KISÉRŐDOLGOZÓ

Hazai cigájaváltozatok jellemzése a mitokondriális DNS kontrollrégiója alapján

Characterisation of Hungarian Tsigai variants based on control region of mtDNA

Annus Kata[1*]
Maróti-Agóts Ákos[1]
Pásztor Katalin[1]
Vada Edina[1]
Sáfár László[2]
Gáspárdy András[1]

K. Annus[1*]
Á. Maróti-Agóts[1]
K. Pásztor[1]
E. Vada[1]
L. Sáfár[2]
A. Gáspárdy[1]

1. SZIE ÁOTK Állattenyésztési, Takarmányozástani és Laborállat-tudományi Intézet H-1078 Budapest, István u. 2.

**e-mail: annus.kata@aotk.szie.hu*

2. Magyar Juh- és Kecsketenyésztők Szövetsége H-1134 Budapest, Lőportár u. 16.

ÖSSZEFOGLALÁS

A ritka, régi állatfajták fenntartása során elengedhetetlen a minél nagyobb genetikai változatosság megőrzése. A szerzők célja, a fajtában elsőként, az őshonos cigája anyai genetikai hátterének mitokondriális DNS- (mtDNS) szekvencia alapján történő elemzése és ezek génbanki összevetése a családon belüli szelekcióra alapozható fajtamegőrzési munka érdekében. A DNS-mintákat a törzskönyvileg igazolt legrégebbi családok leszármazottaitól gyűjtötték (két másik fajtaváltozattal kiegészítve összesen 81 állattól) 2014-ben. A mtDNS kontrollrégiója 98 helyen mutatott nukleotideltérést, ugyanakkor az egyedek közötti eltérések csak néhány nukleotidra korlátozódtak; tehát a cigája anyai háttere genetikailag egységesnek tűnik. A genetikai információ nagyban visszaigazolta a családok/nyájak fajtatörténetből ismert eredetét. A minták 94%-a a juh B haplocsoportjához tartozott (42 esetben teljes egyezéssel a génbanki referenciával: DQ852175.1), ami a magyarországi cigájának az európai juhfajtákkal közös anyai származását igazolja. Az anyai oldal fokozottabb előtérbe állítását az is indokolja, hogy a nőivar nagyobb arányban van jelen, mint a hímivar, ill. hosszabb ideig marad tenyésztésben, ezáltal nagyobb mértékben lehetnek a genetikai sokszínűség megvalósításának és fenntartásának letéteményesei.

SUMMARY

The maintenance of a greater genetic diversity is indispensable on the course of preservation of our old, rare domestic animal breeds. The authors analyse the genetic background by use of mitochondrial DNA (mtDNA) sequence in the Hungarian native Tsigai breed firstly, and compare it to the sequences of GenBank. Their investigation was carried out in order to serve data for a within family selection. The DNA samples were taken from the descendants of the eldest families based on herd booking (and additionally, from two more breed variants, altogether from 81 individuals) in 2014. The control region of mtDNA showed nucleotide deviation at 98 sites. However, the differences among the individuals were limited to few ones; so the maternal genetic background of the Tsigai breed seems to be unified. The genetic information confirmed the origin of the families/flocks known from the breed history. Ninety-four % of the samples belonged to the haplogroup B of sheep (in 42 cases with full matches with reference of GenBank, DQ852175.1). This fact proves the common maternal origin of the Hungarian Tsigai with the other European sheep breeds. A more intense focusing on the maternal side is motivated also by the fact that the females exceed in number the males, respectively they remain in breeding for a longer period of time, so they can at larger extent be the depositaries of realization and maintenance of genetic diversity.

A 18. század végén a finomabb gyapjútermékek iránti igény növekedése arra késztette az erdélyi posztógyárakat, hogy külföldről szerezzék be a jobb alapanyagot. A déli vármegyék élelmes juhos gazdái ekkor vállalkoztak a kevertgyapjas racka (curkán) állományai cigájával való lecserélésére. A cigája valójában hármas hasznosítású, amint a szakosodás kezdetén mondták róla, a legértékesebb parlagi juhunk. Elterjedésekor, a tejtermelés tekintetében csaknem a rackával azonos szinten volt, de a 20. század elejére már mint a rackánál jobban tejelő juhot tartották számon, és leginkább az alföldi kisparaszti gazdaságokban vették hasznát. A fajta a II. világháborút követően teljesen kiszorult a köztenyésztésből. Néhány, kislétszámban fenntartott ún. génrezervnyája ma állami segítséggel létezik. Az *1. ábrán* a Bakonyban tartott nyáj anyajuhai és bárányaik láthatók.

A 18. század végén a déli vármegyékben kezdték a rackaállományokat cigájával lecserélni

Hazánkban az 1950-es évektől indult meg a juh vércsoport- és biokémiai polimorf rendszereinek vizsgálata, amibe az őshonos fajtákat is bevonták (8, 9). E vizsgálatok célja a populációra jellemző géngyakoriság megállapítása, ill. azok esetleges időbeli változásának a kimutatása volt.

A kilencvenes évek második felében megkezdődött a fehérje-polimorfizmusok, mint például a ß-laktoglobulin (A, B és C allélek) és az αS1 kazein (2, 3) DNS-alapú kimutatása PCR–RFLP technikával is.

Később a cigáják hazai és több országra kiterjedő genetikai összehasonlító vizsgálata indult meg több mikroszatellita alapján, aminek eredményeiről több fórumon is beszámoltak a kutatók (13, 14, 17, 18).

Az őshonos állományokban nagy jelentősége van a fajta/nyájspecifikus allélváltozatok megismerésének és fenntartásának

Az őshonos állományokban nagy jelentősége van a fajta/nyájspecifikus allélváltozatok megismerésének és fenntartásának. Ennek érdekében a ritka allélt hordozó egyedeket meg kell menteni, akár kedvezőtlenebb küllemi, termelési adottságai vagy akár kedvezőtlenebb priongenotípusuk mellett is (12).

A kutatók a genetikai információ és változatosság leírásán túlmenően igyekeztek a kiválasztott DNS-szakaszoknak más tulajdonságokkal (pl. a testtömeg-gyarapodással [16]; a szaporodással [10]; a túlizmoltsággal [11]; a surlókórral szembeni ellenálló képességgel [26]; a tejtermeléssel [4]) való kapcsolatát is megállapítani.

1. ÁBRA Cigája anyajuh és bárányai

FIGURE 1. Tsigai ewe and her lambs

Az mtDNS alkalmas az adott fajta anyai családjainak feltérképezésére

A párosujjú patások közül eddig a szarvasmarhában Anderson és mtsai (1) és a juhban Hiendleder és mtsai (15) határozták meg a mitokondriális DNS (mtDNS) teljes szekvenciáját. A két faj kontrollrégiója, az ismétlődések kizárásával 27,6 %-ban különbözik egymástól. Az mtDNS csak a nőivarú egyedeken keresztül öröklődik, másrészt az adott anyai vonal minden egyedében azonos információval található meg, így alkalmas az adott fajta anyai családjainak feltérképezésére.

A két fő haplotípus (A és B) juhokban nagyobb fajon belüli eltérést mutatott, mint szarvasmarhában, ezért Hiendleder és mtsai (15) az *O. aries* összetettebb anyai hátterét, esetlegesen több helyen egyszerre történő háziasítását feltételezték. Leírták, hogy a B haplotípusban az mtDNS teljes hossza 16 616 nukleotid, ebből 1180 nukleotid hosszúságú a kontrollrégió (cr).

Az újabb vizsgálatok során Meadows és mtsai (20) már 5 haplocsoportot különítettek el közel-keleti juhállományokban, ami még nagyobb genetikai változatosságot igazol. Tapio és mtsai (25) vizsgálata szerint a C haplocsoport a Kaukázusban és a közép-ázsiai területen fordul elő, míg Európa keleti, balkáni részén ez teljesen hiányzik. Amíg Ázsia nagy részében főleg az A haplocsoport terjedt el, addig Európában inkább a B jellemző vagy teljesen egyeduralkodó. Ferencakovic és mtsai (7) a horvátországi őshonos juhfajtákat és muflonokat haplotipizálták. Az általuk vizsgált állatok nagy része a korábban megállapított B haplocsoporthoz tartozott.

Feldolgozásunkat az mtDNS cr-szakaszának szekvenciaelemzésére alapoztuk, a hazai cigája fajtavizsgálatát e tekintetben elsőként végeztük el. Feltérképeztük a nyájakon belüli és nyájak közötti genetikai kapcsolatokat haplotípusok szerint, és a génbanki referenciákkal összevetve megállapítottuk a fajta haplocsoportba tartozását. Feldolgozásunk célja volt adatokat szolgáltatni egy korszerű, családon belüli szelekcióra alapozott génmegőrzési munkához.

ANYAG ÉS MÓDSZER

A vizsgálatokat a törzskönyvileg igazolt, legrégebbi anyai családok nem rokon leszármazottainak vérmintáin végezték

A mintavétel megtervezéséhez a Magyar Juh- és Kecsketenyésztők Szövetsége rendelkezésünkre bocsátotta az őshonos cigája fajta törzskönyvét. A törzskönyvileg igazolt legrégebbi anyai családok (7–9 nemzedék) nem rokon leszármazottai képezték a vizsgálat bázisát: a Debreceni Egyetem állománya a „csókai típust" reprezentálta (DB, *n* = 36), az „alföldi típus" jellemzéséhez a kardoskúti (Körös-Maros Nemzeti Park, KM, *n* = 5), valamint a csanádpalotai (CS, *n* = 24) nyájból válogattunk egyedeket, a felvidéki származási hátterű nyájjal (BP, *n* = 6) a „hegyi típust" mintáztuk. Ezt egészítettük ki a hazánkban újólag megjelent sárgafejű cigája színváltozat (SF, *n* = 5) és a tejelő cigájafajta (TC, *n* = 5) véletlenszerűen kiválasztott képviselőivel. Összesen 81 nőivarú állattól vettünk EDTA-t tartalmazó csövekbe vérmintát 2014 nyarán. A mintákat hűtve szállítottuk, még aznap lefagyasztottuk, és –20 °C-on tároltuk a további feldolgozásig.

A mintákban az mtDNS 1059 nukleotid hosszúságú szakaszának szekvenciáját határozták meg

Az alvadásban gátolt vérből a DNS-tisztítást SIGMA GenElute Blood Genomic DNA Kittel végeztük. A kívánt szakasz felsokszorosítása Applied Biosystem 2720 Thermal Cycler géppel történt. A primereket Meadows és mtsai (19) leírása szerint használtuk fel a vizsgálni kívánt szakasz (1059 nukleotid) sokszorozásához: CR-F 5'-AACTGCTTGACCGTACATAGTA-3' és CR-R 5'-AGAAGGGTATAAAGCACCGCC-3'. A reakcióelegyet steril fülke alatt állítottuk össze: 2,5 µl dNTP, 2,5 µl puffer, 1,5 µl $MgCl_2$, 2 µl primer, 1 µl BSA, 0,4 µl Taq-polimeráz (Thermo Scientific), majd 25 µl-re egészítettük ki tisztított vízzel. A PCR-gépet az alábbiak szerint állítottuk be: 6 ciklus 94 °C 30 s – 54 °C 30 s – 72 °C 45 s, 6 ciklus 94 °C 30 s – 53 °C 30 s – 72 °C 45 s, majd 18 ciklus 94 °C 30 s – 52 °C 30 s – 72 °C 45 s. A PCR-terméket SIGMA GenElute PCR Clean-Up Kit-tel tisztítottuk, majd a minták kétirányú szekvenálása következett. A kapott szekvenciákat MEGA6 (24) programmal elemeztük. Megállapítottuk a teljes vizsgálati állományban a mutációk számát, valamint

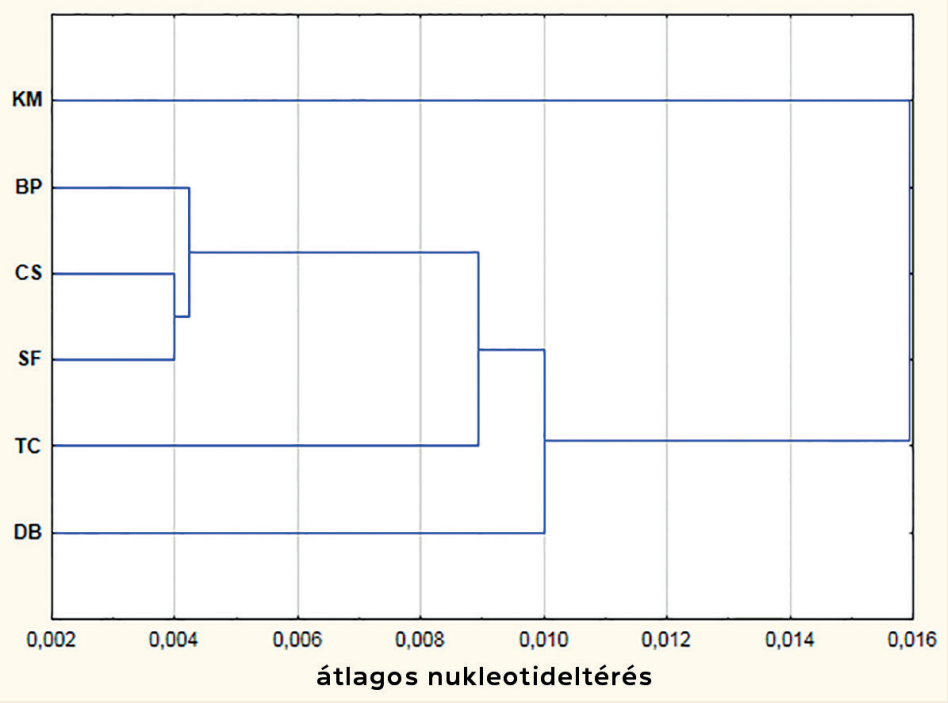
1. TÁBLÁZAT.
A haplotípusok nyájankénti előfordulása

TABLE 1. *Prevalence of haplotypes in the Tsigai flocks*

Nyájak	*n*	Haplotípusok száma	Haplotípusok gyakorisága, %
KM	5	5	100
BP	6	6	100
CS	24	21	87,5
SF	5	4	80
TC	5	5	100
DB	36	30	83,3
Összesen	81	65	80,2

2. ÁBRA *A csoportok közötti átlagos eltérés dendrogramja*

FIGURE 2. *Dendrogram of Tsigai flocks according to the between group mean distances*



kiszámítottuk a csoporton belüli és csoportok közötti átlagos nukleotideltérést. A nyájak közötti kapcsolat grafikus szemléltetéséhez a Statistica-program (23) klaszteranalízisét használtunk.

Az egyedi haplotípusok csoportba sorolás szempontjából informatív mutációit figyelembe vevő median-joining network (5) segítségével ábrázoltuk a fő haplotípusokat és azok kapcsolatát, valamint egymástól való távolságát; a hálózatot PopART (22) programmal készítettük el. A cigája fajta haplocsoportba tartozását a kapott szekvenciáinknak a génbanki referenciamintákkal való összevetésével állapítottuk meg.

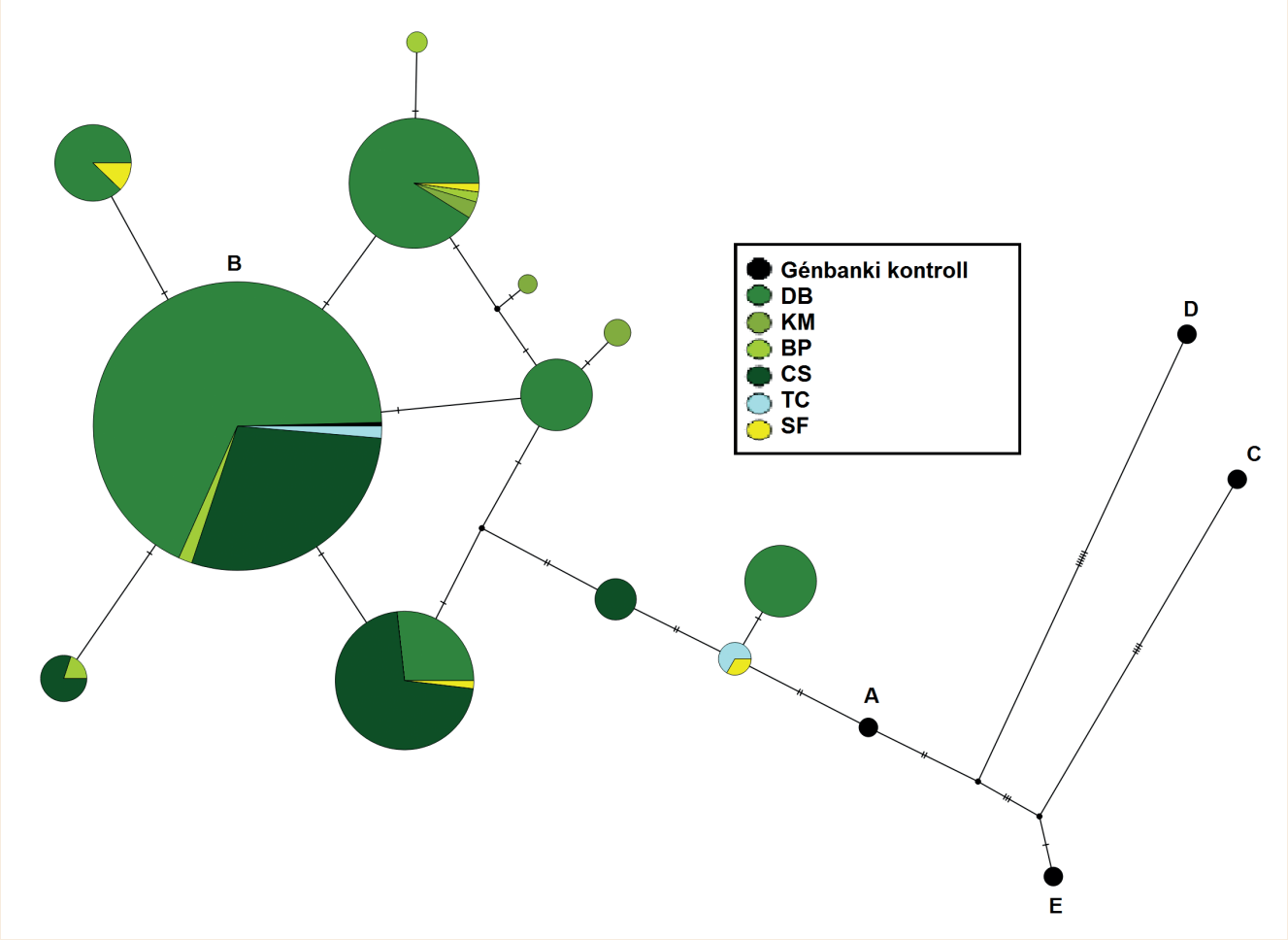
EREDMÉNYEK

A vizsgált szakaszon 98 helyen találtak nukleotideltérést a 81 vizsgált állat esetében

A mtDNS kontrollrégiójának szekvenciaelemzése után egy 1059 nukleotidból álló szakaszt kaptunk (AF010406; 15983-592 nukleotid; 15). Ezen a szakaszon 98 pozícióban találtunk nukleotideltérést az összes vizsgált állat (81 szekvencia) tekintetében. A nukleotidcserék 47 esetben jelentek meg egyedüliként. A nukleotidcserék nyájanként különböző mértékben fordultak elő (DB: 65, KM: 32, CS: 27, BP: 11, SF: 10, TC: 20).

3. ÁBRA *A teljes állomány haplotípusainak eloszlása és egymáshoz való viszonya (az informatív mutációk alapján)*

FIGURE 3. *Distribution and connection of the haplotypes in the total population (according to the informative sites)*



A haplotípusok fajtaváltozatonkénti előfordulásáról az *1. táblázat* közöl adatokat. A haplotípusok viszonylagos gyakorisági értéke nagy, vagyis az egyedek zöme önálló haplotípusú.

A csoporton (fajtaváltozaton) belüli átlagtól való nukleotideltérések a következők voltak: DB: 0,007; KM: 0,014, CS: 0,004, BP: 0,005, SF: 0,004, TC: 0,010. Ez alapján KM- és a TC- minták mutatták a legnagyobb változatosságot, a legszínesebb genetikai hátteret.

Az *2. ábrán* mutatjuk be a nyájak közötti eltérések mértékét, ami a két csoport páronkénti nukleotideltéréseinek számtani közepe. Az ábráról leolvasható, hogy a CS, a SF és a BP állomány származásilag közel áll egymáshoz. A TC és a DB nyájak között is nagyobb volt a genetikai azonosság, mint a KM nyáj vonatkozásában.

Az egyedi haplotípusok informatív mutációi alapján szemléltetjük a *3. ábrán* a haplocsoportba sorolás eredményeit. A körök nagysága a nyájat reprezentáló egyedek számával arányos. A színek a minták származási helyét jelölik. Az összekötő egyeneseken látható vonások a két szekvencia közötti nukleotideltérések számát jelzik.

A feldolgozásunk a vizsgálati minták 93,8%-ának a B haplocsoportba való tartozását mutatta ki, ebből 42 állat a B haplocsoport génbanki referenciaszekven-

A vizsgált minták 93,8%-a a B haplocsoportba tartozott

ciával (DQ852175.1) teljes egyezést mutatott. Öt olyan állatot (6,2%; 2 DB, 2 TC, 1 SF) találtunk, amelyeket az A haplocsoporthoz (DQ852101.1) tartozónak ítéltünk. Egy állat (CS) 4 nukleotidban különbözött mind a B, mind az A haplocsoporttól.

A 81 mintaállat 12 fő haplotípust jelenített meg. Az ábra közepén látható legnagyobb kör a leggyakoribb, egyben a génbanki B haplotípust ábrázolja, ahová az állomány 51,9%-a tartozik.

Előfordult, hogy azonos haplotípust eltérő nyájakból származó egyedek képviseltek. Erre példa a DB (csókai) és a CS (alföldi) egyedek esete. Emellett találtunk olyan haplotípusokat, amelyeket kizárólag egy nyájba tartozó állat(ok) alkottak.

MEGVITATÁS

A kontrollrégióban talált nukleotideltérések jelentős száma (98) a vizsgálati állomány diverzitásáról tanúskodik

A kontrollrégióban talált nukleotideltérések jelentős száma (98) a vizsgálati állomány diverzitásáról tanúskodik. Ugyanez igaz az egyes nyájakra is, különösen a nemzeti park nyájára. A tejelő cigájákban is tapasztalt nagyobb átlagos nukleotideltérés szintén a változatos genetikai hátteret tükrözi. A DB- és a TC-minták közötti genetikai hasonlóság (az ismert lényeges mai fenotípusos különbségek ellenére) a két cigájaváltozat egymáshoz közeli, vajdasági földrajzi eredetére vezethető vissza: a csókai és a zombori típus leszármazottai. Ugyanakkor a nyájak és az egyedek közötti eltérések csak néhány nukleotidra korlátozódnak. Ebből arra következtetünk, hogy a vizsgálatba vont egyedek anyai háttere nem tűnik egymástól távolinak.

A vizsgálati minta nagy része a juh B haplocsoportját jelenítette meg, ami a hazai állományok európai juhokkal közös anyai hátterét bizonyítja

A vizsgálati minta nagy része a juh B haplocsoportját jelenítette meg, az A haplocsoport tagjai nyomokban fordultak elő. Ez az eredmény a magyarországi cigájának az európai juhokkal közös anyai hátterét kell, hogy igazolja. Az A haplotípus a hazai cigájákba Ázsiából kerülhetett be. A cigájával rokon törökországi kivircik fajtában az uralkodó B haplotípus mellett az A haplotípus helyett a C haplotípus jelenlétét mutatták ki (6).

Az mtDNS cr alapján kapott eredményeink részben eltérnek a korábbi biokémiai és mikroszatellita-polimorfizmusok vizsgálatával kapott eredményektől. Ennek magyarázata az, hogy a citoplazmás öröklődés következtében a mai állományok anyai és apai háttere kisebb-nagyobb mértékben eltérő lehet. Elképzelhető, hogy a nyájak sajátosságai inkább az – esetleg másik fajtából származó – apaállatokra vezethetők vissza. A nyájak közötti különbségekért nyilvánvalóan a fellépő mutáció, ill. a tenyészkiválasztás is felelős.

Szükségesnek ítéljük azokat a vizsgálatokat, amelyek több hazai őshonos juhfajta bevonásával igyekeznek az anyai oldal genetikai hátterét feltérképezni, ill. kiterjeszteni a vizsgálatokat az mtDNS más, például a citokróm b enzimet kódoló szakaszára.

A ritka, őshonos fajták genetikai változatosságának megőrzésében fontos szerephez jut az mtDNS variabilitásának figyelembevétele

A ritka, őshonos fajták genetikai változatosságának megőrzésében fontos szerephez jut az mtDNS variabilitásának figyelembevétele. Az anyai oldal fokozottabb előtérbe állítását az is indokolja, hogy a nőivar nagyobb arányban van jelen, mint a hímivar, ill. hosszabb ideig marad tenyésztésben, ezáltal nagyobb mértékben lehetnek a genetikai sokszínűség megvalósításának és fenntartásának letéteményesei. Az mtDNS változatosságának a felmérésével a hatékonyabb, családon belüli szelekcióval megvalósítandó fajtafenntartó tenyésztéshez is szeretnénk támpontokat adni. A génmegőrzési munkában célszerű figyelembe venni az anyai családokat, különös figyelmet fordítva az ősi családok egyedeinek megőrzésére.

KÖSZÖNETNYILVÁNÍTÁS

Köszönetünket szeretnénk kifejezni minden juhtartónak a mintavétel lehetővé tételéért, és Keindl Ágnesnek a laboratóriumi munkákban nyújtott segítségéért. A vizsgá-

latok a SZIE ÁOTK Kutatókari Pályázat (KKUK-15269) és a MVH „Genetikai erőforrások megőrzése intézkedés keretében a védett őshonos és veszélyeztetett mezőgazdasági állatfajták megőrzése (1547262485)" c. pályázat támogatásával valósultak meg.

IRODALOM

1. Anderson, S. – de Bruijn, M. H. L. et al.: Complete sequence of bovine mitochondrial DNA. Conserved features of the mammalian mitochondrial genome. *J. Mol. Biol.,* 1982. 156. 683–717.

2. Anton, I. – Zsolnai, A. – Fésüs, L.: Identification of the variant C of ß-lactoglobulin in sheep using a polymerase chain reaction-restriction fragment length polymorphism method. *J. Anim. Breed. Genet.,* 1999. 116 525–528.

3. Anton, I. – Zsolnai, A. – Fésüs, L. – Kukovics, S. – Molnár, A.: Survey of ß-lactoglobulin and αS1 polymorphisms is Hungarian dairy sheep breeds and crosses on DNA level. *Arch. Tierzucht,* 1999. 42 387–392.

4. Árnyasi, M. – Komlósi, I. – Lien, S. – Czeglédi, L. – Nagy, S. – Jávor, A.: Searching for DNA markers for milk production and composition on chromosome 6 in sheep. *J. Anim. Breed. Genet.,* 2009. 126 142–147.

5. Bandelt, H. – Forster, P. – Röhl, A.: Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. *Mol. Biol. Evol.,* 1999. 16 37–48.

6. Demirci, S. – Koban Bastanlar, E. et al.: Mitochondrial DNA Diversity of Modern, Ancient and Wild Sheep (Ovis gmelinii anatolica) from Turkey: New Insights on the Evolutionary History of Sheep. *PLoS ONE,* 2013. 8:e81952.

7. Ferencakovic, M. – Curik, I. et al.: Mitochondrial DNA and Y-chromosome diversity in East Adriatic sheep, *Anim. Genet.* Stichting International Foundation for Animal Genetics, 2012. 44. 184–192.

8. Fésüs L.: A juh vércsoportjai I. Az első hazai vizsgálatok eredménye. *Állattenyésztés,* 1974. 23. 83–88.

9. Fésüs, L.: *Blood group and biochemical polymorphism studies in Hungarian gene reserve sheep breeds*. 2nd DAGENE-Symposium on Gene Conservation, Üllő, Hungary, 6–8 of October, 1992.

10. Fésüs L.: A FecB lokuszhoz kapcsolt OarAE101 és BM1329 mikroszatellit marker allélok gyakorisága a debreceni szapora merinó állományokban. *Állattenyésztés és Takarmányozás,* 1999. 48. 9–18.

11. Fésüs L.: Molekuláris genetikai markerek segítségével végzett szelekció háziállatokban 7. közlemény: A szarvasmarha, a juh és a sertés izmoltságát befolyásoló gének: myostatin, callopyge, myogenin. *Állattenyésztés és Takarmányozás,* 2000. 49. 289–299.

12. Fésüs L. – Zsolnai A. – Horogh G. P. – Anton I.: A juhok surlókórja. 2. A priongenotípusok gyakorisága hazai őshonos juhállományainkban. *Magy. Állatorv. Lapja,* 2004. 126. 670–675.

13. Gáspárdy A. – Kukovics S. – Anton I. – Zsolnai A. – Komlósi I.: Hazai cigája juhnyájak összehasonlítása mikroszatellita-polimorfizmusok alapján. *Magy. Állatorv. Lapja,* 2013. 135 660–665.

14. Gáspárdy A. – Kukovics S. – Anton I. – Zsolnai A. – Komlósi I.: Hazai cigája változatok biokémiai és DNS polimorfizmusainak áttekintő vizsgálata, *Állattenyésztés és Takarmányozás,* 2014. 63 123–135.

15. Hiendleder, S. – Lewalski, H. et al.: The Complete Mitochondrial DNA Sequence of the Domestic Sheep *(Ovis aries)* and Comparison with the Other Major Ovine Haplotype, *J. Mol. Evol.,* 1998. 47 441–448.

16. Komlósi I. – Anton I. – Fésüs L.: Összefüggés egyes mikroszatellit markerek és a magyar merinó súlygyarapodása között. *Állattenyésztés és Takarmányozás,* 2005. 54. 521–527.

17. Kusza, Sz. – Nagy, I. – Sasvári, Zs. – Stágel, A. – Németh, T. – Molnár, A. – Kume, K. – Bősze, Zs. – Jávor, A. – Kukovics, S.: Genetic diversity and population structure of Tsigai and Zackel type of sheep breeds in the Central-, Eastern- and Southern-European regions. *Small Ruminant Res.,* 2008. 78. 13–23.

18. Kusza, Sz. – Nagy, I. – Németh, T. – Molnár, A. – Jávor, A. – Kukovics, S.: The genetic variability of Hungarian Tsigai sheep. *Arch. Tierzucht,* 2010. 53. 309–317.

19. Meadows, J. R. S. – Li, K. et al.: Mitochondrial Sequence Reveals High Levels of Gene Flow Between Breeds of Domestic Sheep from Asia and Europe. *J. Hered.,* 2005. 96. 494–501.

20. Meadows, J. R. S., – Cemal, I. et al.: Five Ovine Mitochondrial Lineages Identified From Sheep Breeds of the Near East. *Genetics,* 2007. 175. 1371–1379.

21. Meadows, J. R. S. – Hiendleder, S. – Kijas, J. W.: Haplogroup relationships between domestic and wild sheep resolved using a mitogenome panel. *Heredity,* 2011. 106. 700–706.

22. PopART, http://popart.otago.ac.nz

23. StatSoft, Inc.: *Electronic Statistics Textbook*. Tulsa, OK: StatSoft. 2013. http://www.statsoft.com/textbook/

24. Tamura, K. – Stecher, G. et al.: MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 6.0. *Mol. Biol. Evol.,* 2013. 30. 2725–2729.

25. Tapio, M. – Marzanov, N. et al.: Sheep Mitochondrial DNA Variation in European, Caucasian, and Central Asian Areas. *Mol. Biol. Evol.,* 2006. 23. 1776–1783.

26. Zsolnai, A. – Anton, I. – Kühn, C. – Fésüs, L.: Detection of single nucleotide polymorphisms coding for three ovine prion protein variants by primer extension assay and capillary electrophoresis. *Electrophoresis,* 2003. 24. 634–638.

Közlésre érk.: 2015. ápr. 15.