

# A HORTOBÁGYI FEKETE ÉS FEHÉR RACKA GENETIKAI STÁTUSZA

ZSOLNAI ATTILA – EGERSEZGI ISTVÁN – RÓZSA LÁSZLÓ –  
MEZŐSZENTGYÖRGYI DÁVID – ANTON ISTVÁN

## ÖSSZEFOGLALÁS

A hortobágyi racka a magyar szürkemarha és a mangalica sertés mellett Magyarország egyik nemzeti jelképe. E racka juhok genetikai leírását teljes genomvizsgálattal végeztük el. A racka juhok genetikai helyzetének meghatározása, ill. más fajtákhoz való hasonlítása bővíti a ritka fajtákra vonatkozó ismereteinket. A fajtán belüli változatok genetikai jellemzése segítheti a tenyésztőket a jelenlegi és jövőbeli gazdálkodási döntésekben. A Geneseek Ovine SNP50 BeadChip segítségével 126 fekete és 128 fehér racka juh genomját vizsgáltuk. Összehasonlítás céljából 134 magyar merinót használtunk, és további 3345 állatot vettünk górcső alá 81 különböző fajtából. A főkomponens-analízis (Principal Component Analysis, PCA) azt mutatta, hogy a fehér és fekete rackák jól elkülönülő csoportokat képviselnek a többi juh fajta között. Az ROH (Runs of Homozygosity) szegmensek száma és teljes hossza azonban hasonló volt más juh fajtákéhoz, kivéve a soay fajtát. A fekete és fehér racka beltenyésztési együtthatója 0,147 és 0,133 volt. A PCA és keveredési elemzések, valamint a vizsgált 84 populáció genetikai távolságának összehasonlítása alapján azt javasoljuk, hogy a racka színváltozatait genetikailag differenciált fajtáknak tekintsük. A fekete és fehér racka-variánsok között a legnagyobb eltérést mutató markerek számos génre mutatnak rá, köztük a *HTR5A* (5-hidroxitriptamin receptor 5A), az *INSIG1* (inzulin indukált 1. gén), a *CDK5* (ciklinfüggő kináz 5) és az *MC1R* (melanokortin 1 receptor) génekre. E tanulmány eredményei elősegíthetik a racka juh egyedülálló genetikai erőforrásként való felismerését.

## SUMMARY

Zsolnai, A. - Egerszegi, I. - Rózsa, L. - Mezőszentgyörgyi, D. - Anton, I.: GENETIC STATUS OF LOWLAND-TYPE RACKA SHEEP COLOUR VARIANTS

Lowland-type Racka is an indigenous sheep breed which beside Hungarian Grey cattle and Mangalitsa pig is one of the national symbols of Hungary. However, the genetic description of Racka sheep has not yet been conducted based on whole-genome screening. By using the Geneseek Ovine SNP50 BeadChip we have sampled the genome of 126 Black and 128 White Racka sheep. For comparative purposes, we used 134 Hungarian Merinos and further 3345 animals from 81 different breeds have been included from an available database. Performance of a multidimensional scaling plot showed that White and Black Rackas represent well-separated groups among other sheep breeds and clustered separately from each other. However, the number and total length of ROH (Runs of Homozygosity) was similar to other sheep breeds, except Soay. The inbreeding coefficient (method-of-moments relatedness *F* coefficient) of Black and White Racka were 0.147 and 0.133, respectively. Based on multidimensional scaling and admixture analyses and on comparisons of genetic distances of the investigated 84 populations, we suggest considering the colour variants of Racka as genetically differentiated breeds. The most differentiated markers between Black and White Racka highlight several candidate genes including *HTR5A* (5-Hydroxytryptamine Receptor 5A), *INSIG1* (Insulin Induced Gene 1), *CDK5* (Cyclin Dependent Kinase 5) and *MC1R* (Melanocortin 1 Receptor). The results of this study help the recognition of Racka as a unique genetic resource among sheep and pave the way of application of genome screens to guide the resolution of questions arising among breeders.

<https://doi.org/10.1016/j.animal.2020.100080>

## BEVEZETÉS

A csigás szarvat viselő gyimesi racka kosoktól eltérően a hortobágyi racka V-alakú, hossz tengelyében egyenletesen pödrött szarvval rendelkezik. A szarvak átlagos hossza kosoknál körülbelül 60 cm, anyajuhnál 30 cm (Hankó, 1937). Két fő színváltozat létezik, a fehér és a teljes fekete. A fehér báránypofája és lába általában barna, a gyapjú színe a sötétbarnától a világosbarnáig és fehérig változik. Az egyedek lehetnek teljesen feketék is. A fajta első magyarországi rajzi bizonyítékát Marsigli publikálta 1726-ban. A hasonló szarvú késő középkori és oszmán kori juhok a rackákhoz hasonlítanak (Bartosiewicz, 1994, 1995; Vörös, 2002). A racka juhok (*Ovis aries strepsiceros hungaricus*) eredete ellentmondásos, elsősorban az Alföldön tenyésztették ezt a fajtát (Dunka, 2002). Egyes szerzők azt feltételezik, hogy a 9. századi magyar bevándorlók a racka őseivel együtt érkeztek a Pannon-medencébe (Gál, 1966). 1911-re az ország 7,7 millió juha között 15 000 racka élt (Dunka, 2002). 1926-ban a magyar juhokat színváltozatai szerint többféle névvel jelölték (Kovácsy, 1926). Néhány évvel később már a fekete és fehér racka elkülönített tenyésztését népszerűsítették (Hankó, 1937). Például a Debrecen város körüli állomány 21 juhtenyésztő között oszlott meg, minden állat fehér volt, és csak egy tenyésztőnek volt 150 fekete anyajuha.

1939-ben a magyar kormány kezdeményezte a racka fajta megmentési programját, de a második világháború a magyar szürkemarhához (Zsolnai és mtsai, 2020) és a mangalica sertésekhez (Bálteanu és mtsai, 2019) hasonlóan drámai mértékben visszavetette a tenyésztést. Később a racka juhokat sem kímélte a drasztikus populációzsugorodás, mindössze 1450 juh maradt tenyésztésben (Dunka, 2002). Az 1950-es évekre ez a szám 200 körülre csökkent, beleértve a fekete és fehér rackát is. A Magyar Juh- és Kecsketenyésztő Szövetség (MJKSz) alakulásakor 1200 anyajuhot számlált (Veress és mtsai, 2002). A tenyésztési tevékenység MJKSz általi ösztönzése és koordinációja következtében jelenleg 5591 törzskönyvezett fajtatípus anyajuh van, melynek 50%-a fekete (Magyar Juh- és Kecsketenyésztők Egyesülete, 2021).

A rackákat szívós állatokként ismerték, és gyakran használták keresztezésben kitartásuk és alkalmazkodóképességük miatt. A fajta hármas célú (hús, tej és gyapjú) tenyésztése ellenére jelenleg nem tud versenyezni a modern fajták magasabb termelési paramétereivel. Emiatt az állomány a Földművelésügyi Minisztérium és a Környezetvédelmi és Területfejlesztési Minisztérium közös határozata (no. 36/1994. VI. 28.) alapján védett géntartaléknak minősül.

Több kutató is foglalkozott a rackák vizsgálatával, beleértve a testösszetételt, a gyapjú minőségét és színét (Dunka, 2002), a tejtermelési (Nagy és Komlósi, 2005), valamint a hústermelési jellemzőket (Nagy és mtsai, 2004). A fajta súrlókórral szembeni rezisztenciáját Fésűs és mtsai (2008), szaporodási paramétereit Egerszegi és mtsai (2011, 2012) írták le.

Néhány, különböző gazdaságból származó állat mikroszatellit-alapú elemzését is elvégeztük (Zsolnai és mtsai, 2014), és különbségeket mutattunk ki a fehér és fekete változatok között. A vizsgált populációktól és mikroszatellit marker mennyiségétől függően az Fst érték 0,042, illetve 0,082 volt. Az előbbi kicsi, az utóbbi érték közepes differenciáltságot jelent. Más fekete és fehér racka állományokon végzett mikroszatellit elemzéseknél (Kusza, 2019), az Fst érték 0,041-nek adódott.

Vizsgálatainkban az volt a célunk, hogy i.) mintát vegyünk a racka kosok teljes populációjából ii.) megvizsgáljuk genetikai helyzetüket más juhajtákhhoz képest iii.) meghatározzuk a fekete-fehér racka populációk egymáshoz viszonyított jelenlegi genetikai állapotát és iv.) SNP elemzés alapján keressük meg a legdifferenciáltabb genomi régiót a fekete és fehér racka juhok között.

A fent említett célok között a fekete-fehér racka populációk összehasonlítása további információt biztosít a tenyésztőknek a hazai állományra vonatkozóan. A színváltozatok tenyésztésének két iránya van világszerte. Például a shetlandi, izlandi, kreol, karakul, soay, navajo churro és damara fajtákat vegyesen tartják, míg a heidschnuke, bergshaf és szomáliai (perzsa) fajták színváltozatait külön tenyésztik (Enzlin, 1996).

## ANYAG ÉS MÓDSZER

### Minták és genotipizálás

Szövetmintákat gyűjtöttünk fülporcból ( $N_{\text{fekete racka}} = 126$ ;  $N_{\text{fehér racka}} = 128$ ,  $N_{\text{magyar merinó}} = 134$ ) TypiFixTM szövetmintavevővel (AgrobioGen GmbH, 2016). Ebben a vizsgálatban a magyar merinó juhok kontrollcsoportként szerepeltek. Összehasonlítás céljából 81 fajta, 3345 egyedének adatait használtuk (Kijas és mtsai, 2012).

Az egy pontos nukleotid-polimorfizmusok vizsgálatát (SNP-ek) Ovine SNP50 BeadChip-en (Illumina, San Diego, CA) a Neogen Corporation (Skócia, Egyesült Királyság) végezte.

A nyers adatok minőségét (Bâlleanu és mtsai, 2019) az SNP & Variation Suite v.8.8.1 szoftverrel (Golden Helix, Bozeman, MT, USA) ellenőriztük. Azok az autoszomális markerek maradtak az adathalmazban, amelyek sikeres tipizálási aránya 95% feletti, ill. a kisebb alléfrekvenciával rendelkező allél gyakorisága 0,05

1. táblázat

Diverzitási statisztikák a kiválasztott juhpopulációkra vonatkozóan

| Fajta         | N(1) | $F_{\text{ROH}}$ (2) | $H_o$ (3) | $H_e$ (4) | F(5)  |
|---------------|------|----------------------|-----------|-----------|-------|
| fekete racka  | 123  | 0,092                | 0,339     | 0,398     | 0,147 |
| fehér racka   | 127  | 0,077                | 0,345     | 0,398     | 0,133 |
| magyar merinó | 130  | 0,031                | 0,369     | 0,398     | 0,071 |
| soay          | 110  | 0,185                | 0,268     | 0,376     | 0,286 |
| sakiz         | 22   | 0,108                | 0,335     | 0,376     | 0,108 |
| tibeti        | 37   | 0,080                | 0,325     | 0,376     | 0,136 |
| changthangi   | 28   | 0,085                | 0,333     | 0,376     | 0,113 |
| skót texel    | 80   | 0,084                | 0,352     | 0,376     | 0,063 |

N: vizsgált minták száma;  $F_{\text{ROH}}$ : az autoszomális genom homozigóta szegmensek által lefedett aránya;  $H_o$ : megfigyelt heterozigotizás;  $H_e$ : várt heterozigotizás; F: beltenyésztettség együttható

Table 1. Diversity statistics calculated over the selected set of sheep populations

number of sampled individuals (1); proportion of the autosomal genome covered by runs of homozygosity (2); observed heterozygosity (3); expected heterozygosity (4); inbreeding coefficient (5)

feletti volt. A 95% feletti hasonlósági értéket mutató mintákat nem vettük figyelembe. A szűrés lépések után a vizsgált állatok végső száma a következő volt:  $N_{\text{fekete\_racka}} = 123$ ,  $N_{\text{fehér\_racka}} = 127$ ,  $N_{\text{magyar\_merinó}} = 130$  (1. táblázat). A számításokhoz 47 969 SNP-t használtunk.

### Populációgenetikai vizsgálatok

A főkomponens analízis (PCA), hasonlósági együttható (IBS), a megfigyelt ( $H_o$ ) és a várt ( $H_e$ ) heterozigotizáció, illetve a rokonsági együttható értékeinek meghatározásához (Fst) a PLINK v1.9 (Purcell és mtsai, 2007) és az SNP & Variation Suite v.8.8.1 (Golden Helix, Bozeman, MT, USA) szoftvereket használtuk. A beltenyészettségi együttható számolása: (megfigyelt - homozigóta markerek várt száma) / (genotipizált markerek száma - homozigóta markerek várt száma). A homozigóta markerek várt számát a  $\sum_{j=1}^L (1 - 2p_jq_j \frac{T_j}{(T_j-1)})$  képlettel számoltuk, ahol

L a genotipizált markerek száma, p és q az allélok frekvenciái, T a sikeresen genotipizált markerek számának kétszerese a j-ik marker esetében.

A homozigotizációs szegmensek (ROH) hosszának meghatározása a PLINK v.1.9 szoftverrel történt (Purcell és mtsai, 2007). Az ROH minimális hossza 1 Mb, az SNP-k sűrűsége egy SNP/100 Kb volt. A szomszédos SNP-k között legfeljebb 1000 Kb távolságot engedtünk meg. A szkennelési ablak 50 SNP szélességgel bírt. Az ROH-kat négy csoportba soroltuk: 1-től ≤5 Mb-ig, 5-től ≤15 Mb-ig, 15-től ≤30 Mb-ig és >30 Mb-ig. Az egyes ROH kategóriák esetében a fajtánkénti ROH átlagos összegét úgy határoztuk meg, hogy figyelembe vettük egy adott egyedben lévő összes ROH hosszának összegét a fent leírt kategóriák mindegyikében. A fajta beltenyészettségi együtthatója az egyedek átlaga volt, ahol a teljes ROH hosszt elosztottuk a teljes genom hosszával.

2. táblázat

**A legeltérőbb lókuszok listája a fekete-fehér racka összehasonlításában**

| Marker neve (1)  | Kromoszóma és pozíció (2) | p (BayeScan) (3) | Fst (4) | $-\log_{10}p$ (MLMM) (5) | FDR (MLMM) (6) |
|------------------|---------------------------|------------------|---------|--------------------------|----------------|
| s23796.1         | 4:115291025               | 0,9994           | 0,500   | 3,31                     | >0,02          |
| OAR14_1934876.1  | 14:1448038                | 0,9996           | 0,530   | 3,20                     | >0,02          |
| s56439.1         | 14:12172887               | <0,97            | 0,377   | 8,41                     | 6,6e-5         |
| s60777.1         | 14:13512675               | 0,9980           | 0,466   | 8,52                     | 7,8e-5         |
| s08817.1         | 14:14274099               | 0,9990           | 0,557   | 12,71                    | 1,1e-8         |
| OAR14_15167099.1 | 14:14858021               | 1                | 0,563   | 2,03                     | >0,02          |

p (BayeScan): BayeScan program által kiszámolt p értékek;  $-\log_{10}p$  (MLMM):  $-\log_{10}p$  értékek multi-lókusz mixed modell algoritmussal számolva; Fst: markerek genetikai távolsága a racka populációk között; FDR: hibás felderítési arány

Table 2. List of putative loci under selection in comparison of Black and White Racka

name of the marker (1); chromosome and position (2); p values obtained BayeScan program (3);  $-\log_{10}$  transformed p values obtained by multi-locus mixed-model algorithm (4); genetic distance value of the marker between the Racka variants (5); FDR= false discovery rate (6)

Az admixture elemzést az ADMIXTURE v.1.3 szoftverrel (Alexander és mtsai, 2009) végeztük  $K = 2$  és  $K = 13$  értékek között. Az optimális klaszterszám ( $K$ ) meghatározása a keresztellenőrzési hiba (Alexander és Lange, 2011) minimális értéke alapján történt.

Három különböző teljes genomvizsgálatot végeztünk fekete és fehér racka juhok között: i.) BayeScan 2.1 szoftver alkalmazásával (Foll és Gaggiotti, 2008) az alapértelmezett beállításokkal, ii.) a markerek Fst távolságának meghatározásával, és iii.) a multi-lókuszos vegyes modell alkalmazásával (Segura és mtsai, 2012; Zsolnai és mtsai, 2020). Az Oar3.1 genomot felhasználva (GCA\_000298735.1), az egyes módszerek legjobb találatainak ( $p$  értékek, Fst,  $-\log_{10}P$  és FDR alapján) környezetét vizsgáltuk meg (2. táblázat).

## EREDMÉNYEK

### *Autoszomális diverzitás és populációszerkezet*

A PCA ábrákon a magyar merinók a merinó csoport mellett helyezkednek el, a hortobágyi rackák pedig jól elkülönülő csoportot képviselnek a Kijas és mtsai (2012) által világszerte gyűjtött 81 fajta között. (1. A-B ábra) Az első, második és harmadik komponens sajátértékei rendre 42,91, 29,05 és 25,32. A fekete-fehér rackák PCA analízise kimutatta, hogy ezek a színváltozatok lényegesen különböznek egymástól (1. C-E ábra). A komponensek sajátértékei 4,86, 1,97 és 1,54.

Összehasonlítási okokból néhány fajtát az 1.A ábra „V” ágairól, a merinó csoportot pedig a „V” alak aljáról választottunk ki. A soay, texel, tibeti és changthangi fajták azért kerültek kiválasztásra, mert szélsőséges pozíciót foglalnak el az PCA ábrán. A tibeti és a changthangi fajta egymás közeli rokonai. A sakizt Törökországban tenyésztik, genetikai helyzete a merinó és a tibeti-csangthangi pár között van (1.B ábra).

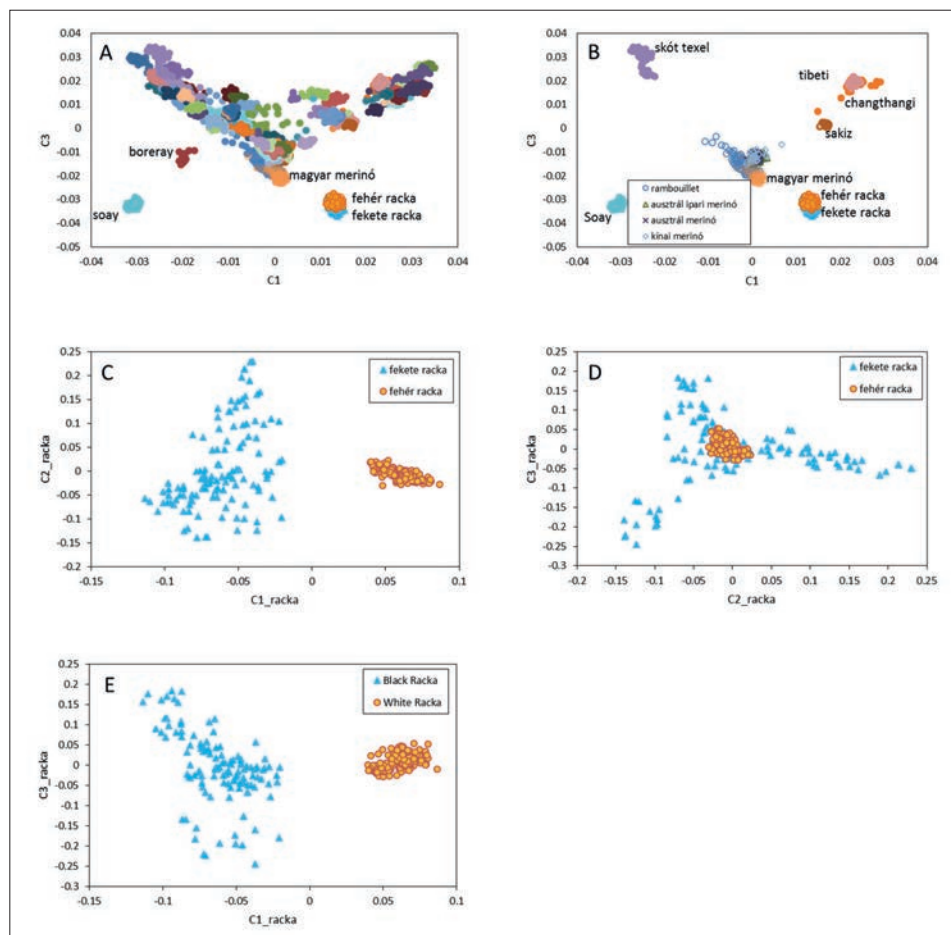
A racka-változatok és a kiválasztott fajták leíró statisztikáinak összehasonlításában (1. táblázat) a megfigyelt és a várható heterozigotizációk 0,339-0,398 között mozogtak. A fekete-fehér racka beltenyésztési együtthatója ( $F$  koefficiens) 0,147 és 0,133 volt, míg a magyar merinó esetében ez az érték 0,071 (1. táblázat). A ROH szegmensek által lefedett genom legkisebb aránya a magyar merinókban volt ( $F_{ROH}=0,031$ ). A legmagasabb  $F_{ROH}$  értéket (0,185) a soay juhok mutatták.

A fekete-fehér racka páronkénti populációs távolsága (Fst) 0,045 volt (S1 kiegészítő táblázat, teljes táblázat elérhető:

<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1751731120300823#ec0005>)

Az admixture elemzéseket  $K = 2$  és 13 között végeztük (S2 kiegészítő ábra, elérhető: <https://ars.els-cdn.com/content/image/1-s2.0-S1751731120300823-mmc1.pdf>). A legvalószínűbb  $K$ -érték (2. ábra) 8 volt, amikor a fekete és fehér racka együtt szerepelt a vizsgálatban. A színváltozatok külön-külön történő vizsgálatokor a  $K$ -értékek 5 és 3 voltak. A magyar merinót hozzáadva a rackák csoportjához, az optimális  $K$ -érték 7-nek adódott.

1. ábra Főkomponens analízis eredménye



A.) rackák és egyéb juhok kapcsolatai 82 fajtából. C1 = 1. komponens (sajátérték = 43,097), C3 = 3. komponens (sajátérték = 25,341).

B.) Néhány kiválasztott fajta a „V” ágaiból és az A ábra „V” alakjának aljáról választott merinó csoport C.), D.) és E.) a fekete-fehér rackák kapcsolata. C1\_racka = 1. komponens (sajátérték = 4,846), C2\_racka = 2. komponens (sajátérték = 1,968), C3\_racka = 3. komponens (sajátérték = 1,537)

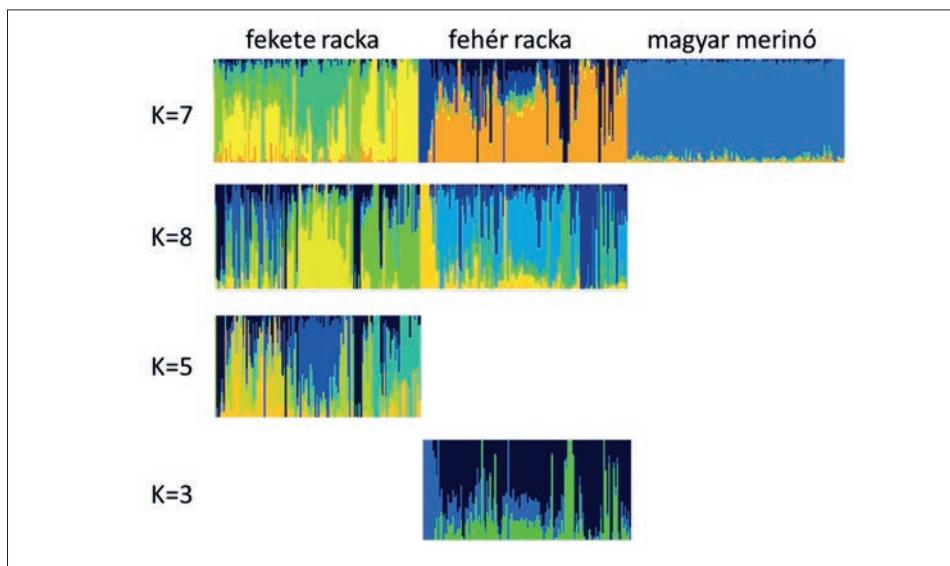
Figure 1. Multidimensional scaling plot depicting

A.) the relationships of Racka animals and other sheep from 82 breeds. C1=1st component (eigenvalue = 43.097), C3=3rd component (eigenvalue=25.341).

B.) A few selected breeds from the branches of “V” and the Merino group from the bottom of “V” shape seen on subplot A.

C.), D.) and E.) the relationship between black and white Racka variants. C1\_racka=1st component (eigenvalue = 4.846), C2\_racka=2nd component (eigenvalue=1.968), C3\_racka=3rd component (eigenvalue=1.537)

**2. ábra** A fekete-fehér racka és a magyar merinó admixture elemzése különböző kontextusban, négy sorban bemutatva



Azon K értékeket (a feltételezett klaszterek száma) ábrázoljuk, ahol a keresztellenőrzési hibák a legalacsonyabb értéket mutatták. Minden állatot egyetlen oszlop képvisel, K színes szegmensre osztva.

*Figure 2. Admixture analyses of Black and White Racka and Hungarian Merino in different contexts presented in four rows*

K values (the number of assumed clusters) have been selected, where the cross-validation errors displayed its lowest values. Each individual is represented by a single column divided into K coloured segments.

### *Homozigóta szegmensek eloszlása*

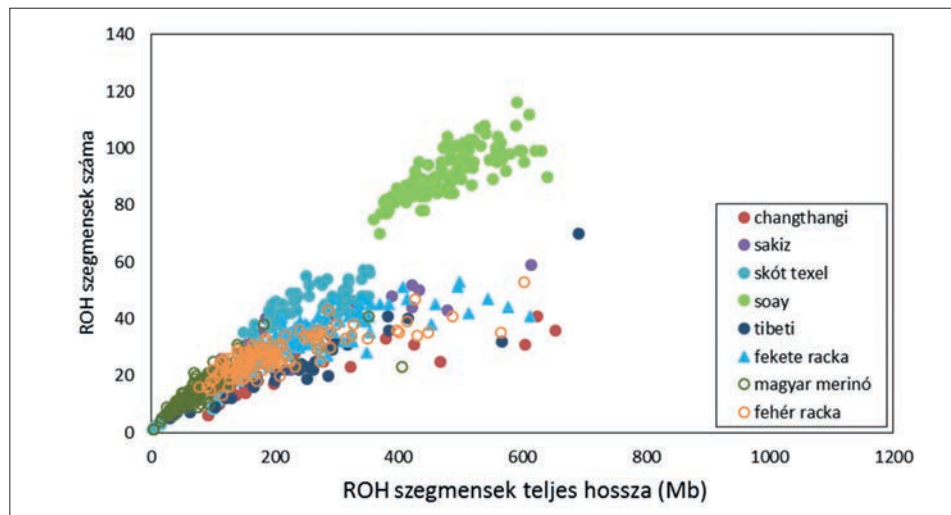
Nyolc juhcsoporthoz jellemeztük a ROH hosszát és eloszlását (3. ábra). A rackák genomiális lefedettségének és ROH-számának mintázata hasonló a többi fajtához, kivéve a soay-t. ROH szegmensek (több mint 450 Mb) észlelhetők a soay fajta legtöbb egyedében, valamint számos racka és changthangi egyedben.

Ugyanez a tendencia volt megfigyelhető néhány sakiz és tibeti állatnál. A ROH kategóriák összehasonlításakor (4. ábra) a changthangi a >30Mb kategóriában, a soay pedig a rövid (0-5 Mb) és a közepes (5-15 Mb) kategóriában mutatta a legmagasabb értéket. A ROH átlag a magyar merinókban a legalacsonyabb a középkategóriában (5-30 Mb). A fekete és fehér racka esetében a különböző ROH kategóriák átlagértékei hasonlóak egymáshoz.

### *Teljes genom vizsgálatok*

A BayeScan program 13 szelekció alatt álló lókuszt tárt fel ( $p > 0,99$ ), ahol 13 lókuszból 10 a 14. kromoszómán található. (Az öt legjobb találatot a 2. táblázat mutatja be). A markerek Fst értékei egyetlen csúcsot mutattak ugyanazon a kro-

**3. ábra** A homozigóta szegmensek (ROH) száma és teljes hossza a kiválasztott juhpopulációkban



Az egyes genomokban becsült ROH-számot (y-tengely) az ROH teljes méretéhez viszonyítva ábrázoljuk.

Figure 3. Number and total length of runs of homozygosity (ROH) in selected sheep populations

The number of ROH estimated in each individual genome (y-axis) is plotted against total ROH total size (i.e. the number of Mb covered by ROH in each genome, x-axis).

**4. ábra** A kiválasztott juhpopulációkban azonosított homozigóta szegmensek (ROH) osztályozása méretük (x tengely) és ROH átlagos összege (y tengely, megabázisban mérve) alapján az egyes ROH kategóriákon belül, fajtánként átlagolva

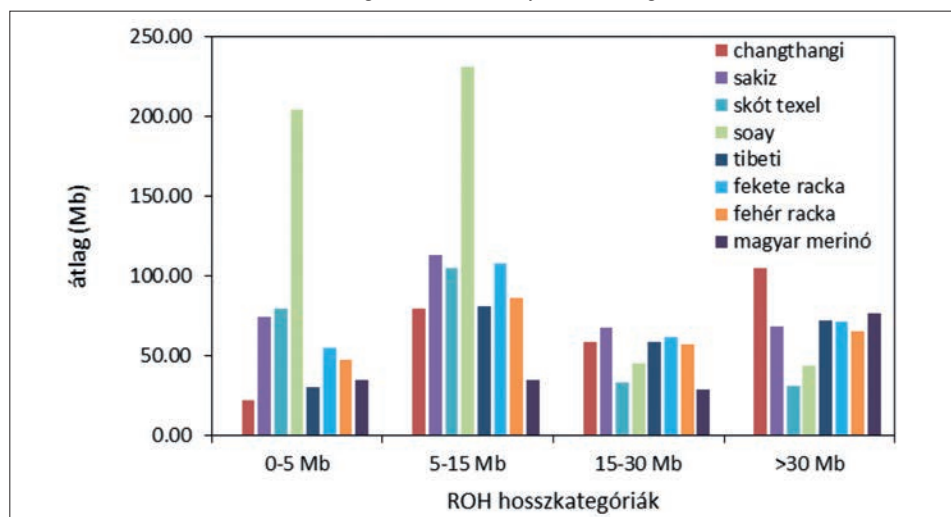


Figure 4. Classification of the runs of homozygosity (ROH) identified in selected sheep populations based on their size (x-axis) and mean sum of ROH (y-axis, measured in megabases) within each ROH category and averaged per breed.

moszómán; Az első három lókuszt ( $F_{st} > 0,500$ , (OAR14\_1934876.1, s08817.1 és OAR14\_15167099.1, (2. táblázat)) a fent említett 10 lókuszt között található. Több lókuszos vegyes modell alkalmazásakor az s08817 lókusznak volt a legmagasabb értéke ( $-\log_{10}p = 12,71$ , 2. táblázat).

## MEGVITATÁS

PCA-elemzésünk alapján a rackák egyedülálló klasztert képviselnek a *Kijas és mtsai* (2012) által mintavételezett többi fajtához képest (1.A-B ábra). A racka variánsok külön analízise feltárta a színváltozatok differenciáltságát (1.C-D-E ábra).

A racka variánsok keveredését magyar merinóval együtt vizsgáltuk. A rackák  $K=2$ -nél homogén fajtát alkotnak. A hármas érték felett ( $K \geq 3$ ) elkezdnek szétválani, és finomabb struktúrák kezdenek megmutatkozni a két változaton belül (S2.A kiegészítő ábra). Az optimális  $K$ -t  $K=8$ -nál érjük el. A fekete és fehér rackavariánsok külön elemzése  $K = 5$  és  $K = 3$  értékeket adott (S2.C-D kiegészítő ábra), és hasonló mintákat látunk, mint amelyeket a két csoport  $K = 8$ -nál mutatott (S2.B kiegészítő ábra). A fent említett optimális  $K$ -értékek mintázatait a 2. ábra foglalja össze. Amikor más, nem magyar fajtákat is bevontunk az admixture analízisbe, a két racka csoport megőrizte homogenitását  $K=2$ -ről  $K=4$ -ig. A rackák finom szerkezete  $K=8$ -tól, illetve  $K=10$ -tól kezdett feltárulni (S3 kiegészítő ábra, elérhető: <https://ars.els-cdn.com/content/image/1-s2.0-S1751731120300823-mmc1.pdf>).

A fent bemutatott admixture elemzések eredményei összhangban vannak az PCA vizsgálattal (1. ábra A-E), és megerősítik, hogy a racka jól elkülönül a világ többi fajtájától, és két külön csoportra osztható. A racka a legmegkülönböztethetőbb fajták közé tartozott az európai fajták viszonylatában is (*Ciani és mtsai*, 2020).

Megfigyeltük továbbá, hogy a racka állatok között hosszú ROH szegmensek találhatók (3. és 4. ábra), összhangban a második legmagasabb beltenyésztési értékünkkel ( $F = 0,147$  és  $0,143$ ) a soay fajta után (1. táblázat). E tulajdonság különös figyelmet igényel a tenyésztőktől a beltenyésztés minimalizálása érdekében.

Az  $F_{st}$ -értékek alapján a különböző fajták közötti távolságot vizsgálva mikroszatellitek segítségével a merinó és az île de France  $0,046$ , míg a merinó és cigája  $0,048$  értéket mutatott (*Zsolnai és mtsai*, 2014). Az  $F_{st}$ -k  $0,029$ ,  $0,028$  és  $0,023$  voltak a görög orino és lesvos, a török turcana és az albán ruda (*Peter és mtsai*, 2007), valamint a kínai hu és han fajták (*Sun és mtsai*, 2010) viszonylatában.

Jelen tanulmányban az SNP-alapú páronkénti  $F_{st}$  értékek  $0,005$  és  $0,391$  között változtak. 3403 párból 59 alacsonyabb értéket mutatott, mint a fekete és fehér racka ( $F_{st} = 0,045$ ) (S1. kiegészítő táblázat), beleértve pl. új-zélandi texel - német texel, magyar merinó - kínai merinó és tej lacaune - hús lacaune párosokat.  $F_{st}=0,045$  értékeket mértünk a leccese - ausztrál merinó, a rasa aragonesa - kínai merinó, a leccese - ausztrál polled merinó, a fehér racka - fekete racka és a churra - castellana populációk között.

Mind a PCA, mind az admixture-elemzések bizonyítékot szolgáltatottak a fekete és fehér rackák elkülönülésére. A fekete és fehér rackák genetikai differenciálódási szintjének meghatározása után ezen értéket összehasonlítottuk más fajtapárok értékeivel. 67 olyan fajtapárt találtunk, amely  $F_{st}$ -értéke megegyezik vagy alacso-

nyabb a fekete-fehér pár értékénél. E párok kétségtelenül különböző fajtáknak tekinthetők. A színváltozatok elkülönített vagy egyesített tartása (Enzlin, 1996) mindenképpen a tenyésztők döntésétől függ. A bemutatott elemzések és más fajtákkal-párokkal való összehasonlítások alapján a különböző racka színváltozatok genetikailag differenciált fajtákként való elismerését javasoljuk.

A racka fajták viszonylatában a genomvizsgálataink több szelekció alatt álló SNP-t tártak fel.

A 4. kromoszómán, az s23796.1 markerhez (2. táblázat) az egyik legközelebbi gén az 5-hydroxytriptamin receptor 5A-t (HTR5A) kódolja. A gén eltérően metilálódik stressz hatására, és összefüggésben áll a szarvasmarhák temperamentum-pontszámával (Littlejohn és mtsai, 2020). A fekete racka, annak temperamentum tesztjeiben, fokozott nyugtalanságot mutatott a fehér rackához képest, amelyet a vér magasabb kortizol és fruktózin szintje támasztott alá (Pajor és mtsai, 2017). A második legközelebbi gén az INSIG1 (Insulin Induced Gene 1), illetve a HTR5A a szarvasmarhák tejkoleszterin-tartalmával kapcsolatos (Do és mtsai, 2018). Juhok esetében a halolaj táplálékkiegészítő által kiváltott tejdepresszió során az INSIG1 alacsonyabb mennyiségű RNS-t állít elő (Carreño és mtsai, 2016). Az s23796.1 marker 5' régiójában a CDK5 (Cyclin Dependent Kinase 5) egy várományos gén lehet a fekete és fehér rackák viszonylatában. A juhoknál a CDK5 részt vesz a felnőttkori neurogenesisben (Batailler és mtsai, 2016), illetve a CDK5 különböző vemhességi időpontban mért immunpozitív sejtjeinek területi sűrűsége eltérő az agykéregben (Quezada és mtsai, 2020). Egerekben a CDK5 funkcionális szerepét igazolták a melanogenesisben és az epidermális szerkezetben; A CDK5 alulrepresentáltságának előidézése a szőrzet világosabb színét, a melanin polarizált eloszlását és a bazális keratinociták hiperproliferációját eredményezte (Dong és mtsai, 2017).

A 14. kromoszómán találtunk néhány szelekció által érintett markert. A három módszerrel kiemelt s08817.1 marker körül egy gén erős jelölt a szőrszín differenciálódására rackában, amely az MC1R (Melanocortin 1 Receptor) fehérjét kódolja. Az MC1R lókuszt alléljeit a svéd finomgyapjas (Rochus és mtsai, 2019) és a pramenka (Fontanesi és mtsai, 2012) juhok fekete szőrszínével társítják.

## KÖSZÖNETNYILVÁNÍTÁS

A szerzők köszönetüket fejezik ki a Agrárminisztérium anyagi támogatásáért.

## IRODALOMJEGYZÉK

- Alexander, D. H. – Lange, K. (2011): Enhancements to the ADMIXTURE algorithm for individual ancestry estimation. BMC Bioinformatics 12. 246.
- Alexander, D. H. – Novembre, J. – Lange, K. (2009): Fast model-based estimation of ancestry in unrelated individuals. Genome Res., 19. 1655–1664.
- Agrobiogen GmbH (2016): Scrapie Resistenz. Agrobiogen GmbH Biotechnologie. URL: <http://www.agrobiogen.de>. Accessed: 25 March 2016
- Bálteanu, V. A. – Cardoso, T. F. – Amills, M. – Egerszegi, I. – Anton, I. – Beja-Pereira, A. – Zsolnai, A. (2019): The footprint of recent and strong demographic decline in the genomes of Mangalitzsa pigs. Animal, 13. 2440–2446.

- Bartosiewicz, L. (1994): Megjegyzés a rackajuh középkori előfordulásához Vácott. Váci Könyvek 7. 213–214. Vak Bottyán Múzeum, Vác, Hungary
- Bartosiewicz, L. (1995): Animals in the urban landscape in the wake of the Middle Ages. Tempus Reparatum, Oxford: British Archeological Reports International Series (Book 609) Oxford, United Kingdom
- Batailler, M. – Derouet, L. – Butruille, L. – Migaud, M. (2016): Sensitivity to the photoperiod and potential migratory features of neuroblasts in the adult sheep hypothalamus. *Brain Struct. Funct.*, 221. 3301–3314.
- Carreño, D. – Hervás, G. – Toral, P. G. – Castro-Carrera, T. – Frutos, P. (2016): Fish oil-induced milk fat depression and associated downregulation of mammary lipogenic genes in dairy ewes. *J. Dairy Sci.*, 99. 7971–7981.
- Ciani, E. – Mastrangelo, S. – Da Silva, A. – Marroni, F. – Ferenčaković, M. – Ajmone-Marsan, P. – Baird, H. – Barbato, M. – Colli, L. – Delvento, C. – Dovenski, T. – Gorjanc, G. – Hall, S. J. G. – Hoda, A. – Li, M. H. – Marković, B. – McEwan, J. – Moradi, M. H. – Ruiz-Larrañaga, O. – Ružić-Muslić, D. – Šalamon, D. – Simčič, M. – Stepanek, O. – Econogene Consortium – Sheephapmap Consortium – Curik, I. – Cubric-Curik, V. – Lenstra, J. A. (2020): On the origin of European sheep as revealed by the diversity of the Balkan breeds and by optimizing population-genetic analysis tools. *Genet. Sel. Evol.*, 52. 25.
- Do, D. N. – Schenkel, F. S. – Miglior, F. – Zhao, X. – Ibeagha-Awemu, E. M. (2018): Genome wide association study identifies novel potential candidate genes for bovine milk cholesterol content. *Sci. Rep.*, 8. 13239. doi:10.1038/s41598-018-31427-0
- Dong, C. – Yang, S. – Fan, R. – Ji, K. – Zhang, J. – Liu, X. – Hu, S. – Xie, J. – Liu, Y. – Gao, W. – Wang, H. – Yao, J. – Smith, G. W. – Herd, M. (2017): Functional role of cyclin-dependent kinase 5 in the regulation of melanogenesis and epidermal structure. *Sci. Rep.*, 7. 13783.
- Dunka, B. (2002): Magyar juh (*Ovis aries strepsiceros hungaricus*) In: Génmegőrzés: Kutatási eredmények régi háziállataiktól értékeikről. (eds A. Jávorski, S. Mihók) 167–187. Debreceni Egyetem, Debrecen, Hungary
- Egerszegi, I. – Sarlós, P. – Molnár, A. – Cseh, S. – Rátky, J. (2011): Az évszak és az életkor hatása fekete racka kosok spermatermelésére. *Animal welfare etológia és tartástechnológia*, 7. 119–127.
- Egerszegi, I. – Sarlós, P. – Rátky, J. (2012): Mellékhere eredetű sperma mélyhűtése hortobágyi racka kosoktól - a génmegőrzés egy lehetséges módja. *Magy. Allatorvosok Lapja*, 134. 524–528.
- Enzlin, G. J. (1996): Colour- and island sheep of the World. Ram Press, Haarlem, Netherlands.
- Fésüs, L. – Zsolnai, A. – Anton, I. – Sáfár, L. (2008): Breeding for scrapie resistance in the Hungarian sheep population. *Acta Vet. Hung.* 56. 173–180.
- Foll, M. – Gaggiotti, O. E. (2008): A genome scan method to identify selected loci appropriate for both dominant and codominant markers: A Bayesian perspective. *Genetics*, 180. 977–993.
- Fontanesi, L. – Rustempešić, A. – Brka, M. – Russo, V. (2012): Analysis of polymorphisms in the agouti signalling protein (ASIP) and melanocortin 1 receptor (MC1R) genes and association with coat colours in two Pramenka sheep types. *Small Rumin. Res.*, 105. 89–96.
- Gaál, L. (1966): A magyar állattenyésztés története. Akadémiai Kiadó, Budapest, Hungary
- Hankó, B. (1937): A magyar juh eredete, múltja és jelene. 44–116. István Tisza University of Debrecen, Debrecen, Hungary
- Kijas, J. W. – Lenstra, J. A. – Hayes, B. – Boitard, S. – Neto, L. R. P. – San Cristobal, M. – Servin, B. – McCulloch, R. – Whan, V. – Gietzen, K. – Paiva, S. – Barendse, W. – Ciani, E. – Raadsma, H. – McEwan, J. – Dalrymple, B. – The International Sheep Genomics Consortium (2012): Genome-wide analysis of the world's sheep breeds reveals high levels of historic mixture and strong recent selection. *PLoS Biology* 10, e1001258.
- Kovácsy, B. (1926): Juhtenyésztés IV. kötet, Magyarország állattenyésztése (ed S. Konkoly Thege), Pátria Irodalmi Vállalat és Nyomdai Részvénytársaság, Budapest, Hungary

- Kusza, Sz. (2019): Genetikai diverzitás és filogenetikai kutatások Közép- és Dél-Európában élő domesztikált és vadon élő állatfajokban. MTA doktora értekezés. [http://real-d.mtak.hu/1191/7/dc\\_1588\\_18\\_doktori\\_mu.pdf](http://real-d.mtak.hu/1191/7/dc_1588_18_doktori_mu.pdf)
- Littlejohn, B. P. – Price, D. M. – Neuendorff, D. A. – Carroll, J. A. – Vann, R. C. – Riggs, P. K. – Riley, D. G. – Long, C. R. – Randel, R. D. – Welsh, T. H. (2020): Influence of prenatal transportation stress-induced differential DNA methylation on the physiological control of behavior and stress response in suckling Brahman bull calves. *J. Anim. Sci.*, 98. skz368
- Magyar Juh- és Kecsketenyésztő Szövetség (2021): Időszaki tájékoztató. 26. pp. 125–126. Magyar Juh- és Kecsketenyésztő Szövetség, Budapest, Hungary
- Nagy, L. – Domanovszky, Á. – Székely, P. (2004): The fattening and slaughtering examination at the hungarian racka sheep. *Acta Agr. Debreceniensis*, 13. 37–42.
- Nagy, L. – Komlósi, I. (2005): A magyar racka juh tejének beltartalmi változása a laktáció alatt. *Agártudományi Közlemények Különszám*. 16. 24–28.
- Pajor, F. – Antonovics, B. – Bodnár, Á. – Egerszegi, I. – Bárdos, L. – Póti, P. (2017): Racka juhajták és színváltozataik vérmérsékletének és egyes hústermelési mutatóinak összehasonlítása. *Magy. Allatorvosok Lapja*, 136. 27–31.
- Peter, C. – Bruford, M. – Perez, T. – Dalamitra, S. – Hewitt, G. – Erhardt, G. – Econogene Consortium (2007): Genetic diversity and subdivision of 57 European and Middle-Eastern sheep breeds. *Anim. Genet.*, 38. 37–44.
- Quezada, S. – van de Looij, Y. – Hale, N. – Rana, S. – Sizonenko, S. V. – Gilchrist, C. – Castillo-Melendez, M. – Tolcos, M. – Walker, D. W. (2020): Genetic and microstructural differences in the cortical plate of gyri and sulci during gyrification in fetal sheep. *Cereb. Cortex*, 30. 6169–6190.
- Rochus, C. M. – Westberg Sunesson, K. – Jonas, E. – Mikko, S. – Johansson, M. (2019): Mutations in ASIP and MC1R: Dominant black and recessive black alleles segregate in native swedish sheep populations. *Anim. Genet.*, 50. 712–717.
- Segura, V. – Vilhjálmsson, B. J. – Platt, A. – Korte, A. – Seren, Ü. – Long, Q. – Nordborg, M. (2012): An efficient multi-locus mixed-model approach for genome-wide association studies in structured populations. *Nat. Genet.*, 44. 825–830.
- Sun, W. – Chang, H. – Tsunoda, K. – Musa, H. – Ma, Y. – Guan, W. (2010): Analysis of geographic and pairwise genetic distances among sheep populations. *Biochem. Genet.*, 48. 376–384.
- Veress, L. – Dunka, B. – Oláh, J. (2002): Ősi magyar juhaink megmentése. In: Génmegőrzés: Kutatási eredmények régi háziállatfajták értékeiről (eds A. Jávor, S. Mihók). 161–165. Debreceni Egyetem, Debrecen, Hungary
- Vörös, I. (2002): Török kori állatcsontleletek Magyarországon (Turkish Period animal bone finds from Hungary). In: Archaeological research in the Ottoman Period. (eds I. Gerelyes, G. Kovács), 339–351. Magyar Nemzeti Múzeum, Budapest, Hungary
- Zsolnai, A. – Anton, I. – Rátky, J. – Bruford, M. – Egerszegi, I. (2014): Fekete és fehér racka genetikai különbözőségének mértékének felmérése DNS analízissel. *Magy. Allatorvosok Lapja*, 136. 27–31.
- Zsolnai, A. – Maróti-Agóts, Á. – Kovács, A. – Bálteanu, A. – Kaltenecker, E. – Anton, I. (2020): Genetic position of Hungarian Grey among European cattle and identification of breed-specific markers. *Animal*, 14. 1786–1792.

Érkezett: 2022. június

Szerzők címe: Zsolnai A. – Egerszegi I. – Rózsa L. – Mezőszentgyörgyi D. – Anton I.  
Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem  
Authors' address: Hungarian University of Agriculture and Life Sciences  
H-2053 Herceghalom, Gesztenyés út 1.