

SZENT ISTVÁN EGYETEM
ÁLLATORVOS TUDOMÁNYI KAR
Biológia Intézet



Egy őshonos juh fajta, a cigája, anyai vonalainak genetikai változatossága

Készítette:

Pásztor Katalin

- Témavezető: Prof. Dr. habil Gáspárdy András, intézetvezető, egyetemi docens
Szent István Egyetem, Állatorvos Tudományi Kar, Állattenyésztési,
Takarmányozástani és Laborállat-tudományi Intézet
- Társ-témavezető: dr. Annus Kata, tudományos segédmunkatárs
Szent István Egyetem, Állatorvos Tudományi Kar, Állattenyésztési,
Takarmányozástani és Laborállat-tudományi Intézet
- Belső konzulens: Szabó Krisztián, tudományos segédmunkatárs
Szent István Egyetem, Állatorvos Tudományi Kar, Biológia Intézet,
Ökológiai Tanszék

Budapest

2016

TARTALOM

| | |
|---|-----------|
| RÖVIDÍTÉSEK ÉS LATIN NEVEK JEGYZÉKE | 2 |
| 1. BEVEZETÉS | 4 |
| 2. IRODALMI ÁTTEKINTÉS | 6 |
| 2.1 VADJUHOK ÉS HÁZI JUHOK KAPCSOLATA, SZÁRMAZÁSA..... | 6 |
| 2.2 HÁZI JUHOK EREDETE, FŐ ANYAI VONALAK | 6 |
| 2.3 A CIGÁJA JUHOK MAGYARORSZÁGRA ÉRKEZÉSE..... | 7 |
| 2.4 FAJTAISMERTETÉS | 8 |
| 2.5 CÉLKITŰZÉS | 10 |
| 3. ANYAG ÉS MÓDSZER | 12 |
| 3.1 TÖRZSKÖNYVI ELEMZÉSEK | 12 |
| 3.2 GENETIKAI VIZSGÁLATOK | 13 |
| 3.2.1 <i>Mintavételezés</i> | 13 |
| 3.2.2 <i>Laborvizsgálatok</i> | 14 |
| 3.2.3 <i>Szekvencia-elemzések</i> | 17 |
| 3.2.4 <i>Filogenetikai elemzések</i> | 18 |
| 4. EREDMÉNYEK ÉS MEGVITATÁSUK | 19 |
| 4.1 TÖRZSKÖNYVI ELEMZÉSEK | 19 |
| 4.2 GENETIKAI VIZSGÁLATOK EREDMÉNYEI | 22 |
| 4.2.1 <i>A kontroll és citokróm b régió hozzájárulása a genetikai varianciához, valamint a haplotípusok elkülönítéséhez</i> | 22 |
| 4.2.2 <i>Sárgafejű berke és az őshonos cigája genetikai távolságának vizsgálata</i> | 23 |
| 4.2.3 <i>Genetikai változatosság a magyarországi cigája-populáción belül</i> | 25 |
| 4.2.3.1 <i>Szekvencia-variabilitás</i> | 25 |
| 4.2.3.2 <i>Haplotípus-eloszlások a hazai cigájákban</i> | 26 |
| 4.2.3.3 <i>Magyarországi cigája-nyájak kapcsolatainak elemzése</i> | 28 |
| 4.2.4 <i>A hazai cigáják illetve egyéb magyar juhajták összehasonlítása</i> | 29 |
| 4.2.5 <i>Filogenetikai vizsgálatok eredményei</i> | 31 |
| 5. ÖSSZEFOGLALÁS | 35 |
| 6. SUMMARY | 37 |
| 7. IRODALOM JEGYZÉK | 38 |
| 8. KÖSZÖNETNYILVÁNÍTÁS | 42 |
| 9. MELLÉKLETEK | 43 |

RÖVIDÍTÉSEK ÉS LATIN NEVEK JEGYZÉKE

mtDNS – mitokondriális DNS

MJKSZ- Magyar Juh-és Kecsketenyésztő Szövetség

CR/kontroll régió – mitokondriális DNS kontroll régiója (15983 – 592 bp közötti szekvencia)

Cyt b/citokrom b régió - mitokondriális DNS citokrom b régiója (14078-15349 bp közötti szekvencia)

F – beltenyésztési együttható

ΔF – beltenyésztési ráta

SNP – „*single nucleotide polymorphism*”, egyponos nukleotid-polimorfizmus

D_A – genetikai távolság

D_{XY} – pozícionkénti átlagos nukleotid cserék száma

k - nukleotid különbségek átlagos száma a populációk között

Hd – haplotípus diverzitás

π – nukleotid diverzitás

SD – „*standard deviation*”, a variancia gyöke

Ovis aries – házi juh

Ovis aries aries karakul – karakul juh

Ovis aries orientalis – európai muflon

Ovis vignei – urial (vadjuh)

Ovis ammon - argali (vadjuh)

Ovis laristanica – iráni muflon

Ovis vignei arkal – urial alfajta

Ovis orientalis punjabensis – ciprusi muflon

Ovis nivicola – szibériai juh

Ovis ammon – argali juh

Ovis ammon severtzovi – severtzovi argali juh

Ovis orientalis musimon – európai muflon

Ovis canadensis – kanadai juh

Ovis vignei kermanensis – urial alfajta

Ovis orientalis x vignei – muflon x urial

Ovis orientalis laristanica – larisztániai (iráni) muflon

Ovis orientalis isphahanica – muflon alfajta

Ovis canadensis canadensis – kanadai vadjuh alfajta

Ovis canadensis nelsoni – kanadai vadjuh alfajta

1. BEVEZETÉS

1901-ben született meg hazánkban az első fajokat védetté nyilvánító jogszabály, 24655/VII. 1. számú Földművelésügyi Miniszteri körrendelet, mely 132 madárfaj, illetve 30 emlősfaj számára biztosított védelmet, elismerve azt, hogy e fajok a mezőgazdaság számára hasznos szervezetek. 1912-ben a világon az elsők között Magyarországon kerültek védelem alá madárfajok valóban a mai értelemben vett természetvédelmi okokból, nem „hasznosságuk”, sokkal inkább természetvédelmi értékük miatt. Ebből az okból egyéb gerinces 1974-ben, gerinctelen 1982-ben, az első növényfaj 1971-ben, míg gombafaj 2005-ben került oltalom alá. A háziállatokat elsőként az 1992-es Rio de Janeiró-i Környezet és Fejlődés Konferencián sorolták a védendő biológiai értékek közé (Juhász, 2008). Magyarországon az Állattenyésztési Törvény (1993. évi CXIV. Törvény, 1993) 11. §-a rendelkezik a háziállatok által biztosított biológiai sokféleség védelméről. Ezen rendelkezés 2007-es módosítása (4/2007 (I.18) FVM-KvVM rendelet, 2007) során került kibővítésre az őshonos állatok tenyésztésének szabályozásával. A kormányrendelet kimondja, hogy őshonos minden olyan állat, melyet „Magyarország természetföldrajzi környezetében, történelmi múltra visszatekintően tenyésztenek, és ezáltal a nemzeti örökség, a mezőgazdasági génbank, valamint a természet- és tájvédelem része”. Az őshonos állatok védelmének legfőbb céljai az állományok növelése, a genetikai variancia megőrzése és a beltenyésztettség elkerülése, mindez az állat eredeti tulajdonságainak megőrzése mellett.

Napjainkban a háztáji állatok tenyész kiválasztása nagyrészt értékmérő tulajdonságaik (pl. hús minőség, gyapjú minőség, tejelő képesség stb.) alapján történik. Ezáltal felmerül a veszélye, hogy azokat a genotípusokat, amelyek nagy fenotípusos variabilitással és egyedülálló tulajdonságokkal, de kisebb termelékenységgel rendelkeznek, kiszorítják a tenyésztésből, a fajta génkészlete szűkül, a variancia pedig csökkeni fog. A folyamat megállítása összefogást és együttműködést igényel a gazdák és a tenyésztési szakemberek között. Hazánkban e törekvést jól mutatják, az 1960-as években indított génmegőrzési programok, melyek során elsőként az állatok létszámának növelését célozták meg, ez napjainkra kibővült a ritka, értékes genotípusok fenntartásával és elszaporításával, a genetikai variancia és a génváltozatok gyakoriságának mérésével is.

Két fő eszközt lehet kiemelni a fent említett vizsgálatok elvégzéséhez, egyrészt egy pontosan vezetett törzskönyvvel igen gyorsan és költség hatékonyan lehet meghatározni adott populáció beltenyésztettségének, rokonsági fokának, variabilitásának mértékét. Másik módszerként a genetikai analíziseket említhetjük, ezek során nukleáris (mikroszatellita

lókuszok vizsgálatok) vagy mitokondriális DNS (kontroll vagy citokrómb régió) alapján vizsgálhatók az állatok genetikai változatossága. Ezek a módszerek biztosabb eredményt nyújtanak, mint az előbb említett törzskönyvi elemzések, azonban kivitelezésük jóval bonyolultabb. Az őshonos fajták esetében a legnagyobb gondot csökkenő állományuk jelenti, mellyel párhuzamosan az egyedi genotípusok száma is csökken, és nő a beltenyésztéses leromlás. Erre megoldást nyújthat a környező országokkal való együttműködés, mely során a hazai állományok tenyésztésébe külföldről származó, de azonos fajtájú állatok kerülnének bevonásra.

2. IRODALMI ÁTTEKINTÉS

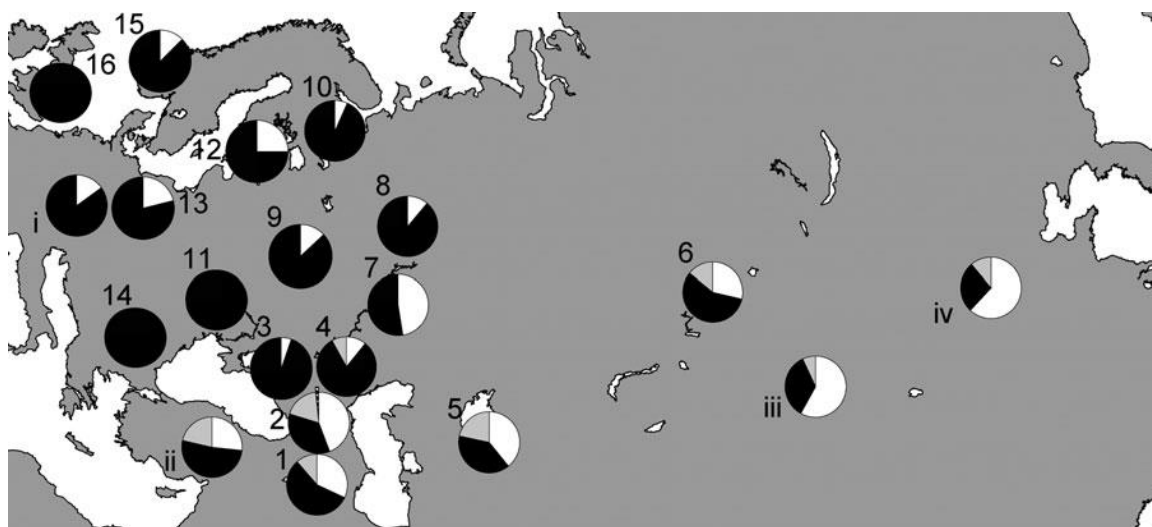
2.1 Vadjuhok és házi juhok kapcsolata, származása

A mai modern háziasított juhok (*Ovis aries*) eredete még mindig kétséges, több lehetőség is felmerült származásukkal kapcsolatban. Az első elméletek (Zeuner, 1963) egyike szerint az urial vadjuh (*Ovis vignei*) volt az első háziasított fajta a Kaszpi-tenger és Aral-tó között elterülő Turgáj-fennsíkon, majd később innen terjedt el Közép-Ázsiába és Európába. Mások szerint az európai muflontól (*Ovis orientalis musimon*) származnak a mai házi juhok, akik Európába kerülve még keveredtek az urial leszármazottakkal. Nadler és mtsai (1970) valamint Woronzow és mtsai (1972) kromoszóma szám alapján az európai muflont jelölték meg ősnak. Később genetikai vizsgálatok alapján megállapították, hogy az európai muflon valószínűleg visszavadult háziasított juh, ezért áll olyan közel a mai *Ovis aries* fajtakörhöz, és ezért tartozik a B haplotípus csoportba ahova a házi juhok is. Hiendleder és mtsai (1998b) tanulmányában haplotípusokra alapozott filogenetikai analízis alapján vizsgálta, hogy a vadjuhok különböző fajtái milyen mértékben járultak hozzá a modern háziasított fajták megjelenéséhez. 3 fő filogenetikai csoportot különített el: urial/argali, muflon/háziasított juh, háziasított juh, és 2 fő anyai vonalat, az európai (nagyraoszt az európai háziasított juhokban előforduló haplotípusok alapján, melyek a legjobban az *O. aries orientalis*-hoz hasonlítanak), és az ázsiai (a Közép-Ázsiai és néhány európai egyedben előforduló haplotípus alapján). A 2 vonal (A és B haplotípus csoport) 4,43 %-ban különbözött egymástól, az európai muflon 4,56 %-ban különbözött az ázsiai vonaltól, míg az európaiától csak 1,36%-ban, ami szintén megerősítette a házi juhok és európai muflon közeli kapcsolatát, esetleges közös származását.

2.2 Házi juhok eredete, fő anyai vonalak

Archeológiai bizonyítékok alapján az első juhokat valószínűleg a Termékeny Félhold (Közel-Kelet) területén háziasították 8-9000 évvel ezelőtt, majd innen szóródtak szét Európába, Ázsiába és Afrikába a következő pár ezer év alatt. Körülbelül 200 évvel ezelőtt kezdődött a juhok mai értelemben vett tenyésztése, vagyis erősebb szelekciónak lettek kitéve. Az addig őshonos fajok helyét átvették a termékenyebb fajták, így emberi behatásra sok helyileg adaptálódott fajta eltűnt, és velük együtt elveszett a genetikai háttér is. Olivier

és mtsai (2012) az Alpokban talált rézkori mumifikálódott őseember („Ötzi”) ruhájából juh gyapjúszálat különítettek el, melyből sikerült részleges mitokondriális DNS-t kivonniuk. A vizsgálatok alapján a rézkori juh ~ 5350-5100 évesre datálható, a legrégebbi európai juhmaradvány, amely még nem volt kitéve ennek az erős szelekciónak, amit a tenyésztés jelentett. A szekvencia az összes olyan mutációt hordozta, mely az úgynevezett „B” anyai vonalra vagyis haplotípus csoportra jellemző, és a Kelet-európai juhok többsége ide tartozik. Ez bizonyítékot nyújt arra, hogy ez a genetikai változat már 5000 évvel ezelőtt jelen volt az európai juhokban. Jelenleg 5 haplocsoportot különítünk el: A, B, C, D és E. Az A és B haplocsoportot elsőként Wood és Phua (1996) új-zélandi állományokon, valamint Hiendleder és mtsai (1998b) európai, ázsiai és afrikai tenyészetekben mutatták ki. Összességében az A haplocsoport nagyrészt az ázsiai, míg a B túlnyomó részt az európai juhokban található meg. A C haplocsoport kevésbé gyakori, néhány ázsiai juhajtában találták meg a Termékeny Félhold területén (Bruford és Townsend, 2006), valamint egy-két a Kaukázus és az Ibériai –félszigeten élő állatban (Pedrosa et al., 2005). D (Tapio et al., 2006) és E (Meadows et al., 2007; 2011) haplocsoportot csak a Kaukázus és Törökország területén élő juhokban mutattak ki eddig, ezek a legritkábbak.



1. kép: Az *Ovis aries* fajtakör 3 fő haplocsoportjának (A-fehér, B-fekete, C-szürke) földrajzi megoszlása (Tapio et al, 2006)

2.3 A cigája juhok Magyarországra érkezése

A cigája az egyik legrégebbi juhajtája Európában, származását tekintve több alternatíva is felmerült. Brehm (1903) a mai Irán területéről, Kis-Ázsiából, míg mások inkább

Törökországból származtatják a fajtát (Ryder, 1983). Délkelet Európába 2 hullámban érkezett, elsőként a Fekete-tenger északnyugati majd az Azovi-tenger partja mentén, Dél-Ukrajnán, Moldávián, Románián keresztül, majd a második vándorlás alkalmával a Fekete-tenger déli partja mentén, a Duna vonalát követve. Magyarországra az 1700-as években került, mikor megjelent az igény a finomabb gyapjú termékek iránt, így az erdélyi gazdák a durva gyapjas curkánt (erdélyi racka) cigája-nyájakra cserélték (Gáspárdy et al., 2001). Az első világháború alatt a cigája-nyájak nagy része külföldre került, a környező országokban (Románia, Szlovákia, Szerbia) azóta is a 3 legfontosabb fajta között tartják számon. Magyarországon állományai folyamatosan csökkentek, a racka és merinó mellett nem válhatott vezető fajtává (Kukovics és Jávör, 2001). Hármasszoros hasznosítású fajta, kiváló tej és húshozama mellett rendkívül puha gyapja tette közkedvelt fajtává. Mint új fajtát, az 1896-os budapesti millenniumi állatkiállításon mutatták be először, majd a két világháború között törzskönyvezték, jó tejelő tulajdonságai miatt, mint fejősjuh kezdett elterjedni (Gáspárdy, 2001).

2.4 Fajtaismeretetés

Az őshonos magyar cigáják közepes-, nagytestű juhok, az anyák suták vagy sarló alakú szarvat viselnek, a kosok szintén lehetnek szarvtalanok, vagy másfél fordulatú csigás szarvuk van. Fülük közepesen hosszú, vízszintes állású. Csontozatuk erőteljes, végtagjaik testükhöz képest rövidek, mérsékelten izmoltak. Fejük és lábaik feketék, sötétbarnák vagy barnák, bundájuk fűrtös szerkezetű, fehér színű, a fejet, nyakat, törzset is fedi, leér a lábtőig, ráér a has aljára. Tőgyük jól fejlett, jó tejelők, jó báránynevelő képességű juhok. A bárányok először lehetnek sötétbarna, sárgásbarna vagy homokszürke színűek, de idővel bundájuk kiféhéredik (Gáspárdy és Sáfár, 2014).



2. kép: Cigája, hegyi típus
(Gáspárdy és Sáfár, 2014)



3. kép: Cigája, alföldi típus (Gáspárdy és Sáfár, 2014)

A cigája jó alkalmazkodó-képességének köszönhetően alakult ki több változata, a hegyi típus, mely zömökebb, dongásabb, kisebb termetű fajta, valamint az alföldi típus, ami magasabb, hosszabb lábú, nagyobb termetű juh (Gáspárdy et al., 2001a). A hegyi tekinthető az ősbibb típusnak, mely valószínűleg Romániából érkezett hazánkba, az alföldi típus leginkább a szerb zombori fajtára hasonlít. Dolgozatomban e két típust nem különböztetem meg, mivel a juhok származásáról nincs megbízható információnk, így egy populációként kezelem őket, mint őshonos cigájákat. Az országban fellelhető még a fekete-fehér színváltozaton kívül a sárgafejű berke is, melyet valószínűleg csángó gazdák hoztak át Kovásznáról Magyarországra (Sárgafejű berke, é.n.). Jellemző rájuk hogy a pofa és a láb rész sárgás-vöröses színű, méreteiben az alföldi típushoz hasonlít, de jobb báránynevelők és tejelők. Az ősi cigája fajtától eltérő fej- és szarvalakulás miatt sokan vitatják, hogy csak színváltozatról van szó, felmerült a genetikailag különálló fajta lehetősége is, ezt dolgozatomban a továbbiakban vizsgálni fogom.



4. kép: Tejelő cigája (Gáspárdy és Sáfár, 2014)



5. kép: Sárgafejű berke (Gáspárdy és Sáfár, 2014)

Ezen túl meg kell említenünk a tenyészmunka eredményeként most már genetikailag bizonyítottan külön álló fajtaként nyilvántartott tejelő cigáját, mely küllemében és tejhozamában is eltérő jelleget mutat az ősi típustól (Gáspárdy et al, 2014). Nagyobb termetű, hosszabb farkú és fülű juh, kiemelkedően jó tejelő tulajdonságokkal. Amint azt az előzőekben láthattuk a magyarországi cigája-nyájak megjelenésbeli változatossága igen nagy. Őshonos fajtaként az egyedek törzskönyvbe és tenyésztésbe vonása igen szigorú szakmai szempontok alapján történik. A kiválasztást a Tenyésztők Tanácsa és a Tenyésztési Hatóság végzi, az Őshonos Szakbizottság javaslata alapján (MJKSZ, 2015). Azonban kis létszámú fajták esetén – pl. tejelő cigája – a törzskönyvbe nem sorolt anyajuhok és jerek is a tenyészállomány részét képezik. A kosok kiválasztása hasonló szempontok szerint történik mint az anya állatoké, az ismeretlen származású állatok „E” jelölést kapnak, ezek első

generációs utódai „B”, második generációs utódai „A” jelzéssel kerülnek a melléktörzskönyvbe, valamint a törzskönyvbe. Tenyésztésbe alapvetően az „A” törzskönyvezésű kosok kerülhetnek azonban, a cigáják és tejelő cigáják esetében a kosok alacsony száma miatt, a tenyésztésbe bevonásra kerülnek a „B” melléktörzskönyvezésű illetve az ismeretlen származású kosok is amennyiben fenotípusuk és utódaik alapján megfelelőnek találják őket. Ezen szempontok alapján illetve a genetikai variabilitás fenntartása érdekében tenyésztésbe vonhatók szomszédos országból származó állatok is, azonban ez esetben biztosítani kell az egyedek szigorú, szakmai szempontok alapján történő bírálatát és utánkövetését. Mint őshonos állatfajta, a cigája juhok tenyésztésének fő céljai a genetikai variabilitás fenntartása, ősi jellegük, szilárd szervezetük és magas fokú ellenálló képességük megőrzése, valamint jó anyai tulajdonságaik és tejtermelő képességük megtartása.

2.5 Célkitűzés

Az előzőekből látható, hogy a cigáják már régóta a juhállomány részét képezi, számuk azonban a mai napig igen csekély. 2014-es adatok alapján a tenyésztésbe vont anyák száma 2109 egyed, míg a tenyészkosok száma csupán 68 egyed (MJKSZ, 2014a és 2014b). Az erősen lecsökkent állomány legfőbb oka lehet a II. világháború után a merinó fajta Magyarországra kerülése (Gáspárdy et al, 2001), mely kiváló gyapjútermelő fajta, így hazánkban gyorsan elterjedt, míg a cigáják tenyésztése folyamatosan háttérbe szorult. Kis populáció esetén az állatok fenntartása hagyományos módszerrel nem mindig könnyű. Kérdéses, hogy mit jelent a fajtamegőrzés, az eredeti fajta visszatenyésztését vagy a jelenlegi jellegek megőrzését. A fajta korábbi génállományáról csak feltételezéseink vannak, valószínűleg több gén- (allél) változat volt jelen, mint napjaink nyájaiban, így fő feladat a további gének elvesztésének megakadályozása (Fésüs, 1997).

Mint azt az előzőekben láthattuk szükségessé vált a cigáják átfogó genealógiai és genetikai vizsgálata, melynek céljai a következők:

- törzskönyvi elemzés alapján beltenyésztettség, átlagos rokonsági fok valamint palacknyak-hatás kiszámítása
- mitokondriális DNS citokróm b régiója alapján genetikai variancia becslése
- magyarországi cigája-nyájak genetikai távolságának számítása
- sárgafejű berke és a cigája genetikai távolságának összehasonlítása

- a magyar cigáják haplotipizálása, haplocsoportba sorolása
- összehasonlítás egyéb őshonos házasított állatokkal
- összehasonlítás vadjuhokkal

3. ANYAG ÉS MÓDSZER

Elsőként a cigája juhok törzskönyvi elemzését végeztük el, majd ezt követték a genetikai vizsgálatok, melyek során vérmintából mitokondriális DNS-t vontunk ki, majd a citokróm b illetve egyes állatok esetén a kontroll régió szekvencia analízist végeztünk. A juhok mitokondriális DNS-e megközelítőleg 16000 nukleotidból áll, 37 kódoló (22 gén tRNS-t, 2 gén rRNS-t, 13 gén pedig elektron transzport láncban résztvevő fehérjéket kódol) és 25 nem kódoló (kontroll régió vagy D-loop) régiót tartalmaz. Vizsgálatunkhoz azért választottunk mtDNS-t, mert egy átlag sejtben több ezer másolatban is jelen lehet (a sejt 0,5-1 %-a), míg nukleáris DNSből csak 2 példánnyal rendelkezik egy sejt (Gibson et al., 1997), ezentúl 5-10-szer magasabb mutációs ráta jellemző rá, vagyis átlagosan minden századik bázispár polimorf (Hiendleder et al., 1998b). A citokróm b kódoló régió alapján elvégezhetjük az állatok haplocsoportba sorolását, a házasított és a vadjuhok filogenetikai kapcsolatainak feltárását, valamint a cigáják fajtán belüli genetikai változatosságának vizsgálatát. Előző tanulmányokban felmerült, hogy a citokróm b régió, mivel kevésbé variábilis, mint a kontroll régió, önállóan nem nyújt kellő információt a haplocsoportok elkülönítéséhez (Yüncü et al., 2013), ezzel ellentétben Pedrosa és mtsai (2005) azt állapították meg, hogy a kontroll régió alapján kétséges állatokat a citokróm b szekvencia alapján lehet haplocsoportba sorolni. Ezen vitás tanulmányok miatt döntöttünk úgy, hogy néhány minta elejéig összehasonlítjuk, a két régió hozzájárulását a genetikai varianciához.

3.1 Törzskönyvi elemzések

A genealógiai vizsgálatok alapját a Magyar Juh-és Kecsketenyésztő Szövetség által vezetett törzskönyvi adatok (1990-2013, $n=28341$) szolgáltatták. Referencia-populációnak a 2000 után született, még élő állatokat tekintetem ($n_{Ref}=5487$). Számításaimhoz az ENDOG 4.8 (Gutiérrez és Goyache, 2005) programot használtam, és az alábbi változókat vettem figyelembe:

A beltenyésztési együttható (F) annak a valószínűsége, hogy adott egyed adott lókusza két származásilag azonos alléllal rendelkezzen, melyet a program Luo és Meuwissen (1992) metodikája alapján számol ki. A beltenyésztési rátát (ΔF), vagyis a beltenyésztettség generációnkénti változását a Gonzalez-Recio és mtsai (2007) által bevezetett és Gutiérrez

és mtsai (2009) által módosított képlettel (1) kapjuk meg, melyben az F_i az egyed beltenyésztési együtthatója, míg a t az egyedhez tartozó komplett generáció:

$$(1) \quad \Delta F_i = 1 - \sqrt[t-1]{1 - F_i}$$

Az átlagos rokonsági fok (AR, Average Relatedness) az a változó, ami annak a valószínűségét adja meg, hogy a teljes populációból véletlenszerűen kiválasztott allél az egyedhez tartozik-e (Gutiérrez és Goyache, 2005), utalhat a beltenyésztettségre, mivel a rokonyésztettség a szülők közötti rokonsági fok fele.

A genetikai háttér vizsgálatához két mutatót használtam, az alapító ősök effektív létszámát (f_e) valamint a nem alapító ősök effektív létszámát (f_a). Az alapító ősök voltak azok az állatok, melyeknek szülője már ismeretlen, effektív létszámuk kisebb, mint a tényleges, mivel a program úgy számol vele, mintha egyenlő mértékben járulnának hozzá a genetikai diverzitáshoz (Lacy, 1989). A nem alapító ősök effektív létszáma az a minimális egyedszám, mely a populáció teljes genetikai diverzitását magyarázza (Boichard és mtsai, 1997). A két változó hányadosából (f_a/f_e) kiszámítható a populációt terhelő palacknyak hatás is, ami akkor jellemzi a populációt ha f_e nagyobb, mint f_a .

Végül az elemzés során meghatározásra került a pedigré teljesség (MacCluer és mtsai, 1986), és a generációs intervallum (James, 1977), vagyis a szülők átlag életkora azon utódok születésekor, melyek részt vesznek a következő generáció létrehozásában.

3.2 Genetikai vizsgálatok

3.2.1 Mintavételezés

Genetikai vizsgálatom alapját a juhok mitokondriális DNS-ének citokróm b régiója adta, azonban a debreceni, illetve a csanádpalotai nyájából, valamint a kontroll magyar fajtákból is 5-5 véletlenszerűen kiválasztott állat esetén a mtDNS kontroll régióját is mintáztuk. Ezzel lehetőségünk nyílik megválaszolni, hogy vajon a citokróm b régió önmagában is elegendő-e a genetikai változatosság vizsgálatához, vagy ennél informatívabb a kontroll régió, esetleg a két régió együttes elemzése adja a legjobb lehetőséget.

A mintázott állatok kiválasztása az MJKSZ által vezetett törzskönyv feldolgozásán nyugodott; ez alapján az igazoltan legrégebbi anyai vonallal rendelkező (7,8,9 ősi sor), anyai ágon nem rokon családok egyedeit vettük be a mintagyűjtésbe és az értékelésbe. 2014 nyarán

összesen 76 nőivarú cigájától vettünk vérmintát, az állatok torkolati vénájából (*vena jugularis*), EDTA véralvadásgátlót tartalmazó csövekbe, a keresztszennyeződések elkerülése érdekében egyedenként új tűt használva. A mintákat hűtve szállítottuk, majd -20 °C-on tároltuk a további vizsgálatokig. Mintát vettünk a Debreceni Egyetem állományából (DB, $n=5$), az akasztói (AK, $n=6$), a kunfehértói (KF, $n=27$), a nagyiváni (NI, $n=16$) valamint a csanádpalotai (CS, $n=21$) nyájából (1. melléklet). Ezentúl mintát vettünk a sárgafejű cigájáktól (SF, $n=5$) is genetikai távolság vizsgálatához. Kontroll fajtaként egyéb magyarországi génmegőrzés alatt álló juhokat választottunk, így mintáztuk a tejelő cigája ($n=5$), gyimesi racka ($n=5$), fehér racka ($n=5$), fekete racka ($n=5$), cikta ($n=5$) és merinó ($n=5$) véletlenszerűen kiválasztott egyedeit.

3.2.2 Laborvizsgálatok

Az alvadásban gátolt vérből a DNS tisztítást SIGMA GenElute Blood Genomic DNA Kit-tel végeztük, a készlet protokollja alapján.

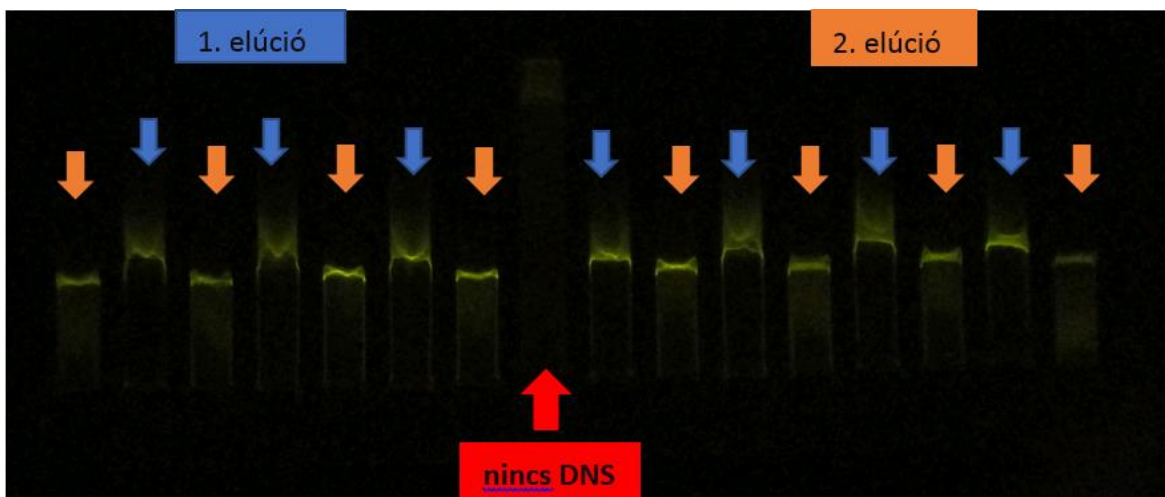
Szükséges vegyszerek:

- Proteináz K oldat (100 mg feloldva 5 ml desztillált vízben)
- „c” lízis oldat (Lysis Solution C)
- oszlop előkészítő oldat (Column Preparation Solution)
- 95 %-os etanol
- előmosó oldat (Prewash Solution)
- mosó oldat (Wash Solution)
- elúciós oldat (Elution Solution, 10 mM Tris-HCl, 0.5 mM EDTA, pH 9.0)
- oszlop (GenElute Miniprep Binding Columns)

Módszer:

A DNS tisztítást szobahőmérsékletű mintákon végeztük el. A DNS-t enzimátikus emésztéssel oldottuk ki a mintából, vagyis 1,5 ml-es mikro centrifuga csőbe 20 µl Proteináz K oldatot tettünk, majd 200 µl-re kiegészítettük vérmintákkal. 200 µl „C” lízis oldatot tettünk az elegyhez, amit ezek után vortexszeltünk, majd 55°C-on inkubáltuk 10 percig. Közben előkészítettük az oszlopot, 500 µl oszlop előkészítő oldattal átmostuk, és 1 percig centrifugáltuk (12000xg), majd leöntve a felül úszót, új csőbe helyeztük. A lizált sejteket tartalmazó oldathoz 200 µl 95 %-os etanolt adtunk, és vortexszel 5-10 másodperc alatt összekevertük, míg homogén oldatot nem kaptunk. Az oldatot pipettával vittük fel az oszlopra, majd 1 percig centrifugáltuk (6500xg). 500-500 µl előmosó és mosó folyadékot adtunk az oldathoz, 1-1 percig centrifugáltuk (6500xg), majd a felül úszót leöntve, új 2 ml-

es gyűjtőcsőbe helyeztük az oszlopot. Másodszor is átmostuk mosó oldattal az oszlopot, 3 percig centrifugáltuk (12-16000xg), majd egy új 2 ml-es gyűjtőcsőbe helyeztük az oszlopot. Ezután oldottuk le a DNS-t 200 µl elúciós oldattal, 5 percig állni hagytuk szobahőmérsékleten, majd 1 percig centrifugáltuk 6500xg-vel. Ezt a lépést megismételtük, így 2 elúciót nyertünk. A DNS tisztítás eredményét gél elektroforézissel ellenőriztük.



6. kép: A DNS tisztítás eredményének ellenőrzése gél elektroforézissel, 2 elúciót tisztítottunk

Ezután a kívánt DNS szakasz felszorzását végeztük el PCR (polymerase chain reaction) technikával. Meadows (2005) által tervezett primereket használtunk mindkét régió felszorzására, mely a citokróm b régió (1140 bp) esetén CYTB-F 5'-GTCATCATCATTCTCACATGGAATC-3' és CYTB-R 5'-CTCCTTCTCTGGTTTACAAGACCAG-3', a kontroll régió (1059 bp) esetén CR-F 5'-AACTGCTTGACCGTACATAGTA-3' és CR-R 5'-AGAAGGGTATAAAGCACCGCC-3'.

A PCR elegy összetétele:

- 2,5 µl dNTP (dATP, dCTP, dGTP, dTTP)
- 2,5 µl puffer
- 1,5 µl MgCl
- 2 µl primer
- 1 µl BSA
- 0,4 µl Taq-polimeráz (Thermo Scientific)
- desztillált víz (25 µl-re egészítettük ki az elegyet)

Módszer:

Applied Biosystem 2720 Thermal Cycler géppel sokszorosítottuk fel a kívánt szakaszt, a PCR reakciót pedig az alábbi ciklusokkal futtattuk:

6 ciklus: 94 °C 30s - 54 °C 30s - 72 °C 45s

6 ciklus: 94 °C 30s - 53 °C 30s - 72 °C 45s

18 ciklus: 94 °C 30s - 52 °C 30s - 72 °C 45s

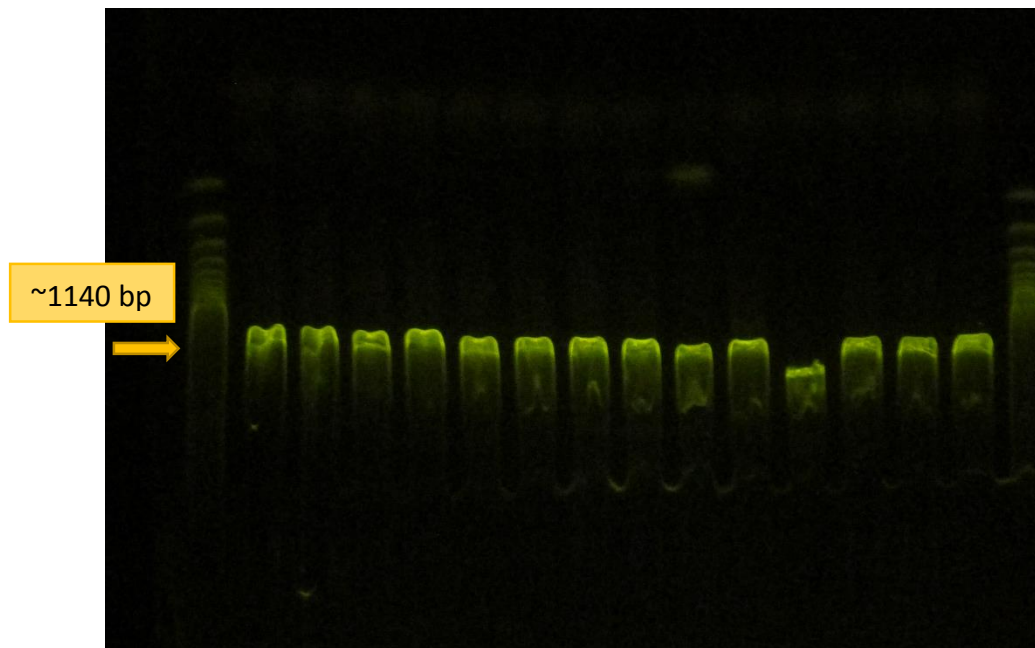
A PCR terméket SIGMA GenElute PCR Clean-Up Kit-tel tisztítottuk, a készlet protokollja alapján.

Szükséges vegyszerek:

- Proteináz K oldat (100 mg feloldva 5 ml desztillált vízben)
- oszlop előkészítő oldat (Column Preparation Solution)
- 95 %-os etanol
- Kötődést elősegítő oldat (Binding solution)
- mosó oldat (Wash Solution)
- elúciós oldat (Elution Solution, 10 mM Tris-HCl, 0.5 mM EDTA, pH 9.0)
- oszlop (GenElute Miniprep Binding Columns)

Módszer:

Első lépésként az 500 µl oszlop előkészítő oldattal átmostuk az oszlopot, majd 1 percig centrifugáltuk (12000xg). 100 µl PCR reakció elegyhez 500 µl kötődést elősegítő oldatot öntöttünk, ami az oszlopon való megkötődést segíti. Ezután pipettáztuk rá az elegyet az oszlopra, és centrifugáltuk 1 percig (12-16000xg). 500 µl mosó oldattal öblítettük le az oszlopot, és 1 percig maximális sebességen centrifugáltuk, majd áttéve egy másik csőbe újabb 2 percig centrifugáltuk. 50 µl elúciós oldattal átöblítve az oszlopot, majd 1 percig maximális sebességen centrifugálva leoldottuk a DNS-t. A PCR terméket is gél elektroforézissel ellenőriztük, a citokróm b régió esetén 1140 bp méretű, a kontroll régió esetén 1059 bp méretű DNS fragmentumokat vártunk.



7. kép: A PCR futtatás utáni gél elektroforézis eredménye a citokróm b régió esetén. A gél bal szélén található a molekula marker, a várt termék ~ 1140 bp hosszúságú.

A DNS minták szekvenálása a Magyar Természettudományi Múzeum Taxonómiai Laboratóriumában készültek.

3.2.3 Szekvencia-elemzések

A kapott forward és reverse szekvenciák illesztését a Staden (Staden et al., 1998) programmal végeztük, majd a MEGA6 programmal (Tamura et al., 2013) elemeztük és rendeztük be őket. A haplotípusok elkülönítését a Collapse1.2-vel (Posada, 2011) számoltam ki. A haplotípusok viszonyát genetikai hálózattal és bayesi filogenetikai rekonstrukcióval jelenítettük meg. A genetikai hálózatot a PopArt program (PopArt, é.n.) segítségével ábrázoltam, „median-joining” hálózattal, ami kifejezetten alkalmas az egymástól viszonylag kis genetikai távolságra lévő egyedek, haplotípusok összehasonlítására (Bandelt et al, 1999). A genetikai változatosság vizsgálatához DnaSP (Rozas et al., 2003) szoftvert használtam, mely során meghatároztam a genetikai diverzitást leíró statisztikákat, úgy mint a haplotípusok számát és a haplotípus diverzitást (H_d), valamint a nukleotid diverzitást (π), amely a nukleotid különbségek átlagos száma pozíciónként két vagy több szekvencia között. Mérési hibaként minden esetben a szórást (SD, „standard deviation”, a variancia gyöke) tüntettem fel. A magyar fajták valamint a különböző cigája-nyájak összehasonlításához is két változót használtam, egyrészt a nukleotid cserék átlagos számát (D_{XY}) pozíciónként a fajták vagy nyájak között (Nei,

1987), másrészt az átlagos nukleotid különbségeket (k) a fajták vagy nyájak között (Tajima, 1983). A magyar fajták genetikai távolságát a Nei féle D_A változóval mértem (Nei, 1983).

3.2.4 Filogenetikai elemzések

Filogenetikai elemzéseink során az elkülönített haplotípusok alapján készítettük el a filogenetikai fát, ami a saját cigája mintáink mitokondriális citokróm b szekvenciáit (1140 bp), valamint az öt meghatározó haplocsoport (A, B, C, D és E) génbanki szekvenciáit tartalmazza, kulcsoportként az *Ovis vignei*-t feltüntetve. A modelltesztelés a JModeltest 2.1 (Darriba et al., 2012) szoftverrel készült, a legjobb modellnek a HKY+G bizonyult ezért a további vizsgálatokhoz ezt használtuk. A Bayesi filogenetikai rekonstrukció a Mr.Bayes 3.1 programmal történt (Ronquist és Huelsenbeck, 2003) két független Metropolis-coupled Monte Carlo Markov lánc futtatásával. Az analízist 5.000.000 generáción keresztül futattuk, minden 1000-ik generáció lett megmintázva, az első 25% ezek közül „burn-in”-ként nem került bele az analízisbe. A láncok konvergenciáját a „split” gyakoriságok szórásának segítségével becsültük. A rekonstruált fák alapján „majority-rule” konszenzus filogram készült az első 25% („burn-in”) figyelmen kívül hagyásával. A filogramokon a poszterior valószínűségi értékek (PP) lettek feltüntetve.

4. EREDMÉNYEK ÉS MEGVITATÁSUK

4.1 Törzskönyvi elemzések

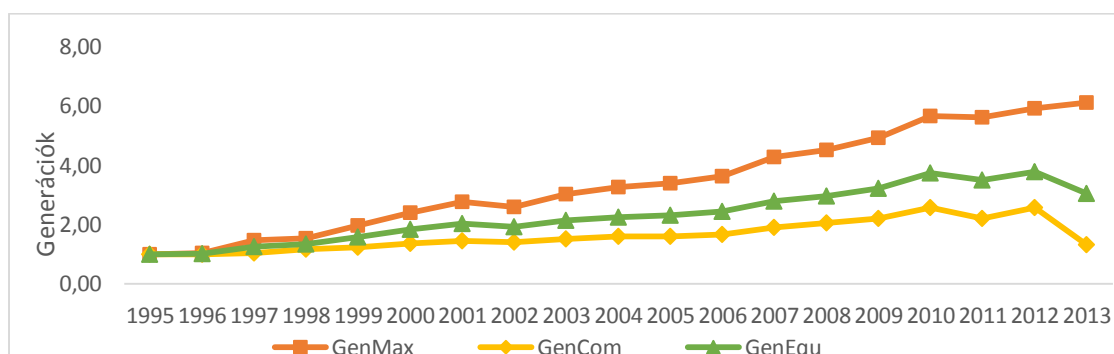
A teljes törzskönyv csupán 8,34 %-a rendelkezett ismeretlen szülőkkal, melyből 2,4 % volt hím, 93,6 % nőstény. A ma élő állatok utolsó három ősi sorát nézve az apai vonalon 50,05%, 76,06% és 87,98%, míg anyai vonalon 41,75%, 60,14% és 91,63 % volt a pedigré teljesség (2. melléklet). A referencia-populáció, ami a 2000 után született, még élő állatokat tartalmazza (nRef=5487), jóval több, részletesebb információval szolgált, ebben a ma élő juhok anyai vonala az utolsó 3 generációban 74,28%, 93,88% és 100 %-os pedigré teljességet mutatott, az apai vonal pedig 64,75%, 81,85% és 84,80%-ot mutatott. Az alábbi adatokból is láthatjuk, hogy a cigája juhok törzskönyvi adatait részletesen és pontosan vezetik. A leghosszabb ismert vonal a 10-ik generációnál jár, az átlag generáció hossz 3,78, a teljes generációk átlaga 1,65. A pedigré teljesség, valamint a minél hosszabb generációs vonalak alapját képezik az összes soron következő törzskönyvi elemzés mérőszámának, úgy, mint az átlagos rokonsági foknak vagy a beltenyésztettségnek.

1. táblázat: A magyarországi cigája tenyészetek átlagos beltenyésztettségi értékei és rokonsági fokai, leszűkítve a 2013-ban még élő állatokra

| Telephely | Juhok száma (2013-ban még élő állatok) | Átlagos rokonsági fok (AR) | Átlagos beltenyésztettség (F) |
|------------------|--|----------------------------|-------------------------------|
| Akasztó | 496 | 0,024 | 0,041 |
| Budapest | 13 | 0,022 | 0,012 |
| Csanádpalota | 228 | 0,03 | 0,028 |
| Debrecen | 206 | 0,007 | 0,025 |
| Gyula | 156 | 0,023 | 0,007 |
| Hódmezővásárhely | 51 | 0,028 | 0,015 |
| Jánoshalma | 109 | 0,023 | 0,019 |
| Kaposmérő | 47 | 0,023 | 0,025 |
| Kárász | 15 | 0,007 | 0 |
| Kunfehértó | 441 | 0,023 | 0,022 |
| Kunszentmárton | 60 | 0,024 | 0,029 |
| Mezőhegyes | 242 | 0,032 | 0,045 |
| Nagyiván | 123 | 0,027 | 0,019 |

| | | | |
|-------------------------|------|---------------|---------------|
| Pátroha | 198 | 0,027 | 0,022 |
| Pénzesgyőr | 136 | 0,012 | 0,017 |
| Solt | 19 | 0,025 | 0,028 |
| Szarvas | 236 | 0,019 | 0,017 |
| Szeged | 49 | 0,011 | 0,013 |
| Szentes | 101 | 0,031 | 0,036 |
| Teljes populáció | 2926 | 0,0189 | 0,0168 |

Abban az esetben merülhet fel hogy rokon egyedek párosítása történt, amennyiben az átlagos rokonsági fok nagyobb mint a beltenyésztési együttható fele (Vigh et al, 2008). A hazai cigája-nyájak többségénél elmondhatjuk, hogy az átlagos rokonsági fok magas, vagyis valószínűsíthető a rokon egyedek párosítása. Ennek ellenére a beltenyésztési együttható nem mutat magas értéket a nyájak nagy részében. Kiemelném a csanádpalotai (AR=0,030; F=0,028), kaposmérői (AR=0,023; F=0,025), kunszentmártoni (AR=0,024; F=0,029), solti (AR=0,025; F=0,028) és szentesi (AR=0,031; F=0,036) állományokat, amelyeknél mind a rokonsági fok, mind a beltenyésztettség magasabb volt mint a többi nyájnál. Csupán 3 tenyészetben, Akasztón (F=0,041), Mezőhegyesen (F=0,045) és Szentesen (F=0,036) találtunk magasabb értékeket, ám ezek is csupán 0,04 körül mozogtak. A teljes populáció tekintetében igen alacsony átlagos rokonsági fokkal (AR=0,0189) és beltenyésztési együtthatóval (F=0,0168) számolhatunk. Azonban figyelembe kell vennünk azt a tényt, hogy a törzskönyvek teljessége nagymértékben befolyásolja a beltenyésztési együttható értékét, vagyis a hiányosan vezetett pedigrével alábecsülhetjük a beltenyésztéses leromlást. Az 1. ábráról jól látszik, hogy az évek során egyre teljesebb generációs vonalakat lehet nyomon követni köszönhetően az egyre pontosabban vezetett törzskönyveknek.



1. ábra: Pedigré-teljesség vizsgálata éves bontásban a teljes populációra: maximum generációk száma átlagolva (GenMax), teljes generációk száma (GenCom), egyenértékű generációk száma (GenEqu)

A referencia-populáció ($n_{Ref}=5487$) összes alapító őseinek száma 92, effektív számuk 75, vagyis 81,52 %-a. A nem-alapító ősök effektív egyedszáma (f_a) 59. Pedrosa és mtsai (2010) szerint, ha a nem-alapító ősök effektív létszáma (f_a) kisebb vagy egyenlő az alapító ősök effektív létszámával (f_e) akkor nem beszélhetünk palacknyak hatásról. Ez a mérték (f_e/f_a) megmutatja a genetikai variancia csökkenését, amely a kiegyensúlyozatlan nem-alapító ősök és alapító ősök egyedszámainak arányából adódik, legjobb esetben ez az arány 1, az általam vizsgált populációban ez az érték 1,27 vagyis igen alacsony. Ezek alapján elmondhatjuk, hogy az országban található cigája-populáció esetében nem beszélhetünk palacknyak-hatásról, mely akkor lép fel, ha a populációhoz képest kevés állatot használunk a következő generáció előállításához, kockáztatva ezzel a rokon állatok párosítását (Santana és mtsai, 2012).

2. táblázat: Gén eredet számítások a referencia-populációból ($n_{Ref}=5487$)

| | |
|--|------|
| Alapító ősök teljes egyedszáma (f) | 92 |
| Alapító ősök effektív egyedszáma (f_e) | 75 |
| Nem-alapító ősök effektív egyedszáma (f_a) | 59 |
| f/f_e | 1,23 |
| f_e/f_a | 1,27 |

A generációs intervallumot a teljes populációra vetítve vizsgáltam; megállapítható hogy az átlagos generáció hossz $4,99 \pm 0,01$ év. A leghosszabb intervallumot az anya – hím utód ($5,70 \pm 0,04$ év), míg a legrövidebbet az apa – hím utód ($4,33 \pm 0,03$ év) vonalon találtam (3. táblázat). A leszármazási vonalak hossza azonban általánosságban nagymértékben függenek a termékenyítés típusától. Azokban az állatokban ahol a mesterséges termékenyítés fagyasztott spermával elterjedtebb (pl. tejhasznú szarvasmarha) az apai vonalak sokkal hosszabbak, mivel a levett spermát akár évek múlva is fel tudják használni, illetőleg sokáig kell várni az ivadékvizsgálati eredményekre. A cigáják esetén természetes fedeztetési módról beszélhetünk, ahol az anyaállatok hosszabb ideig maradnak tenyésztésben.

3. táblázat: Generációs intervallumok: A szülők átlag életkora (GI ± SE) években kifejezve, utódai születésekor, különböző leszármazási útvonalakon

| Leszármazási útvonal | Egyedszám (N) | GI ± SE (év) |
|----------------------|---------------|--------------|
| Apa – hím utód | 12072 | 4,33 ± 0,03 |
| Apa – nőstény utód | 12861 | 4,42 ± 0,03 |
| Anya – hím utód | 12072 | 5,70 ± 0,04 |
| Anya – nőstény utód | 13896 | 5,50 ± 0,03 |
| Összesen | 50901 | 4,99 ± 0,01 |

4.2 Genetikai vizsgálatok eredményei

4.2.1 A kontroll és citokróm b régió hozzájárulása a genetikai variációhoz, valamint a haplotípusok elkülönítéséhez

Mint azt dolgozatomban elején említettem, előző tanulmányokból nem lehet egységes képet alkotni arról, hogy a kontroll vagy a citokróm b régió-e a megfelelőbb genetikai variáció elemzésre és a haplotípusok elkülönítéséhez. Egyes kutatók a Cyt b régiót a filogenetikai vizsgálatokhoz, azon belül a vadjuhokkal történő összehasonlításokhoz használták, míg a kontroll régiót inkább a házasított juhok haplotípus-elkülönítéséhez alkalmazták (Meadows, 2007). Ezzel ellentétben Pedrosa és mtsai (2005), épp ellenkezőleg, a citokróm b régiót találták meghatározóbbnak a haplotípus csoportok közötti elkülönítéshez. Ezentúl a citokróm b régió sokkal megbízhatóbb információt nyújt az mtDNS vonalak szétválásának becsléséhez, mivel a legtöbb emlős között viszonylag változatlan evolúciós mintázatot mutat (Irwin et al, 1991). Azonban a kontroll régióban magasabb SNP („single nucleotid polymorphism”, egy pontos nukleotid-polimorfizmus = egy nukleotid a genomban megváltozik, és ez a változás legalább a populáció 1 %-ában megjelenik) számot valamint nukleotid diverzitást találtak, mint a citokróm b-ben (Meadows, 2005). Hiendleder (1998a) szerint azonban variábilis nukleotid pozíció csak a citokróm b régióban van, ezentúl az A és B haplocsoportot nem lehet elkülöníteni tisztán, kizárólag kontroll régió alapján. A kontroll- és citokróm b régiót együtt, összekapcsolt szekvenciaként is gyakran használták a genetikai diverzitás kiszámításához.

Ebből kiindulva méréseimet a két régió vizsgálatával kezdtem, ellenőrizve, hogy egyedül a citokróm b régió alapján lehet-e releváns eredményeket számolni mintáinkból.

Az 4. táblázatban ugyanazon állatokon elvégzett számításaimat tüntettem fel, a kontroll régió, a citokróm b régió, valamint az egyesített kontroll-citokróm b régió értékeiről. A legmagasabb nukleotid diverzitás ($\pi=4,93 \pm SD=1,51$) a kontroll régió esetén, míg a legmagasabb haplotípus diverzitás a citokróm b ($H_d=0,911 \pm SD=0,077$) valamint az egyesített CR-Cyt b régió ($H_D=0,911 \pm SD=0,077$) alapján történt számításoknál jött ki. Véleményünk szerint az eredmények között nincs releváns különbség, így a Cyt b régió is megbízható felbontást ad a fajták változatosságának jellemzéséhez. Emellett a Cyt b szekvencia előzetes tanulmányok alapján megfelelőbb a korrekt haplotípus elemzésekhez, így a továbbiakban csak a sárgafejű berke és az őshonos cigája genetikai távolságának mérését végzem az egyesített Cr-Cyt b szekvenciával, az egyéb cigájákat érintő vizsgálatokhoz csak citokróm b szekvenciát használtam.

4. táblázat: A kontroll-, citokróm b- és az egyesített kontroll-citokróm b régió hozzájárulása a genetikai variációhoz és a haplotípus diverzitáshoz

| | Szekvenciák | Variábilis pozíciók száma | Haplotípusok | Haplotípus diverzitás | Nukleotid diverzitás (π)* 10^{-3} |
|---|-------------|---------------------------|--------------|-----------------------|---|
| kontroll régió | 10 | 15 | 6 | 0,889 | 4,93 |
| citokróm b régió | 10 | 9 | 7 | 0,911 | 2,36 |
| egyesített kontroll és citokróm b régió | 10 | 24 | 7 | 0,911 | 3,64 |

4.2.2 Sárgafejű berke és az őshonos cigája genetikai távolságának vizsgálata

A cigája juhok sárgafejű változata vándorló juhászat révén került a Kárpát-medencébe s így hazánk területére is az 1700-as évek során. Nyáron a hegyekben, télen pedig a síkságokon legeltették az állatokat, a legtöbb gazdának 4-5000 egyedből álló nyája volt. Ám a történelmi események és a határzárások következtében a vándornyájak egy része nem kelhetett át a szorosokon, így a cigája változatok egy része elkülönült. A sárgafejű változat tiszta vérben Erdélyben, Kovászna megyében maradt fenn, a Kárpát-kanyarhoz közeli területeken. A mai napig nem tisztázott helyzete, fenotípusos jellegei alapján az alföldi cigájához áll közelebb, de annál jobb tejelő és báránynevelő képességei vannak. Genetikai vizsgálat még nem készült a cigájával való rokonsági viszonyainak feltárására (Balog et al, 2016).

Jelen dolgozatomban a sárgafejű berkén csak érintőleges vizsgálatot végeztem, mivel Magyarországon megtalálható ez a fajtaváltozat, azonban amíg nem tisztáztuk genetikai hovatartozását nem készíthetünk releváns összehasonlításokat egyéb magyar fajtákkal. Elemzésemhez kapcsolt kontroll-citokróm b régiót használtam, és alacsony mintaszámmal dolgoztam mivel ezt kiegészítő vizsgálatnak szántam. Nemcsak a cigájával, hanem egyéb őshonos magyar fajtákkal (gyimesi racka, magyar racka, cikta, tejelő cigája) valamint a merinóval is összehasonlítottam. A nukleotid cserék száma a tejelő cigájában volt a legmagasabb, minden egyéb magyar fajtához hasonlítva, ez is megerősíti, hogy ez esetben különálló fajtaváltozatról van szó (5. táblázat). A legkevesebb nukleotid cserét a cikta-merino ($D_{XY}=1,95$), cikta-magyar racka ($D_{XY}=1,80$) és a gyimesi racka-magyar racka ($D_{XY}=2,09$) párosításban figyelhetünk meg. Az utóbbi nem meglepő, hiszen a két racka genetikailag nem alkot külön csoportot, a gyimesi változatot Erdélyben tenyésztik és fenotípusos jellegei kis mértékben eltérnek a hortobágyi rackáétól. A nukleotid cserék alapján a sárgafejű berke és a többi fajta kapcsolatáról nem tudunk korrekt képet alkotni, mivel a mért adatok közötti kismértékű különbségek elhanyagolhatók. Azonban a genetikai távolság mérésnél egyértelműen láthatjuk, hogy a sárgafejű cigája és a cigája nagyon közel állnak egymáshoz ($D_A=-0,19$), ami érdekes, hogy a tejelő cigájához is igen közel áll ($D_A=-0,13$), mely további kérdéseket vethet fel. A genetikai távolságok alapján a merinó áll legtávolabb a többi magyar fajtától, mely valószínűleg a más fajtákkal történt magas fokú kereszttenyésztéseknek köszönhető. Mindezen túl bizonyítékként szolgálhat a különböző magyar fajták, köztük a cigáják és sárgafejű berkék, haplotípus eloszlása (3. ábra). Az öt sárgafejű cigája mintája közül három közös haplotípuson osztozik más cigájával, egyben unikális. Az ötödik állat az A haplocsoportozáshoz tartozik, egy cigájával és egy tejelő cigájával egyetemben, ennek oka lehet hogy ezeket az állatokat esetleg karakül (*Ovis aries aries karakul*) fajtaival keresztezték, azonban ez egyelőre vizsgálat nélkül nem alátámasztott csak feltételezésen alapul. Méréseim alapján mindenképp javasolnám a sárgafejű berkék átfogó genetikai vizsgálatát, tekintettel arra, hogy őshonos juh, így genetikai helyzete, illetve genetikai változatosságának vizsgálata megalapozott lenne.

5. táblázat: Magyar őshonos fajták genetikai távolságának („D_A” - főátló felett), valamint nukleotid cseréinek („D_{XY}” - főátló alatt *10⁻³) száma. Méréseinket minden állat esetében a kapcsolt kontroll-citokróm b régió alapján számoltuk.

| D _A \ D _{XY} *10 ⁻³ | Cigája (n=10) | Tejelő cigája (n=5) | Sárgafejű berke (n=5) | Gyimesi racka (n=5) | Magyar racka (n=9) | Cikta (n=4) | Merinó (n=3) |
|--|---------------|---------------------|-----------------------|---------------------|--------------------|-------------|--------------|
| Cigája (n=10) | | 0,05 | -0,19 | 0,35 | 0,18 | 0,26 | 0,58 |
| Tejelő cigája (n=5) | 4,470 | | -0,13 | 0,67 | 0,76 | 0,96 | 1,13 |
| Sárgafejű berke (n=5) | 3,840 | 4,670 | | 0,31 | 0,25 | 0,21 | 0,5 |
| Gyimesi racka (n=5) | 3,180 | 4,290 | 3,530 | | 0,17 | 0,29 | 0,81 |
| Magyar racka (n=9) | 2,910 | 4,270 | 3,360 | 2,090 | | 0,2 | 0,71 |
| Cikta (n=4) | 2,780 | 4,250 | 3,110 | 2,010 | 1,800 | | 0,22 |
| Merinó (n=3) | 3,42 | 4,76 | 3,73 | 2,85 | 2,65 | 1,95 | |

4.2.3 Genetikai változatosság a magyarországi cigája-populáción belül

4.2.3.1 Szekvencia-variabilitás

Dolgozatom alapvető célja felmérni a magyarországi cigája-nyájak genetikai diverzitását, mely fontos eszköz az őshonos állatok tenyésztésében, és a fajta változatosságának fenntartásában. A megfelelő variabilitás garantálja a beltenyésztettség alacsony értéken tartását, és a palacknyak hatás kivédését, amely erősen veszélyeztetheti az ilyen kis populációkat. Ezen méréseket a mtDNS citokróm b régiója alapján végeztem (1140 bp), 76 cigáját mintáztunk öt nyájból. A 76 cigája esetében nem találtunk indel (inszerciós/deléciós) mutációs helyet. Méréseink alapján 22 variábilis pozíciót tudtunk kimutatni, melyből 50-50 %-os arányban 11 singleton mutációs hely (olyan polimorf pozíció, ami csak egy állatban

jelentkezett), és 11 parszimónia-informatív mutációs hely (több mint egy állatban volt jelen) volt. A singletonok magas száma ezentúl arra utal, hogy sok anyaállat, nagyfokú diverzitást hordozó mitokondriális DNS-sel vesz részt a populáció kialakításában mely növeli a genetikai változatosságát az állatoknak (Gorkhali et al, 2015).

Az összes variábilis pozíció esetében, 17 tranzíciót (pirimidin bázisok helyettesítése egy másik pirimidinnel vagy purin helyettesítése egy másik purin bázissal) és 5 transzverziót (purin bázis helyett pirimidin, vagy pirimidin helyett purinbázis épül a DNS láncba) találtunk, mely az 1140 bp hosszúságú szekvenciához képest alacsonynak mondható és a nukleotid diverzitás (6. táblázat) sem magas ($\pi=1,56 \pm SD=0,16$). Meadows és mtsai (2005) hasonló mintaelem számokkal, jóval magasabb diverzitást mutattak ki finn nyájakon (Åland juh $n=5$, $\pi=3,65 \cdot 10^{-3}$, $Hd=0,90$; Finn juh $n=5$, $\pi=1,97 \cdot 10^{-3}$, $Hd=1$), hasonló haplotípus-diverzitás mellett. Karpinski és mtsai (2006) lengyel házi juhokon ($n=6$) igen magas $6,29 \cdot 10^{-3}$ nukleotid diverzitást és $0,87$ haplotípus-diverzitást mért, ez azonban valószínűleg a fajta több más fajtaival való keresztezése eredményezhette. A hazai cigáják esetében nyájanként kimagasló különbség nem tapasztalható a nukleotid diverzitás tekintetében, a legmagasabb diverzitást ($\pi=2,280 \pm SD=0,49$) a debreceni nyáj mutatja, míg a legalacsonyabbat ($\pi=0,530 \pm SD=0,11$) az akasztói, azonban ezen állományok esetében valószínűleg az alacsony mintaszám is befolyásolhatta az eredményt.

4.2.3.2 Haplotípus-eloszlások a hazai cigájákban

Számításaink alapján elmondhatjuk, hogy a 76 állatban összesen 21 haplotípust találtunk, ebből 12 unikális B, 2 pedig unikális A haplocsoportba tartozik (2. ábra). Az összes cigája tekintetében (6.táblázat) a haplotípus-diverzitás igen magas ($Hd=0,838 \pm SD=0,031$). A juhok esetében is elmondható, hogy sokkal több nőstény vesz részt a tenyésztésben mint hím, a kosok szám általában 3-5 %-a a nőstényeknek (2014: 2109 nőstény, 68 kos) (MJKSZ, 2014a, 2014b). A haplotípusok számán ez igen jól látszik, minél több vesz részt a vizsgált populációban, annál nagyobb az anyai hozzájárulás a populáció kialakításához (Hassan et al., 2009). Továbbá tisztán látszódik a nyájak közötti genetikai kapcsolat, mivel egy-egy haplotípus több nyájban is megjelenik. Ritkának mondható az, ha minden nyáj más haplotípust hordoz, de van rá példa. Gorkhali és mtsai (2015) tanulmányában, melyben nepáli őshonos juhokat vizsgáltak, minden nyájban különböző haplotípusok jelentek meg, ami azért lehetséges, mert Nepál zord földrajzi adottságai miatt a nyájak nem kerültek kapcsolatba egymással. Magyarországon a cigája állomány egy szaporodási közösségnek

tekinthető, mivel a tenyésztésbe vett apaállatok az összes nyáj fedeztetésében közvetlenül vagy közvetve részt vesznek. Ez magyarázat lehet a haplotípusok enyhén alacsony számára, mivel ilyen szempontból a kosok hozzájárulása a következő generáció kialakításához magasabb, mint a nőtényeké, annak ellenére, hogy az anyaállatok száma jóval több. A nyájak közötti genetikai kapcsolat azonban hasznos, mivel a genetikai varianciát nagymértékben növeli, hiszen sokkal több állat kerül tenyésztésbe, mintha csak egy-egy kis létszámú nyájon belül történne a párosítás. A nyájak nagy részében magas haplotípus diverzitás figyelhető meg, azonban ki kell emelni a két szélsőértéket, a legalacsonyabb diverzitású akasztói ($Hd=0,600 \pm SD=0,129$) és a legmagasabb debreceni ($Hd=0,900 \pm SD=0,161$) nyáját. Azonban mivel a mintaszámunk igen alacsony volt (AK, $n=6$, DB $n=5$) ezért valószínűsíthető hogy ez befolyásolta az eredményt.

6. táblázat: Nukleotid- és haplotípus-diverzitás a magyarországi cigája-nyájak között.

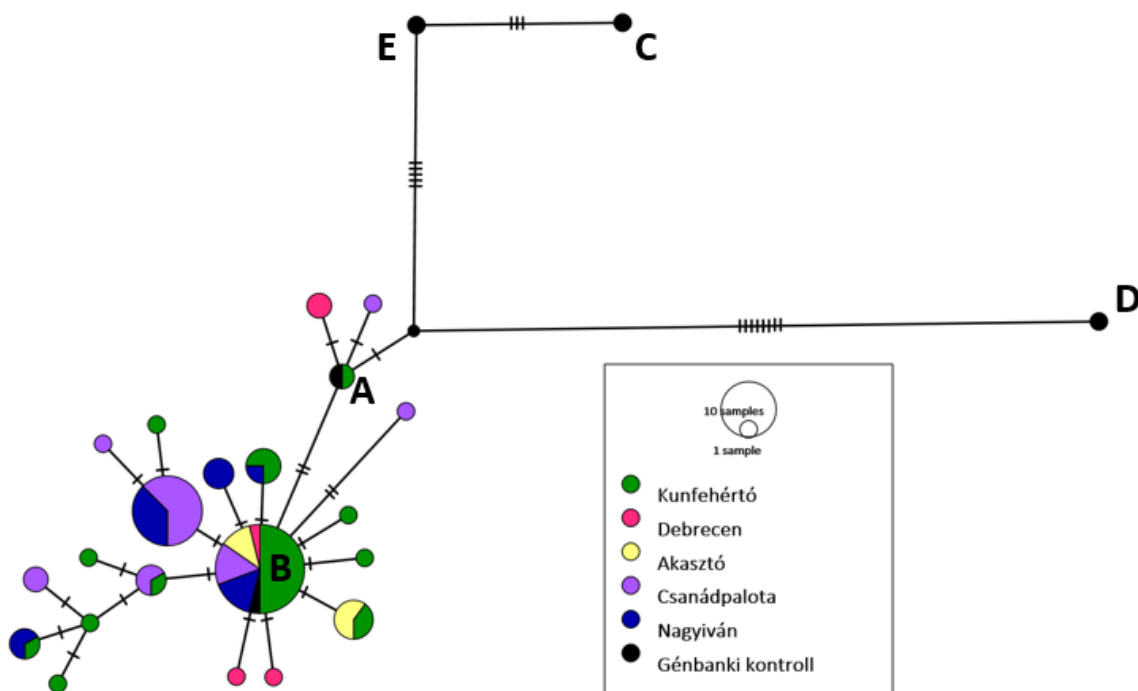
| | Szekvenciák | Variábilis pozíciók száma | Haplotípusok | Haplotípus diverzitás ($Hd \pm SD$) | Nukleotid diverzitás ($\pi \pm SD$) * 10^{-3} |
|----------------------|-------------|---------------------------|--------------|---------------------------------------|---|
| Összes cigája | 76 | 22 | 21 | 0,838 \pm 0,031 | 1,56 \pm 0,16 |
| Kunfehértó | 27 | 13 | 12 | 0,766 \pm 0,084 | 1,34 \pm 0,26 |
| Debrecen | 5 | 5 | 4 | 0,900 \pm 0,161 | 2,280 \pm 0,49 |
| Akasztó | 6 | 1 | 2 | 0,600 \pm 0,129 | 0,530 \pm 0,11 |
| Csanádpalota | 21 | 10 | 7 | 0,748 \pm 0,084 | 1,560 \pm 0,35 |
| Nagyiván | 17 | 6 | 5 | 0,772 \pm 0,070 | 1,410 \pm 0,31 |

Az 2. ábrán látható a különböző haplotípusok megoszlása a magyarországi cigája-nyájak között, valamint 5 génbanki referencia (3. melléklet) mely az 5 haplotípus csoportot (A,B,C,D és E) mutatja. Ebből jól látszik, hogy a cigáják 94,7 %-a (73 állat) a B haplocsoportba tartozik, ahova az európai juhok többsége. Egy cigája tisztán, míg két állat egy nukleotid eltéréssel az A haplocsoportot jeleníti meg. Ez valószínűleg az előzőekben is említett karakül behatásnak köszönhető. C, D és E haplocsoport egyáltalán nem jelent meg az őshonos cigájáinkban, ezeket a csoportokat eddig csak Kis-Ázsiában, a Kaukázson, Törökországban illetve az Ibériai félszigeten mutatták ki, ami meglepő, hiszen a cigája fajta

onnan származik így ha csak kismértékben is de vártuk volna ezen haplocsoportok megjelenését a cigájákban.

2. ábra: Haplotípus-megoszlás a cigáják különböző magyarországi nyájai között.

(Popart, Median-Joining Network)



4.2.3.3 Magyarországi cigája-nyájak kapcsolatainak elemzése

A hazánkban található cigája-nyájak esetében mértük a genetikai távolságot (D_A), mely a vártak megfelelően igen közeli kapcsolatokat fedett fel (7. táblázat). Mint azt az előzőekben említettem, az országban található cigája-nyájak egy szaporodási közösséget alkotnak, mivel a tenyészkosokat az ország összes nyájában használhatják fedeztetésre. A legközelebb a nagyiváni és csanádpalotai nyáj állnak egymáshoz, genetikai távolságuk közel nulla. Ezenkívül a kunfehértói állatok igen kis mértékben térnek el a többi nyajtól (KF-AK, $D_A=0,15$; KF-CS, $D_A=0,18$; KF-NI, $D_A=0,11$), csak a debreceni állományal állnak távolabbi kapcsolatban ($D_A=0,25$). Szerb cigája-nyájak összehasonlításánál is hasonló értékeket figyelhettünk meg (Cinkulov et al, 2008), ahol az „új” és „rég” típusú (Magyarországon talán a hegyi-alföldi elkülönítésnek feleltethető meg) genetikai távolsága $D_A=0,22$ míg az orosz cigája- „új” típusú cigája ($D_A=0,189$) és az orosz cigája- „rég” típusú cigája ($D_A=0,184$) esetén még kisebb értékeket mértek. A hazai nyájak közül a debreceni állatok a többi állománytól messzebb helyezkednek el genetikailag, a legnagyobb távolság

a debreceni és csanádpalotai állomány között van ($D_A=0,46$), mely valószínűleg az eltérő származásból ered. A debreceni állatok jó része Szerbiából került hazánkba, míg a többi állat valószínűleg Romániából származnak. Ezt a feltételezést támasztja alá az is, hogy a nukleotid cserék száma a debreceni nyáj tekintetében a legmagasabbak, míg a legalacsonyabb értéket ($D_{XY}=1,09$) az Akasztó-Kunfehértó kapcsolatnál találtuk.

7. táblázat: Magyarországi cigája-nyájak genetikai távolságának mérése. A főátló alatt a nukleotid csere ($D_{XY} \cdot 10^{-3}$) míg az átló felett a genetikai távolság ($D_A \cdot 10^{-3}$) áll.

| D_A D_{XY} | Kunfehértó | Debrecen | Akasztó | Csanádpalota | Nagyiván |
|-------------------|-------------|-------------|-------------|--------------|-------------|
| Kunfehértó | | 0,25 | 0,15 | 0,18 | 0,11 |
| Debrecen | 2,07 | | 0,44 | 0,46 | 0,44 |
| Akasztó | 1,09 | 1,84 | | 0,44 | 0,35 |
| Csanádpalota | 1,64 | 2,38 | 1,48 | | 0,01 |
| Nagyiván | 1,48 | 2,28 | 1,32 | 1,48 | |

4.2.4 A hazai cigáják illetve egyéb magyar juhajták összehasonlítása

Vizsgálataink során kitértünk a hazai cigáják illetve az egyéb magyar fajták összehasonlítására. A sárgafejű berke és cigája, valamint a sárgafejű berke és egyéb magyar fajták kapcsolatát a 4.2.2 fejezetben részleteztem. Az egyetlen kontroll állatunk mely nem őshonos magyar fajta, a magyar merinó volt, mely az 1950-es években került hazánkba, és jó minőségű gyapja miatt gyorsan elterjedhetett az országban, mára az állományok 80-90 %-át teszi ki. A fajta kialakításában sok merinó alfajta részt vett, a keresztezéses fajtanemesítés során a francia gyapjúhasznosítású merinóval („precoce”), a szovjet finomgyapjas (aszkániai, grozneni, kaukázusi, sztavropoli) merinóval, a bolgár aszkániai merinóval, az NDK és NSZK húsmerinóval és az ausztrál (hosszabb fürtű, tisztább gyapjú) merinóval is keresztezték (Magyar merinó, é.n.). Ez magyarázatul szolgálhat arra, hogy a legnagyobb nukleotid-különbséget az ő esetükben találtuk (8. táblázat). Legnagyobb nukleotid különbség a merinó-tejelő cigája ($k=3,400$), a merinó-racka ($k=3,190$) és a merinó-cigája ($k=3,057$) összehasonlításnál jött ki. A nukleotid cserék száma is a merinók esetében volt

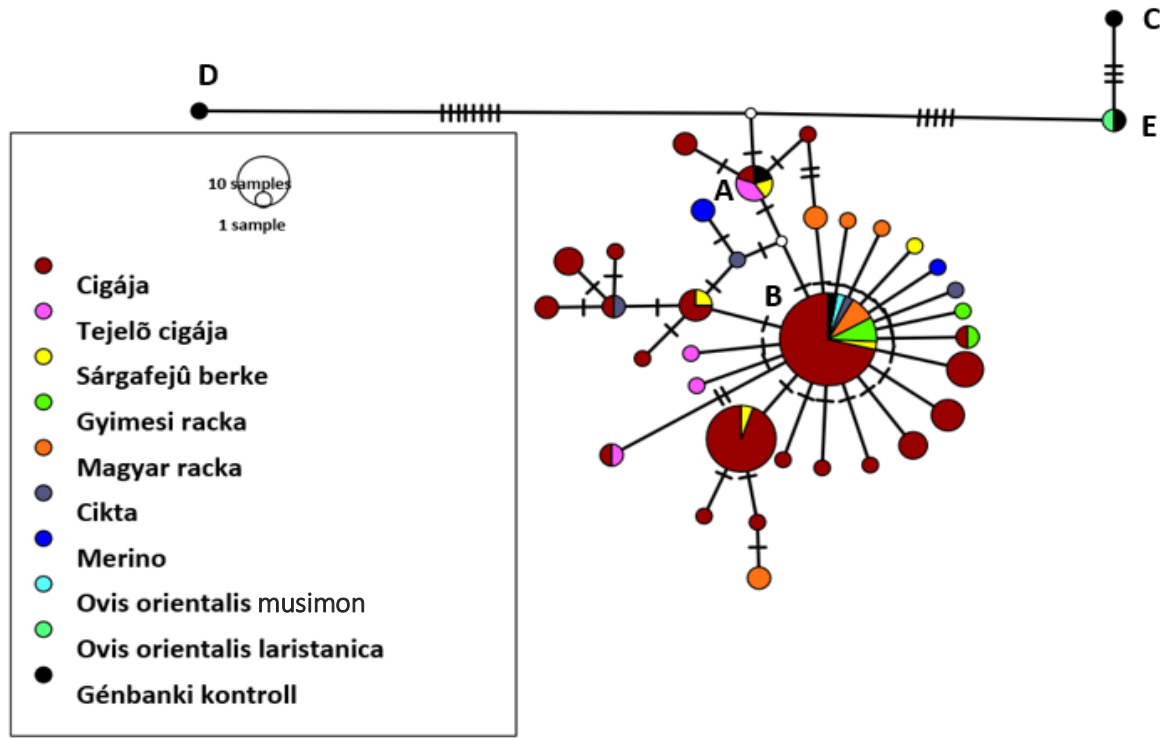
kimagasló, a legtöbb nukleotid csere a merinó-tejelő cigája ($D_{XY}=2,980$), a merinó-racka ($D_{XY}=2,800$) és a merinó-cikta ($k=2,770$) vonalon mutatható ki. A legkisebb különbségeket itt is a sárgafejű berke-cigája ($k=1,787$; $D_{XY}=1,570$), sárgafejű berke-racka ($k=1,800$; $D_{XY}=1,580$), illetve a cigája-racka ($k=1,759$; $D_{XY}=1,540$) kapcsolatokban találtuk mind a nukleotid cserék, mind a nukleotid különbségek tekintetében.

8. táblázat: Az őshonos cigája és egyéb magyar fajták genetikai összehasonlítása. A főátló alatt a nukleotid különbségek átlagos száma (k) látható a populációk között, míg a főátló felett a nukleotid cserék átlagos száma ($D_{XY} \cdot 10^{-3}$) bázisonként a populációk között

| k D_{XY} | Cigája | Tejelő cigája | Sárgafejű berke | Racka | Cikta | Merinó |
|--------------------|--------------|------------------|--------------------|--------------|--------------|--------------|
| Cigája | | 2,492 | 1,787 | 1,759 | 2,020 | 3,057 |
| Tejelő cigája | 2,190 | | 2,280 | 2,457 | 2,650 | 3,400 |
| Sárgafejű berke | 1,570 | 2,000 | | 1,800 | 1,950 | 2,800 |
| Racka | 1,540 | 2,160 | 1,580 | | 2,107 | 3,190 |
| Cikta | 1,770 | 2,320 | 1,710 | 1,850 | | 2,583 |
| Merinó | 2,680 | 2,980 | 2,460 | 2,800 | 2,770 | |

Méréseinket az 3. ábra is alátámasztja, melyen haplotípusok alapján ábrázoltam a különböző magyar fajtákat. Itt is jól látszik a sárgafejű berke és cigája, valamint a racka és cigája juhok közeli kapcsolata. A többi fajta jobban elkülönül haplotípusok szempontjából is a cigájáktól. Ezen ábrán már feltüntettem az *Ovis orientalis musimon* valamint az *Ovis orientalis laristanica* muflonokat is (génbanki azonosító: 3. melléklet), melyek kapcsolatát a cigájával és a házasított juhokkal a következő fejezetben tárgyalom részletesen. Ebből a hálózattól is jól látszik, hogy az európai muflon tisztán a B-haplocsoportba tartozik, mely alapján feltételezhetjük, hogy közös őse lehet a mai házasított fajtákkal. Az *O. o. laristanica*, iráni muflonfaj a másik vadjuh, mely közel áll még a házasított juhokhoz és megjelenik a házasított juh haplocsoportok egyikében (E).

3. ábra: Haplotípus-eloszlások a cigáják és egyéb magyar fajták valamint két vadjuh között. (Popart, Median-Joining Network)

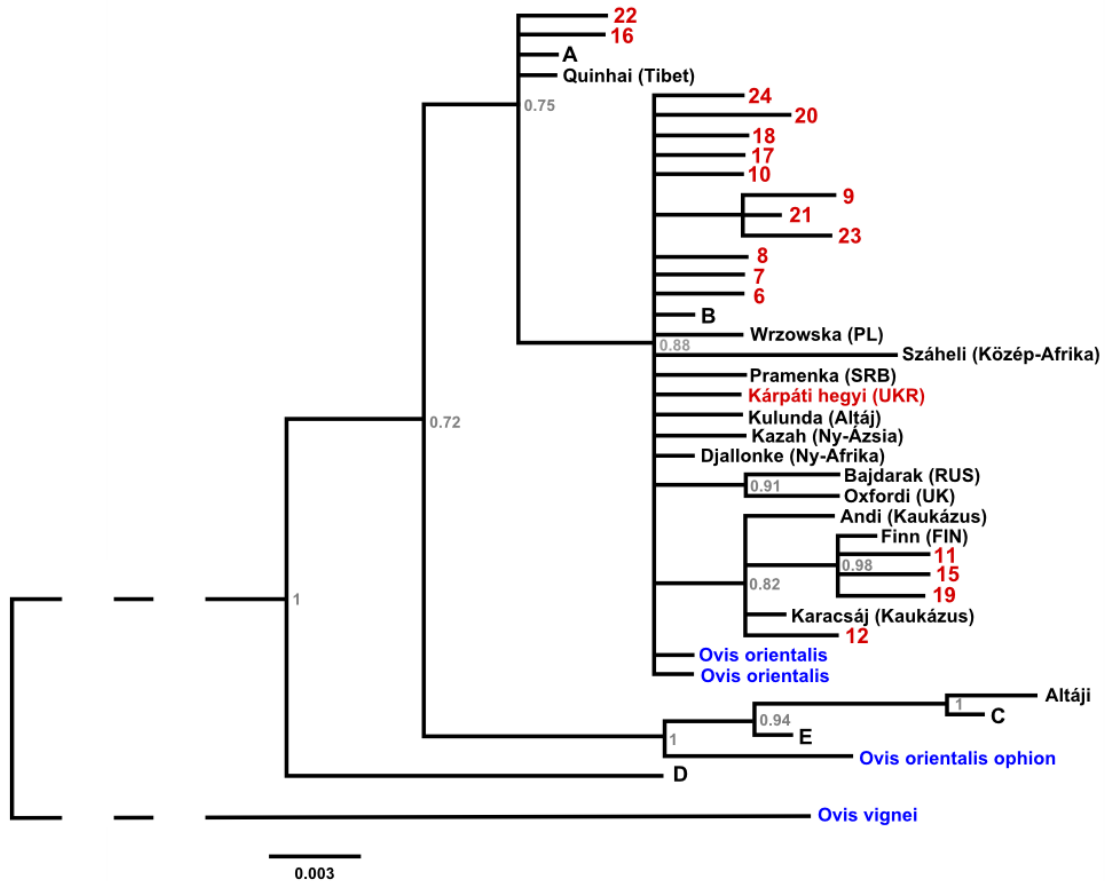


4.2.5 Filogenetikai vizsgálatok eredményei

Filogenetikai vizsgálatunknak fő célja volt a hazai cigáják filogenetikai kapcsolatainak feltárása haplotípusuk alapján, valamint a vadjuhok és házasított fajták filogenetikai kapcsolatainak mérése. Ez az analízis is megerősítette, hogy a cigáják nagy része a B haplocsoportba tartozik (4.ábra), néhány állat kivételével, akik az A haplocsoportban jelentek meg, melynek magyarázata lehet az esetleges karakül fajtaival való párosítás. Az előző haplotípus hálózaton (3.ábra) is kirajzolódott már hogy az európai muflon (*O. o. musimon*) a B haplocsoportba tartozik ahova az európai házasított juhok nagy része, így közös őst feltételezhetünk a két vonalon. Ezenkívül méréseink szerint az iráni muflon (*O. o. laristanica*) állhat még közel az *O. aries* fajta körhöz, akit a C haplocsoportba sorolhatunk. Filogenetikai elemzéseink ezeket a méréseket alátámasztják, továbbá, az *O. o. ophion* (ciprusi vadjuh) az a fajta amely az E és C haplocsoport közelében van így származásilag szintén közel állhat a házasított juhokhoz. Amint azt a bevezetésben részleteztem régebben az urial és az argali juhokat jelölték meg a házi juhok vad őseinek, azonban ezt azóta többen is cáfolták, és a mi eredményeink is a legújabb vizsgálatokat (Karpinski, 2006; Hiedler, 2002) igazolják, miszerint igen távoli rokonok, és az egyetlen vadjuh ami közel áll a házi

juhokhoz az európai muflon. A legtávolabb az *O. vignei* vagyis urial áll, ezért tettük meg ezt a fajtát külcsoportnak.

4. ábra: A hazai cigáják ($n=71$) és a génbanki referencia haplocsoportok filogenetikai kapcsolatai, külcsoport az *Ovis vignei*. A piros számok azokat a haplotípusokat jelölik melyben jelen vannak a cigáják.



Mindezek után elvégeztünk még egy analízist, melyet elsősorban más fajták génbanki szekvenciáival való összehasonlításra alapoztunk (3. melléklet). Ez esetben célunk az volt hogy felmérjük a különböző földrajzi területeken élő *Ovis aries* fajtacsoportba tartozó állatok és a vadjuhok kapcsolatát. A haplotípusok alapján rajzolt hálózat (4-5. melléklet) az előző megállapításokat támasztja alá, a Kelet-Európai juhok döntő többsége a B, kis hányada az A és C haplocsoportokhoz tartozik. A D haplocsoportban csak Közel-Keleti házi juhokat, míg az E csoportban Közel-keleti házasított juhokat és vad juhokat is találtunk (*Ovis laristanica*). A C haplocsoportot uralják az ázsiai és Közel-Keleti *Ovis aries* fajtakör tagjai. A vadjuhok nagy része nem került be a házasított juhok fő anyai vonalaiba, kivételt képez

az előzetesen már tárgyalt európai muflon, az iráni muflon és a ciprusi muflon melyek mind megjelentek 1-1 ház juh haplocsoportban.

Az őshonos állatok védelme és ezáltal tenyésztésének szakmai felügyelete igen fontos, megőrizve magas fokú genetikai varianciájukat és ezzel megakadályozva a beltenyésztéses leromlást. A törzskönyvi elemzés alapján elmondhatjuk, hogy a hazai cigája-állományok általánosságban alacsony beltenyésztettséggel, így magas genetikai varianciával rendelkeznek, mind a teljes állomány valamint a telephelyenkénti mérések tekintetében. Azonban a magas rokonsági fokokból látszik, hogy sok olyan egyed van, akik rokon párosításból származnak, így ennek elkerülésére a jövőben nagyobb figyelmet kell fordítani, mivel a beltenyésztés magas fokú növekedését segítheti elő. Számításaimból jól látszik, hogy a törzskönyvek az évek múltával egyre teljesebbek lettek, mutatva a tenyésztők együttműködését, ez hozzájárul a pontos vizsgálatok sikeréhez és a populációk genetikai változatosságának szinten tartásában. A jövőben is korrekt törzskönyvezés szükséges, mivel a genealógiai vonalak hosszú távú nyomon követése elengedhetetlen a tenyészmunka segítése és az állomány genetikai változatosságának fenntartása szempontjából. A szekvencia-analízisek kevésbé kedvező képet mutattak, habár sok esetben sajnos csak kevés mintával tudtunk dolgozni. A nukleotid-diverzitás és a variábilis pozíciók száma is alacsonynak mondható az összes cigája tekintetében, illetve a telephelyenkénti bontásban is. Jövőbeni terveink között szerepel a vizsgálat kibővítése kapcsolt CR-Cyt b régió alapján, több minta számmal. A „median-joining” hálózatokon jól látszik, hogy a hazai cigája-nyájak közel 99 %-a a B haplocsoportba tartozik, ahova a Kelet-Európai juhok nagy része, valamint a dolgozatomban kontrollként használt más magyar juhok (gyimesi racka, hortobágyi racka, cikta, merinó, sárgafejű berke) is. Ez utalhat esetleg közös anyai háttére, vagy mivel az Alpokban talált rézkori juh maradvány is B haplocsoportba sorolható, ezzel kérdésessé válik származási helyük és elterjedésük folyamata. Az egyéb fajtákkal való összehasonlítások alapján elmondhatjuk, hogy a magyar merinó áll a legtávolabb a többi őshonos fajtától, mely valószínűleg az egyéb merinó al fajtákkal történt keresztezések miatt alakulhatott így. Dolgozatomban érintőlegesen vizsgáltam a cigája és a sárgafejű berke kapcsolatát, ami azt mutatta, hogy valószínűleg csupán a cigája egy színváltozatáról van szó, melyet a kis genetikai távolság illetve a közös haplotípusok is alátámasztanak. A szakirodalomban igen sok ellentétes véleménnyel találkoztam a vadjuhok és a házi juhok származásával kapcsolatban. Azonban méréseim alapján elmondható, hogy a legújabb tanulmányok eredményeit alátámasztva, az európai muflon (*O. o. musimon*) tekinthető a háziasított juhok

legközelebbi vad rokonának, és mivel közös haplocsoportba tartoznak közös ős is feltételezhető. A régebben felvetett *O. ammon* és *O. vignei* vad fajtákkal való közeli kapcsolatot eredményeim alapján cáfolom.

Összefoglalásként elmondható, hogy a mind nagyobb támogatást nyújtó törvényi szabályozások valamint a gazdák magas szintű együttműködése a genetikai alapú tenyésztést szorgalmazó szakemberekkel egy jó kezdet az őshonos állatok, köztük a cigáják változatosságának fenntartásában. Genetikai alapú tenyész kiválasztást már régóta alkalmaznak például a kosoknál, akiket a surlókort meghatározó markerek alapján szűrnek, így a betegségre hajlamosító gént hordozó állatok nem kerülnek tenyésztésbe. Javaslatunk alapján egyrészt az anyaállatokat is szűrni kellene genetikai betegségekre, másrészt nem fenotípusos jellegek, vagy tenyész érték hanem a rokoni kapcsolatok és a genetikai állomány alapú tenyésztést javasolnánk. Eredményeim alapján javasolnám a jövőbeni tenyésztői munka erősebb szakmai támogatását, a rokonpárosítások elkerülése érdekében. Továbbá a jelen dolgozatban genetikailag beazonosított állatok genetikai értékeinek megőrzését családjaikban, fenntartva ezzel a kellő diverzitást.

5. ÖSSZEFOGLALÁS

A cigája az egyik legrégebbi juh fajta Európában. Kis-Ázsiából származik, hazánkba a 18. század végén érkezett Románia, valamint a mai Szerbia felől. A II. világháború után újabb fajták Magyarországra kerülésével, valamint a 19. század végén a jelentősebb tenyésztési programok megszűnésével a fajta elvesztette jelentőségét.

Az őshonos fajták a kis populáció méret miatt igen érzékenyek, ezért külön figyelmet kell fordítani a genetikai diverzitás fenntartására, és a génmegőrzésre. Mivel a jelenlegi állomány csupán 2109 anyajuhból és 68 apaállatból (MJKSZ, 2014a és 2014b) áll, szükségessé vált a magyarországi cigája fajta átfogó törzskönyvi elemzése és genetikai vizsgálata.

Törzskönyvi elemzéseink alapján az átlagos rokonsági fok a nyájakban enyhén magas, azonban a beltenyésztési együttható alacsony, amiből arra lehet következtetni, hogy az állományok nem térnek el szignifikánsan a Hardy-Weinberg egyensúlytól. A vizsgálatok alapján a törzskönyvek az évek múltával egyre teljesebbek lettek, ami hozzájárulhat a fajta további fenntartásában.

Genetikai vizsgálataink során, a mitokondriális DNS citokróm b régiójában 21 haplotípust azonosítottunk 22 polimorf helyről. Összehasonlítva a többi magyar juh fajtaival 14 unikális haplotípust találtunk, ami csak a hazai cigájákra jellemző. Génbanki *Ovis aries* szekvenciákat bevonva a vizsgálatba, megállapítható hogy 3 állat kivételével, amik az A haplocsoportba tartoznak, minden cigája a B haplocsoportban jelent meg.

Szintén a citokróm b szekvencia alapján vizsgáltuk a genetikai diverzitást, a nukleotid eltéréseknél igen alacsony értéket számoltunk, ami a változatosság alacsony fokára utalhat. A legkevésbé diverz az akasztói míg a legváltozatosabb a debreceni állomány. Genetikai távolság vizsgálatunk alapján, ami a csatolt kontroll-citokróm b régió alapján történt, a sárgafejű berke az őshonos magyar cigájától genetikailag nem elkülöníthető, csak egy színváltozata annak.

A házasított juhok és vadjuhok kapcsolatát is citokróm b régió alapján végeztük el, a vizsgálataink során megállapítottuk, hogy az urial és az argali juh igen messze áll származásilag az *Ovis aries* fajtakörből, annak ellenére, hogy régebbi tanulmányokban ezeket a fajtákat jelölték meg, mint a legközelebbi vadöst. A házi juhokhoz legközelebb az európai muflont (*Ovis orientalis musimon*) találtuk, amelynél a B haplocsoportba tartozás közös anyai leszármazásra utal.

Összegzésként elmondható, hogy mind a törzskönyvi elemzés, mind a genetikai analízis alapján enyhe beltenyésztettség és alacsony variancia figyelhető meg a magyarországi cigája

nyájak között. Vizsgálataink alapján javasolnánk, a tenyésztők és szakemberek szorosabb együttműködését a tenyészállatok kiválasztásakor és a párosítások megtervezésekor, hogy megakadályozhassuk az állományok leromlását, valamint a ritka gén változatok elvesztését.

6. SUMMARY

The genetic diversity of the Hungarian Tsigai herds

The Tsigai is one of the oldest sheep species in Europe. They are derived from Asia Minor and get to Hungary at the late 18th century through Romania and Serbia. After the Second World War thanks to the appearance of other species, and the end of the breeding programs the Tsigai lost their relevance role and their flocks decreased.

The autochthonous species are sensible for small population size, their inbreeding values may can grow therefore the genetic variation could attenuate easily. As the present Tsigai flock consist of just 2109 ewe and 68 ram (MJKSZ, 2014a, 2014b), need arises for a complete geneal and genetic analysis.

According to our geneal analysis, the average relatedness is mildly high, although the inbreeding coefficient is low, thus the flocks are not far from Hardy-Weinberg equilibrium. Pedigree seems to be well managed through years, which can contribute maintain the Tsigai breeds.

In the course of genetic analysis 21 haplotype were identify from 22 polymorph place based on cytochrome-b sequence. Compare to other Hungarian sheep breeds 14 unique Tsigai haplotype was revealed. Expanding the analysis with other *Ovis aries* sequences (NCBI, Genbank) expose that most of the Hungarian Tsigai rank to B haplogroup, except 3 animals whom the part of the A group.

To investigate genetic diversity with cytochrome b region also, expose a low value in the nucleotide differences, which imply for a low diversity. The most diverse population is the Debrecen flock, the less one is the Akasztó flock. Based on the genetic distance analysis, the yellow-headed Tsigai is just a color variation of Hungarian Tsigai sheep.

To identify the relationship between domesticated and wild sheep we used cytochrome b sequence also and revealed that urial and arkal sheep are far from the main domesticated lines despite of previous studies. *Ovis orientalis musimon* is the part of B haplogroup which imply a common line between them and *Ovis aries*.

In summary we revealed a mild inbreeding and a low genetic variance in the Hungarian Tsigai breeds. We advise a tighten collaboration between breeders and experts during the selection of breeding animals and the planning of coupling to avoid the decrease of flocks and to vanish the rare gene variants.

7. IRODALOM JEGYZÉK

- 4/2007. (I. 18.) FVM-KvVM együttes rendelet a védett őshonos mezőgazdasági állatfajták és a veszélyeztetett mezőgazdaság, n.d.
1993. évi CXIV. Törvény az állattenyésztésről.
URL:http://net.jogtar.hu/jr/gen/hjegy_doc.cgi?docid=99300114.TV Megtekint, n.d.
- Balog Péter, Barta Ildikó, Dobos Attila, Fügediné Berényi Ágnes, Gáll Levente, Koppány Gábor, Köbölkúti Loránd, Mayer Ta, n.d.
- Bandelt, H.-J., Forster, P., Röhl, A., 1999. Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. *Molecular biology and evolution* 16, 37–48.
- Boichard, D., Maignel, L., Verrier, E., 1997. The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. *Genetics Selection Evolution* 29, 5–23.
- Brehm, A. (1903): Tierleben. Säugetiere. Hungarian translation. Az állatok világa. Emlősök. Légrády, Budapest, n.d.
- Bruford, M.W., Townsend, S.J., 2006. Mitochondrial DNA diversity in modern sheep: implications for domestication. In: Z, n.d.
- Cinkulov, M., Tapio, M., Ozerov, M., Kiselyova, T., Marzanov, N., Pihler, I., Olsaker, I., Vegara, M., Kantanen, J., 2008. Genetic differentiation between the Old and New types of Serbian Tsigai sheep. *Genetics Selection Evolution* 40, 321.
- Darriba, D., Taboada, G.L., Doallo, R., Posada, D., 2012. jModelTest 2: more models, new heuristics and parallel computing. *Nature methods* 9, 772–772.
- Fésüs, L., 1997. Markerek segítségével végzett szelekció háziállatokban. 1. közlemény. *Állattenyésztés és Takarmányozás* 46, 289–296.
- Gáspárdy, A., 2001a. A cigája. *Magyar Állattenyésztés\Hok Lapja* 29.
- Gáspárdy, A., Eszes, F., Bodó, I., Koppány, G., Keszthelyi, T., Márton, F., 2001b. A cigája (berke) juh fajta hazai változatainak alkattani összehasonlító vizsgálata. *Állattenyésztés és Takarmányozás* 50, 33–42.
- Gáspárdy A., Sáfár L., 2014: Óshonos juhajtáink: Cigája és tejelő cigája. URL:<http://mjkszu.hu/sites/default/files/kiadva>, n.d.
- Gibson, J.P., Freeman, A.E., Boettcher, P.J., 1997. Cytoplasmic and mitochondrial inheritance of economic traits in cattle. *Livestock Production Science* 47, 115–124. doi:10.1016/S0301-6226(96)00023-1
- González-Recio, O., de Maturana, E.L., Gutiérrez, J.P., 2007. Inbreeding depression on female fertility and calving ease in Spanish dairy cattle. *Journal of dairy science* 90, 5744–5752.
- Gorkhali, N.A., Han, J.L., Ma, Y.H., 2015. Mitochondrial DNA variation in indigenous sheep (*Ovis aries*) breeds of Nepal. *Tropical Agricultural Research* 26, 632. doi:10.4038/tar.v26i4.8125
- Gutiérrez, J.P., Cervantes, I., Goyache, F., 2009. Improving the estimation of realized effective population sizes in farm animals. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 126, 327–332.

- Gutiérrez, J.P., Goyache, F., 2005. A note on ENDOG: a computer program for analysing pedigree information. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 122, 172–176.
- Hassan, A.A., El Nahas, S.M., Kumar, S., Godithala, P.S., Roushdy, K., 2009. Mitochondrial D-loop nucleotide sequences of Egyptian river buffalo: Variation and phylogeny studies. *Livestock Science* 125, 37–42. doi:10.1016/j.livsci.2009.03.001
- Hiendleder, S., Kaupe, 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. *Proceedings of the Royal Society of London B: Biological Sciences* 269, 893–904.
- Hiendleder, S., Lewalski, H., Wassmuth, R., Janke, A., 1998a. 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.
- Hiendleder, S., Mainz, K., Plante, Y., Lewalski, H., 1998b. Analysis of mitochondrial DNA indicates that domestic sheep are derived from two different ancestral maternal sources: no evidence for contributions from urial and argali sheep. *J. Hered.* 89, 113–120.
- Irwin, D.M., Kocher, T.D., Wilson, A.C., 1991. Evolution of the cytochrome b gene of mammals. *Journal of molecular evolution* 32, 128–144.
- James, J.W., 1977. A note on selection differential and generation length when generations overlap. *Animal Production* 24, 109–112.
- Karpinski, M., Junkuszew, A., Drozd, L., Gruszecki, T.M., 2006. A phylogenetic comparison of wild sheep (*Ovis musimon*) and domestic sheep (*Ovis aries*) represented by BCP synthetic line using mitochondrial cytochrome b gene sequence analysis. *Arch Tierz* 49, 310–6.
- Kukovics, S., Javor, A., 2001. Prospects for small ruminant production and consumption in Eastern Europe, in: *Proceedings of the 52nd Annual Meeting of the EAAP*. p. 251.
- Lacy, R.C., 1989. Analysis of founder representation in pedigrees: founder equivalents and founder genome equivalents. *Zoo Biology* 8, 111–123.
- Luo, Z., Meuwissen, T.H.E., 1992. Computing inbreeding coefficients in large populations. *Genetics Selection Evolution* 24, 305–313.
- MacCluer, J.W., VandeBerg, J.L., Read, B., Ryder, O.A., 1986. Pedigree analysis by computer simulation. *Zoo Biology* 5, 147–160.
- Magyar merinó. URL: <http://mjksz.hu/fajta/magyar-merino> Megtekintve:2016.04.28, n.d.
- Meadows, J.R.S., Cemal, I., Karaca, O., Gootwine, E., Kijas, J.W., 2007. Five ovine mitochondrial lineages identified from sheep breeds of the near East. *Genetics* 175, 1371–1379. doi:10.1534/genetics.106.068353
- Meadows, J.R.S., Hiendleder, S., Kijas, J.W., 2011. Haplogroup relationships between domestic and wild sheep resolved using a mitogenome panel. *Heredity (Edinb)* 106, 700–706. doi:10.1038/hdy.2010.122
- Meadows, J.R.S., Li, K., Kantanen, J., Tapio, M., Sipos, W., Pardeshi, V., Gupta, V., Calvo, J.H., Whan, V., Norris, B., others, 2005. Mitochondrial sequence reveals high levels of gene flow between breeds of domestic sheep from Asia and Europe. *Journal of Heredity* 96, 494–501.

- MJKSZ, 2014a: A 2014. évben minisített cigája kosok termelési adatai
URL:<http://mjksz.hu/sites/default/files/pdf/idk01on>, n.d.
- MJKSZ, 2014b: A cigája anyajuhok létszámadatai, tenyésztési és termelési eredményei 2014. évbni URL:<http://mjksz.hu/sit>, n.d.
- MJKSZ, 2015: A Magyar Juh- és Kecsketenyésztő Szövetség juhajtákra vonatkozó tenyésztési programja. URL:<http://mjksz.hu>, n.d.
- Nadler, C.F., Lay, D.M., Hassinger, J.D., 1971. Cytogenetic analyses of wild sheep populations in northern Iran. *Cytogenetics* 10, 137–152.
- Nei, M., 1987. *Molecular evolutionary genetics*. Columbia university press.
- Nei, M., Tajima, F., Tateno, Y., 1983. Accuracy of estimated phylogenetic trees from molecular data. *Journal of Molecular Evolution* 19, 153–170.
- Olivieri, C., Ermini, L., Rizzi, E., Corti, G., Luciani, S., Marota, I., Bellis, G.D., Rollo, F., 2012. Phylogenetic Position of a Copper Age Sheep (*Ovis aries*) Mitochondrial DNA. *PLOS ONE* 7, e33792. doi:10.1371/journal.pone.0033792
- Pedrosa, S., Uzun, M., Arranz, J.-J., Gutiérrez-Gil, B., San Primitivo, F., Bayón, Y., 2005. Evidence of three maternal lineages in Near Eastern sheep supporting multiple domestication events. *Proc. Biol. Sci.* 272, 2211–2217. doi:10.1098/rspb.2005.3204
- PopArt, URL:<http://popart.otago.ac.nz/index.shtml> Megtekintve:2016.04.28, n.d.
- Posada D. 2011: Collapse 1.2. URL:<http://darwin.uvigo.es/> Megtekintés:2016.04.28, n.d.
- Ronquist, F., Teslenko, M., van der Mark, P., Ayres, D.L., Darling, A., Höhna, S., Larget, B., Liu, L., Suchard, M.A., Huelsenbeck, J.P., 2012. MrBayes 3.2: efficient Bayesian phylogenetic inference and model choice across a large model space. *Syst. Biol.* 61, 539–542. doi:10.1093/sysbio/sys029
- Rozas, J., Sánchez-DelBarrio, J.C., Messeguer, X., Rozas, R., 2003. DnaSP, DNA polymorphism analyses by the coalescent and other methods. *Bioinformatics* 19, 2496–2497.
- Ryder, M.L., 1983. *Sheep and Man*. Duckworth, London, 846 pp. ISBN 0-71561-6552.
- Santana, M.L., Oliveira, P.S., Eler, J.P., Gutiérrez, J.P., Ferraz, J.B.S., 2012. Pedigree analysis and inbreeding depression on growth traits in Brazilian Marchigiana and Bonsmara breeds. *Journal of animal science* 90, 99–108.
- Sárgafejú berke. URL:<http://genmegorzes.hu/kov%C3%A1sznai-s%C3%A1rgafejú%C5%B1-berke.html> Megtekintve:2016.04.28., n.d.
- Staden, R., Beal, K., Bonfield, J.K., 1998. The Staden Package, *Computer Methods in Molecular Biology*, Eds, Stephen, Misener and Steve, Krawetz. Humana Press, Totowa, NJ.
- Tajima, F., 1983. Evolutionary relationship of DNA sequences in finite populations. *Genetics* 105, 437–460.
- Tamura, K., Stecher, G., Peterson, D., Filipski, A., Kumar, S., 2013. MEGA6: molecular evolutionary genetics analysis version 6.0. *Molecular biology and evolution* mst197.
- Tapio, M., Marzanov, N., Ozerov, M., Cinkulov, M., Gonzarenko, G., Kiselyova, T., Murawski, M., Viinalass, H., Kantanen, J., 2006. Sheep mitochondrial DNA

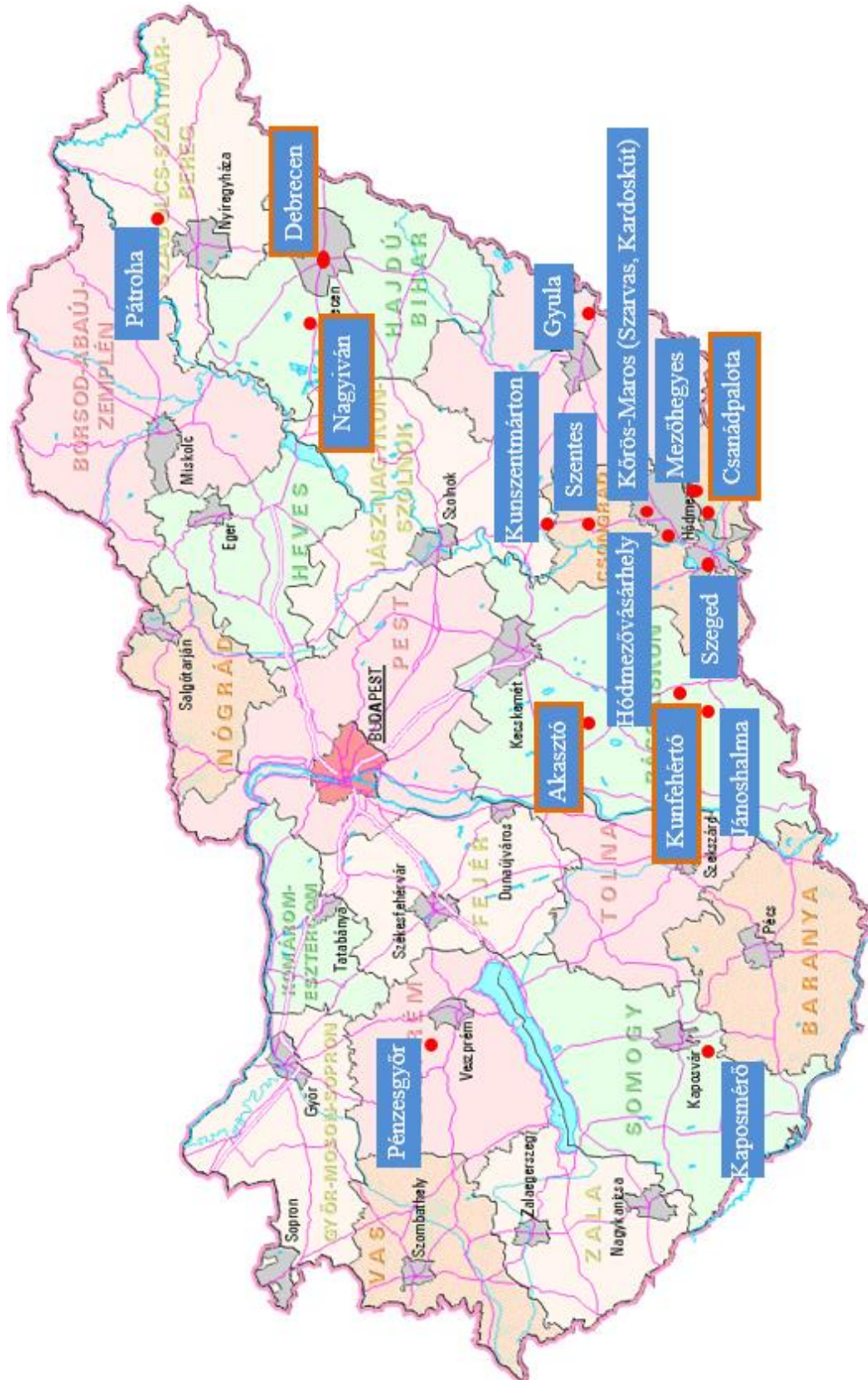
- variation in European, Caucasian, and Central Asian areas. *Mol. Biol. Evol.* 23, 1776–1783. doi:10.1093/molbev/msl043
- Vigh, Z., Csató, L., Nagy, I., 2008. A pedigréanalízisben alkalmazott mutatószámok és értelmezésük. *Állattenyésztés és takarmányozás* 57, 549–564.
- Wood, N.J., Phua, S.H., 1996. Variation in the control region sequence of the sheep mitochondrial genome. *Anim. Genet.* 27, 25–33.
- Woronzow, N.N., Korobizna, K.W., Nadler, C.F., Hofman, R., Esalajnikow, T.N., Gorelow, J.K., 1972. Chromossomi dikich baranow i proisschojdjenije domaschnich owjez. *Lriroda* 3, 74–81.
- Yüncü, E., Demirci, S., Koban Baştanlar, E., Doğan, Ş.A., Taşdemir, U., Togan, İ., 2013. Comparative study of three simple molecular approaches in search of mtDNA haplogroup identification of domestic sheep. *Small Ruminant Research* 114, 64–71. doi:10.1016/j.smallrumres.2013.05.014
- Zeuner, F.E., 1963. A history of domesticated animals. A history of domesticated animals.

8. KÖSZÖNETNYILVÁNÍTÁS

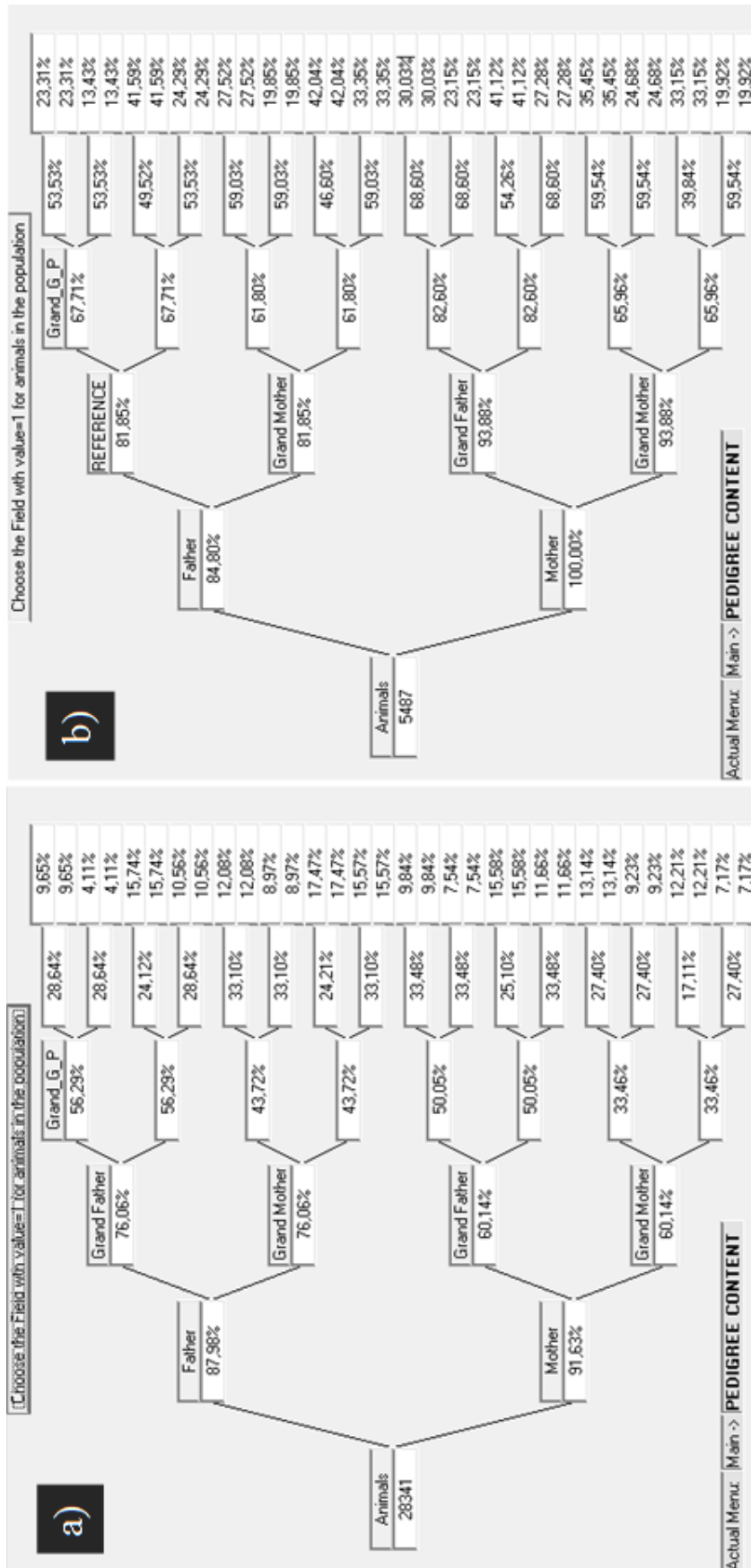
Szeretném megköszönni témavezetőmnek Prof. Dr. habil Gáspárdy Andrásnak és társ témavezetőmnek dr. Annus Katának a kutatómunkájukba való becsatlakozás lehetőségét valamint szakmai kérdésekben nyújtott segítségüket. Köszönettel tartozom Dr. Kis Jánosnak az iránymutatásért, illetve Szabó Krisztiánnak az elemzésekben nyújtott segítségért, a dolgozat megírásával kapcsolatos tanácsaiért. Köszönettel tartozom továbbá családomnak, szüleimnek és nővéremnek, akik lehetővé tették, hogy egyetemi tanulmányokat folytassak, élettársamnak, aki mérhetetlen türelmet és bizalmat adott, így stabil háttérrel biztosítottak számomra.

9. MELLÉKLETEK

1. melléklet: Magyarországi cigája-nyájak (kék négyzet), illetve a mintázott állatok származási helye (narancssárga jelölés)



2. melléklet: Pedigré teljesség a teljes törzskönyvre (a), illetve a referencia-populációra (b)

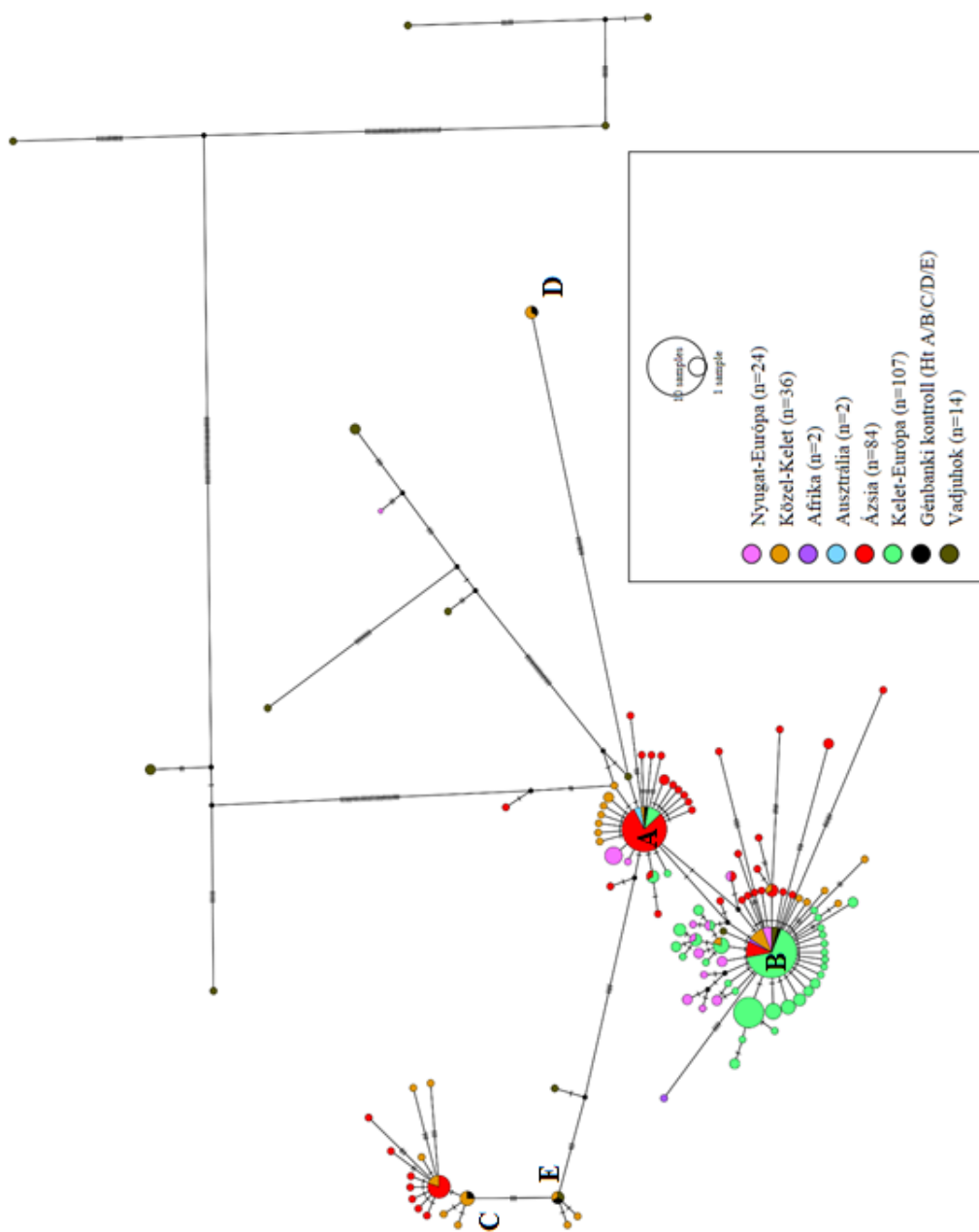


3. melléklet: A szakdolgozatban használt génbanki szekvenciák azonosító számai és adatai

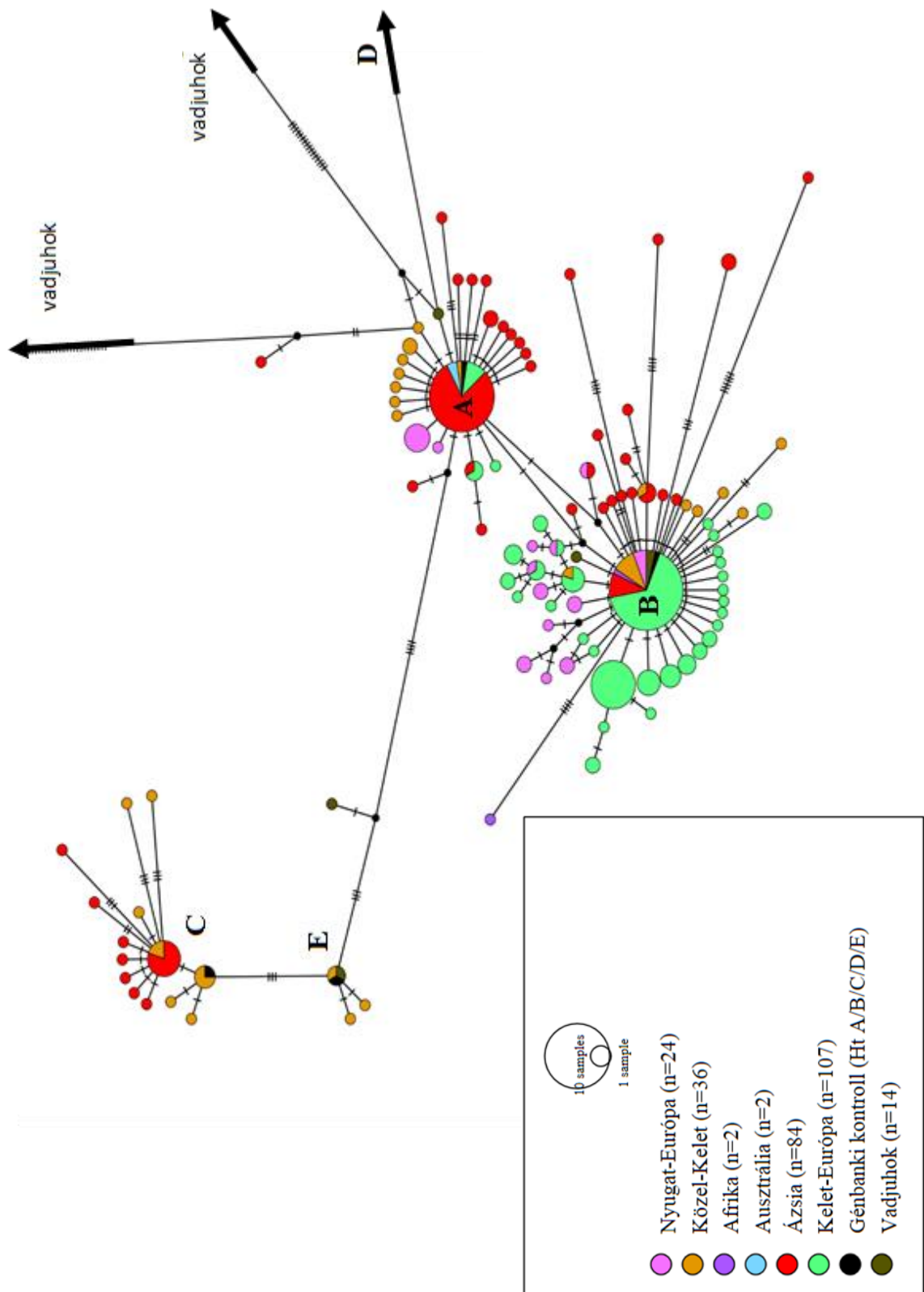
| Faj | Haplocsoport | Származási hely | Génbanki azonosító |
|------------------------------|---------------------|------------------------|---|
| <i>Ovis aries</i> | A haplotípus | | HM236174 |
| <i>Ovis aries</i> | B haplotípus | | NC_001941 |
| <i>Ovis aries</i> | C haplotípus | | HM236178 |
| <i>Ovis aries</i> | D haplotípus | | HM236180 |
| <i>Ovis aries</i> | E haplotípus | | HM236182 |
| <i>Ovis aries</i> | | Afrika | KF977845, KF977846 |
| <i>Ovis aries</i> | | Kína | DQ309016-21; DQ903208-27; KF977846-47; KJ954145; KP702285; KP981380; KR868678 |
| <i>Ovis aries</i> | | Franciaország | AF034730 |
| <i>Ovis aries</i> | | Olaszország | KF302440-62 |
| <i>Ovis aries</i> | | Törökország | DQ097407-30; HM236176-83 |
| <i>Ovis aries</i> | | Ausztrália | HM236174 |
| <i>Ovis aries</i> | | Ausztrália | HM236175 |
| <i>Ovis aries</i> | | Izrael | HE577847-50;HM236182 |
| <i>Ovis aries</i> | | | KP228657-62; KP228665; KP228668; KP228732; KP228735; KP228743; KP228754; KP228762; KP228779; KP228805; KP228816; KP228828; KP228845; KP228856; KP228869; KP228882; KP228895; KP228905; KP228938; KP228947; KP228952; KP228955; KP228961; KP228964; KP228999; KP229005; KP229013; KP229040; KP229056; KP229062; KP229074; KP229103; KP229122; KP229145; KP229166; KP229171; KP229186; KP229233; KP229236; KP229286; KP229292; KP229295; KP229297; KP981379 |
| <i>Ovis aries</i> | | Kína/Tibet | |
| <i>Ovis vignei arkal</i> | | | EU365983 |
| <i>Ovis nivicola</i> | | | JN992671 |
| <i>Ovis ammon</i> | | | L27113 |
| <i>Ovis ammon severtzovi</i> | | Üzbegisztán | EU366057 |

| | | |
|------------------------------------|----------|----------|
| <i>Ovis orientalis musimon</i> | | D84203 |
| <i>Ovis canadensis</i> | | EF206309 |
| <i>Ovis vignei kermanensis</i> | | EU366017 |
| <i>Ovis orientalis x vignei</i> | | FJ936228 |
| <i>Ovis orientalis laristanica</i> | Irán | EU365978 |
| <i>Ovis orientalis isphahanica</i> | Jordánia | EU365976 |
| <i>Ovis canadensis canadensis</i> | | AY769957 |
| <i>Ovis canadensis nelsoni</i> | | EU366059 |

4. melléklet: Haplotípus hálózat az *Ovis aries* fajtakör több földrajzi régióból származó juhokkal, valamint vadjuhokkal.



5. melléklet: Haplotípus hálózat az Ovis aries fajtakör több földrajzi régióból származó juhokkal



6. melléklet: **Belső konzulensi ellenjegyzés**

Alulírott Szabó Krisztián igazolom, hogy Pásztor Katalin, „Egy őshonos juh fajta, a cigája, anyai vonalainak genetikai változatossága” című szakdolgozatát ismerem, azt beadásra és védésre alkalmasnak tartom.

Budapest, 2016 április 29.

.....
Szabó Krisztián, tudományos segédmunkatárs
Szent István Egyetem, Állatorvos Tudományi Kar,
Biológia Intézet, Ökológiai Tanszék

7. melléklet: **Konzulensi ellenjegyzés**

Alulírott Prof. Dr. habil Gáspárdy András igazolom, hogy Pásztor Katalin, „Egy őshonos juh fajta, a cigája, anyai vonalainak genetikai változatossága” című szakdolgozatát ismerem, azt beadásra és védésre alkalmasnak tartom.

Budapest, 2016 április 29.

.....
Prof. Dr. habil Gáspárdy András
intézetvezető, egyetemi docens

Állattenyésztési és Genetikai Osztály
Állattenyésztési, Takarmányozástani és
Laborállat-tudományi Intézet

ELHELYEZÉSI MEGÁLLAPODÁS ÉS SZERZŐI JOGI NYILATKOZAT*

Név: Pásztor Katalin

Elérhetőség (e-mail cím): kpasztor@outlook.com

A feltöltendő mű címe: Egy őshonos juh fajta, a cigája, anyai vonalainak genetikai változatossága

A mű megjelenési adatai: M.Sc. szakdolgozat, 2016

Az átadott fájlok száma: 1 db pdf

Jelen megállapodás elfogadásával a szerző, illetve a szerzői jogok tulajdonosa nem kizárólagos jogot biztosít a HuVetA és a SZIA számára, hogy archiválja (a tartalom megváltoztatása nélkül, a megőrzés és a hozzáférhetőség biztosításának érdekében) és másolásvédtett PDF formára konvertálja és szolgáltatassa a fenti dokumentumot (beleértve annak kivonatát is).

Beleegyeznek, hogy a HuVetA és a SZIA egynél több (csak a HuVetA és a SZIA adminisztrátorai számára hozzáférhető) másolatot tároljon az Ön által átadott dokumentumból kizárólag biztonsági, visszaállítási és megőrzési célból.

Kijelenti, hogy a átadott dokumentum az Ön műve, és/vagy jogosult biztosítani a megállapodásban foglalt rendelkezéseket arra vonatkozóan. Kijelenti továbbá, hogy a mű eredeti és legjobb tudomása szerint nem sérti vele senki más szerzői jogát. Amennyiben a mű tartalmaz olyan anyagot, melyre nézve nem Ön birtokolja a szerzői jogokat, fel kell tüntetnie, hogy korlátlan engedélyt kapott a szerzői jog tulajdonosától arra, hogy engedélyezhesse a jelen megállapodásban szereplő jogokat, és a harmadik személy által birtokolt anyag rész mellett egyértelműen fel van tüntetve az eredeti szerző neve a művön belül.

A szerzői jogok tulajdonosa a hozzáférés körét az alábbiakban határozza meg (**egyetlen, a megfelelő négyzetben elhelyezett x jellel**):



engedélyezi, hogy a HuVetA-ban/SZIA-ban tárolt művek korlátlanul hozzáférhetővé váljanak a világhálón,



a Szent István Egyetem belső hálózatára (IP címeire) korlátozza a feltöltött dokumentum(ok) elérését,



a SZIE Állatorvos-tudományi Könyvtárban található, dedikált elérést biztosító számítógépre korlátozza a feltöltött dokumentum(ok) elérését,



csak a dokumentum bibliográfiai adatainak és tartalmi kivonatának feltöltéséhez járul hozzá (korlátlan hozzáféréssel),

* Jelen nyilatkozat az 5/2011. számú, *A Szent István Egyetemen folytatott tudományos publikációs tevékenységgel kapcsolatos adatbázis kialakításáról és alkalmazásáról* című rektori utasításhoz kapcsolódik, illetve annak alapján készült.

Kérjük, **nyilatkozzon a négyzetben elhelyezett jellel a helyben használatról is:**



Engedélyezem a dokumentum(ok) nyomtatott változatának helyben olvasását a könyvtárban.

Amennyiben a feltöltés alapját olyan mű képezi, melyet valamely cég vagy szervezet támogatott illetve szponzorált, kijelenti, hogy jogosult egyetérteni jelen megállapodással a műre vonatkozóan.

A HuVetA/SZIA üzemeltetői a szerző, illetve a jogokat gyakorló személyek és szervezetek irányában nem vállalnak semmilyen felelősséget annak jogi orvoslására, ha valamely felhasználó a HuVetA-ban/SZIA-ban engedéllyel elhelyezett anyaggal törvénytisztító módon visszaélne.

Budapest, 2016. április 28.

.....
aláírás
szerző/a szerzői jog tulajdonosa

A HuVetAMagyar Állatorvos-tudományi Archívum – Hungarian Veterinary Archive a Szent István Egyetem Állatorvos-tudományi Könyvtár, Levéltár és Múzeum által működtetett szakterületi online adattár, melynek célja, hogy a magyar állatorvos-tudomány és -történet dokumentumait, tudásvagyonát elektronikus formában összegyűjtse, rendszerezze, megőrizze, kereshetővé és hozzáférhetővé tegye, szolgáltatassa, a hatályos jogi szabályozások figyelembe vételével.

A HuVetA a korszerű informatikai lehetőségek felhasználásával biztosítja a könnyű, (internetes keresőgépekkel is működő) kereshetőséget és lehetőség szerint a teljes szöveg azonnali elérését. Célja ezek révén

- a magyar állatorvos-tudomány hazai és nemzetközi ismertségének növelése;
- a magyar állatorvosok publikációira történő hivatkozások számának, és ezen keresztül a hazai állatorvosi folyóiratok impakt faktorának növelése;
- az Állatorvos-tudományi Kar és az együttműködő partnerek tudásvagyonának koncentrált megjelenítése révén az intézmények és a hazai állatorvos-tudomány tekintélyének és versenyképességének növelése;
- a szakmai kapcsolatok és együttműködés elősegítése,
- a nyílt hozzáférés támogatása.

A SZIA Szent István Archívum a Szent István Egyetemen keletkezett tudományos dolgozatok tára.