

Exploring the complex phylogenetic background and haplotype diversity of the Yellow-faced sheep of Kecskemét based on the mtDNA control region

A. Gáspárdy^{1*}

E. Tully¹

L. Harmat²

L. Szabó³

L. Hegedűs⁴

Á. Maróti-Agóts¹

P. Zenke¹

1. Állattenyésztési, Takarmányozási 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. Kecskeméti sárgafejű tenyészet, Kunbaracs

ÁLLAT-
TENYÉSZTÉS

A kecskeméti sárgafejű juh összetett filogenetikai hátterének és haplotípus-diverzitásának feltárása az mtDNS kontrollrégiója alapján

Gáspárdy András^{1*}, Tully Eilish¹, Harmat Levente², Szabó László³, Hegedűs László⁴, Maróti-Agóts Ákos¹, Zenke Petra¹

ÖSSZEFOGLALÁS

A sárgafejű berke juh egyik változataként nyilvántartott kecskeméti sárgapofájú vagy homoki juhról a mai napig nagyon kevés tudásunk van. A főként a dél-magyarországi régióban előforduló populációt a kihalás veszélye fenyegeti. Ebben a vizsgálatban a szerzők két gazdaságból 40 egyed mtDNS kontrollrégiójának szekvenciáját határozták meg és elemezték GenBank-i és más őshonos magyar fajták CR-szekvenciáival történő összehasonlítás mellett. Megállapították, hogy a homoki juh sok hasonlóságot mutat más őshonos magyar fajtákkal, ami közös anyai eredetüket bizonyítja. Csekély mértékben előfordult a belső-ázsiai juhoktól eredeztethető C haplocsoport is, ami a homoki juh összetett anyai származását mutatja.

SUMMARY

Background: On the Yellow-faced sheep of Kecskemét or Sand-sheep known as a variant of Yellow-faced Berke sheep very little research has been undertaken to date, and the small population, which is mainly found in the southern region of Hungary, is at risk of extinction.

Objectives: In this study blood samples from Yellow-faced sheep of Kecskemét were selected for Control Region (CR) sequencing and subsequent analysis. These were compared with CR data available from GenBank resources and other indigenous Hungarian breeds in order to compare and contrast the differences and similarities between these.

Materials and Methods: A total of 40 individuals from two flocks in the South of Hungary were sampled in 2020. Investigations were performed based on the total number of sites (1174 bps) of the CR.

Results and Discussion: It was revealed that the relative genetic diversity within the Yellow-faced sheep of Kecskemét (haplotype and nucleotide diversity 0.950 and 0.01635, respectively), in comparison to other indigenous breeds, albeit from a limited population, cannot be deemed a narrow genetic pool. The values of the Tajima D test, Fu's F_s statistic, Fu & Li's D^* - and F^* tests were found to be non-significant (in each case $p > 0.10$). Statistical evaluation does not indicate a lack of alleles. This study demonstrated three haplogroups within the Yellow-faced sheep of Kecskemét population – A, B and C. Haplogroup B was the most prevalent, which is typical for European sheep breeds, given an understanding about their arrival into Europe from the Near East. Haplogroup A was found to a minor frequency. To date, haplogroup C, which is typically demonstrated in sheep from the Central Asia, had only been discovered in one native Hungarian breed: the Cikta, however its presence was also discovered in the Sand-sheep. The examination of the haplogroups seems to confirm the fact that the sheep came to Hungary not only from Asia Minor, but also from the interior of Asia in the past.

A kecskeméti sárgafejű juh nem önállóan elismert fajta, jelenleg a sárgafejű berke (sárgafejű cigája) fajta törzskönyvébe vehető fel és ebben tartják nyilván a kovásznai juhhal együtt. E közös hivatalos törzskönyv ma a Nemzeti Biodiverzitás- és Génmegőrzési Központ Haszonállat-génmegőrzési Intézetének és még négy magán tenyészetnek gyűjti a tenyésztési és termelési adatait összesen 80 anya, ugyanennyi jerke és 12 minősített kos egyedről.

A kecskeméti sárgafejű juh nem önállóan elismert fajta, jelenleg a sárgafejű berke (sárgafejű cigája) fajta törzskönyvébe vehető fel

Hazánk területére a cigája juh a 18. század végén (1792) került először [1]. A hazai posztógyárak igénye és Brassó virágzó gyapjúkereskedelme arra ösztönözte az erdélyi vármegyék gazdáit, hogy durva gyapjas curkán állományukat lecseréljék a finomabb (bár 31-42 mikronos, „crossbred”) gyapjút termelő cigájára [2]. SZENTKIRÁLYI (1885) volt az, aki elsőként és helyreigazítóan leszögezte, hogy a cigája juhok bundáját csupa gyapjuszálak alkotják; a cigája tehát nem kevertgyapjas, ahogy azt korábban sokan tévesen állították [3].

SCHANDL (1941) szerint „a cigája fajtában élesen körülhatárolt alfajtákat és tájfajtákat nem szoktak megkülönböztetni. Mindazonáltal megállapítható, hogy a rög tápláló ereje ... érzeteti hatását” [4]. A cigájaváltozatok léte és eltérő származása tudatosult a fajtával később foglalkozókban is [5-10].

A színváltozatokat a bunda és a rövid szőrök színezete alapján lehet elkülöníteni

A színváltozatokat a bunda és a rövid szőrök színezete alapján különíthetjük el. A fehérgyapjas cigáják közt a fej és a lábak színe szerint megkülönböztettek fekete, sötétbarna, világosbarna, sárgászörös, fehér és tarka (pettyes) fejű és lábú egyedeket. A pettyek gyakoribbak voltak a lábon, mint a fejen. A történelem során a fehérgyapjas, egyúttal a hegyi típusba tartozó cigájának két alapvető színváltozata terjedt el az erdélyi részekben. Az egyik a tejeskáv barna arcú és lábú, kistestű, úgynevezett kovásznai cigája (románul ruġine, rozsdás). Ennek a változatnak az első, legklasszikusabb és már-már sárga egyedei a hétfalusi cigáják voltak. Később, HAMMOND és mtsai (1961) is említést tesznek a vörhenyes fejű, de fehér, ill. tarka bundájú és a teljesen fekete romániai cigájáról [11]. Az utóbbi évtizedben bekerült hazánkba a Kovászna és Hargita megyékben honos sárgafejű (vöröspofájú) színváltozata a cigájának. Ezeket 2016-tól sárgafejű berke néven önálló fajtaként kezeli a Magyar Juh- és Kecsketenyésztő Szövetség.

A másik, SZENTKIRÁLYI (1923) egységesítő célú javaslatára a teljesen fekete fejű és lábú változat [12]. Ez utóbbi terjedt el más magyar történelmi területeken: a Felvidéken, a Délvidéken, az Alföldön és mutatóiban a Dunántúlon. A Délvidéken további több alváltozat különült el. Az inkább hármás hasznosítású, de húsosabb csókai, a tejelő zombori (100 liter feletti tejtermeléssel), valamint a már kihalt, az erdélyire leginkább emlékeztető ősi változat az árpatarlói (rumska cigája) [13] és a nagytestű, szintén jól tejelő doroszlói cigája volt [14]. Mindegyikük feje és lába csokoládébarna vagy fekete, bundája fehér. A mai Magyarország területén származás szerint két alváltozatot érdemes megkülönböztetni: az egyik a csókai változattal legnagyobb hasonlóságot mutató alföldi, a másik a Felvidékről három évtizede Jákotpusztára bekerült hegyi. Ezek színezetükben szinte kivétel nélkül fehér bundájúak és sötétbarna, vagy fekete fejűek és lábúak.

A cigája fajta korábbi értékelésekor nem sikerült bizonyítani, hogy a fej és lábak színe bizonyos gazdasági haszonnal összefüggene

A cigája fajta korábbi értékelésekor nem sikerült bizonyítani, hogy a fej és lábak színe bizonyos gazdasági haszonnal összefüggene. A tenyésztők nagyobb része a fényes fekete fejű (és lábú) egyedeket becsülte a legtöbbre. A csángó és dobrudzsai cigája tenyésztők szerint a barna- és vörösfajűek jobb tejelők. Póczos (1934) tanulmánya szerint a fej színe és a nyírósúly, valamint a tejmenyiség közt számottevő összefüggés nincs [15]. Ő a két világháború között, a fej és lábvégek rövid szőrének színét alapul véve a délvidéki eredetű Kisszállási Uradalom Rt. nyájában az anyák 46%-át csokibarnának, 33%-át fényes feketének, 12%-át barnának hókával és 9%-át vörhenyesnek (sárgának) találta. Tehát, sárga fejű és lábú egyedeket a cigája nyájában rendszeresen előfordultak. Ez a színezet ma is kihal, aminek fenntartására jobban oda kellene figyelniük.

A kecskeméti sárgafejű az egész Duna-Tisza közén ismert és tenyésztett juh volt

Az igazi sárga birka testének valamely részén egy fekete folt található

Tudjuk, hogy a Duna-Tisza közötti területet a Délvidékről beszivárgott cigáják népesítették be, s lettek nemcsak az uradalmak, de a kisebb gazdaságok hasznos állatai.

A homoki juhként is nevezett kecskeméti sárgafejű (vagy sárgapofájú birka, sárga birka, magyar sárga, szegedi sárga, bugaci sárga) az egész Duna-Tisza közén ismert és tenyésztett juh volt, de ez az utóbbi évtizedekben már szinte csak a Kecskemét környéki homokos pusztákon lelhető fel. A mai teljes állományuk 8 tenyészetben 850 körüli létszámmal tehető.

Szarvatlan egyedei egyöntetű sárgásbarna (rozsdabarna) színezetű fejjel és lábakkal jellemezhetők. Bőrük festenyezett, körmük palaszürke, acélos és kemény. Szemük élénk, tőgyük jól fejlett, füleik kifejezetten hosszúak, ami szintén a tejtermelésre történő szelekciójukkal hozható kapcsolatba. A nyak általában ráncmentes, bár előfordul kisebb fokú lebernyeg, ami lehet, hogy egykori merinó hatás eredménye (1. ábra). Csontozatuk erős, hasuk terjedelmes [16]. Bundájuk fehér, fűrtös szerkezetű, előfordul a tűzdeltség is. Bundájuk a nyakat és törzset fedi, néha a homlokra is ráterjed a gyapjú, ahol fehér foltként mutatkozik (rózsás homlok). A bányáik többségének színe a születéskor barna, sötétbarna (borjú- vagy kutvaszörű), de az idő múlásával mindegyikük kifehéredik. A kecskeméti juhászok csak azt tartották igazi sárga birkának, amelyiken a test valamely részén egy fekete folt található (2. ábra). Erre manapság is nagy hangsúlyt fektetnek.



1. ÁBRA. Kecskeméti sárgafejű kos Bacsó-tanyán, 2021

FIGURE 1. Breeding ram of Yellow-faced sheep of Kecskemét on Bacsó farm, 2021



2. ÁBRA. Kecskeméti sárgafejű bányó folttal a lapockatájékán

FIGURE 2. Lamb of Yellow-faced sheep of Kecskemét with a spot on the shoulder

A szerzők a kecskeméti sárgafejű juh genetikai változatosságát és haplotípusdiverzitását tárták fel

A vizsgálatunk célja a kecskeméti sárgafejű juh anyai háttérének, maternális genetikai változatosságának jellemzése. Ehhez a mitokondriális genom (mtDNS) kontrollrégiójának (control region, CR) nukleotidszekvenciáját használjuk fel. Feltételezzük, hogy mint zárványtenyészet, a régműltből fennmaradó sajátos genetikai mintázattal szolgálhat. Az eredményeinkkel hozzá szeretnénk járulni a tájfajta haplotípusainak (családjainak) genetikai azonosításához és ezek sikeres fenntartásához. A kontrollrégió fontos filogenetikai információkat is hordoz, így másik célunk a fajtaváltozat elhelyezése a génbanki kontrollszekvenciák és az eddig vizsgált hazai őshonos fajták szekvenciái által alkotott rokonsági hálózatban.

ANYAG ÉS MÓDSZER

AZ ÁLLOMÁNY ÉS MINTAVÉTEL BEMUTATÁSA

2020. február 18-án HEGEDŰS LÁSZLÓ kunbaracsi (Bacsó-tanya), majd március 10-én NÉMETH MIHÁLY szentesi (Bokros-tanya) állományában összesen 36 nőivarú és 4 hímivarú tenyészállattól gyűjtöttünk biológiai mintát. Ez a nyilvántartott állomány 50%-os mintázási lefedettségét jelenti. E két mintázott nyáj ugyanabból a magtenyészetből vásárolta egyedeit. A kosok, noha a mitokondriális genomot nem örökítik tovább, mintáikkal az anyai háttér 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. A vérmintákat a fertőző betegségek (pl. brucellózis) kimutatására szolgáló rutin állatorvosi eljárások részeként vettük a kiválasztott állatoktól. Ezen általános klinikai állatorvosi eljárások során nyert minták további kutatási célú felhasználása az 1998. évi XXVIII. törvény és a 40/2013. számú kormányrendelet értelmében nem minősül állatkísérletnek, így etikai engedély beszerzése nem volt szükséges.

DNS-TISZTÍTÁS, A MITOKONDRIÁLIS KONTROLLRÉGIÓ AMPLIFIKÁLÁSA

A DNS-t a GenElute Blood Genomic DNS-kit (Sigma-Aldrich, St. Louis, MO, USA) segítségével nyertük ki és tisztítottuk, a gyártó utasításai szerint. Az extrahált DNS minőségi és szemikvalitatív meghatározására 1,5%-os agaróz gélt használtunk GelRed™ Nucleic Acid Gel Stain-nel (Biotium, Fremont, CA, USA) interkaláló festékkel. A tisztított mintákat $4\text{ }^{\circ}\text{C}$ -on tároltuk a további elemzésig. A minták kontrollrégió-szakaszának PCR- (polymerase chain reaction) sokszorosításához $25\text{ }\mu\text{L}$ 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 $5\text{--}10\text{ ng}$ DNS-templátot, végül az egészet $25\text{ }\mu\text{L}$ -re kiegészítettük PCR-minőségű vízzel. Két, korábban leírt primerpárt használtunk két külön reakcióban a vizsgálandó szegmens sokszorosítására [17, 18].

A DNS-szekvencia amplifikálására a programozható, Thermal Cycler 2720-típusú PCR-berendezést (Applied Biosystem, Waltham, MA, USA) használtunk. A PCR-termékeket SIGMA GenElute™ PCR Clean Up Kit-tel (Sigma-Aldrich, St. Louis, MO, USA) tisztítottuk, a protokoll előírását betartva.

SZEKVENCIAMEGHATÁROZÁS

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

SZEKVENCIÁK ÉRTÉKELÉSE

A mutációk kiértékelését a Fu és Li által fejlesztett teszttel végeztük el [19], majd populációgenetikai értékelési módszerként a Tajima által javasolt D-tesztet [20] alkalmaztuk a kimutatott mutációk elemzésére.

A teljes vizsgálati minta polimorf bázishelyeinek számát a DNAsp 6.0-s szoftver segítségével határoztuk meg, majd kiszámítottuk az üzemen belüli és üzemek közötti átlagos nukleotidkülönbséget [21].

*Két állományból,
összesen 36 nőivarú
és 4 hímivarú
tenyészállattól
gyűjtöttek vérmintát*

*A mitokondriális DNS
megfelelő szakaszait
PCR-módszerrel
sokszorosították*

*Az amplitikonok
nukleotidsorrendjét
Sanger-féle
láncterminációs
módszerrel
határozták meg*

A minták haplocsoportokba rendezését a GenBank-i referenciaminták alapján végezték

Összesen 1174 bázispár alapján értékelték az mtDNS kontrollrégióját

A polimorf bázishelyek száma 113 volt 115 mutációval

JUKES és CANTOR módszerével határoztuk meg a bázishelyettesítések szekvenciákon belüli korrigált számát [22].

Network 10.2.00 szoftver segítségével (fluxus-engineering.com) ábrázoltuk a haplotípusok megoszlását [23].

A minták haplocsoportokba rendezését a GenBank-i referenciaminták alapján végeztük (A-HM236174, B-HM236176, C-HM236178, D-HM236180, E-HM236182 [24]; *O. musimon* Muflon HM236184, *O. vignei* Urial HM236186 [25]). Továbbá, az eddig általunk tipizált hazai őshonos juhajták (cikta, cigája és alföldi suta racka) mintáiból is választottunk egy-egy gyakori reprezentáns haplotípus szekvenciát haplocsoportonként. A cikta minták közül az A, B és C haplocsoportból [26]. A cigája és az alföldi suta racka mintái közül egyet-egyét az A- és egyet-egyét pedig a B haplocsoportból [27, 28].

EREDMÉNYEK

Az illesztett CR-szekvenciák hossza 1183 bp volt. Az illesztés során, 9 bázishelyen elvesztek adatok, így ezeket a gap-eket nem számítva összesen 1174 bázispár alapján értékeltük az mtDNS kontrollrégióját.

A teljes vizsgálati minta CR-régiójában a monomorf bázishelyek száma 1061, míg a polimorf bázishelyeké 113 volt 115 mutációval. Utóbbi esetében 25 helyen szimpla és 88 helyen párszimon mutáció volt (2 három mutáns változattal).

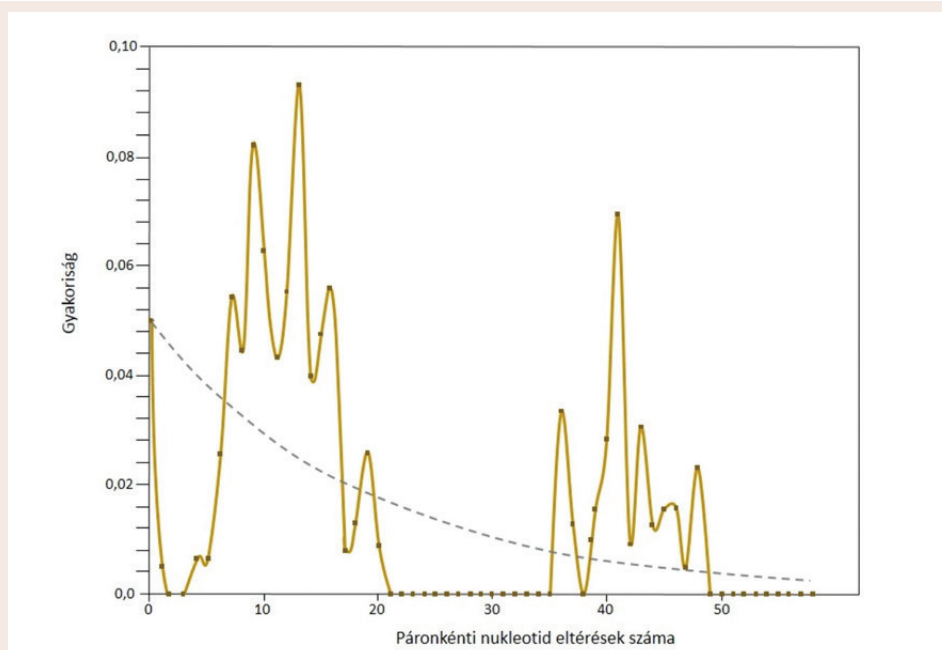
A vizsgált homoki juh állományban a nukleotiddiverzitás (π) átlaga $16,35 \times 10^{-3}$, szórása (SD) $2,31 \times 10^{-3}$. A nukleotiddiverzitás JUKES és KANTOR szerint korrigált értéke $\pi(JC)$ $16,63 \times 10^{-3}$.

A haplotípusdiverzitás (H_d) értéke 0,950, varianciája $0,28 \times 10^{-3}$, szórása 17×10^{-3} .

A páronkénti átlagos nukleotideltérés (k) 19,192. Mégis, az állomány nagyobb részében 10 körül, a maradékban 40 körül alakul a nukleotideltérés (3. ábra).

3. ÁBRA. A homoki juh CR haplotípusok páronkénti kombinációi közötti nukleotideltérések számának gyakorisági eloszlása

FIGURE 3. Frequency distribution of the number of sequence mismatches between pairwise combinations of Sand-sheep CR haplotypes



A szaggatott vonal a várható eloszlást jelöli állandó állományméret esetén; ennek lefutása mérsékelt. A folytonos vonallal összekötött pontok bimodális megfigyelt eloszlást tükröznek. A különálló csúcsok azt mutatják, hogy a haplotípusok két uralkodó csoportja létezik, amely a homoki juh időben viszonylag állandó populációméretével áll összefüggésben.

Az átlagos nukleotideltérések száma a populációk között 16,990 volt. Az üzemek közötti helyenkénti nukleotidcserék átlagos száma (D_{xy}) $14,47 \times 10^{-3}$, a populációk közötti helyenkénti nettó nukleotidcserék száma (D_o) pedig $0,80 \times 10^{-3}$ volt.

A **Táblázat** a két mintavételezett populáció közötti DNS-eltérésre vonatkozik. A nagyobb egyedszámú Bokros telepen több mutáció történt. Itt az átlagos nukleotideltérések száma (k) és a nukleotiddiverzitás (π) nagyobb volt, mint a Bacsó farm egyedeinél ($21,611$ szemben $10,489$ és $18,41 \times 10^{-3}$ szemben $8,93 \times 10^{-3}$). A populációk között 26 közös mutáció akadt.

TÁBLÁZAT. A homoki juh tenyészetek közötti DNS-eltérése

TABLE. DNA divergence between the two farms

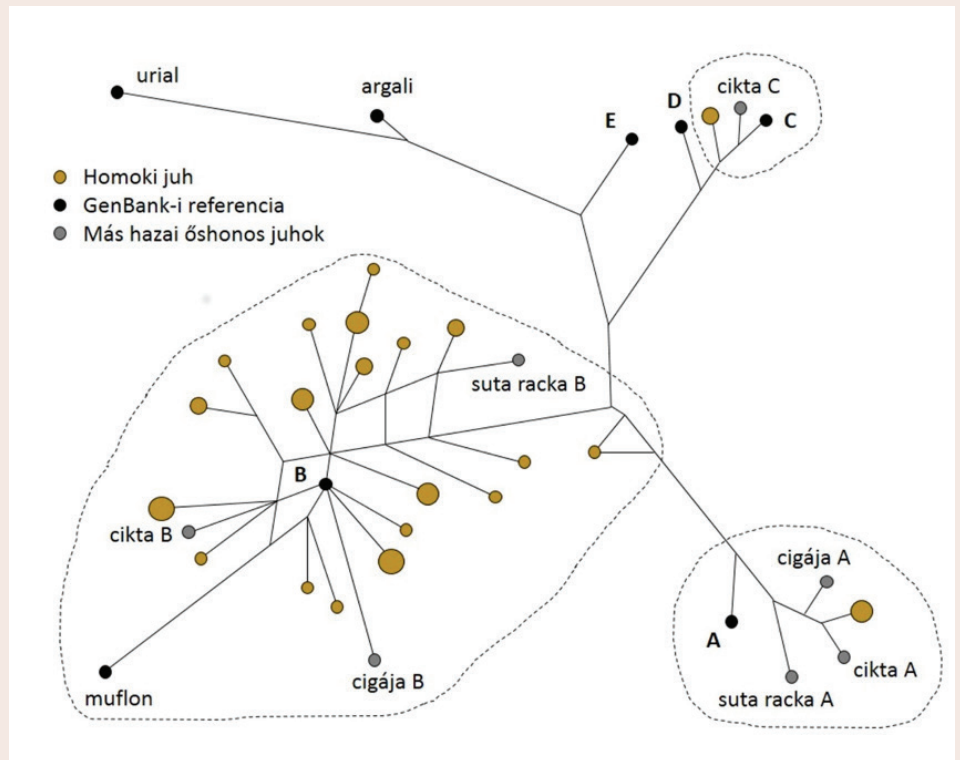
Mutató	Kunbaracs (Bacsó-tanya)	Szentes (Bokros-tanya)
Szekvenciák száma	10	30
Polimorf bázishelyek száma	30	109
Mutációk teljes száma	30	111
Nukleotideltérések átlagos száma, (k)	10,489	21,611
Nukleotiddiverzitás, (π)	$8,93 \times 10^{-3}$	$18,41 \times 10^{-3}$
Közös mutációk száma	26	

A teljes vizsgálati mintán elvégzett F_u és $L_i D^*$ és F^* tesztjei $53,62 \times 10^{-3}$ ($p > 0,10$) és $-0,41194$ ($p > 0,10$) nem adtak szignifikáns eredményt. Hasonlóan, a F_u -féle F_s -statisztika értéke $0,806$ sem adódott szignifikánsnak ($p = 0,029$), akárcsak a T_{AJIMA} D-teszt eredménye $-1,06609$ ($p > 0,10$).

A minták mtDNS-ének CR-régiója alapján 3 haplocsoportban összesen 21 haplotípus található

A homoki juh egyedek haplocsoport-, és haplotípus-eloszlását a Median-Joining- (MJ) eljárással készült **4. ábra** mutatja. A minták mtDNS-ének CR-régiója alapján 3 haplocsoportban összesen 21 haplotípus található. Azonosítottuk az A, a B és a C haplocsoportot. Az A haplocsoportba 1 haplotípus, a B haplocsoportba 19 haplotípus, míg a C haplocsoportba 1 haplotípus tartozik.

A **4. ábra** feltárja a homoki juh egyedek taxonómiai elhelyezkedését egymáshoz és a kontrollként felhasznált egyedekhez (a GenBank-ból letöltött haplocsoportok és más hazai őshonos juhajták eredményeihez) viszonyítva. A juhok korábban meghatározott B haplocsoportjával mutat a homoki juh 34 egyede (mindkét üzemben) közeli rokonságot. Ebbe a haplocsoportba tartozik a muflon is. Látható, hogy a cikta, a cigája és a suta racka őshonos fajták szintén felmutatnak olyan egyedeket, amelyek ebben a haplocsoportban vannak. 4 egyed (mindkét üzemben) az ettől genetikailag jelentősen távol álló A haplocsoportba tartozik. Sikerült a homoki juhban a C haplocsoportot kimutatni 2 egyeddel (csak Bokros-tanyán). A C eddig a hazai juhaink közül csak a ciktaiban került meghatározásra. Nem sikerült azonban a homoki juhban az E és D haplocsoportot kimutatni. Az outgroup-ként bevont urial és argali, mint a házi juh távoli rokonai egyértelműen elkülönülnek valamennyitől.



4. ÁBRA. A homoki juhok összetétele CR haplotípus és haplocsoport szerint

Az ábrán az Argali, Urial, Mouflon és az öt Genbank-i haplocsoport (A-HM236174, B-HM236176, C-HM236178, D-HM236180, E-HM236182 [24]; O. musimon Mouflon HM236184, O. ammon Argali HM236188, O. vignei Urial HM236186 [25]) elhelyezkedése is látható, valamint a cigája, cikta [26, 27] és suta racka [28] leggyakoribb haplotípusai. A körök mérete arányos a haplotípusonként megfigyelt egyedek számával

FIGURE 4. The composition of the Sand-sheep according to CR haplotype and haplogroup. The figure also shows the location of Argali, Urial, Mouflon and the five Genebank haplogroups (A-HM236174, B-HM236176, C-HM236178, D-HM236180, E-HM236182 [24]; O. musimon Mouflon HM236184, O. ammon Argali HM236188, O. vignei Urial HM236186 [25]), as well as the most common haplotypes of Tsigai, Cikta [26, 27] and Polled Racka [28]. The size of the circles is in proportion to the number of individuals observed per haplotype

MEGVITATÁS ÉS JAVASLATOK

E vizsgálattal elsőként valósítottuk meg az anyai háttér CR alapján történő azonosítását a homoki juhokban. Az értékelt 40 egyed két tenyészetből származott, és viszonylag sok, 115 mutációt mutattunk ki. Megállapítottuk továbbá, hogy a két tenyészet állománya eltér egymástól, hiszen mindössze 26 mutáción osztoznak. Fajta-összehasonlításként a magyar őshonos cigájában ($n = 130$), ciktaban ($n = 69$) és alföldi suta rackában ($n = 29$) a mutáns helyek száma a következőképpen alakult: 162, 108 [26, 27] és 69 [28]. A homoki juhban a haplotípusok száma 21 volt és a haplotípusdiverzitás (H_d) a 0,950 értéket vette fel. Míg ezek a mutatók az említett három magyar fajtaban 66 és 0,973, 29 és 0,961, ill. 11 és 0,783 voltak. A homoki juhban a nukleotiddiverzitásra (π) 0,01635 és a nukleotideltérések átlagos számára (k) 19,192 volt a jellemző. Kiseb értékek kerültek megállapításra a cigájában (0,01184 és 13,675) és a suta rackában (0,01291 és 15,1589) [27, 28]. Ugyanakkor,

A két vizsgált tenyészet állománya eltért egymástól: mindössze 26 mutáción osztoztak

A homoki juhok kellő anyai mitokondriális genetikai diverzitást, ugyanakkor időben viszonylag állandó populációméretet mutatnak

A homoki juh példányai között a B haplocsoport a leggyakoribb

Megfigyelték a leginkább Belső-Ázsiára és az indiai szubkontinensre jellemző C haplocsoport előfordulását is

a cikta ezeknél nagyobb értékeket mutatott (0,01856 és 21,267) [26]. Az eredmények alapján megállapítható, hogy a homoki juhok kellő anyai mitokondriális (CR) genetikai diverzitást, ugyanakkor időben viszonylag állandó populációméretet mutatnak a többi védett őshonos juh helyzetét is figyelembe véve. Amennyiben a páronkénti nukleotideltérések unimodális lefutású eloszlásgörbét adnának, az azt jelezné, hogy az állomány a közelmúltban demográfiai expanzió, idegen egyedekkel történt hirtelen bővülésen ment keresztül.

Annak ellenére, hogy a fajta az elmúlt évtizedekben önmagában tenyésztett populációként szaporodott, nem tekinthető szűk genetikai állományúnak a molekuláris mikroevolúció vonatkozásában sem. A Tajima D-teszt, a Fu-féle Fs-statisztika, a Fu és Li-féle D*- és F*-teszt értékei nem voltak szignifikánsak (mindegyik esetben $p > 0,10$). Statisztikai értékelésünk nem utal allélhiányra, és nem utal a populáció történetében előforduló genetikai diverzitás szűkülésére sem. Általánosságban a kis nukleotiddiverzitási ($\pi < 0,5$) és a nagy haplotípus-diverzitás értékek ($H_d > 0,5$) egy viszonylag kis populációméretből kiinduló, de gyors növekedést mutató populáció ún. expanzió utáni állapotára utalhatnak, de ezt statisztikai feldolgozásunk nem erősíti meg [24, 29]. A homoki juhban megállapított genetikai egyensúlyi helyzetből arra következtethetünk, hogy ezek az állatok nem állnak szoros rokonságban az anyai származásuk szerint. A fenti tesztek szignifikáns negatív értékei az allélszám megnövekedésének bizonyítékai lennének, ami egy közelmúltbeli idegen egyedekkel gazdagodó populáció-növekedést jelezne. Míg a szignifikáns pozitív értékek egy közelmúltbeli palacknyak-hatásra, genetikai beszűkülésre utalnának. Vizsgálatunk során három haplocsoportot (A, B és C) különítettünk el. A homoki juh példányai között a B haplocsoport a leggyakoribb (34, 85%). Ez a haplocsoport jellemző a Közel-Keleten házasított európai juhokra, ennek megfelelően a többi magyar őshonos juhra is (cigájában 97%, ciktában 81% és a suta rackában 86%). A Balkán-félsziget szomszédos országaiban végzett vizsgálatok rámutattak arra, hogy a kelet-adriai juhajták [30] és a romániai fajták (turcana, cigája és fekete fejű ruda) [31] eredete egyöntetűen B haplocsoportú anyákra vall. Esetünkben az A haplocsoport kisebb gyakorisággal (4, 10%) jelent meg. A cikta és a suta racka juhok esetében az A haplocsoport aránya 12%, ill. 14% [26, 28], míg ez a haplocsoport a cigájában is jelen van, de jóval kevésbé jellemzően (3%) [27]. A házi juhok haplocsoportokba sorolása során kiderült, hogy a nyugat-balkáni pramenka juhok [32], a dubrovniki ruda juhok és az isztriai juhok [30] esetében a B haplocsoport a domináns, de emellett kevés egyed A haplocsoportba tartozóként elkülönül ettől. Vizsgálatunkban egészen különleges eredménynek tekinthető, hogy homoki juhban megfigyeltük a C haplocsoport előfordulását (2, 5%). Ez a Belső-Ázsiára [33, 34, 35] és az indiai szubkontinensre (77%) [36] jellemző haplocsoport eddig csak ciktában (9%) volt kimutatható a magyar őshonos fajták közül. Európában a C haplocsoport eddig csak az Ibériai-félszigeten (Portugáliában [37] és Spanyolországban [38]), Olaszországban [39], valamint a Balkán-félsziget déli országaiban (Albániában és Görögországban [40]) fordult elő. A C haplocsoport jelenléte azt a nézetet támasztja alá, hogy a homoki juh összetett anyai hátterű. A haplocsoportok vizsgálata megerősíteni látszik azt a tényt, hogy juhok nemcsak Kis-Ázsiából, hanem Ázsia belsejéből is érkeztek a múltban Magyarországra, és ez utóbbiak mitokondriális genetikai információi a keresztezés és a szelekció hatásait túlélve a mai fajták képviselőiben fennmaradtak.

A fajtaváltozatra mégis a beltenyésztés következtében fellépő genetikai diverzitás szűkülése prognosztizálható általánosságban. Ezért, jövőbeli tervként tűzzük ki a kecskeméti sárgafejű további jellemzését nukleáris marker, mikroszatellita bevonásával, valamint összehasonlítását a kovásznai sárgafejűvel, hogy a közös törzskönyvezésen túlmenően mennyire javasolható a tenyészkosok kölcsönös felhasználása a két változat vérfrissítése szempontjából. A génmegőrzés sikerének érdekében javasolható, hogy a fiatal jerkék tenyésztésbe állításakor érdemes azok-

A diverzitás megőrzése céljából fontos, hogy minden haplotípust képviselő anyai vonalból maradjon jerke továbbtenyésztésre

nak a mtDNS CR haplocsoportját és haplotípusát figyelembe venni. A diverzitás megőrzése céljából minden haplotípust képviselő anyai vonalból maradjon jerke továbbtenyésztésre. Érdemes a kevés képviselővel bíró C haplocsoport egyedszámát mielőbb felszaporítani és másik tenyészetben is fenntartani.

KÖSZÖNETNYILVÁNÍTÁS

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

IRODALOM

- Rodiczy J (1904) A juhtenyésztés mult és jelen irányairól. Pátria Irodalmi Vállalat és Nyomdaipari Rt., Budapest, pp 174
- Eszes F, Gáspárdy A (1997) Ismerjük meg jobban cigájánkat! Kistermelők Lapja 41:20
- Szentkirályi Á (1885) A cigája-juh. Mezőgazdasági Szemle, Magyar-Óvár, III. évf. XI. füzet
- Schandi J (1941) A cigája eredete és külsője. Magyar Állattenyésztés 5:73-75
- Bodó I (1991) A géntartalékok megőrzése az állattenyésztésben. Akadémiai doktori disszertáció. Budapest. Kézirat pp 124-126
- Veress L (1996) Mit tud a cigája Erdélyben? (és itthon?) Magyar Mezőgazdaság 51:19
- Dunka B (1997) A cigája és a cikta. Állattenyésztők Lapja 25:7
- Keszthelyi T (1997) Rajtunk múlik a sorsa! Kistermelők Lapja 41(XV):19
- Tóth I (1997) Hol a helye a cigájának? Kistermelők Lapja 41(XV):20
- Kósa L (1998) Juhtenyésztésünk és a cigája. Kistermelők Lapja 42(XVI):22
- Hammond J, Johansson I, Haring F (1961) Handbuch der Tierzüchtung (Dritter Band: Rassenkunde). Verlag Paul Parey. Hamburg und Berlin, 194-200
- Szentkirályi Á (1923) Erdély juhái, Erdély juhtenyésztése, A mult – a jelen – a jövő. Providencia Könyvnyomdai Műintézet, Cluj-Kolozsvár
- Ulmanski S (1922) Rumska cigája ovca. Poljoprivredni Glasnik 2(17)
- Kovacs E (2000) Állattartás a vajdasági Dorozslón. Logos
- Póczos L (1934) Fésűsmerinó és cigája juhok termelési és jövedelmezőségi viszonyai. Doktori értekezés, Horváth Nyomda, Kiskunhalas
- Hegedűs L (2021) The Kecskemét Sheep. Safeguard for Agricultural Varieties in Europe. SAVE e-News 1/2021. 8 <https://www.readkong.com/page/save-e-news-1-2021-safeguard-for-agricultural-varieties-in-3681300>. Accessed 22 Feb 2022
- 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 <https://doi.org/10.1007/PL00006401>
- 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 Zaupel sheep revealed haplogroup C and D in Central Europe. *Vet Med Sci* 7:2330-2338 <https://doi.org/10.1002/vms3.585>
- Fu YX, Li WH (1993) Statistical tests of neutrality of mutations. *Genetics* 133:693-709 <https://doi.org/10.1093/genetics/133.3.693>
- Tajima F (1989) Statistical method for testing the neutral mutation hypothesis by DNA polymorphism. *Genetics* 123:585-595 <https://doi.org/10.1093/genetics/123.3.585>
- 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 <https://doi.org/10.1093/molbev/msx248>
- 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 <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.molbev.a026036>
- 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 <https://doi.org/10.1093/jhered/esi100>
- 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 <https://doi.org/10.1098/rspb.2002.1975>
- 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 <https://doi.org/10.3390/ani12030218>
- Gáspárdy A, Csurgay K, Harmat L, Mayer Tamás, Zenke P, Barna M, Sáfár L, Maróti-Agóts Á (2022) Az alföldi suta racka juh mint genetikai zárványfajta filogenetikai hátterének és haplotípusdiverzitásának feltárása a kontrollrégió alapján. *Magy Állatorvosok Lapja* 144:213-222

29. 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 <https://doi.org/10.1093/jhered/89.5.415>
30. Ferencakovic M, Curik I, Pérez-Pardal L, Royo LJ, Cubric-Curik V, Fernández I, Álvarez I, Kostelic A, Sprem N, Krapinec K, Goyache F (2013) Mitochondrial DNA and Y-chromosome diversity in East Adriatic sheep. *Anim Genet* 44:184–92 <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2012.02393.x>
31. Dudu A, Ghiță E, Costachea M, Georgescu SE (2016) Origin and genetic diversity of Romanian Racka sheep using mitochondrial markers. *Small Rumin Res* 144:276–282 <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2016.10.016>
32. Činkulov 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 <https://doi.org/10.1111/j.1439-0388.2008.00742.x>
33. Ganbold O, Lee SH, Seo D, Paek WK, Manjula P, Munkhbayar M, Lee JH (2019) Genetic diversity and the origin of Mongolian native sheep. *Livest Sci* 220:17–25 <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2018.12.007>
34. Chen SY, Duan ZY, Sha T, Xiangyu J, Wu SF, Zhang YP (2006) Origin, genetic diversity, and population structure of Chinese domestic sheep. *Gene* 376:216–23 <https://doi.org/10.1016/j.gene.2006.03.009>
35. Sulaiman Y, Wu C, Zhao C (2010) Phylogeny of 19 Indigenous Sheep Populations in Northwestern China Inferred from Mitochondrial DNA Control Region. *Asian Journal of Animal and Veterinary Advances* 6:71–79 <https://doi.org/10.3923/ajava.2011.71.79>
36. 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 N, 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 <https://doi.org/10.1093/molbev/msv139>
37. Pereira F, Davis SJM, Pereira L, McEvoy B, Bradley DG (2006) Genetic Signatures of a Mediterranean Influence in Iberian Peninsula Sheep Husbandry. *Mol Biol Evol* 23:1420–1426 <https://doi.org/10.1093/molbev/msl007>
38. Pedrosa S, Arranz J, Brito N, Molina A, Primitivo FS, Bayón Y (2007) Mitochondrial diversity and the origin of Iberian sheep. *Genet Sel Evol* 39:91–103 <https://doi.org/10.1051/gse:2006034>
39. 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 <https://doi.org/10.3109/19401736.2013.770493>
40. 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 <https://doi.org/10.1100/2011/186342>

Közlésre érk.: 2022. nov. 23.