyis ismerjük azt a DNS szekvencia változatot, amely a színváltozatért felelős. A lovak változatos színűek és mintázatúak lehetnek. A színt kétféle festékanyag, az eumelanin (fekete) és a pheomelanin (vörös) jelenléte és eloszlása határozza meg. Például a sárga lóban csak vörös színanyag (pheomelanin) termelődik, a pejben és feketében pedig fekete (eumelanin) is. A festék szörbe jutását számos gén szabályozza. A pej lóban például a bőrben termelődő fekete színanyag egy génváltozatnak köszönhetően csak a sörény és a fark szőrsejtjeibe tud kijutni, ezért a teste vörös marad. A fekete lóban ugyanezen gén másik változata van jelen, amely megengedi, hogy a fekete színanyag minden egyes szőrszálba kijusson. A sötét lóban bármilyen festék termelődjön is, (a bőre sötét!) az idősebb korban nem tud kijutni a szőrökbe, mert azt egyetlen gén mutációja meggátolja. A fakó lovak pedig azért halványabbak, mert a festéknek csak töredéke jut ki a szörbe, amit egy másik gén mutációja blokkol.

Itt most csak azon gének bemutatására szorítkozom, amelyek a kunfakó tenyésztése szempontjából lényegesek lehetnek. Bővebb információ elérhető a következő internet oldalakon: Magyar nyelven az alapszínnek öröklődését elég érthetően bemutatja az <http://horsegenetics.blogspot.hu/> oldal. Angol nyelven interaktív formában szemléletesen mutatja az ismert gének színre gyakorolt hatását a <http://www.jenniferhoffman.net/horse/> oldal. A DNS szinten ismert génekről pedig a https://www.animalgenetics.us/Equine/Coat_Color/Index.asp oldalon találunk bővebb tájékoztatást, a honlap genetikai tesztek elvégzését is felajánlja.

A szín gének mindegyike két példányban (apai és anyai eredetű) található az állatban, és mindegyikük egyszerű mendeli öröklésmentet mutat. Ez azt jelenti, hogy a génnek két változata lehetséges, vagy domináns, vagy recesszív. A domináns változatot nagybetűvel jelöljük (pl: **A**), a recesszívet kisbetűvel (pl: **a**), és egy állat az adott génre nézve csak **AA**, **Aa**, vagy **aa** génösszetételű lehet. Az **Aa** (heterozigóta) valamint az **AA** (domináns homozigóta, tiszta vonalú) teljesen azonos megjelenésű, mert a domináns génváltozat már egyetlen példányban is létrehozza a rá jellemző színt, ellenben az **aa** (recesszív homozigóta, tiszta vonalú) egy más színváltozatot mutat. A homozigóta tiszta vonalú állatokat egymással keresztezve minden utód a szülőkkel megegyező génkészletet örököl. Egy állatfajta minden egyede a fajtára jellemző génkészletre nézve többnyire tiszta vonalú, amit beltenyésztéssel (rokon párosztatással) érnek el.

Az ismert szín gének hatásuk alapján három csoportba sorolhatók. A három alapszín - pej, sárga és fekete - két fő gén határozza meg. Az alapszín különböző módon és mértékben halványíthatja 5 különböző halványító gén, és ezek mellett 7 különböző foltos mintázatot kialakító gént ismerünk. Először az alapszínek génjeit mutatom be:

Az **E** gén (E= extension) domináns változata felelős a fekete pigment (eumelanin) termelődésért. Ha a láb, a sörény vagy a fark fekete azt jelzi, hogy a domináns **E** génváltozat jelen van, ezért az állat **EE** vagy **Ee** génösszeállítású. Ha nem látunk fekete szőrt (és az állat nem szürke) akkor a ló recesszív **ee** génösszeállítású. Az **ee** lóban nincs fekete színanyag, ezért minden szőr (a sörény és a fark is) a vörös árnyalatait (phenomelanin) mutatja a barnától a sárgáig. Két sárga (**ee**) ló minden utóda sárga lesz, és az **EE** NEM sárga lovak minden utóda NEM sárga lesz.

Az **A** gén (A= Agouti) szabályozza a fekete színanyag eloszlását a szőrökben. (Mivel a sárga lóban nincs fekete színanyag, sárgákban az **A** gén milyensége irreleváns.) A domináns **A** génváltozat csak a hosszú szőrökbe (sörény fark) engedi kijutni a fekete színt, ezért a rövid szőrök vörösek maradnak, ami pej lovat eredményez. A pej egyaránt lehet **AA** vagy **Aa** génösszeállítású. Ezzel szemben a recesszív **a** génváltozat homozigóta formában minden szőrbe kiengedi a fekete színanyagot, ezért az **aa** génkészletű ló fekete lesz. A vadlovak többsége **EE**, **AA** pej lehetett, mert a fekete a legtöbb lófajtában ma is ritka.

Az alapszíneket a kunfakóban is ez a két gén határozza meg. Az egérfakó alapszíne fekete, ezért génkészlete **EE**, **aa**, vagy **Ee**, **aa** lehet. Két **EE**, **aa** egérfakót párosztatva minden utód egérfakó, vagy fekete lesz. Az aranyfakó alapszíne pej vagy sárga. A pej mindkét génből hordoz legalább egy domináns változatot, ezért génösszeállítása egyaránt lehet **EE**, **AA** vagy **Ee**, **AA** vagy **EE**, **Aa** vagy **Ee**, **Aa**. Az egyedek tényleges génösszeállítása keresztezések utódvizsgálatával, vagy DNS vizsgálattal deríthető ki.

Hét halványító gént ismerünk, melyek mindegyike más mechanizmussal és eredménnyel gátolja, vagy csökkenti a festék szőrsejtekbe jutását, és ezzel halványítja az alapszíneket. Ezek a fehér (**W**=white), a szüke (**G**= Gray), a fakó (**D**= Dun), a krém (**C**= Cream), a pezsgő (**Ch**= Champagne), a gyöngy (**Prl**= Pearl), és az ezüst (**Z**= silver) gének. A kunfakó fajta szempontjából ezek közül csak kettőnek, a szürke és fakó géneknek van jelentősége.

A szürke szín **G** (Gray) génje dominánsan öröklődik a nem szürkével **gg** szemben, mert a domináns **G** génváltozat már egy példányban is megakadályozza a festék szőrbe jutását. A szürke lovak ezért lehetnek **Gg**-k vagy **GG**-k is, viszont minden NEM szürke ló **gg**. Két NEM szürke ló minden utódja is csak NEM szürke lehet, hiszen apjától is anyjától is csak a **g** génváltozatot kaphatja. Ugyanígy a **GG** (homozigóta)

szürkék minden utódja is szürke lesz, mert csak **G** változatot tudnak átörökíteni. Ezzel szemben a **Gg** heterozigóta szürkéket NEM szürkével párosítva az utódoknak statisztikusan csak fele lesz szürke.

A szürkével megegyező módon öröklődik a fakó szín génje (**D=Dun**), a domináns **D** gént változat ugyanis már egy példányban is csökkenti a pigment szőrbe jutását (halványít). A **Dd** és **DD** lovak egyformán fakók, és minden NEM fakó ló a **dd** gént változatot hordozza. Magyarán két NEM fakó minden utóda csakis NEM fakó lehet.

Homozigóta fakó **DD** a konyik, ezért minden utóda fakó. Konyikot (**DD**) nem fakóval (**dd**) keresztezve minden utód **Dd** heterozigóta kunfakó, viszont ezek utódainak már nem mindegyike lesz fakó. Két kunfakót (**Dd**) egymással keresztezve statisztikusan az utódok negyede **DD** (homozigóta fakó), fele **Dd** (heterozigóta fakó), negyede **dd** nem fakó lesz. Kívánatos lenne a **DD** homozigótákat tenyésztésben tartani, de ehhez DNS vizsgálattal meg kell határozni, hogy az állat génösszeállítása **Dd** vagy **DD**.

Molekuláris szinten ismerünk még öt olyan gént, melyek fehér foltos mintázatot eredményeznek, ezek a **TO**= Tobiano, **Lp**= Appalosa vagy párdúc foltosság, **O**= Frame Overo fehér foltosság, **SW**=Splashed White fehér foltosság, és az **SB**= Sabino fehér foltosság génjei. A kunfakó szempontjából ezek nem lényegesek.

Az eddig felsorolt gének DNS vizsgálattal is meghatározhatók, így egy ismeretlen ló színe kideríthető például szőrből, vérből, csontmaradványból is. A DNS vizsgálat gyakorlati jelentőségét az adja, hogy segítségével kideríthető, hogy az állat tiszta vonalú (homozigóta)-e egy domináns változatra. Például amennyiben a szürke szín nem kívánatos a tenyésztésben, akkor már csikó korban tisztázható, hogy melyik utód hordozza a nem kívánatos gént változatot. Hasonlóképpen a fakó génről is kideríthető, hogy az állat tiszta vonalú (**DD**) vagy nem tiszta vonalú (**Dd**), ugyanis a tiszta vonalú lónak minden utóda fakó lesz. Magát a fakó gént ugyan még nem ismerjük, de egy közelében található jellegzetes DNS szekvencia alapján nagy valószínűséggel meghatározható, hogy melyik gént változat van jelen az állatban. DNS vizsgálattal az alapszínek génjei is meghatározhatók, és ennek ismeretében megjósolható bármelyik keresztezés utódainak várható színe.

A ló származása, és a lófajták genetikai rokonsága:

A rokonsági és leszármazási viszonyok megállapítása során olyan DNS szakaszokat hasonlítunk össze melyek funkcióját nem ismerjük, de tudjuk, hogy azok a fajon belül változatosságot mutatnak, egyedenként változóak. Minél több egyednek ismerjük a teljes genom szekvenciáját annál több változékony szekvencia darab azonosítható, és annál pontosabban tisztázható a rokonsági viszonyok. A módszer lényege tehát az, hogy összehasonlítjuk nagyszámú, különböző fajtából és földrajzi régióból származó ló teljes DNS szekvenciáját. Technikai és pénzügyi okokból elsőként a mitokondriális DNS szekvenciákat szokás meghatározni, melynek segítségével közvetlenül azonosíthatók a leszármazási vonalak. A lovak mtDNS adatai a 2000-es évek során kezdtek felhalmozódni, és több szempontból is igen meglepő eredményt adtak.

Anyai ágú leszármazási vonalak vizsgálati eredményei:

1., **A házilovak nagyszámú anyai vonalba tartoznak**, ami arra utal, hogy a többi háziállattal ellentétben igen nagyszámú vadló kanca került háziiasításra, valószínűleg a vadló 6000 évvel ezelőtti elterjedési területének különböző pontjain. A mai lovak közel ötven anyai vonalba tartoznak, és a háziiasítás kezdete óta kihalt vonalakat figyelembe véve a háziiasítás 100 körüli kancát érinthetett (Cieslak 2010, Lippold 2011).

2., **Az anyai vonalak elsoszlása nem köthető sem fajtához, sem földrajzi régióhoz.** A legkülönbözőbb fajtákban is ugyanazon ősnyák leszármazottait találjuk, és az ázsiai lovakban ugyazok az anyai vonalak vannak jelen mint az európai lovakban (Achilli 2012). Az mtDNS alapján még a hidegvérű és

melegvérű vonalak sem különíthetők el, vagy a pónik sem egymástól sem a többi fajtától (Lippold 2011, Bigi 2014).

Ennek egyértelmű olvasata az, hogy a házilovakra NEM az volt jellemző, hogy az utódok többsége a szülők közelében maradt. Ehelyett a lovak anyai vonalai igen gyorsan terjedtek el kontinensnyi távolságokban ami nyilvánvalóan a ló felhasználásából, és gyorsaságából következik. A kívánatos tulajdonságokat mutató egyedek utódai hamar óriási távolságokra kerültek az eredeti származási helyüktől. Ma közel 1000 lófajtát különböztetünk meg, de nem szabad elfelejteni, hogy a legtöbb fajta tenyésztése az 1700-as években vette kezdetét. DNS vizsgálatok még a nagymúltú arab lovokról is kimutatták, hogy egyetlen tenyészvonal utódai nagyszámú anyaállatra vezethetők vissza, másrészt ugyanazon ősnyák leszármazottjai különböző tenyészvonalakban is jelen vannak (Khanshour 2013). Hajdanán valószínűleg csak az egyedek minősége számított, származástól függetlenül.

3., Az adatokból kiderült, hogy **egyetlen lófajta sem a Przewalski ló leszármazottja**, mert a két csoport anyai vonalai között nincs átfedés. Minden háziló – akár taki, akár tarpán típusú – a tarpán leszármazottja (Jansen 2002).

Apai ágú leszármazási vonalak vizsgálati eredményei:

Az Y-kromoszóma DNS szekvenciájának vizsgálata technikailag nehezebb és költségesebb mint az mtDNS-é, de nemrég erre is fény derült, és az eddigi ismeretében még meglepőbb eredményt hozott. Az eddig megvizsgált több mint 100 különböző alapító vonalhoz tartozó hím egyed egyetlen háziasított ősapa leszármazottjának bizonyult (Wallner 2013, Brandariz-Fontes 2013), és csupán a kínai lóállományban sikerült nemrég kimutatni ettől eltérő apai vonalakat (Han 2015). A Przewalski lovak apai vonalai élesen elkülönülnek a házilótól, ami tovább erősíti, hogy az nem őse a házilónak. Az apai vonalak alacsony száma részben a ló természetes szaporodási módjának tudható be (hárem), amit a tenyésztés méginkább beszűkít a tenyészcsődörök szigorú szelekciójával. Az eredmények arra utalnak, hogy a kancákkal ellentétben a háziasítás igen alacsony számú hím egyedből indulhatott ki, valószínűleg a mének nehezebb szelídíthetősége korlátozta a háziasítható egyedek számát.

Az apai és anyai vonalokból származó információk együttesen arra engednek következtetni, hogy a nyugat-eurázsiai sztyeppéről származó első háziasított lóállomány egyedeit a hadi és gazdasági előnyök miatt Eurázsia szerte hamar importálták, majd a helyi vadló állomány kancáival egészítették ki. A régészeti feltárások arra utalnak, hogy 6000 évvel ezelőtt a vadló Európa nagyrészen ritka lehetett, csak az ibériai félszigeten maradt számottevő állomány. Az mtDNS vizsgálatok ezt megerősítik, mivel a spanyol (és európai) lófajtákban néhány haplocsoport gyakoribb mint az ázsiai vonalakban, ezzel ellentétben a legtöbb haplocsoport ezzel ellenkező gyakoriság eloszlást mutat (Achilli 2012). A háziló kezdeti elterjedését követően a helyi lóállományok a történelem során továbbra is kontinens-szerte intenzíven keveredtek, így egyetlen régióban sem rögzülhettek területre vagy fajtára jellemző genetikai vonalak.

A háziló származása:

Láttuk, hogy az apai és anyai ágú leszármazási vonalak genetikai vizsgálata nem adott választ arra, hogy hol lehetett a háziasítás kezdete. Régészeti adatokból tudjuk, hogy ez az Urál hegység lábától a mai Észak-Kazahsztánig terjedő területen lehetett, amit a további genetikai vizsgálatok is megerősítettek. A kutatók a többi kromoszómán lévő DNS szakaszok (lásd ábra) legváltozékonyabb, úgynevezett mikroszatellita szekvenciáit kezdték vizsgálni. Azt találták, hogy a lovak örökítőanyaga az egymástól 7000 km-re lévő területeken is meglepően hasonló, ami megerősíti a lóállomány intenzív keveredését. Ezzel a módszerrel azonban egyértelműen kimutatható volt a genetikai diverzitás csökkenése keletről nyugati irányban. Magyarán az ázsiai lovak genetikailag sokfélébbek, míg az európai állomány ettől egységesebb. Ez arra utal, hogy az elterjedés keletről nyugat felé történt, és az intenzív keveredés ellenére sem jutott el Európába az összes kromoszómális DNS változat (Warmuth 2011, 2012).

Történelmi lómaradványok DNS vizsgálata:

Az elhalt maradványokból módszertani okokból többnyire csak az anyai ágú mtDNS szekvenciák vizsgálhatók. Cieslak és munkatársai 2010-ben 207 lómaradvány genetikai vizsgálatát végezték el. A

maradványok egész Euráziából, Alaszkától az Ibériai félszigetig terjedő területekről származtak, és koruk a késői Pleisztocéntól (12 ezer éve) a Középkor végéig terjedt. Meglepő módon a legrégebbi maradványokban kontinens szerte ugyanazon anyai vonalakat találták. Eszerint a 12 ezer éve élt vadló állomány egész Euráziában elterjedt, és már ebben az időben az ember beavatkozása nélkül is távoli területek állományai keveredtek. A Holocén kezdetén viszont a vadlovak Európában megritkultak, és elszigetelődtek egymástól az ázsiai az ibériai félszigeti populációk. A házasítást megelőző korokból 87 anyai vadló vonalat azonosítottak, melyek közül a bronzkori lovakban 29, a vaskori lovakban 47, a középkori lovakban 21 volt jelen. Ebből arra következtettek, hogy a vaskorban ázsiában újra nagyszámú vadlovat fogtak be, és napjaink lóállományában az összes házasított kanca vonalnak körülbelül a fele-harmada maradhatott fenn, a többi kihalt. A szerzők megerősítik, hogy a történelem során az anyai vonalak elterjedése igen gyorsan változott az újonnan befogott kancákkal, valamint távolról importált egyedek keresztezésével. Emiatt egyetlen terület lovai sem különülhettek el egymástól számottevően.

Keyser-Tracqui és munkatársai 2005-ben az Altáj hegység kurgánjaiba eltemetett 13 szkíta ló mtDNS szekvenciáit elemezték. Azt találták, hogy ezek olyan ma élő lovak anyai vonalaival mutatnak rokonságot, melyek a legkülönbözőbb fajtákhoz tartoznak. Néhány minta tökéletes egyezést mutatott a kínai Guanzhong és Tuva lovak, valamint anatóliai lovak egyedeiből származó szekvenciákkal. Egy egyed szekvenciája tökéletes egyezést mutatott egy skandináv viking lómaradvány szekvenciájával, amit egy ma élő izlandi póniban is megtaláltak. A rokon szekvenciák közül azonban meglepő módon hiányzott az akhal-teke, amit a helyszín és a kultúrkör alapján eredetileg legvalószínűbbnek véltek. A szerzők arra konkludáltak, hogy az mtDNS szekvenciák alapján az anyai vonalak földrajzi eredetét, rokonsági és leszármazási viszonyait lehetetlen felderíteni, így a szkíta lovak története homályban maradt.

2010-ben Raskó István laboratóriumából Priskin Katalin munkásságának köszönhetően 17 avarkori és 14 honfoglaláskori lómaradvány mtDNS adatait közölték. A történeti adatok alapján vélhető rokonság miatt 24 ma élő akhal-teke, és 70 hucul egyed mtDNS szekvenciáját is meghatározták. Nagyjából ugyanarra az eredményre jutottak, mint a fentebb idézett munkák: *“bizonyos esetekben negatív Fst-értékeket tapasztaltunk a populációk között. Ilyenkor az azonos populációhoz tartozó pár tagjaiban egyenként nagyobb a variancia, mint a két populáció között. Ezt a modell nem képes feloldani, tehát ebben az esetben nem állapítható meg a reális távolság a két mintacsoport között..... Az avar, a honfoglalás kori, az akhal teke és a hucul lovak csoportját elemezve a genetikai variancia 96,52%-a a populációkon belüli varianciára vezethető vissza, a genetikai differenciálódás a csoportok között igen alacsony. Mivel a háziló fajtákon belüli variabilitása nagyon magas, nem különülnek el élesen az egyes fajták..... Arra következtethetünk, hogy önmagában a mitokondriális kontroll régió vizsgálata nem elegendő, és további markerekre is szükség van a lovak esetében a fajták elkülönítéséhez.”*

Mivel a lovak csoportjait nem tudták elkülöníteni a továbbiakban azt keresték, hogy az egyedi szekvenciák az adatbázisok mely egyedi szekvenciáival (haplotípus) mutatnak legnagyobb egyezést. Azt találták, hogy 4 honfoglaláskori valamint 4 avarkori ló legközelebbi rokon szekvenciái (nem megegyező!!) akhal-teke egyedekben található, valamint 7 avarkori ló azonos anyai vonalba tartozott 7 ma élő hucul egyeddel. A honfoglaláskori lovakban 5 olyan anyai is vonalat találtak, amelyek teljesen egyediek, egyetlen más lóból sem ismertek.

Ezeket az eredményeket semmiképp sem lehet úgy interpretálni, hogy a honfoglalók lovainak akár csak egy része akhal-teke lett volna, mivel mint azt a szerzők is, és a korábban bemutatott irodalmi hivatkozások is megerősítik, az mtDNS szekvenciákból nem következtethetünk fajtára. A négy akhal-tekével rokon szekvenciát mutató egyedről csak annyit mondhatunk, hogy valószínűleg egy több ezer éve élt közös ősanja leszármazottai. A 7 avarkori lóról azonban elmondható lett volna, hogy a ma élő huculok ősei lehettek, hiszen a szekvenciák megegyeztek! Az egyedeken látható tulajdonságok természetesen nem az mtDNS szekvenciáktól függenek, hanem a kromoszómális génektől melyek csak teljes genom szekvenálással hasonlíthatók össze. Ezért a honfoglaláskori lovokról többet elárulnak a csontmaradványok és a korabeli leírások, mint az mtDNS szekvenciák. A történeti adatok alapján valószínűsíthető a keleti “turáni” lófajtától való leszármazás, - mely az akhal-tekének is őse lehetett - de sokat mondó adat, hogy az avar és

Az egy fajtához tartozó egyedek adatait matematikailag összevonva a vizsgált fajták az alábbi ábrán látható rokonsági viszonyokat mutatják:



Összefoglalásként elmondható, hogy az egyedek és fajták tényleges rokonsági viszonyai csak az igen költséges teljes genom vizsgálattal válaszolhatók meg. Apai ágon szinte mindegyik ló egyetlen házasított mén leszármazottja, anyai ágon pedig minden lófajta egyedei nagyszámú házasított kancától származnak, és a fajták közötti különbséget jobbra csak az utóbbi évszázadok intenzív tenyésztői munkáinak köszönhetjük.

Idézett irodalom:

Achilli A., Olivieri A., Soares P. et al. (2012) Mitochondrial genomes from modern horses reveal the major haplogroups that underwent domestication. PNAS 109, 2449–54.

Bartosiewicz L: (2009) GONDOLATOK A „LOVAS NOMÁD” HAGYOMÁNYRÓL
http://www.shca.ed.ac.uk/staff/supporting_files/lbartosi/2009_Bartosiewicz_Nomadok.pdf

Bigi D1, Perrotta G, Zambonelli P. (2014) Genetic analysis of seven Italian horse breeds based on mitochondrial DNA D-loop variation. Anim Genet. 2014 Aug;45(4):593-5

Brandariz-Fontes C., et al (2013) Y-Chromosome Analysis in Retuertas Horses PLoS ONE 8(5): e64985. doi:10.1371/journal.pone.0064985

Cieslak M., et al., (2010) Origin and History of Mitochondrial DNA Lineages in Domestic Horses PLoS ONE 5(12): e15311. doi:10.1371/journal.pone.0015311

Han H., et al. (2015) Y-Single Nucleotide Polymorphisms Diversity in Chinese indigenous horses Asian Australas J. Anim. Sci. Anim. Sci.. <http://dx.doi.org/10.5713/ajas.14.0784>

Jansen T., et al. (2002) Mitochondrial DNA and the origins of the domestic horse PNAS vol. 99 10905–10910 www.pnas.org/cgi/doi/10.1073/pnas.152330099

Khanshour and Cothran (2013) Maternal phylogenetic relationships and genetic variation among Arabian horse populations using whole mitochondrial DNA D-loop sequencing BMC Genetics 2013, 14:83 <http://www.biomedcentral.com/1471-2156/14/83>

Lippold S., et al. (2011) Whole mitochondrial genome sequencing of domestic horses reveals incorporation of extensive wild horse diversity during domestication *BMC Evolutionary Biology* 2011, **11**:328 doi:10.1186/1471-2148-11-328

Petersen et al. (2013) Genetic Diversity in the Modern Horse Illustrated from Genome-Wide SNP Data PLoS ONE 8(1): e54997. doi:10.1371/journal.pone.0054997

Wallner B, et al. (2013) Identification of Genetic Variation on the Horse Y Chromosome and the Tracing of Male Founder Lineages in Modern Breeds. PLoS ONE 8(4): e60015. doi:10.1371/journal.pone.0060015

Warmuth V, et al. (2011) European Domestic Horses Originated in Two Holocene Refugia. PLoS ONE 6(3): e18194. doi:10.1371/journal.pone.0018194

Warmuth V. et al., (2012) Reconstructing the origin and spread of horse domestication in the Eurasian steppe. [Proc Natl Acad Sci U S A](http://www.pnas.org). 2012 May 22;109(21):8202-6. doi: 10.1073/pnas.1111122109. Epub 2012 May 7.