

A MAGYAR MERINÓ HELYE A MERINÓ FAJTACSOPORTON BELÜL, A GENETIKAI HASONLÓSÁG HÁLÓZATA ÉS A NAPI SÚLYGYARAPODÁSHOZ KAPCSOLÓDÓ MARKEREK

ZSOLNAI ATTILA – EGRSZEGI ISTVÁN – RÓZSALÁSZLÓ –
MEZŐSZENTGYÖRGYI DÁVID – ANTON ISTVÁN

ÖSSZEFOGLALÁS

Jelen tanulmányunkban célunk volt, hogy a magyar merinót a merinó eredetű juhajták között pozícionáljuk, feltárjuk a fajtán belüli genetikai hasonlósági hálózat jellemzőit, és kiemeljük a napi súlygyarapodáshoz kapcsolódó egy pontos genetikai polimorfizmusokat. A magyar merinót ($n=138$) Ovine SNP50 Bead Chip-en (Illumina, San Diego, CA) genotipizáltuk, majd 30 merinó, illetve merinóból származó fajta közé soroltuk ($n=555$). A populáció jellemzőit PLINK, SVS, Admixture és Treemix szoftverek alkalmazásával határoztuk meg, a fajtán belüli genetikai hálózatot python networkx 2.3 könyvtárral elemeztük. A magyar merinó napi súlygyarapodását 60 napra standardizált értékkel jellemeztük, mely a Magyar Juh- és Kecsketenyésztők Szövetsége adatbázisából állt rendelkezésünkre. A napi súlygyarapodáshoz kapcsolódó lókuszt azonosítására több lókuszos vegyes modellt alkalmaztunk. A fajta írott történetét alátámasztva a magyar merinóhoz legközelebbi fajták az estremadurai merinó és a ramboillet (francia fésűsmerinó) voltak (páronkénti F_{ST} értékek 0,035 és 0,036). A magyar merinó esetében a páronkénti hasonlósági értékek hálózatelemzése egy erősen centralizált kapcsolódási mintázatot mutatott ki, ahol a központi csomópontban lévő állat 0,936-nak megfelelő központossági értéket mutatott. A napi súlygyarapodás vizsgálata a magyar merinóban öt kapcsolódó lókuszt tárt fel. Közülük kettő, az OAR8_17854216.1 és az s42441.1 a 8. és 9. kromoszómán ($-\log_{10}p > 22$; téves felfedezési arány $< 5,5e-20$) és egy lókuszt a 20. kromoszómán, s28948.1 ($-\log_{10}p = 13,46$; téves felfedezési arány $= 4,1e-11$) helyezkedik el. Ezek a lókusztok közel voltak a más kutatócsoportok által beszámolt markerekhez, melyek a napi súlygyarapodással, a hat hónapos súllyal és az elválasztás utáni gyarapodással voltak kapcsolatban. Meghatározásra került a magyar merinó helyzete a merinó fajtacsoporton belül. Leírtuk a mintázott egyedek hasonlósági hálóját, és meghatároztunk néhány, a magyar merinó napi súlygyarapodásának növelésére alkalmas markert.

SUMMARY

Zsolnai, A. – Egerszegi, I. – Rózsa, L. – Mezőszentgyörgyi, D. – Anton, I.: POSITION OF HUNGARIAN MERINO AMONG OTHER MERINOS, WITHIN-BREED GENETIC SIMILARITY NETWORK AND MARKERS ASSOCIATED WITH DAILY WEIGHT GAIN

In this study, we aimed to position the Hungarian Merino among other Merino-derived sheep breeds, explore the characteristics of our sampled animals' genetic similarity network within the breed, and highlight SNPs associated with daily weight-gain. Hungarian Merino ($n=138$) was genotyped on Ovine SNP50 Bead Chip (Illumina, San Diego, CA) and positioned among 30 Merino and Merino-derived breeds ($n=555$). Population characteristics were obtained via PLINK, SVS, Admixture, and Treemix software, within-breed network was analysed with python networkx 2.3 library. Daily weight gain of Hungarian Merino was standardised to 60 days and was collected from the database of the Association of Hungarian Sheep and Goat Breeders. For the identification of loci associated with daily weight gain, a multi-locus mixed-model was used. Supporting the breed's written history, the closest breeds to Hungarian Merino were Estremadura and Rambouillet (pairwise F_{ST} values are 0.035 and 0.036, respectively). Among Hungarian Merino, a highly centralised connectedness has been revealed by network analysis of pairwise values of identity-by-state, where the animal in the central node had a betweenness centrality value equal to 0.936. Probing of daily weight gain against the SNP data of Hungarian Merinos revealed five associated loci. Two of them, OAR8_17854216.1 and s42441.1 on chromosome 8 and 9 ($-\log_{10}p > 22$, false discovery rate $< 5.5e-20$) and one locus on

chromosome 20, s28948.1 ($-\log_{10} p=13.46$, false discovery rate= $4.1e-11$), were close to the markers reported in other breeds concerning daily weight gain, six-month weight, and post-weaning gain. The position of Hungarian Merino among other Merino breeds has been determined. We have described the similarity network of the individuals to be applied in breeding practices and highlighted several markers useful for elevating the daily weight gain of Hungarian Merino. (<https://doi.org/10.5713/ab.21.0459>)

BEVEZETÉS

A merinó világszerte elterjedt finom gyapjút termelő juh fajta, amely a világ juhállományának körülbelül egynegyedét képviseli (Szabó és mtsai, 2016). Az első európai finomgyapjas juhok megjelenése Spanyolország déli régiójában és Olaszországban az i.e. I. századra nyúlik vissza. Ezeket az állatokat helyi és importált arab juhokkal keresztezték (Diez-Tascón és mtsai, 2000), ami valószínűleg egy olyan fajtát eredményezett, amely a merinó korai ősenek tekinthető. Ciani és mtsai (2015) szerint a merinó fajta ibériai eredetű, melyet egyéb mediterrán fajtákkal kereszteztek. 1760-ig a merinók Spanyolországból történő exportértékesítése tilos volt. Ettől kezdve kis állományokat több európai országba exportáltak (Éber, 1996). Az első nyáj 1765-ben érkezett Magyarországra Mária Terézia osztrák császárné (Nagy és mtsai, 2011) rendelete nyomán. Ezt a behozatalt két másik követte 1773-ban és 1775-ben (Kovácsy, 1923). Az utolsó merinóexportot Spanyolországból Magyarországra 1802-ben jegyezték fel.

Az ipari forradalom Nagy-Britanniában a termelékenység jelentős javulását eredményezte. A gyapjú- és textilipar fejlődése megnövelte a gyapjú iránti globális keresletet. A gyapjú mennyiségére és minőségére vonatkozó szelekció számos merinó változatot hozott létre világszerte (Jávorka és mtsai, 2014). A magyar fésűs merinó fajtát import merinókból, a helyi racka fajtából és német juhokból tenyésztették ki (Schandl, 1966). A magyar fajta fejlődéséhez hozzájárult a franciaországi rambouillet juh (1816) és az észak-német fésűs juh importja is (Kovácsy, 1923). Az első magyar törzskönyvet 1859-ben vezették be, ebben az időszakban a merinó eredetű juhok a magyar juhpopuláció 31,5%-át képviselték (Éber, 1996).

A XIX. század végén Magyarországon a nyugat-európai húshasznosítású irányzat ellenére továbbra is a gyapjúelőállítás volt a fő termelési cél (Veress és mtsai, 1982). Az I. és II. világháború után a keresztezések finom és rövid gyapjas populációt eredményeztek, amely a précoce és rambouillet kosok tenyésztésével homogénebbé vált (Kovácsy, 1923; Veress és mtsai, 1982). Az 1950-es években a fajtát az egykori Szovjetunióból származó finom gyapjas változatokkal (aszlán, kaukázusi, sztavropoli és groznij merinó) formálták át. Ez a döntés a fajta testtömegének és gyapjútermelő képességének jelentős növekedéséhez vezetett (Vahid és Kóbori, 2002). Az 1960-as években a fajta hústermelési potenciáljának javítása érdekében francia précoce-t és német húsmerinót importáltak Magyarországra. Az 1970-1980-as években számos kísérlet történt a merinó állományok termelési paramétereinek és szaporodásának javítására. E célból került be Magyarországra a kent, a corriedale és az ausztrál booroola merinó (Fésűs és mtsai, 2002). Ezek a keresztezések jobb izmoltságot és gyapjúminőséget eredményeznek (Szabó és mtsai, 2016; Vahid és Kóbori, 2002).

Az 1980-as években a gyapjútermelés háttérbe szorult, a magyar merinót kettős hasznosítású (hús- és tejtermelő) fajtának tekintették (Horn, 1995). 1989-ben az egykori szocialista rendszer átalakulását az agrártámogatások drasztikus változása követte. Ebben az időszakban az exportált bárányhús vált a juhtenyésztés fő termékévé, a báránnyok átlagos napi súlygyarapodása körülbelül 250 g/nap volt (Jávor, 2005).

A 2010-es években a tenyésztési tevékenység jelentős visszaesése miatt a magyar merinó veszélyeztetett kategóriába került. Ezt követően a magyar kormány egy összehangolt génmegőrzési program keretében támogatja a fajta tenyésztését. 2023-ban a magyar merinó állomány 8217 anyajuhból állt. A 2004-ben feljegyzett 39 magyar genealógiai vonalból mindössze 11 létezett (Szabó és mtsai, 2016).

Vizsgálataink során három célt tűztünk ki magunk elé:

1.) Mivel a magyar merinó genetikai helyzete SNP markerek alapján még nem ismert, Ciani és mtsai (2015) adatbázisát használtuk fel a fajta genetikai helyzetének meghatározására a merinó fajtacsoporton belül.

2.) Bár léteznek génhálózattal (Megdiche és mtsai, 2019), vagy a fajták közötti genetikai összefüggésekkel (Addo és mtsai, 2019) foglalkozó publikációk, mi a magyar merinó fajtán belüli genetikai hasonlósági hálózat sajátosságait kívántuk feltárni.

3.) Mivel a vizsgálatok elvégzésekor a magyar juhtenyésztés legfontosabb paramétere a báránnyok súlygyarapodása volt, úgy döntöttünk, hogy olyan markereket keresünk, amelyek alkalmasak a báránnyok napi súlygyarapodásának javítására.

Vizsgálatunk átfedésben van több, más juh fajta növekedési és hústermelési jellemzőinek vizsgálataival (Zhang és mtsai, 2013; Wang és mtsai, 2015; Lu és mtsai, 2020; Zang és mtsai, 2021), és rávilágít a juh genom azon régióira, amelyek nem csak a magyar merinó, hanem más fajták számára is használhatók.

ANYAG ÉS MÓDSZER

Minták és genotipizálás

A vizsgálatba 138 magyar merinó anyajuhot vontuk be és 10 év adatait elemeztük. A 60 napra standardizált súlygyarapodást a következőképpen határoztuk meg: $60 \times \text{testtömeg}_{30-80} / \text{nap}$, ahol a testtömeg_{30-80} a bárány 30 és 80 napos kora között mért testtömege, nap a születés utáni napok tényleges száma a mérés napján. A 138 magyar merinó a teljes állomány összes vonalát reprezentálja.

A fűlminta vételeket a TypiFix™ (Agrobiogen GmbH, Hilgertshausen, Németország) szövetmintavevő rendszerrel (Internet1, 2021) végeztük. Az összehasonlító vizsgálatokhoz Ciani és mtsai által közzétett adatbázist használtuk (2015). A magyar merinók SNP tipizálását a Neogen Corporation (Ayr, Egyesült Királyság) végezte Ovine SNP50 Bead Chip (Illumina, San Diego, USA) segítségével.

Az adatok minőség-ellenőrzése magában foglalta a térképezett és polimorf markerek szűrését; a kisebb frekvenciájú allélek gyakorisága $> 0,05$ feletti volt 0,95-nél nagyobb genotipizálási aránnyal. A genotípusok sikeres tipizálási aránya 0,95 feletti volt az összes magyar merinó mintában. Az egyeztetett adatbázis, amely a Sheep Consortium (Ciani és mtsai, 2015) és a magyar adatokat is tartalmazta, összesen 31 fajtát, 693 állatot (1. táblázat) és 22265 SNP-t tartalmazott.

A magyar merinón belüli hálózat- és asszociációs elemzések esetén az adat-szűrést követően 46906 SNP-t tartottunk meg.

Populációgenetikai vizsgálatok

A megfigyelt és várható heterozigotizás (H_o , H_e), a beltenyésztési együttható (F_{is}), a genetikai távolság (F_{st}) és a főkomponens analízis (PCA) kiszámítását az SNP & Variation Suite 8.1.1 programmal (GoldenHelix, Bozeman, US) végeztük.

A beltenyésztési együttható = (megfigyelt - homozigóta markerek várható száma) / (genotipizált markerek száma - homozigóta markerek várható száma).

$$\text{A homozigóta markerek várható száma} = \sum_{j=1}^L (1 - 2p_j q_j \frac{T_j}{(T_j - 1)}),$$

(ahol L a genotipizált markerek száma; p és q az allélgyakoriságok; a T a j -ik marker nem hiányzó genotípus számának kétszerese.)

Az F_{st} becslésének algoritmusát Weir és Cockerham (1984) munkájában találhatjuk. A főkomponens analízis során a legmeghatározóbb komponenseket a standardizált kapcsolati mátrixból határoztuk meg (Patterson és mtai, 2006).

Az Admixture szoftvert --cv opcióval használtuk a legvalószínűbb klaszterszám (K) meghatározására az egyes K értékeknél meghatározott keresztellenőrzési hibáinak értékeiből (Alexander és Lange, 2011). Az elemzés előtt a genotípusokat PLINK segítségével transzformáltuk a --recode12 opció segítségével.

A dendrogram kiszámításához a Treemix 1.13 (Pickrell és Pritchard, 2012) szoftvert alkalmaztuk; A blokk mérete 500, az ismétlések száma 1000. A Bootstrap értékeket a Phylip 3.697 programcsomag segítségével határoztuk meg (Felsenstein, 1989).

A magyar merinó egyedek kapcsolatára vonatkozó hálózatelemzés a párok SVS programmal (GoldenHelix, Bozeman, USA) számított IBS (Identity By State, hasonlósági érték) értékén alapult. Bármely két egyed közötti hasonlóság: ((a két allélt megosztó markerek száma + 0,5 * az egy allélt megosztó markerek száma)/markerek száma).

Fajtán belüli hálózat és kapcsoltsági vizsgálatok

Az IBS értékek alapján a magyar merinó minták hálózati tulajdonságait, mint az átmérő és a köztes centralitás, Python 3.6 szoftverrel számítottuk ki networkx 2.3 és matplotlib 3.1.1 könyvtárak segítségével. Az átmérő a csomópontpárok között megfigyelt legnagyobb távolság vagy másképpen, a két legtávolabbi csomópont közötti távolság (Barabási, 2017).

$$\text{Egy adott állat/csomópont közötti köztes centralitás} = \sum_{s \neq v \neq t} \frac{\sigma_{st|v}}{\sigma_{st}}$$

(ahol v a csomópontok száma; σ_{st} az s csomóponttól induló legrövidebb utak száma; t csomópont és $\sigma_{st|v}$ azon utaknak a száma, amelyek áthaladnak a v csomóponton.)

A kapcsolatok erősségét (vagy az élek súlyát) a párok IBS értéke határozza meg. Azon IBS értékeket, melyek az eloszlás 85 százaléka feletti vannak, vastag fekete vonalakkal jelöltük.

A napi súlygyarapodáshoz kapcsolódó lókuszok azonosítására több lókuszos vegyes modellt alkalmaztunk (Segura és mtsai, 2012). A modell a következő volt:

$$y = X\beta + Zu + e$$

(ahol y a napi súlygyarapodás; X a fix hatások mátrixa, amely 46906 SNP-ből és kovariánsokból áll (születési dátum és hely); Z a kapcsolódó előfordulási mátrix véletlenszerű hatása minden egyedre, amely identitás mátrixszá válik, egyedenkénti egy fenotípusos mérés alapján (Thomson és mtsai, 2018); e a reziduális hatásokat jelöli; β és u pedig a rögzített és véletlenszerű hatások együtthatóit reprezentáló vektorok.) A vegyes lineáris modellekkel kapcsolatos további részleteket lásd itt: (Internet2, 2021).

EREDMÉNYEK

Populációk diverzitása és struktúrája

A megfigyelt heterozigotizáció 0,262 (cordobai spanyol merinó) és 0,392 (rasa Aragonesa) között volt, a várt 0,397-es érték alatt (1. táblázat). A megfigyelt és várható heterozigotizáció értékei alapján a fajták beltenyésztési együtthatója 0,013 és 0,193 között mozgott (1. táblázat), kivéve a legmagasabb F_{is} értékkel (0,341) bíró cordobai spanyol merinót. A magyar merinóban ez az érték 0,054 volt. Az F_{st} számítás páronkénti értékei a 0,004 (ausztrál merinó vs. ausztrál áruterelő merinó) - 0,313 (spanyol cordobai merinó vs. szürke szarvált heathen) tartományba estek. A magyar merinó F_{st} értékei a többi fajtához viszonyítva 0,035 (spanyol estremadura merinó) és 0,184 (spanyol cordobai merinó) között alakultak (2. táblázat). Az állatok páronkénti IBS értékén alapuló főkomponens-analízis (1A-D ábra) a magyar merinó populációt a vizsgált populációk külső peremére, a rambouillet és a kínai merinó közelébe helyezte.

Az admixture analízissel vizsgált 31 fajta esetében a legvalószínűbb klaszterszám tizenkilenc volt ($K=19$, 2. ábra). Amikor K egyenlő volt a vizsgált fajta számával, a magyar merinók többsége rambouillet-vel mutatott keveredést (S1 kiegészítő ábra, Zsolnai és mtsai, 2023). A fajta filogenetikai dendrogramján a magyar merinót a rambouillet-vel, a kínai merinóval, a merinizzatával és az spanyol estremadura merinóval került közös ágra. (3. ábra, S2 kiegészítő ábra, Zsolnai és mtsai, 2023).

Hasonlósági hálózat és súlygyarapodással kapcsolt markerek

Az egyedek genetikai hálójának megjelenítéséhez 0,73 feletti IBS-értékeket (éleket) használtunk. Az elemzett sokaságban ez az érték az összes csomópont (egyed) egybefüggő hálózatának meglétét biztosította. Az élek száma 341, az átlagos foksám 5,014, a háló átmérője 4 (4A. ábra). Az öt legmagasabb köztes centralitás értéke 0,936, 0,035, 0,034, 0,029 és 0,023 volt. Amikor a legmagasabb értékkel (0,936) rendelkező egyedet eltávolítottuk, az összekapcsolt hálózat 108 állatot és 199 élt tartalmazott (4B. ábra). Ebben az esetben az átlagos foksám 3,682 lett, a háló átmérője pedig 10-re bővült. A legmagasabb öt köztes centralitás értéke 0,744, 0,261, 0,235, 0,185 és 0,141-re módosult.

1. táblázat

A vizsgált juhpopulációk megfigyelt és várható heterozigotizásai (H_o , H_e) és beltenyésztési együtthatói (F_{is})

Fajta (1)	Mintaszám (2)	H_o	H_e	F_{is}
Rasa Aragonesa	20	0,392	0,397	0,013
Castellana	22	0,386	0,397	0,028
Ojalada	24	0,383	0,397	0,035
Estremadurai spanyol merinó	13	0,381	0,397	0,041
Comisana	24	0,379	0,397	0,046
Ausztrál szarvatlan merinó	24	0,377	0,397	0,051
Ausztrál árutermelő merinó	24	0,377	0,397	0,051
Appenninica	24	0,376	0,397	0,053
Merinizzata	20	0,376	0,397	0,054
Magyar merinó	138	0,376	0,397	0,054
Kínai merinó	23	0,373	0,397	0,061
Sopravissana	24	0,373	0,397	0,062
Churra	24	0,371	0,397	0,065
Laticauda	24	0,371	0,397	0,067
Skót blackface	24	0,370	0,397	0,069
Merinó landschaf	21	0,369	0,397	0,070
Gentile di Puglia	24	0,369	0,397	0,071
Ausztrál merinó	24	0,365	0,397	0,080
Szardíniai fehér	24	0,364	0,397	0,083
Massese	24	0,361	0,397	0,090
Leccese	23	0,356	0,397	0,103
Rambouillet	24	0,356	0,397	0,105
Veluwe heathen	5	0,355	0,397	0,107
Drenthe heathen	5	0,350	0,397	0,118
Finnsheep	24	0,348	0,397	0,123
Bentheimer	5	0,341	0,397	0,141
Schoonebeker	4	0,324	0,397	0,183
Fehér szarvált heathen	3	0,324	0,397	0,184
Arawapa	24	0,323	0,397	0,186
Szürke szarvált heathen	4	0,320	0,397	0,193
Cordobai spanyol merinó	7	0,262	0,397	0,341

Table 1. Observed, expected heterozygosities (H_o , H_e) and inbreeding coefficients (F_{is}) calculated on the 31 sheep populations

breed (1); number of samples (2)

2. táblázat

A magyar merinó és a vizsgált merinófajták közötti genetikai differenciáltsági együtthatók (F_{ST}) értékei

Fajta (1)	Magyar merinó (2)
Magyar merinó	0,000
Spanyol estremadura merinó	0,035
Rambouillet	0,036
Rasa Aragonesa	0,038
Kínai merinó	0,040
Sopravissana	0,042
Merinizzata	0,043
Ausztrál merinó	0,045
Ausztrál árutermelő merinó	0,047
Ausztrál szarvatlan merinó	0,050
Ojalada	0,050
Castellana	0,053
Merinó landschaf	0,055
Leccese	0,058
Churra	0,063
Latacauda	0,064
Comisana	0,065
Gentile di Puglia	0,068
Appenninica	0,071
Szardíniai fehér	0,076
Massese	0,080
Fehér szarvált heathen	0,087
Finnsheep	0,094
Arawapa	0,098
Drenthe heathen	0,098
Skót blackface	0,099
Bentheimer	0,100
Veluwe heathen	0,103
Schoonebeker	0,117
Szürke szarvált heathen	0,124
Spanyol cordobai merinó	0,184

Az összes pár F_{ST} - értékei és hő térképe: Zsolnai és mtsai (2023) dolgozatának kiegészítő S1 táblázatában (3)

Table 2. Pair wise coefficients of genetic differentiation (F_{ST}) values between Hungarian Merino and the investigated Merino breeds

breed (1); Hungarian Merino (2); for values and heat-map of all pairwise F_{ST} values, see Supplementary Table S1 in Zsolnai et al. (2023) work

A napi súlygyarapodás értékei 261,6 és 494,7 gramm között mozogtak. A több lókuszos vegyes modell elemzés során több lókuszt azonosítottunk, amelyek összefüggésbe hozhatók a napi súlygyarapodással (3. táblázat). A legmagasabb értékkel rendelkező lókusztok ($-\log_{10}p > 10$) a 2., 3., 8., 9. és 20. kromoszómán helyezkedtek el, a téves felfedezések aránya alacsonyabb, mint $4,1 \times 10^{-11}$.

MEGVITATÁS

A magyar merinó megfigyelt és várható heterozigotizációjából számított F_{is} érték 0,055 alatti. A 31 vizsgált fajta közül tíznek kicsi az F_{is} értéke, ami azt jelzi, hogy nincs lényegesen több beltenyésztett állat a vártnál.

Megállapítottuk, hogy a magyar merinó más fajtákkal mutatott genetikai távolságai, illetve a főkomponens-analízisben és a filogenetikai fán elfoglalt helyzete alátámasztja a rambouillet (Kovácsy, 1923) magyar merinó genomjához való nagymértékű hozzájárulását.

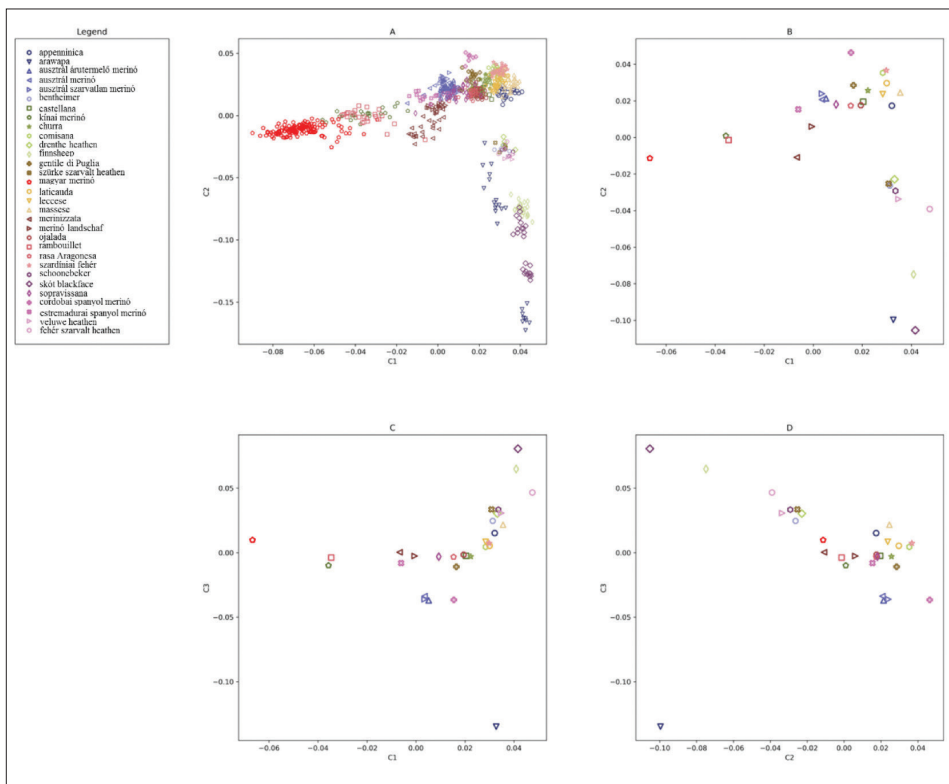
Loukovitis és mtsai (2022) mikroszatellit vizsgálatok alapján hat hazai magyar merinó állomány elemzésekor alacsony genetikai differenciálódást tapasztaltak ($F_{st} = 0,036$). *Ceccobelli és mtsai* (2023) a merinó, ill. merinó eredetű fajták filogenetikai elemzése során genetikai hasonlóságot állapítottak meg a lengyel és magyar merinó állományok között, ami megerősíti *Peter és mtsai* (2007) korábbi megfigyeléseit.

A kínai merinó és a rambouillet hasonló helyzete a PCA ábrán és a dendrogramon a két fajta szoros kapcsolatára utal. Az adatbázisban szereplő spanyol fajták közül az estremadura merinó áll a legközelebb a magyar merinóhoz, ami a fajtára gyakorolt legerősebb hatását mutatja (2. táblázat). A spanyol cordoba és a magyar merinó fajta F_{st} értéke volt a legmagasabb ($F_{st} = 0,184$), ami kizárja a spanyol cordoba merinót a magyar merinó származási köréből. A filogenetikai vizsgálatban a rambouillet van a legközelebb, az estremadura merinó a negyedik legközelebbi fajta a magyar merinóhoz képest (S2 kiegészítő ábra, *Zsolnai és mtsai*, 2023).

Az Admixture elemzésben a legvalószínűbb klaszterszám (K) 19 volt (2. ábra, S1 kiegészítő ábra, *Zsolnai és mtsai*, 2023), azonban a magyar merinó rambouillet-vel való keveréke K=29 és 31-nél volt látható (S1 kiegészítő ábra, *Zsolnai és mtsai*, 2023).

Az egyedek hálózatelemzése (4A. ábra) küllőskerék szerkezetet tárt fel (*Barabási*, 2017), amelyet valószínűleg a preferált egyed, illetve utódainak kiterjedt használata idézett elő. Amikor a genetikai hasonlósági hálóban a legnagyobb köztes centralitással rendelkező állatot eltávolítottuk, a kerékszerkezet eltűnt, és további kapcsolati részletek derültek ki. A 4B. ábrán olyan állatokat azonosíthatunk, amelyek a többiekhez képest erősen befolyásolják a fajtaösszetételt. A hálózati adatok alapján a tenyésztők kiválaszthatják az optimális tenyésztési sémákhoz megfelelő állatokat. Az életerősségek (más néven páronkénti IBS értékek az állatok között) megjelenítése elősegíti a közeli rokon állatok könnyű felismerését (4. ábra). Ezzel elkerülhető a heterozigotizáció gyors csökkenése, a beltenyésztési depresszió és a gazdasági teljesítmény romlása. A genetikai hasonlóságok vizuális megjelenítésének (4. ábra) fejlesztése tovább javíthatja a hálózati elemzés alkalmazhatóságát. Javulás érhető el interaktív, felugró ablakokkal, amelyek kereszthivatkozásokat tartalmazhatnak a tenyésztőkre, a gazdaságokra, az életkorra, az ősökre vonatkozóan. Az összefüggések időben változó megjelenítésével, amely követi a frissen

1. ábra. A főkomponens analízis eredménye



A = főkomponens-elemzés, amely a vizsgált állatok közötti kapcsolatot mutatja, a színkódokat lásd az ábra mellett (1); B-D = az A részen látható egyedek fajta szerinti átlagai. C1 = 1. komponens (sajátérték = 6,969), C2 = 2. komponens (sajátérték = 3,432), C3 = 3. komponens (sajátérték = 3,304) (2)

Figure 1. Multidimensional scaling plot depicting

A = principal component analysis displaying the relationship between animals coloured by their corresponding breed, see colour codes beside this plot (1); B-D = means of the animals on part A belonging to different breeds. C1 = 1st component (eigenvalue = 6.969), C2 = 2nd component (eigenvalue = 3.432), C3=3rd component (eigenvalue=3.304) (2)

ellett és selejtezett állatokon keresztül változó populáció genetikai változását, a tenyésztők időben képet kaphatnak a populációban végbemenő folyamatokról.

A napi súlygyarapodáshoz öt erősen kapcsolt lókuszt találtunk (3. táblázat) 138 állat felhasználásával. Bár a mintaszám kisebb a Zhang és mtsai (2013) vagy a Lu és mtsai (2020) által publikálnál, azt tapasztaltuk, hogy egy multigén tulajdonság főbb markerei 138 állat felhasználásával is meghatározhatóak. Az öt általunk megtalált marker közül kettő (OAR8_17854216.1 a 8-as kromoszómán és s42441.1 a 9-es kromoszómán) Zhang és mtsai találataihoz -1,3 és +4,8 millió bázis távolságra volt. (Zhang és mtsai, 2013). A csoport által beszámolt markerek a napi súlygyarapodáshoz, a hat hónapos súlyhoz és a választás utáni súlygya-

2. ábra. A legvalószínűbb K-értékre vonatkozó Admixture eredmények

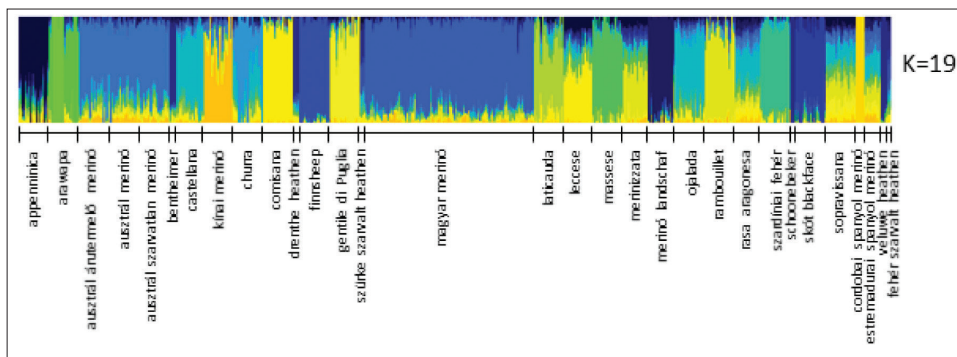


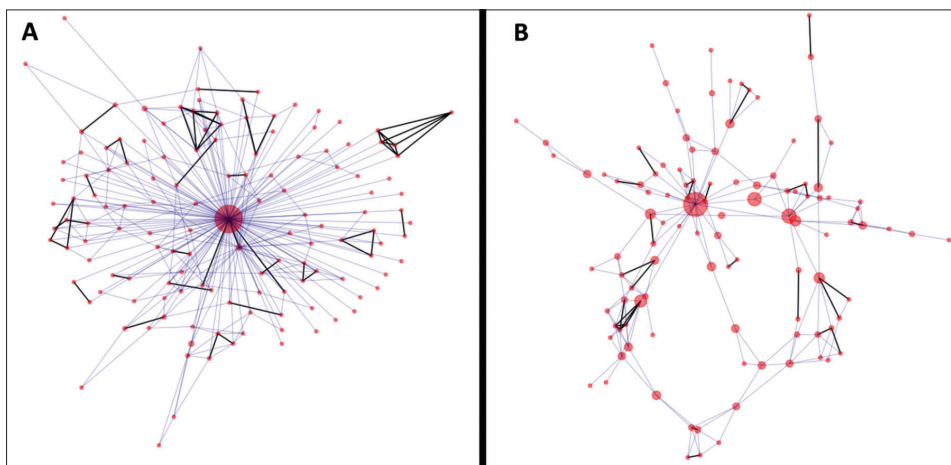
Figure 2. Admixture results concerning the most probably K value

3. ábra. A merinó és a merinóból származó fajták filogenetikai fája TreeMix és Phylip programmal szerkesztve



Figure 3. Phylogenetic tree of Merino and Merino-derived breeds constructed with the TreeMix and Phylip programs

4. ábra. A.-B.) A magyar merinók hálózati ábrázolása a páronkénti IBS értékek alapján.



A legnagyobb köztes centralitással rendelkező állatok, amelyeket nagyobb piros pontok ábrázolnak, olyan genetikai részleteket hordoznak, amelyek különböző részhalmazai más egyedekben is megtalálhatók. B.) Az egyedek hálózata az A. ábrán látható központi állat eltávolítása után. A legmagasabb köztes centralitás értéke 0,936 az A. és 0,744 a B. ábrán.

Figure 4. A.-B.) Network representation of the Hungarian Merinos based on their pairwise identity-by-state values

The animals with the highest betweenness centrality values, depicted by larger red dots, carry sets of genetic material whose different subsets can be found in other individuals connected by lines between the nodes/animals. B.) Network of individuals after removing the central animal seen on plot A. The highest betweenness centrality values are 0.936 and 0.744 on plot A and B., respectively.

rapodáshoz kapcsolódnak. A harmadik ismertett marker (s28948.1) 11,7, illetve 1,5 millió bázisra volt a-választás utáni súlygyarapodással (Zhang és mtsai, 2013), illetve a választási súllyal (Lu és mtsai, 2020) kapcsolt markertől. A fent említett három marker más kutatók által azonosított markerekhez való közelsége (Zhang és mtsai, 2013; Lu és mtsai, 2020) a magyar és a kínai merinó nagy hasonlóságával magyarázható, amelyet a főkomponensek (1. ábra), a páronkénti genetikai távolság (2. táblázat, S1 kiegészítő táblázat) és a dendrogram (3. ábra, S2 kiegészítő ábra) analízisek mutatnak be. Más kutatások még nem számoltak be a 2. és 3. kromoszómán azonosított (OAR2_137539806.1 és OAR3_188812728.1), illetve az azokkal szomszédos markerek és a súlygyarapodási mutatók kapcsolságáról.

E tanulmány rálátást nyújt a magyar merinó helyzetére a merinó fajtacsoporton belül. Az eredmények hasznosak lehetnek a merinóból származó fajták szélesebb körén végzett egyéb kutatásokban is.

Az állatok genetikai hasonlóságán alapuló, fajtán belüli hálózatelemzése és annak megjelenítése intuitív eszközt jelenthet bármely faj tenyésztőjének, hogy könnyen bepillantást nyerhessen a populáció genetikai szerkezetébe és azonosíthassa a legnagyobb hatású egyedeket. Több fajta szerkezetének elemzésével lehetővé válik különböző országok eltérő tenyésztési gyakorlatának összehasonlítása, így információt nyerhetünk a tenyésztési módszerek fajtaszervezetre gyakorolt hatásáról.

3. táblázat

A magyar merinó napi súlygyarapodásával összefüggő lókuszok listája

marker	Chr:pozíció (1)	$-\log_{10}p$ (2)	FDR (3)	ASE (4)	Marker vagy Chr ¹ :pozíció (tulajdonság); publikáció n (5)	Delta bp (6)
OAR2_137539806.1	2:129172257	19,87	1,6e-17	0,506 $\pm 0,021$	2:206466290 (testsúly); <i>Lu és mtsai</i> (2020); 460	77,294,034*
OAR3_188812728.1	3:175738965	17,41	4,6e-15	0,506 $\pm 0,026$	3:118519704 (választási súly); <i>Lu és mtsai</i> (2020) 460	-57,219,261*
OAR8_17854216.1	8:15960500	22,70	2,4e-20	0,527 $\pm 0,017$	OAR8_16297646.1 (napi súlygyarapod., 6-hónapos súly); <i>Zhang és mtsai</i> (2013) 329	-1,302,115
s42441.1	9:81626179	23,36	5,5e-21	0,505 $\pm 0,016$	OAR9_91721507.1 (vál. utáni súlygy.); <i>Zhang és mtsai</i> (2013) 329	4,779,602
s28948.1	20:27936473	13,46	4,1e-11	-0,333 $\pm 0,024$	s72649.1 (vál. utáni súlygy.); <i>Zhang és mtsai</i> (2013) 329 20:26410829 (választási súly); <i>Lu és mtsai</i> (2020) 460	-11,699,128 -1,525,644*

Chr = kromoszóma száma (1); $-\log_{10}p$ = $-\log_{10}$ transzformált p értékek (2); FDR = hamis felderítési arány (3); ASE = allél helyettesítési érték és standard hibája (4); n = állatok száma és a referált irodalom (5); delta bp = a *Zhang és mtsai* (2013), vagy *Lu és mtsai* (2020) által talált markerek távolsága a jelen tanulmányban talált markerekhez képest (6); * = az OAR2_137539806.1, OAR3_188812728.1 és s28948.1 az Oar4.0 koordinátákhoz igazított pozíció, melyek így összehasonlíthatóak a *Lu és mtsai* (2020) eredményeivel (7)

Table 3. List of loci associated with daily weight-gain of Hungarian Merinos

chromosome number (1); $-\log_{10}$ transformed p values obtained by multi-locus mixed-model algorithm (2); false discovery rate (3); allele substitution effect and its standard error (4); number of animals in the referred literature (5); distance of the markers found by *Zhang et al.* (2013) or *Lu et al.* (2020) relative to the markers found in this study (6); * = positions of OAR2_137539806.1, OAR3_188812728.1 and s28948.1 were adjusted to Oar4.0 coordinates to make it comparable to the work *Lu et al.* (2020)

Az itt ismertetett standardizált napi súlygyarapodáshoz kapcsolódó lókuszek némelyike nagyon közel állt más kutatócsoportok által, nagyobb egyedszámon végzett vizsgálatokban bemutatott markerekhez (3. táblázat). Ezen markerek gyakorlati alkalmazása javíthatja a bárányok napi súlygyarapodását, ami azért fontos, mert a bárányexport továbbra is jelentős bevételt jelent a tenyésztők számára.

KÖSZÖNETNYILVÁNÍTÁS

A szerzők köszönetüket fejezik ki a Földművelésügyi Minisztérium anyagi támogatásáért és a Magyar Juh- és Kecsketenyésztő Szövetség segítségével.

IRODALOMJEGYZÉK

- Addo, S. – Klingel, S. – Hinrichs, D. – Thaller, G. (2019): Runs of Homozygosity and NetView analyses provide new insight into the genome-wide diversity and admixture of three German cattle breeds. *PLOS ONE*, 14. e0225847.
- Alexander, D. H. – Lange, K. (2011): Enhancements to the ADMIXTURE algorithm for individual ancestry estimation. *BMC Bioinform.*, 12. 246.
- Barabási, A. L. (2017): *Network Science*. Libri Könyvkiadó, Budapest.
- Ceccobelli, S. – Landi, V. – Senczuk, G. et al. (2023): A comprehensive analysis of the genetic diversity and environmental adaptability in worldwide Merino and Merino-derived sheep breeds. *Genet. Sel. Evol.*, 55. 24.
- Ciani, E. – Lasagna, E. – D'Andrea, M. – Alloggio, I. – Marroni, F. – Ceccobelli, S. – Bermejo, J. V. D. – Sarti, F. M. – Kijas, J. – Lenstra, J. A. – Pilla, F. – the International Sheep Genomics Consortium (2015): Merino and Merino-derived sheep breeds: a genome-wide intercontinental study. *Genet. Sel. Evol.*, 47. 64.
- Diez-Tascón, C. – Littlejohn, R. P. – Almeida, P. A. R. – Crawford, A. M. (2000): Genetic variation within the Merino sheep breed: analysis of closely related populations using microsatellites. *Anim. Genet.*, 31. 243–251.
- Éber, E. (1996): Progress of animal husbandry in Hungary. *Agroinform Kiadóház*, Budapest.
- Felsenstein, J. (1989): PHYLIP - Phylogeny Inference Package (Version 3.2). *Cladistics*, 5. 164–166.
- Fésüs, L. – Sáfár, L. – Hajduk, P. – Székely, P. (2002): Role of Merinos in the Hungarian sheep husbandry. *Magy. Állatteny. L.*, 30. 8–9.
- Horn, P. (1995): *Cattle, sheep and horse breeding*. Mezőgazda Kiadó, Budapest.
- Internet1: Instruction manual typifix system. Hilgertshausen, Germany: Agrobiogen GmbH, [cited 2021 Oct 10]. Available from: Authors
- Internet2: SNP & Variation Suite v8.9.0 manual. Bozeman, US: GoldenHelix, [cited 2021 Febr 12]. Available from: Authors
- Jávor, A. (2005): Domestic trading, accurately. *Magyar Mezőgazdaság, Magyar Juhászat és Kecsketenyésztés melléklete*, 14. 6–7.
- Jávorka, L. – Annus, K. – Maróti-Agóts, Á. – Gáspárdy, A. (2014): Impact of Imre Festetics on the Hungarian sheep husbandry. In: 56th Georgikon Conference; 2014 Oct 2-3; Keszthely, Hungary.
- Kovácsy, B. (1923): *Sheep husbandry*. Athenaeum Irodalmi és Nyomdai Társulat Kiadása, Budapest.
- Loukovitis, D. – Szabó, M. – Chatziplis, D. – Monori, I. – Kusza, Sz. (2022): Genetic diversity and substructuring of the Hungarian merino sheep breed using microsatellite markers. *Anim. Biotech.*, 34. 1701–1709.
- Lu, Z. – Yue, Y. – Yuan, C. – Liu, J. – Chen, Z. – Niu, C. – Sun, X. – Zhu, S. – Zhao, H. – Guo, T. – Yang, B (2020): Genome-wide association study of body weight traits in chinese fine-wool sheep. *Animals*, 10. 170.

- Megdiche, S. – Mastrangelo, S. – Hamouda, M. B. – Lenstra, J. A. – Ciani, E. (2019): A combined multi-cohort approach reveals novel and known genome-wide Selection signatures for wool traits in Merino and Merino-derived sheep breeds. *Front. Genet.*, 10. 1025.
- Nagy, Zs. – Németh, A. – Mihályfi, S. – Toldi, Gy. – Gergátz, E. – Holló, I. (2011): The short history of Hungarian sheep breeding and Hungarian Merino breed. *Acta Agr. Kaposváriensis*, 15. 19–26.
- Patterson, N. – Price, A. L. – Reich, D. (2006): Population structure and eigenanalysis. *PLOS Genet.*, 2. e190.
- Peter, C. – Bruford, M. – Perez, T. – Dalamitra, S. – Hewitt, G. – Erhardt, G. et al. (2007): Genetic diversity and subdivision of 57 European and Middle-Eastern sheep breeds. *Anim. Genet.*, 38. 37–44.
- Pickrell, J. K. – Pritchard J. K. (2012): Inference of population splits and mixtures from genome-wide allele frequency data. *PLOS Genet.*, 8. e1002967.
- Schandl, J. (1966): Sheep husbandry. Mezőgazdasági Kiadó, Budapest.
- 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.
- Szabó, M. – Kusza, Sz. – Csízi, I. – Monori, I. (2016): Role of Hungarian Merinos in the sheep husbandry. *Agrártud. Közl.*, 69. 1–6.
- Thomson, T. E. – Winney, I. S. – Salles, O. C. – Pujol, B. (2018): A guide to using a multiple-matrix animal model to disentangle genetic and nongenetic causes of phenotypic variance. *PLOS ONE*, 3. e0197720.
- Vahid, Y. – Kóbori, J. (2002): Breeding and selection of Merinos. Szaktudás Kiadó Ház, Budapest.
- Veress, L. – Jankowski, S. T. – Schwark, H. J. (1982): Shepherd's book. Mezőgazdasági Kiadó, Budapest.
- Wang, H. – Zhang, L. – Cao, J. – Wu, M. – Ma, X. – Liu, Z. – Liu, R. – Zhao, F. – Wei, C. – Du, L. (2015): Genome-wide specific selection in three domestic sheep breeds. *PLOS ONE*, 10. e0128688.
- Weir, B. S. – Cockerham, C. C. (1984): Estimating F-statistics for the analysis of population structure. *Evolution*, 38. 1358–1370.
- Zhang, L. – Liu, J. – Zhao, F. – Ren, H. – Xu, L. – Lu, J. – Zhang, S. – Zhang, X. – Wei, C. – Lu, G. – Zheng, Y. – Du, L (2013): Genome-wide association studies for growth and meat production traits in sheep. *PLOS ONE*, 8.e66569.
- Zhang, Y. – Xue, X. – Liu, Y. – Abied, A. – Ding, Y. – Zhao, S. – Wang, W. – Ma, L. – Guo, J. – Guan, W. – Pu, Y. – Mwacharo, J. M. – Han, J. – Ma, Y. – Zhao, Q. (2021): Genome-wide comparative analyses reveal selection signatures underlying adaptation and production in Tibetan and Poll Dorset sheep. *Sci. Rep.*, 11. 2466.
- Zsolnai, A. – Egerszegi, I. – Rózsa, L. – Mezőszentgyörgyi, D. – Anton, I. (2023): Position of Hungarian Merino among other Merinos, within-breed genetic similarity network and markers associated with daily weight gain. *Anim. Biosci.*, 36. 10–18.

Érkezett: 2023. június

Szerzők címe: Zsolnai, A. – Egerszegi, I. – Rózsa, L. – Mezőszentgyörgyi, D. – Anton, I.
Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem Kaposvári Campus, Georgikon Campus

Authors' address: Hungarian University of Agriculture and Life Sciences Kaposvár Campus,
Georgikon Campus
H-7400 Kaposvár, Guba Sándor utca 40.
H-8360 Keszthely, Deák Ferenc utca 16.
zsolnai.attila@uni-mate.hu