

International Journal of DAGENE

# Danubian Animal Genetic Resources

Volume 7, Issue 2 (2022)

DAGENE  
International Association for the Conservation  
of Animal Breeds in the Danube Region  
1078 Budapest, István street 2.  
Hungary



## Vergleich zweier Nachfolgerassen des Zaupel-Schafs, Cikta und Waldschaf, basierend auf ihrer mtDNS Kontrollregion

FOGARASSY, Leonie<sup>1</sup> – BERGER, Beate<sup>2</sup> – ZENKE, Petra<sup>1</sup> – KOVÁCS, Endre<sup>1</sup> – SÁFÁR, László<sup>3</sup> – BECSKEI, Zsolt<sup>4</sup> – MARÓTI-AGÓTS, Ákos<sup>1</sup> – GÁSPÁRDY, András<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Institut für Tierzucht, Tierernährung und Labortierkunde, Veterinärmedizinische Universität Budapest, István Str. 2, 1078 Budapest, Ungarn

<sup>2</sup>Institut für Biologische Landwirtschaft und Biodiversität der Nutztiere, Austraße 10, 4601 Wels-Thalheim, Österreich

<sup>3</sup>Verband für Ungarische Schaf- und Ziegenzüchter, Lőportár Str. 16, 1134 Budapest, Ungarn

<sup>4</sup>Lehrstuhl für Tierzucht und Genetik, Tierärztliche Fakultät, Belgrad Universität, Bulevar Oslobođenja 18, 11000 Belgrad, Serbien

\*Korrespondenzautor-E-Mail: [gaspardy.andras@univet.hu](mailto:gaspardy.andras@univet.hu)

### Zusammenfassung

Das Ziel dieser Arbeit ist es, den genauen genetischen Hintergrund und die dazugehörige Abstammung von heimischen Schafrassen zu erforschen, erhalten und in einer genetischen Datenbank zu archivieren. In dieser Studie liegt der Schwerpunkt auf dem direkten Vergleich des Cikta und des Waldschafes. Für diesen Zweck wurde das Erbgut der beiden Rassen mit der Kontrollregion in der mtDNS verglichen. Die biologischen Proben für diese Studie wurden zwischen den Jahren 2015 und 2017 aus insgesamt 97 Individuen entnommen, 70 aus Cikta (Ungarn) und 27 aus Waldschaf (Österreich).

Im Vergleich von Cikta und Waldschaf betrug die Gesamtzahl der polymorphen Stellen 125; die Anzahl der gemeinsamen Mutationen betrug 51, was eine bedeutende genetische Identität zwischen den Rassen zeigt. Das Ergebnis des D-Tests von Tajima war  $-0,47672$  und zeigte keine Signifikanz ( $P > 0,10$ ) sowie der Wert der  $F_s$ -Statistik von  $F_U$  und  $L_I$ s ( $0,76212$ ), der ebenfalls als nicht signifikant gewertet wird. Diese befinden sich weiterhin im genetischen Gleichgewicht und eine Abweichung davon gefährdet die untersuchte Gemeinschaft der Zaupel-Derivate nicht. Diese Studie bestätigt die gemeinsame Abstammung von Cikta und Waldschaf, welche für ihre Zuchtgeschichte bekannt sind.

Schlüsselwörter: Zaupel, Cikta, Waldschaf, mtDNS Kontrollregion

### Einleitung

Das Bewahren einer genetischen Vielfalt ist einer der wichtigsten Aspekte, um gesunde, aber auch resistente Tiere hervorzubringen. Um diese Anforderung zu erfüllen, versucht man heimische Rassen wiederherzustellen, Standardrassen einzukreuzen und so Gesundheit, aber auch Widerstandsfähigkeit zu gewährleisten und die zukünftige Reproduktion zu erhöhen.

Mit diesem Anliegen haben wir Blutproben von mehreren Individuen zweier Rassen von Schafen untersucht, von denen angenommen wurde, dass sie mit dem ausgestorbenen

Zaupelschaf verwandt sind. Bei dem ausgestorbenen Zaupel gibt es einen gewissen Radius heute noch lebender Rassen, welche als engste Nachkommen anerkannt sind. Es umfasst das Cikta-Schaf, das Bovec-Schaf, das Bergschaf und das Bayerische Waldschaf. Konkret basierte unsere durchgeführte umfassende Untersuchung auf dem Vergleich der mutierten nuklearen (Mikrosatelliten, KOVÁCS et al., 2019) und mitochondrialen (Zytochrom b Gen, KOVÁCS et al., 2020a; Kontrollregion, KOVÁCS et al., 2020b) Material innerhalb der Rasse Cikta. Daher ist an dieser Stelle der Studie der Vergleich innerhalb der Rassen essenziell. Die phänotypischen Gemeinsamkeiten aber auch die Veränderungen in der DNS gaben uns die Möglichkeit, die gemeinsame Abstammung zu studieren und anschließend die Entwicklung der Schafrassen nachzuverfolgen. HEINZ et al. (2021) waren die ersten, die Cikta und Bovec Rassen basierend auf der Kontrollregion verglichen. In unserem Fall wurde das autochthone Cikta-Schaf mit dem Waldschaf als Nachfolgerrassen des ausgestorbenen Zaupel-Schafs verwendet. Das Zaupelschaf (*Ovis aries germanicus rusticus*) ist eine Mehrzweckrasse, welche im Mittelalter aktiv zur Gewinnung von Fleisch, Wolle und Milch genutzt wurde. Bis das Merinoschaf das Zaupel aufgrund einer angenehmeren Wolle ersetzte, waren Zaupel-Schafe die am weitesten verbreitete Rasse Europas. Unser Ziel dieser Studie ist es, andere Nachkomme der Zaupel-Schafe zunächst anhand ihrer phänotypischen Merkmale zu erkennen und daraufhin zu extrahieren, sie dann aber anhand ihrer genetischen Komponenten zu verifizieren. Dazu wird mit Hilfe modernster molekulargenetischen Technik gleiche Abstammung nachgewiesen, um auf eine gemeinsame Herkunft zu schließen. Um dies umzusetzen, haben wir die Unterschiede im mütterlichen Erbgut von zwei der drei bekannten Zaupel-Nachkommen untersucht: Cikta und bayrisches Waldschaf. Dazu wurde die Reihenfolge der Sequenzen der variablen Kontrollregion (CR) der mtDNS untersucht und anschließend genauer ausgewertet. Durch unsere erzielten Ergebnisse möchten wir die gleiche genetische Abstammung der verschiedenen historischen Rassen nachweisen und belegen. Jedoch ist es auch unser Ziel, eine Grundlage für die weitere Untersuchung und Forschungen der genetischen Eigenschaften der Zaupel-Derivate zu schaffen, um in Zukunft in diesem Bereich noch intensiver forschen zu können.

## Materialien und Methoden

Im Jahr 2015 wurde aus drei Herden des Cikta-Schafes eine bestimmte Anzahl von Individuen ausgewählt, welche Teil dieser Studie wurden. Der erste Privatbetrieb wird von Herrn T. Nagy in Pénteszgyőr (Ungarn) geführt, der 11 Schaffamilien besitzt. Der zweite private Bauernhof gehört Herrn J. Jánosi in Szécsénke (Ungarn), dieser besitzt 5 Schaffamilien. Die dritte Farm ist der staatliche Duna-Dráva-Nationalpark in Nagydorog mit einem Besitz von 20 Schaffamilien. Jedes Tier wurde sorgfältig nach Mutterschaft beziehungsweise der mütterlichen Linie ausgewählt. Der Probensammlung ging die Verarbeitung des gesamten Stammbuches voraus (POSTA et al., 2019), dann wurde das „Gründer-Sampling“ verwendet (MARÓTI-AGÓTS et al., 2008), das die Zugehörigkeit der beprobten Individuen basierend auf der mütterlichen Abstammung berücksichtigt.

Die Schafe besitzen eine 6-5-4 Ahnengeneration, welche auf die 36 ältesten Schaffamilien zurückführbar sind. Aus jeder Urfamilie von Schafen wurden, in fast allen Fällen zwei Vertreter für die Probensammlung erwählt, sodass sich eine Gesamtzahl von 70 Exemplaren ergab. Das Sammeln der Proben begann im Herbst 2015. Das Blut wurde aus der Jugularvene (*vena jugularis*) entnommen und in einem EDTA Blutröhrchen (Ethylendiamintetraazetat) aufbewahrt (RABE, 2017).

Die zweite, in dieser Studie untersuchte Vergleichsrasse war das Waldschaf. Für gemeinsame Auswertung stellte ÖNGENE (Österreich) 27 aufgereinigte individuelle DNS-Proben dieser

Rasse zur Verfügung. Die Individuen, die die Probe abgegeben haben, waren nicht eng miteinander verwandt.

Den Anweisungen des Herstellers folgend wurde die mtDNS unter Verwendung des SIGMA GenElute Blood Genomic DNA Kits isoliert. Der Kontrollregion wurde zwei von HIENDLEDER et al. (1998) und GÁSPÁRDY et al. (2021) entworfenen Primerpaare zugewiesen. Ein programmierbares Thermal Cycler 2720 PCR-Instrument (Applied Biosystem) wurde verwendet, um das DNS-Segment zu amplifizieren. Die Sanger-Sequenzierung der Kontrollregion wurde in beide Richtungen durchgeführt, was zur Bewertung einer 1180-bp-Region (15437–16616) aus 97 Probe führte. Die resultierenden Sequenzen wurden mit MEGAX abgeglichen (KUMAR et al., 2018).

Mit der Software DnaSP v6.0 konnten wir die Anzahl der polymorphen Stellen in der gesamten Probe bestimmen und die mittlere Nukleotiddifferenz innerhalb und zwischen den Herden berechnen (ROZAS et al., 2017). Wir verwendeten zur weiteren statistischen Verarbeitung den von FU und LI vorgeschlagenen Test (FU und LI, 1993), die JUKES und CANTOR-Methode (JUKES und CANTOR, 1969) sowie der TAJIMA-Test (TAJIMA, 1989). Die Rassenverteilung der CR-Haplotypen wurde mit der Software Network 10.2.00 (fluxus-engineering.com; BANDELT et al., 1999) aufgezeichnet.

## Ergebnisse und Auswertung

Tabelle 1 zeigt die bewerteten Individuen und deren Mutationen in der jeweiligen Rasse.

Tabelle 1. Individuen und Mutationen pro Rasse

Parameter	Cikta	Waldschaf
Anzahl der ausgewerteten Sequenzen	70	27
Anzahl polymorpher Stellen (Mutationen)	108	68

Insgesamt wurde eine Anzahl von 97 Sequenzen/Individuum zur genaueren Untersuchung genutzt. Bezüglich der Gesamtpopulation, unter Ausschluss von Alignment-Lücken, beträgt die Anzahl der ausgewerteten Stellen im CR-Genom 1179. Im Vergleich dazu betrug die Anzahl der polymorphen (mutierten) Basen 125 (davon 10 Singleton-Sites und 115 Sparsamkeits-Informationssites). 1054 der untersuchten Basen waren monomorph. Die Anzahl der geteilten Mutationen betrug 51. Daher kann die genetische Identität zwischen den beiden Rassen als signifikant angesehen werden.

Tabelle 2 zeigt, dass jede der Indikatoren Aufschluss über den Diversität innerhalb einer Population gibt. Aufgelistet werden hier die Anzahl der Nukleoiden Unterschiede ( $k$ ) und die Nukleotide Diversität ( $\pi$ ).

Tabelle 2: Werte von  $k$  und  $\pi$  pro Rasse

Parameter	Cikta	Waldschaf
Durchschnittliche Anzahl von Nukleotidunterschieden, $k$	21,251	18,661
Nukleotiddiversität, $\pi$	0,01802	0,01583
Durchschnittliche Nukleotiddiversität nach Jukes und Cantor, $\pi$ (JC)	0,01837	0,01616
Standardabweichung von $\pi$ (JC)	0,00186	0,00308

Die Nukleotiddiversität ( $\pi$ ) ist die Anzahl verschiedener Nukleotide an einer bestimmten Basenstelle in zwei zufälligen Chromosomen einer Population. Es ist sichtbar, dass die Cikta-Herde als die Population mit der größeren Diversität und höhere Anzahl durchschnittlicher Nukleotidunterschieden (21,251) und einer Nukleotiddiversität (0,01802) gekennzeichnet ist. Im Vergleich dazu waren die Werte der Waldschaf Population mit einer durchschnittlichen Nukleotiddifferenz von 18,661 und einer Nukleotiddiversität von 0,01583 eindeutig niedriger. Die Überprüfung der durchschnittlichen Anzahl von Nukleotidunterschieden ( $k$ ) und der Nukleotiddiversität ( $\pi$ ) ist besonders nützlich bei der Beurteilung verschiedener Populationen und bei einem direkten Vergleich der untersuchten Rassen.

Tabelle 3 zeigt die Ergebnisse der durchschnittlichen Zählung der Nukleotidunterschieden ( $k_{xy}$ ) und Nukleotid-Substitutionen beim direkten Vergleich der beiden Rassen.

Tabelle 3. Ergebnisse von  $k_{xy}$  und  $D_{xy}$  im Durchschnitt und Nukleotid-Substitutionen im Rassevergleich

Parameter	Cikta und Waldschaf
Durchschnittliche Anzahl der Nukleotidunterschieden, $k_{xy}$	20,635
Durchschnittliche Anzahl von Nukleotid-Substitutionen pro Seite zwischen den Rassen, $D_{xy}$	0,0175
Durchschnittliche Anzahl von Nukleotid-Substitutionen pro Seite zwischen den Rassen nach Jukes und Cantor, $D_{xy}$ (JC)	0,01784
Standardabweichung von $D_{xy}$ (JC)	0,00237
Paarweise genetische Differenzierung, $k_{st}$	0,01324

In voller Vereinigung von Cikta und Waldschaf betrug die durchschnittliche Anzahl der gepaarten Nukleotidunterschiede ( $k_{xy}$ ) 20,635 und die durchschnittliche Anzahl von Nukleotid-Substitutionen pro Seite zwischen den Rassen ( $D_{xy}$ ) 0,0175.

Bei den korrigierten Werten nach JUKES und CANTOR ( $D_{xy}$  (JC)) beträgt die durchschnittliche Nukleotiddiversität 0,01784, mit einer Standardabweichung von 0,00237.

Die Schätzung der paarweisen genetischen Differenzierung ( $K_{st}$ ), die unter Verwendung der sequenzbasierten Statistik für CR berechnet wurde, betrug 0,01324 ( $P > 0,05$ ); somit zeigten diese keine genetische Differenzierung in beiden Sequenzen zwischen Cikta und Waldschaf.

Tajima D-Test ergab -0,47672, was statistisch nicht signifikant ist ( $P > 0,10$ ). Wir können daraus schließen, dass die Rassen als Mitglieder derselben gemeinsamen Population betrachtet werden können, welche im Gleichgewicht ist. Ein signifikant negatives Ergebnis wäre ein Indikator für kürzlich aufgetretene selektive Mutationen, die auf eine Expansion der Population nach einem kürzlich erfolgten Engpass schließen (Flaschenhalseffekt/Gendrift). Wohingegen ein signifikant positives Ergebnis ein Indikator für eine genetische Verengung und/oder eine Fragmentierung in Subpopulationen ist.

Die Ergebnisse des FU & LI D\*-Tests ergaben den Wert 1,45676, der mit  $P > 0,05$  als unbedeutend angesehen wird. Das Ergebnis des F\*-Test von FU und LIs war 0,76212, was als nicht signifikant ( $P > 0,10$ ) in der Gesamtpopulation gewertet wird. Ein signifikant negativer Wert ist ein Hinweis auf eine übermäßige Anzahl von Allelen, der in einer kürzlichen Populationsexpansion oder einem genetischen Drift zu erwarten wäre. Hingegen ist ein positiver Wert ein Beweis für einen Mangel an Allelen, der sich durch einen kürzlich aufgetretenen Flaschenhalseffekt in einer Population anzeigt. Fu's F-Statistik: -0.387 ( $P > 0.05$ )

Die Gesamtzahl der Haplotypen ( $h$ ) betrug 38. Davon wurden 29 im Cikta und 11 beim Waldschaf nachgewiesen. Die Haplotyp-Diversität ( $h_d$ ) betrug 0,96478, während die gesamte genetische Struktur der vereinigten Population (0,02458) auch unter Verwendung der  $H_{st}$ -Schätzung nicht signifikant war.

Abbildung 1 zeigt die CR-Haplotypen der Cikta-Schafe (gelb) und der Waldschafe (grün) basierend auf deren informativen Mutationen. Die Größe der Kreise hängt von der Anzahl der Individuen ab, die einen speziellen Haplotyp repräsentieren. Es ist gut sichtbar, dass die Cikta-Haplotypen hauptsächlich nahe beieinander liegen, gleichzeitig jedoch auch nahe der Haplogruppe B der GenBank aufweisen. Die Haplotypen der untersuchten Waldschaf Gruppe bilden eine andere, jedoch eng verwandte Gruppe bezüglich der Vertreter der Haplogruppe B der GenBank. Ausnahmen sind Individuen der Haplogruppe A und insbesondere der Haplogruppe C. Die Haplotypen von Urial (schwarz) und Argali (schwarz) liegen weit entfernt von Waldschaf und Cikta, was eine sehr distanzierte Verbindung zueinander zeigt. Das Mufflon (schwarz) ist in der Nähe der Haplogruppe B der GenBank abgebildet, was seine engere Verwandtschaft mit den Hausschafen zeigt.

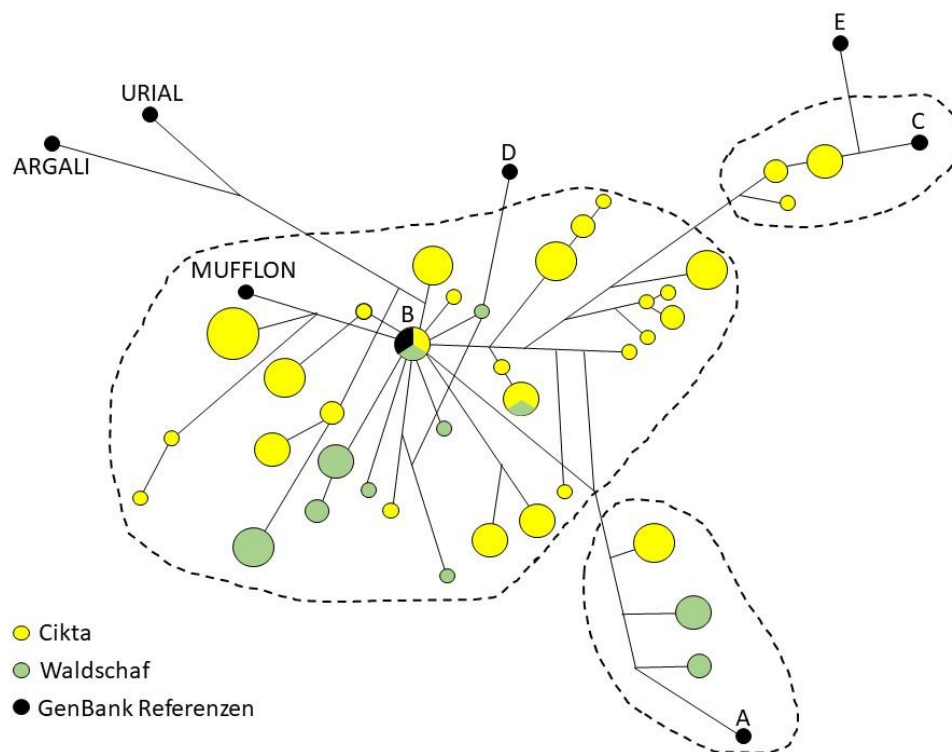


Abbildung 1. Beziehung zwischen der untersuchten CR Haplotypen und der Referenz-CR Haplogruppen (schwarz; A-HM236174, B-HM236176, C-HM236178, D-HM236180, E-HM236182 MEADOWS et al., 2005 und *O. musimon* Mufflon HM236184, *O. ammon* Argali HM236188, *O. vignei* Urial HM236186 HIENDLEDER et al., 2002) als Median-Joining Network (siehe Legende im Text)

WASSMUTH et al. (2002) fanden heraus, dass alle Steinschaf-Individuen zur Haplogruppe B gehören. Beim Waldschaf wurde die Haplogruppe A jedoch bei mehr als der Hälfte der Tiere gefunden. Sie zeigt, dass nicht alle Nachkommen der Zaupelschafe auf denselben domestizierten Vorfahren (*Torfschaf* oder *Ovis aries palustris*) zurückgeführt werden können. Vielmehr bestätigt die vorliegende Studie, dass Waldschaf wahrscheinlich auch Mitglieder der Haplogruppe B sind.

## Schlussfolgerung und Empfehlungen

Diese Studie soll helfen, die Gene von verschiedener Schafrassen nicht nur zu erhalten, sondern auch zu rekonstruieren mit dem Ziel, die Urschafe so ähnlich wie möglich den historischen Dokumentationen nahezukommen beziehungsweise nachzuziehen. Abschließend wurden im Rahmen unserer Studie mitochondriale Teilsequenzen von 70 Individuen der Cikta-Schafe aus Ungarn und 27 Waldschafen aus Österreich untersucht. Die Zahlen zeigen, dass die Populationen von Cikta und Waldschaf 51 (41%) polymorphe Punkte teilen. Hinsichtlich der Nukleotid- und Haplotyp-Diversität beim Waldschaf ist eine moderate genetische Verdichtung zu erkennen. Diese Auswirkung ist auf einen möglichen Flaschenhalseffekt zurückzuführen, der in der Vergangenheit aufgetreten sein musste. Das Ergebnis des D-Tests von Tajima war -0,47672 und zeigte keine Signifikanz ( $P > 0,10$ ) sowie der Wert der  $F_s$ -Statistik von  $F_U$  und  $L_i$ s (0,76212), der ebenfalls als nicht signifikant gewertet wird. Diese befinden sich weiterhin im genetischen Gleichgewicht. Eine Abweichung davon gefährdet die untersuchte Gemeinschaft der Zaupel-Derivate nicht. Diese Studie bestätigt die gemeinsame Abstammung von Cikta und Waldschaf, welche für ihre Zuchtgeschichte bekannt sind.

Die paarweise genetische Differenzierung ( $K_{ST}$ ) ist jedoch überhaupt nicht signifikant. Daraus ist zu schließen, dass es in den einzelnen Rassen Unterschiede ergeben sich nicht. Für unsere Züchter ist es nach wie vor von großer Bedeutung, auch in Zukunft gemeinsame Gene innerhalb der Zaupel-Nachfolger zu finden. Dieses Ziel bedarf jedoch weiterer Forschung.

## Danksagung

Diese Arbeit basiert auf der Diplomarbeit von Leonie Fogarassy "Comparison of Forest Sheep and Hungarian Cikta based on their mtDNA control region". Durchführung und Datenverarbeitung von genetischen Untersuchungen wurden durch die Unterstützung der Europäischen Union, kofinanziert vom Europäischen Fonds für regionale Entwicklung (ERFA) (Finanzhilfvereinbarungsnummer: VEKOP-2.3.2.-16- 2016-00012, „Wissenschaftliche Grundlage und Entwicklung der Genbankstrategie des 21. Jahrhunderts für einheimische Nutztierarten, Rassen und Ökotypen im Karpatenbecken“) realisiert.

## Literaturverzeichnis

- BANDELT, H. – FORSTER, P. – RÖHL, A. (1999): Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. *Mol. Biol. Evol.*, 16(1): 37–48.
- FU, Y.X. – LI, W.H. (1993): Statistical tests of neutrality of mutations. *Genetics*, 133(3), 693–709.
- GÁSPÁRDY, A. – BERGER, B. – ZABAVNIK-PIANO, J. – KOVÁCS, E. – ANNUS, K. – ZENKE, P. – SÁFÁR, L. – MARÓTI-AGÓTS, Á. (2021): Comparison of mtDNA control region among descendant breeds of the extinct Zaupel sheep revealed haplogroup C and D in Central Europe. *Vet. Med. Sci.*, 7: 2330–2338. DOI: 10.1002/vms3.585
- HEINZ, M.N. – ZABAVNIK, P. – ZENKE, P. – KOVÁCS, E. – SÁFÁR, L. – BECSKEI, Zs. – MARÓTI-AGÓTS, Á. – GÁSPÁRDY, A. (2021): Vergleich zweier Nachfolgerrassen des Zaupel-Schafs, Cikta und Bovec, basierend auf ihren mtDNS CR-Sequenzen. *Danubian Animal Genetic Resources*, 6(2): 49–57.
- HIENDLEDER, S. – LEWALSKI, H. – WASSMUTH, R. – JANKE, A. (1998): The Complete Mitochondrial DNA Sequence of the Domestic Sheep (*Ovis aries*) and Comparison with

- the Other Major Ovine Haplotype. *J. Mol. Evol.*, 47: 441–448. DOI: 10.1007/PL00006401
- HIENDLEDER, S. – KAUPE, B. – WASSMUTH, R. – JANKE, A. (2002): Molecular analysis of wild and domestic sheep questions current nomenclature and provides evidence for domestication from two different subspecies. *Proc. Royal Soc. B*, 269, 893–904. DOI: 10.1098/rspb.2002.1975
- JUKES, T.H. – CANTOR, C.R. (1969): Evolution of protein molecules. In *Mammalian protein metabolism, III.*, Munro, H.N., Ed.; Academic Press: New York, USA,; pp. 21–132.
- 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. *J. Anim. Plant Sci.*, 29(1): 41–47.
- KOVÁCS, E. – HARMAT, L. – TEMPFLI, K. – SÁFÁR, L. – BECSKEI, ZS, – MARÓTI-AGÓTS, Á. – GÁSPÁRDY, A. (2020a): Results of the sequence analysis of the mitochondrial gene Cyt-b from Cikta sheep (in German with English summary). *Danub. Anim. Genet. Resour.*, 5(1): 19–25.
- KOVÁCS, E. – MARÓTI-AGÓTS, Á. – HARMAT, L. – ANNUS, K. – ZENKE, P. – TEMPFLI, K. – SÁFÁR, L. – GÁSPÁRDY, A. (2020b): Characterisation of Hungarian Cikta sheep based on the control region of mtDNA (in Hungarian with English summary). *Magy. Allatorvosok Lapja*, 142(7): 421–428.
- KUMAR, S. – STECHER, G. – LI, M. – KNYAZ, C. – TAMURA, K. (2018): MEGA X: Molecular Evolutionary Genetics Analysis across computing platforms. *Mol. Biol. Evol.*, 35: 1547–1549. DOI: 10.1093/molbev/msy096
- MARÓTI-AGÓTS, Á. – ZÖLDÁG, L. – SOLYMOSSI, N. – EGYED, B. (2008): Effect of different sampling methods on cattle mtDNA phylogenetic studies. 59th Annual Meeting of the European Association for Animal Production, Vilnius, Lithuania, 2008. 08. 24–25.
- MEADOWS, J.R.S. – LI, K. – KANTANEN, J. – TAPIO, M. – SIPOS, W. – PARDESHI, V. – GUPTA, V. – CALVO, J.H. – WHAN, V. – NORRIS, B. – KIJAS, J.W. (2005): Mitochondrial sequence reveals high levels of gene flow between sheep breeds from Asia and Europe. *J. Hered.*, 96: 494–501. DOI: 10.1093/jhered/esi100
- POSTA, J. – KOVÁCS, E. – TEMPFLI, K. – SÁFÁR, L. – GÁSPÁRDY, A. (2019): Pedigree analysis of a population bottlenecked, the Cikta with special regard to its maternal lineages (in Hungarian). *Magy. Állatorvosok Lapja*, 2019. 141(3), 171–180.
- RABE, A. (2017): Genetic Investigations in Hungarian Zaupel Sheep. Thesis. University of Veterinary Medicine Budapest, pp. 38.
- ROZAS, J. – FERRER-MATA, A. – SÁNCHEZ-DELBARRIO, J.C. – GUIRAO-RICO, S. – LIBRADO, P. – RAMOS-ONSINS, S.E. – SÁNCHEZ-GRACIA, A. (2017): DnaSP 6: DNA Sequence Polymorphism Analysis of Large Datasets. *Mol. Biol. Evol.*, 34: 3299–3302. DOI: 10.1093/molbev/msx248
- TAJIMA, F. (1989): Statistical Method for Testing the Neutral Mutation Hypothesis by DNA Polymorphism. *Genetics*, 123(3): 585–595
- WASSMUTH, R. – HIENDLEDER, S. – MENDEL, Ch. – ERHARDT, G. (2001): Biochemical polymorphisms and major mtDNA haplotypes in Bergschaf breeds and Waldschaf as contribution to descent of domestic sheep (in German). *J. Anim. Breed. Genet.*, 118(5): 327–340. DOI: 10.1046/j.1439-0388.2001.00300.x



## **Abstract**

The aim of this work is to research, preserve and archive the exact genetic background and the associated ancestry of native sheep breeds in a genetic database. In this study, the focus is on the direct comparison of the Cikta and the Forest Sheep (Waldschaf). For this purpose, the genomes of both breeds were compared with the control region in the mtDNA. The biological samples for this study were collected between 2015 and 2017 from a total of 97 individuals, 70 from Cikta (Hungary) and 27 from Forest Sheep (Austria).

The total number of polymorphic sites was 125; the number of shared mutations was 51, showing significant genetic identity between the breeds. The result of Tajima's D-test was -0.47672 and showed no significance ( $P > 0.10$ ) as well as the value of the  $F_s$  statistic of FU and LIs (0.76212), which is also considered not significant. These are still in the genetic equilibrium. A deviation from it does not endanger the examined community of Zaupel derivatives. This study confirms the common ancestry of Cikta and Forest Sheep, which are known for their breeding history.

Key words: Zaupel sheep, Cikta, Forest Sheep, mtDNA control region