



**A GYIMESI RACKA ÉS A CIKTA JUHFAJTÁK
VESZÉLYEZTETETTSÉGÉNEK ÖSSZEVETÉSE TELJES
PEDIGRÉVIZSGÁLATUK ALAPJÁN**

KÁRPÁTI EDINA^{1,2} – KOVÁCS ENDRE^{1,2} – POSTA JÁNOS³ – WAGENHOFFER
ZSOMBOR² – GÁSPÁRDY ANDRÁS² – GULYÁS LÁSZLÓ⁴

¹Széchenyi István Egyetem, Wittmann Antal Növény-, Állat- és Élelmiszer-tudományi
Multidiszciplináris Doktori Iskola

²Állatorvostudományi Egyetem, Állattenyésztési, Takarmányozástani és
Laborállattudományi Intézet

³Debreceni Egyetem, Mezőgazdaság-, Élelmiszertudományi és Környezetgazdálkodási
Kar

⁴Széchenyi István Egyetem, Albert Kázmér Mosonmagyaróvári Kar

ÖSSZEFOGLALÁS

A profit-orientált gazdasági környezetben kihívást jelent az őshonos fajták génvédelme. A gyimesi racka ellenálló, szilárd szervezetű fajta. Jól beilleszthető a környezet és a gazdaság harmonikus együttműködésébe, ami a fenntarthatóság lehetőségét is magában hordozza. A szerzők célja ismertetni a gyimesi racka populációgenetikai szerkezetét a cikttal összevetve. A gyimesi racka pedigréje (2005-2020) 16947 egyedet regisztrált. Az alapító ősök száma (N_j) 3838, a családok (anyai vonalak, *maternal lineages*) száma 2255 volt. Az alapító egyedek effektív száma (f_e) 67 (a referenciapopulációban 20), míg a jelentős ősök effektív száma (f_a) 56 (a referenciapopulációban 14). Utóbbiak aránya (f_a/f_e) 0,84 és 0,70 (referenciapopuláció). Mindezek felhívják a figyelmet a gyimesi racka tenyésztésének a jövőbeli gondosabb megszervezésére. Ugyanakkor a viszonyításul felhasznált kis egyedszámban tenyésztett cikttát kisebb génveszteség sújtja.

**COMPARISON OF THE ENDANGEREDNESS OF THE GYIMESI RACKA
AND CIKTA SHEEP BREEDS BASED ON THEIR WHOLE-PEDIGREE
ANALYSIS**

ABSTRACT

In a profit-oriented economic environment, the genetic conservation of native breeds is a challenge. The Gyimesi Racka is a robust sheep. It can be well integrated into a

harmonious cooperation between environment and economy, which also has the potential for sustainability. The aim of the authors is to describe the population genetic structure of the Gyimesi Racka in comparison with the Cikta sheep. The pedigree of Gyimesi Racka (2005-2020) recorded 16947 individuals. The number of families (maternal lineages) was 2255 and the number of founders (N_f) was 3838. The effective number of founders (f_e) was 67, while the effective number of ancestors (f_a) was 56 (in the reference population 20 and 14, respectively) with a f_a/f_e ratio of 0.84 (0.70 in reference population). All this calls for a more careful organisation of the breeding of the Gyimesi Racka in the future. At the same time, the Cikta with a smaller number of individuals used as a comparison suffers from less gene loss.

BEVEZETÉS

A mai mezőgazdaságban uralkodó versenyszellem hatása alatt nagy kihívást jelent az őshonos fajták génmegőrzése mellett, azok beillesztése a profitorientált gazdasági környezetbe. Az őshonos fajtáink gyakran veszélyeztetett státusz alatt állnak és megőrzésük az utókor számára nemcsak kulturális okok miatt, hanem a fenntarthatóság jegyében is fontos.

A gyimesi racka kisázsiai eredetű, főleg a Kárpátok jellegzetes kevert gyapjas állata. Csigás szarva a kosok esetében nagyobb (Gáspárdy, 2011), de nem ritka a szarvatlan, „buga” egyed sem (Dunka, 2000). Legelőn kiválóan tartható, vegyes hasznosítású fajta, de inkább a tejtermelésben teljesít említésre méltóan. Tejéből zsendicét állítanak elő, gyapjából csergét és szőnyeget is készítenek, tehát néprajzi szempontból is jelentős (Koppány, 2002). Fajtafenntartási céllal a 90-es években telepítették be kis létszámban Magyarországra.

A cikta juh őseit svábok hozták magukkal, akik főleg Tolna és Baranya megyében telepedtek le (Koppány, 2000). Finom felépítésű, barokk típusú juhok ezek. Az akkori birtokosok felfigyeltek a fajtára, tenyésztetni kezdték, ami egyúttal sikeresen alkalmazkodva hazánk adottságaihoz önálló fajtává alakult (Földi et al., 2017). Sajnos a II. világháború és az azt követő idők nem kedveztek neki, ugyanis a modern idők új tenyésztési irányzatai miatt kiszorult a termelésből.

Célul tűztük ki, hogy bemutassuk a gyimesi racka populációgenetikai szerkezetét és hogy ezt összehasonlítsuk a cikta juh helyzetével (Posta et al., 2019).

ANYAG ÉS MÓDSZER

A vizsgált juhajtók populációgenetikai tulajdonságainak a vizsgálata a Magyar Juh- és Kecsketenyésztők Szövetségének az egész országot lefedő adatbázisán alapult.

A genetikai diverzitás érzékletesebb időbeli szemléltetése érdekében a teljes populáció értékelése mellett megadtuk a referenciapopulációt is. Ez utóbbit az utolsó négy év alatt született egyedek alkották, ami megfelel a juhra jellemző nemzedékköznek.

Feldolgozásunkban az alábbi populációgenetikai paraméterek meghatározására tértünk ki: az alapító ősök száma, a genetikai beszűkülés, a genetikai sokszínűséghez való hozzájárulás aránya, a pedigrételjesség, a genetikai változatosságot befolyásoló egyedek száma, a teljes törzskönyvi állomány átlagos beltenyésztettsége anyai nemzedékek szerint és a nemzedékköz hossza a szülő-tenyészivadék kapcsolatokban.

Az alapító ősök száma (N_f – *number of founders*) azon egyedek összessége, akik ismeretlen szülői háttérrel kerülnek a törzskönyvbe. Azonban az új nemzedék létrehozásához nem minden egyed járul hozzá, vagy ha hozzá is járul, akkor nem feltétlenül egyenlő mértékben. Az alapító ősökre és a jelentős ősökre (*number of ancestors*) vonatkozó effektív számok segítségével úgy korrigálhatunk, mintha minden egyed azonos mértékben járulna hozzá a következő nemzedék létrehozásához. A genetikai diverzitás csökkenését leíró palacknyakhatásról képet kapunk, ha a jelentős ősök effektív számát (f_a – *effective number of ancestors*) arányítjuk az alapító egyedek effektív számához (f_e – *effective number of founders*). Amennyiben ez az ún. f_a/f_e érték 1 vagy ahhoz közeli, az génvesztés nélküli állapotnak tekinthető.

A pedigrételjességet több paraméterrel is kifejezhetjük. A jelenlegi kutatásban az ismert ősi sorok százalékos alakulását a születési évek és a generációk szerint határoztuk meg. A pedigré hosszára és teljességére különösen érzékeny a beltenyésztettségi együttható (Vigh *et al.*, 2008).

Egy állatpopuláció homozigotizása több mutatóval is leírható. Mi a beltenyésztettségi együttható (F – *inbreeding coefficient*, Wright, 1923) segítségével, ennek anyai nemzedékek szerinti alakulása alapján hasonlítottuk össze a két fajtát.

Lush (1945) megfogalmazása szerint a nemzedékköz (GI – *generation interval*) a szülők átlagos életkora, amikor az utódok megszületnek. Azonban a fogalom szűkebben értelmezendő, hiszen a géneknek az utódnemzedékbe való továbbadása, a következő nemzedék kialakításában résztvevő tenyészállatok esetében valósul csak meg (McManus *et al.*, 2019). A nemzedékköz hossza mind a négy leszármazási útra (apa-fia, apa-lánya, anya-fia, anya-lánya) meghatározható a tenyészállatok esetében. A nemzedékköz megnyújtásának különösen a veszélyeztetett állatpopulációkban van jelentősége, mert ennek a meghosszabbítása a genetikai diverzitás fenntartására is kedvezően hat (Gáspárdy *et al.*, 2003).

Az adatok statisztikai feldolgozása Pedigree Viewer (Kinghorn and Kinghorn, 2010), Endog (Gutiérrez és Goyache, 2005), Poprep (Groeneveld *et al.*, 2009), ill. TIBCO Statistic programokkal valósult meg.

EREDMÉNYEK ÉS ÉRTÉKELÉSÜK

A gyimesi racka állomány törzskönyve (2005 és 2020 között) 16947 egyedet számlált, míg a cikta esetében, hasonló időintervallumban (2000-2014) 3176 egyed szerepelt a törzskönyvben. Az 1. táblázat ad képet az alapító egyedek, beleértve a családok számáról. A gyimesi rackában 3838 alapító egyedet, ezen belül 2255 alapító anyát (családot) azonosítottunk, míg a ciktában 472 alapítóegyeddal és ebből 445 családdal számolhatunk.

A kos alapító ősök száma ezeknél kevesebb (gyimesi racka: 1583, cikta: 27). Špehar *et al.* (2022) az isztriai juh esetében 923 anyajuh és 282 kos alapító egyedét igazolt a fajta törzskönyvében; ezek együtt 1205 alapító egyed (N_f) jelentenek. Ezek a gyimesi racka és a cikta értékei közé esnek.

1. táblázat – Alapító egyedek és a családok száma

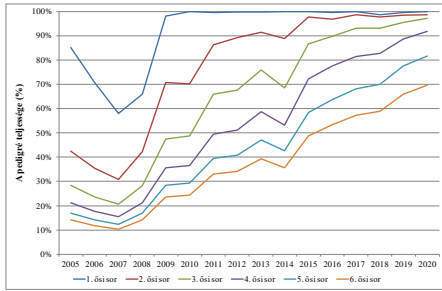
Mutató	Gyimesi racka	Cikta (Posta <i>et al.</i> , 2019)
Vizsgálati időintervallum	2005-2020	2000-2014
Törzskönyvezett egyedek száma	16947	3176
Alapító egyedek száma (N _f)	3838	472
- alapító anya egyedek (családok) száma	2255	445
- alapító kos egyedek (vonalak) száma	1583	27

A genetikai beszűkülést leíró palacknyakhatásról a 2. táblázat nyújt ismereteket. A génvesztés alakulása a gyimesi racka esetében mind a teljes, mind pedig a referenciapopulációban kedvezőtlenebb (0,84 és 0,70). Oravcová (2014) szerint Szlovákiában a keresztezett valaska (f_e : 1232, f_a : 608) és cigája juhok (f_e : 434, f_a : 264) referenciapopulációiban a f_a/f_e arány a keresztezett valaska esetében utal leginkább génvesztésre (0,49), de a cigája sem marad el sokkal ettől a kedvezőtlen értéktől (0,61). Špehar *et al.* (2022) kutatásai alapján az isztriai juhban az alapító kosok és anyák effektív száma (f_e) 105 és 137. A jelentős kos és anyák számában (f_a) ez 72-t és 95-t jelent. Az alacsony f_a/f_e arány (0,65 kosban és 0,69 anyajuhban) esetükben is utal az alapító egyedek utódainak kiesésére és az allélváltozatokban való elszegényedésre.

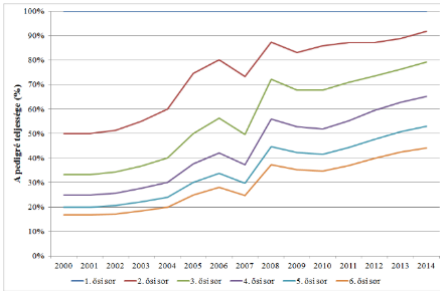
2. táblázat – A genetikai beszűkülést kifejező paraméterek a gyimesi rackában és a ciktaban (Posta *et al.*, 2019)

Mutató	Alapító ősök effektív létszáma (f_e)		Jelentős ősök effektív létszáma (f_a)		f_a/f_e	
	Gyimesi racka	Cikta	Gyimesi racka	Cikta	Gyimesi racka	Cikta
Fajta						
Teljes állomány	67	44	56	42	0,84	0,95
Referencia állomány	20	39	14	36	0,70	0,92

A pedigrelteljességet az ismert ősi sorok születési évek és generációk szerinti lefutásának az ábrázolásával fejeztük ki. Az 1. ábra jól szemlélteti, hogy mind a gyimesi rackában (1.a. ábra), mind pedig a ciktaban (1.b. ábra) korrekt a törzskönyvezés, mert egyenes vonalban nő az ismertség aránya. Legalább 4-5 generáció ismerete ajánlott ahhoz, hogy az eredményeink megbízhatóak legyenek (Boichard *et al.*, 1997). Mindkét fajtában a legfiatalabb egyedek már a 6. és a 7. nemzedékhez tartoznak.



1. a. ábra – gyimesi racka



1. b. ábra – cikta (Posta et al., 2019)

1. ábra – Az ismert ősi sorok százalékos alakulása születési évek és generációk szerint

A 3. táblázatban fajtanként az a 7-7 egyed kerül bemutatásra, amelyeknek a legnagyobb az egyedi hozzájárulása a teljes variációhoz. Ezek összességében 27, ill. 35%-ban fedik le a fajták genetikai változatosságát. Ezeknek az egyenkénti részesedése nem magasabb 10%-nál, ami egyfajta kiegyenlítettséget sugall; továbbá, ezeken belül a gyimesi racka esetében egy kivétellel kosok, míg a ciktaiban túlnyomórészt anyák járulnak hozzá a genetikai diverzitáshoz.

3. táblázat – A genetikai sokszínűséghez való hozzájárulás aránya (%; ♂ - kos, ♀ - anya)

Gyimesi racka		Cikta (Posta et al., 2019.)	
Egyed azonosítója	Teljes állomány	Egyed azonosítója	Teljes állomány
HU8272530 (♂)	9,5	HU1323083201 (♀)	7,7
HU8001016 (♂)	3,7	HU100032324 (♀)	6,2
HU206420652 (♂)	3,4	HU9901001787 (♀)	6,0
HU1104645 (♂)	3,2	HU12160692 (♀)	4,3
HU800107 (♂)	2,7	HU9901004339 (♀)	3,9
HU20642116 (♀)	2,4	HU9901004016 (♀)	3,7
HU108001710 (♂)	2,4	HU9901001310 (♀)	3,3
Összesen:	27,3	Összesen:	35,1

Azonban, a 4. táblázatból már kedvezőtlenebb kép tárul elénk, hiszen a gyimesi rackában a teljes populációhoz képest (n=16947) csak 2208 egyed, míg a ciktaiban összesen 3176 állatból csupán 476 egyed járul hozzá a teljes genetikai variációhoz. A referenciapopulációkban ennél még alacsonyabb értékeket kapunk. Ez a gyimesi racka esetében a kritikusabb, hiszen a referenciapopuláció 396 egyede mindössze 2,3%-a a teljes törzskönyvi állománynak, ami azt jelenti, hogy a populáció 98%-a gyakorlatilag nem felelős a génkészlet gazdagításáért. A cikta referenciapopulációjában a 273 egyed, a teljes populáció 8,5%-a és ez nagyobb allélgazdagságot jelent. Oravcová és Krupa (2011) az eredeti valaska juh kb. 150-200 egyedéből álló nukleuszállományában folytatott vizsgálatok alapján azt kapta, hogy a referenciapopulációban a genetikai változatosság

50%-áért 2 egyed a felelős. Isztriai juhban a genetikai variabilitás 50%-a összesen 28 kosnak és 34 anyajuhnak köszönhető (Špehar *et al.*, 2022).

4. táblázat – A genetikai változatosságot befolyásoló egyedek száma (és aránya a referenciapopulációban)

Gyimesi racka			Cikta (Posta <i>et al.</i> , 2019)		
A genetikai változatos ság aránya	A teljes állományban felelős állatok száma	A referenciapopulációban felelős állatok száma és aránya (%)	A genetikai változatos ság aránya	A teljes állományban felelős állatok száma	A referenciapopulációban felelős állatok száma és aránya (%)
50%	30	6 (0,03)	50%	17	14 (0,44)
60%	57	9 (0,05)	60%	26	20 (0,63)
70%	113	15 (0,08)	70%	42	31 (0,98)
80%	318	27 (0,16)	80%	78	52 (1,64)
90%	775	64 (0,38)	90%	174	105 (3,31)
100%	2208	396 (2,34)	100%	476	273 (8,56)

Az 5. táblázatban közölt anyai nemzedékek szerinti beltenyésztettség alakulása jól láthatóan igazolja a gyimesi racka esetében a genetikai diverzitás csökkenését, hiszen folyamatosan nő a beltenyésztettség mértéke (0,06-10,72%) és ez valószínűleg nem szerencsés a következő nemzedék vitalitása szempontjából sem. Ezzel szemben a ciktaban 1 és 2% között stagnál a beltenyésztettség. Černa *et al.* (2021) a Cseh Köztársaságban a leggyakrabban tenyésztett intenzív juhajtást, vagyis a suffolk (1,3%), a charollais (1,2%) és a texel (1,3%) beltenyésztettségének a szintjét hozták összefüggésbe a bárányok különböző időszakokban mért súlygyarapodásával és szignifikáns eredménnyel igazolták, hogy a nagyobb fokú beltenyésztettség negatívan befolyásolta a bárányok gyarapodóképességét. Kárpáti *et al.* (2022) rokontenyésztett gyimesi racka 8 anyai nemzedékének vizsgálata során természetes alapú logaritmus transzformációt végzett az adatok eloszlásának normalizálása végett. Ez esetben a beltenyésztettség az 5. nemzedékről a 8. nemzedékre kisebb mértékben emelkedett (5,70-9,54%), mint a nem normalizált értékeken számítva, tehát a beltenyésztettség értékeit a számítási mód is befolyásolja. A pedigre analízist hatékonyan egészítik ki a manapság egyre nagyobb teret kapó molekuláris genetikai módszerek. Molekuláris homozigotitást (autozigotitást) becsülhetünk közvetlen genomi információ alapján is több mikroszatellita (pl. Kovács *et al.*, 2019; Machová *et al.*, 2020) és több ezer SNP – *Single Nucleotide Polymorphism* (Ferenčaković *et al.*, 2013) értékelésével. Mitokondriális DNS (mtDNS) minták összevetésével már elemezték a gyimesi racka és a curkána (Turcana) közötti genetikai távolságot (Kusza *et al.*, 2015). Az ún. Geneseek Ovine SNP50 BeadChip alkalmazásával derült fény a fehér és fekete hortobágyi rackák ROH (*Runs of Homozygosity*) alapú egyediségére (Zsolnai *et al.*, 2021). Mészárosová *et al.* (2022)

szintén ROH és *quantitative trait loci* (QTL) alapján vizsgálták juhok genomi diverzitását és környezethez való alkalmazkodásukat.

5. táblázat – A teljes törzskönyvi állomány átlagos beltényésztettsége anyai nemzedékek szerint

Nemzedék	Gyimesi racka		Cikta (<i>Posta et al.</i> , 2019)	
	Egyedszám	Beltényésztettségi együttható	Egyedszám	Beltényésztettségi együttható
1.	2255	-	373	-
2.	6712	0,06	742	-
3.	3934	2,18	568	2,00
4.	2054	5,01	723	1,10
5.	1188	6,33	716	1,35
6.	621	8,48	487	1,39
7.	172	9,00	37	1,94
8.	11	10,72	2	0,00
Összesen, átlagosan	16947	5,22	3176	1,00

A 6. táblázatban bemutatott nemzedékek között mindkét fajta esetében az anyai kapcsolatokban nagyobb, azonban a kosok 4 év előtt kiesnek a tenyésztésből. *Annus et al.* (2015) cigája esetében az anyajuhok és a továbbtenyésztésre beállított jerek esetében átlagosan 4,39, míg a tenyészkosok és lányaik esetében 4,21 évet állapított meg a nemzedékek közötti hosszának. Az átlagos nemzedékek között a cikta juhban megközelíti a 4 évet, viszont a gyimesi rackában csak 3,64 évről beszélünk. Iráni Baluchi juhban még ennél is kedvezőtlenebbül alakul az átlagos nemzedékek között (3,33 év), ugyancsak a szülők és a tenyésztésre szánt utódok viszonylatában (*Tahmoorespur és Sheikhloo*, 2011). *Schütz et al.* (2023) adatai alapján *Kárpáti et al.* (2023) ismét természetes alapú logaritmus transzformált adatokkal vizsgálta a gyimesi racka nemzedékek közötti a tenyészivadékokban és alacsonyabb, tehát még kedvezőtlenebb értékeket kaptak (apa-fia: 2,93 év, apa-lánya: 3,02 év, anya-fia: 3,62 év, anya-lánya: 3,70 év).

6. táblázat – Nemzedékek között a szülő-tenyészivadék kapcsolatokban

Kapcsolatok	Gyimesi racka (<i>Schütz et al.</i> , 2023)		Cikta (<i>Posta et al.</i> , 2019)	
	Ivadékok száma	Nemzedékek között (év)	Ivadékok száma	Nemzedékek között (év)
Apa – fia	99	3,14 ^a	799	3,80 ^a
Apa – lánya	1069	3,29 ^a	823	3,85 ^a
Anya – fia	80	4,00 ^b	754	4,26 ^b
Anya – lánya	841	4,14 ^b	800	4,09 ^b
Összesen, átlagosan	2089	3,64	3176	3,99

^a, ^b, - az eltérő betűk statisztikailag igazolt eltérést jeleznek (P<0,05)

KÖVETKEZTETÉS

Eredményeink igazolták, hogy a gyimesi racka esetében nagyobb fokú a genetikai beszűkülés, míg a kis egyedszámmal bíró cikta juh esetében a génvesztés mértéke kedvezőbb megítélés alá esik. A gyimesi rackában a beltenyésztettség foka ugyancsak összefügg az allélokban való elszegényedéssel. Az, hogy a gyimesi rackában az átlagos nemzedékköz is kevesebb 4 évnél, szintén a génvesztés veszélyét rejti magában. Mindezekből következik, hogy a gyimesi rackában a beltenyésztettség szintjét csökkenteni szükséges, valamint törekedni kell a nemzedékköz megnyújtására, ezzel is csökkentve az esélyét az időegységre jutó genetikai veszteségnek. Az irodalom többféle számolási módot is ismer, ami kedvezőbb vagy kedvezőtlenebb irányba is módosíthatja a kapott eredményeket. Végezetül a pedigrére alapozott kutatásokat érdemes a jövőben molekuláris genetikai módszerekkel is kiegészíteni. Mindezek alapján elmondható, hogy őshonos állatfajtáink genetikai diverzitásának megőrzése érdekében megfelelő párosítási tervekre van szükség. Ezzel is hozzájárulva ahhoz, hogy a veszélyeztetett állatfajtáink génmegőrzése során ne csak az adott fajta elegendő egyedszámának a fenntartására, hanem a fajtán belül a különböző allélváltozatok sokszínűségének a megőrzésére is törekedjünk!

IRODALOMJEGYZÉK

- Annus K. – Arkenberg H. – Prikoszovich M. – Oláh J. – Maróti-Agót, Á. – Gáspárdy A.* (2015): Characterisation of the female Tsigai population by use of Hungarian herd-book data. In: Hajas P, Gáspárdy A, editors. 25 years with DAGENE. Printed by Palatia Nyomda és Kiadó Kft. Győr, ISBN 978-963-12-3101-4, 2015;108-113.
- Boichard D. – Maignel L. – Verrier É.* (1997): The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. *Genetics Selection Evolution*. 29, (1) 5–23.
- Černá M. – Milerski M. – Mušková M.* (2021): The effect of inbreeding on the growth ability of meat sheep breeds in the Czech Republic. *Czech Journal of Animal Science*. 66, (4) 122–128.
- Dunka B.* (2000): The Gyimesi Racka. In Bodó I. (ed.) *Eleven örökség – Régi magyar háziállatok*. Agroinform Kiadó, Budapest, Hungary, 56–57.
- Ferenčaković M. – Hamzić E. – Gredler B. – Solberg T.R. – Klemetsdal G. – Curik I. – Sölkner J.* (2013): Estimates of autozygosity derived from runs of homozygosity: empirical evidence from selected cattle populations. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 130, (4) 286-93.
- Földi D. – Földi Gy. – Sáfár L.* (2017): Gyimesi Racka. In Sáfár L. (ed.) *Régenhonos juh- és kecskefajtáink*. HVG Press, Budapest, Hungary, 139–179.
- Gáspárdy A.* (2011): Horn conformation by the Zackels. *Journal d’Ethnozootechnie de Roumanie*. 1, (1) 38–58.

- Gáspárdy A. – Jávorka L. – Völgyi-Csík J.* (2003): Nemzedékváltás, nemzedékköz. *Mezőhír*. 7, (3) 94-96.
- Groeneveld E. – Westhuizen B.V.D. – Maiwashe A. – Voordewind F. – Ferraz J.B.S.* (2009): POPREP: a generic report for population management. *Genetics and Molecular Research*. 8, (3) 1158–1178.
- Gutiérrez J. P. – Goyache F.* (2005): A note on ENDOG: a computer program for analysing pedigree information. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 122, (3) 172–176.
- Kárpáti E. – Becskei Zs. – Gáspárdy A. – Sáfár L. – Gulyás L.* (2022): Der Status der Homozygotie des Gyimeser Zackelschafes in Ungarn auf der Grundlage einer vorläufigen Analyse der Herdbuchdaten (Homozygosity status of Gyimes Racka in Hungary based on preliminary analysis of pedigree data). *Danubian Animal Genetic Resources*. 7, (2) 57-63.
- Kárpáti E. – Gulyás L. – Posta J. – Sáfár L. – Gáspárdy A.* (2023): The first in-deep pedigree analysis of repatriated Gyimes Racka sheep for a sustainable preservation of its genetic resource. *Chemical Engineering Transactions*. 107, 343–348.
- Kinghorn B. P. – Kinghorn A. J.* (2010): *Pedigree Viewer 6.5*. University of New England: Armidale, Australia.
- Koppány G.* (2000): A cikta juh. In: Bodó I. (ed.) *Eleven örökség – Régi magyar háziállatok*. Agroinform. Budapest, 2000. 58–59.
- Koppány G.* (2002): A gyimesi racka. In: Kútvolgyi M. (ed.) *Megőrzött ízek. Juhételek*. Timp Kft., Budapest, 18-19.
- Kovács E. – Tempfli K. – Shannon A. – Zenke P. – Maróti-Agóts Á. – Sáfár L. – Bali Papp Á. – Gáspárdy A.* (2019): STR diversity of a historical sheep breed bottlenecked, the Cikta. *The Journal of Animal and Plant Sciences*. 29, (1) 41-47.
- Kusza Sz. – Zakar E. – Budai Cs. – Csiszter LT. – Padeanu I. – Gavojdian D.* (2015): Mitochondrial DNA variability in Gyimesi Racka and Turcana sheep breeds. *Acta Biochimica Polonica*. 62, (2) 273-280.
- Lush J.L.* (1945): *Animal Breeding Plans*. Iowa State College Press, Ames, IA, USA, 443.
- Machová K. – Marina H. – Arranz J.J. – Pelayo R. – Jana Rychtářová J. – Milerski M. – Vostry L. – Suárez-Vega A.* (2023): Genetic diversity of two native sheep breeds by genome-wide analysis of single nucleotide polymorphisms. *Animal*. 17, (1) 100690
- McManus C. – Facó O. – Shiotsuki L. – De Paula Rolo J.L.J. – Peripolli V.* (2019): Pedigree analysis of Brazilian Morada Nova hair sheep. *Small Ruminant Research*. 170, (18) 37–42.
- Mészárosová M. – Mészáros G. – Moravčíková N. – Pavlík I. – Margetin M. – Kasarda R.* (2022): Within- and between-Breed Selection Signatures in the Original and Improved Valachian Sheep. *Animals*. 12, (11) 1346.
- Oravcová M. – Krupa E.* (2011) Pedigree Analysis of The Former Valachian Sheep. *Slovak Journal of Animal Science*. 44, (1) 6-12.
- Oravcová M.* (2014): Preliminary analysis of genetic diversity in improved Valachian and Tsigai breeds using genealogical information. *Veterinarija Ir Zootechnika*. 65, (87)

Posta J. – Kovács E. – Tempfli K. – Sáfár L. – Gáspárdy A. (2019): A kis létszámban átmentett cikta juh származási adatainak értékelése különös tekintettel a családokra. *Magyar Állatorvosok Lapja.* 141, 171–180.

Schütz L. – Gulyás L. – Wagenhoffer Zs. – Sáfár L. – Becskei Zs. – Gáspárdy A. – Kárpáti E. (2023): Bestimmung des Generationsintervalls in der Gyimeser Racka und seine Bedeutung bei gefährdeten Schafrassen (Determination of the generation interval in the Gyimes Racka and its importance in endangered sheep breeds). *Danubian Animal Genetic Resources.* 8, (1) 21-28.

Špehar M. – Ramljak J. – Kasap A. (2022): Estimation of genetic parameters and the effect of inbreeding on dairy traits in Istrian sheep. *Italian Journal of Animal Science.* 21, (1) 331-342.

Tahmoorespur M. – Sheikhloo M. (2011): Pedigree analysis of the closed nucleus of Iranian Baluchi sheep. *Small Ruminant Research.* 99, (1) 1–6.

TIBCO Software Inc. (2020): Data Science Workbench, version 14. tibco.com

Vigh Zs. – Csató L. – Nagy I. (2008): A pedigréanalízisben alkalmazott mutatószámok és értelmezésük. Szakirodalmi áttekintés. *Állattenyésztés és Takarmányozás.* 57. 549–564.

Wright S. (1923): Mendelian analysis of the pure breeds of livestock. *Journal of Heredity.* 14, (8) 339–348.

Zsolnai A. – Egerszegi I. – Rózsa L. – Anton I. (2021): Genetic status of lowland-type Racka sheep colour variants. *Animal.* 15, (2):100080.