

International Journal of DAGENE

Danubian Animal Genetic Resources

Volume 4 (2019)

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



Danubian Animal Genetic Resources

Volume 4 (2019)

Person responsible for edition:

Editor-in-Chief: András GÁSPÁRDY (Hungary)

Editorial board:

President: Ante IVANKOVIČ (Croatia)

Pál HAJAS (Hungary)

Beate BERGER (Austria)

Mojca SIMČIČ (Slovenia)

Marcel MATIUTI (Romania)

Zsolt BECSKEI (Serbia)

Peter CHRENEK (Slovakia)

János POSTA (Hungary)

Technical editor: Jelena RAMLJAK

Editorial office: DAGENE - International Association for the Conservation of Animal Breeds in the Danube Region, 1078 Budapest, István street 2. office@dagene.eu - www.dagene.eu

Publisher: DAGENE - International Association for the Conservation of Animal Breeds in the Danube Region, 1078 Budapest, István street 2. office@dagene.eu - www.dagene.eu

Person responsible for publishing: András GÁSPÁRDY president of DAGENE

Printed by A/3 Printing and Publishing Ltd., Péter MOHAI

HU ISSN: 2498-5910

This journal, founded 2016 is the official publication medium for the yearly activity of DAGENE members. Manuscripts should be submitted to aivankovic@agr.hr.

Our journal is freely distributed in hard copy among the members of DAGENE and cooperating associations, however it is available from website www.dagene.eu.

Supporting and advertising are possible at the office. Persons interested in becoming members of the DAGENE should contact the office.

STR-Polymorphismen in einer historischen Rasse, im Ciktaschaf

KOVÁCS, Endre¹ – TEMPFLI, Károly¹ – BECSKEI, Zsolt² – BALI PAPP, Ágnes¹ – GÁSPÁRDY, András^{3,*}

¹Lehrstuhl für Haustierwissenschaft, Széchenyi István Universität, 9200 Mosonmagyaróvár, Vár 2, Ungarn

²Lehrstuhl für Tierzucht und Genetik, Tierärztliche Fakultät, Belgrad Universität, 11000 Belgrad, Bulevar Oslobođenja 18, Serbien

³Lehrstuhl für Tierzucht, Tierernährung und Labortierkunde, Universität für Veterinärmedizin Budapest, 1078 Budapest, István 2, Ungarn

*Korrespondenzautor E-Mail: gaspardy.andras@univet.hu

Zusammenfassung

Die Bestandsstruktur der gefährdeten Cikta Schafrasse wurde anhand von neun Mikrosatelliten-Polymorphismen bewertet. Aus 72 Tieren von drei Herden wurden Blutproben genommen, um die genetischen Indizes in der ungarischen Population zu bestimmen. Insgesamt waren die beobachteten und wirksamen Allel-Zahlen im Durchschnitt 5,63 bzw. 3,76. Hohe Werte für die erwartete Heterozygotität (0,65–0,87) zeigten den Auszucht Status an. Die Diskriminanzanalyse basierend auf den Genotyp-Frequenzen zeigte eine moderate genetische Diversität unter den Cikta-Herden, da nur drei Loci (OarCP49, CSSM47 und OarHH41) signifikant Unterscheidung ($P < 0,05$) von den Subpopulationen hatten. Die geringeren Entfernungen von Mahalanobis zu Gruppen-Zentroiden bestätigten ebenfalls, dass die Rasse durch die drei Herden fast gleich stark vertreten ist. Das moderate Niveau der Diversität zwischen den Herden wurde auf die langfristigen Auswirkungen eines Bestandsengpasses aus den 70er Jahren zurückgeführt. Für die Erhaltung seltener Allele und Diversität bei Cikta-Schafen sind fortlaufende Informationen von Mikrosatelliten erforderlich.

Schlüsselwörter: ungarischer Ciktaschaf, Mikrosatelliten-Polymorphismen, relativer Shannonsche Index, Mahalanobis-Distanz

Abstract

STR polymorphisms of a historical sheep breed, the Cikta

The population structure of the endangered Cikta sheep breed was evaluated by means of nine microsatellite polymorphisms. Seventy-two individuals from three flocks were sampled to determine genetic indices in the Hungarian population. Overall, average observed and effective allele numbers were 5.63 and 3.76, respectively. High values of expected heterozygosity (0.65-0.87) indicated outbred status. Discriminant analysis based on genotype frequencies revealed moderate genetic diversity among Cikta flocks, since only three loci (OarCP49, CSSM47 and OarHH41) contributed significantly ($P < 0.05$) to differences between subpopulations. Low squared Mahalanobis distances from group centroids also confirmed that the breed is almost equally represented by the three flocks. Moderate level of diversity between flocks was attributed to the long-term effects of a population bottleneck dating back

to the 1970s. Continuous microsatellite information is required for the preservation of rare alleles and diversity in Cikta sheep.

Key words: Cikta sheep, short tandem repeats, relative Shannon index, Mahalanobis distances

Einleitung

Traditionelle landwirtschaftliche Nutztierassen stellen wertvolle genetische Ressourcen dar, die zur Bewältigung zukünftiger Herausforderungen der Tierzucht wie Klimawandel und starker Verlust der Biodiversität erforderlich sind. Daher sollten alle Anstrengungen unternommen werden, um bestehende Populationen lokaler autochthoner Rassen sorgfältig zu erhalten und zu beschreiben. Die Cikta ist eine von mehreren in Ungarn registrierten einheimischen Schafrassen. Nach der Entwicklungsgeschichte haben Schwaben (eine ethnische deutsche Bevölkerung) die Ciktaschafe in Ungarn eingeführt und propagiert, als sie sich im 17. Jahrhundert in der Region ansiedelten. Cikta wurde ursprünglich als eine Dreinutzungsrasse (für Fleisch, Milch und Wolle) verwendet und hat sich sehr gut an die unterschiedlichen geographischen und klimatischen Bedingungen Ungarns in den letzten Jahrhunderten angepasst (KORTH, 1825; BOHM, 1878).

Die Bestandgröße von Cikta schwankte, war jedoch ein fester Bestandteil des ungarischen Schafbestandes. Jedoch Cikta wurde nie zur führenden oder bestandsreichsten Rasse Ungarns. Nach dem Zweiten Weltkrieg wurde dieses wertvolle Schaf fast vollständig von der Zucht ausgeschlossen (KOPPÁNY, 2000; JÁNOSI u. Mitarb., 2017). Im Jahr 1974 begann das Nationale Tierzuchtinspektorat mit der Erhaltung von Cikta zu beschäftigen, indem es 40 Mutterschafe und 3 Widder im Land sammelte. Der Tierbestand wuchs im folgenden Jahrzehnt auf 200 Tiere an. Dieser Pool war die Wurzel der heutigen lebenden Nukleuszucht von etwa 600 Tiere. Daher gilt der nationale Cikta-Bestand als Nachkomme dieses einzigen homogenen Schafbestandes. Die Cikta als geschützte indigene Rasse existiert heutzutage in einigen kleinen Herden mit staatlicher Unterstützung.

Ziel ist es, die mehrzweckige Nutzung der Rasse zu erhalten. Cikta gehört historisch zu den Gruppen der Zaupel-Schafen, zusammen mit den lebenden Vertretern der sogenannten Steinschaf-Gruppe, wie den Alpines Steinschaf, dem Waldschaf, dem Tiroler Steinschaf und dem Krainer Steinschaf (BAUMUNG u. Mitarb., 2006). Die Untersuchung von NEUBAUER und Mitarbeitern (2015) haben bestätigt, dass der Cikta genetisch gut von den Rassen des Zackel-Typs (z. B. ungarisches Racka und Siebenbürgisches Racka) und anderen zahlreicheren Rassen in Ungarn getrennt ist. Basierend auf paarweisen Neischen genetischen Distanze PICHLER und Mitarbeitern. (2017) haben den Zaupel-Typ (westeuropäisch; aus dem Krainer Steinschaf analysierte Proben) zweifellos vom Zackel-Typ (osteuropäischer Herkunft) unterschieden.

Ziel der vorliegenden Studie ist es, die populationsgenetische Analyse der Cikta-Rasse anhand der von der FAO empfohlenen Mikrosatelliten-Polymorphismen zu erweitern. Darüber hinaus wurde auch die Diskriminierungskraft der Mikrosatelliten getestet, um das Niveau der genetischen Identität zwischen den Subpopulationen der Rasse zu bestimmen.

Material und Methoden

Die zweiundsiebzig Tiere, die für die vorliegende Prüfung ausgewählt wurden, waren Vertreter der ältesten Familien. Die ausgewählten Tiere mit 6-5-4 Vorfahren-Generationen gehörten 36 Familien (mütterliche Linien) an. Zwei lebende Vertreter aus jeder alten Familie wurden ausgelassen.

Im Oktober 2015 wurden bei drei Farmen Blutproben entnommen. Eine der ausgewählten Farmen war der staatliche Nationalpark Duna-Dráva (Station Nagydorog mit 20 Familien und 40 Exemplaren), während die anderen beiden privaten Farmen im Besitz von Herrn T. Nagy (Pézesgyőr, mit 11 Familien und 22 Exemplaren) und Herr J. Jánosi (Szécsénke, mit 5 Familien und 10 Exemplaren). Auffanggefäße, die EDTA als Antikoagulans enthielten, wurden bis zur Verarbeitung bei -20°C gelagert. Nach dem Auftauen wurde die DNS aus den Blutproben mit dem Wizard Genomic DNA Purification Kit (Promega, USA) extrahiert.

Die Amplifikation der DNS wurde mittels einer programmierbaren PCR-Maschine (DNA Thermal Cycler, Perkin Elmer, USA) durchgeführt. Neun von FAO empfohlene Mikrosatelliten-Loki bei Schafen (FAO, 2011) wurden in zwei Sätzen von Multiplex-Reaktionen analysiert, wobei der erste Satz Primer für die Loci BM0757, BM8125, OarCP49, BM0827 und OarHH47 enthielt, während der zweite Satz Primer für Loci CSSM47, MAF214, OarHH41 und OarVH72 enthielt. Die 5'-Enden der Forward-Primer wurden mit Fluoreszenzfarbstoffen markiert.

Touchdown-PCR wurde für die Amplifikation von Mikrosatelliten-Loki angewendet.

Der PCR-Produktnachweis, die Bestimmung des Mikrosatelliten-Allels und die Analyse wurden unter Verwendung eines ABI PRISM 3130XL Genetic Analyzer durchgeführt, der von ABI PRISM 310 Data Collection Software (Applied Biosystems, USA) gesteuert wurde. Zur Identifizierung von Mikrosatelliten-Allelen wurde die 310 GeneScan Analysis Software 3.1 verwendet, die interne Standards zur Längenbestimmung verwendet.

Genotyper Software (Applied Biosystems, USA) wurde zur Dateninterpretation und zur Überprüfung der Länge von Mikrosatelliten verwendet.

Grundlegende populationsgenetische Parameter - wie die Anzahl der verschiedenen Allele (N_a), die Anzahl der effektiven Allele (N_e), die Anzahl der beobachteten (H_o), erwarteten (H_e) und fehlerfreien erwarteten Heterozygotie (uH_e) - wurden für Cikta-Populationen mit Hilfe des Mikrosatelliten-Analyse (DIERINGER und SCHRÖTTERER, 2003) berechnet.

Der Vergleich der Herden erfolgte durch Diskriminanzanalyse. Die Kategorisierung erfolgte mit der Bayes-Klassifikation, wo der Vergleich der Gruppen war basiert auf Gruppen-Zentroiden. Die Abweichung einer Beobachtung vom Zentroid wurde anhand des Mahalanobis-Abstandes gemessen (DELL INC., 2015).

Ergebnisse und Auswertung

Die Anzahl der Allele betrug durchschnittlich 5,63. An allen Orten war die Anzahl der Allele bei Mikrosatelliten über vier (mit Ausnahme von CSSM47), was die Empfehlung der FAO (1998) für genetische Diversitäts-Studien erfüllt. Eine Übersicht über die Parameter der genetischen Diversität ist in Tabelle 1 dargestellt.

Die Werte des relativen Shannonschen-Information-Indexes liegen in einem größeren Bereich (von ca. 40 bis 60%). Der I_{rel} ist der Anteil des tatsächlichen Shannonschen-Wertes und des theoretisch höchsten Shannonschen-Wertes (unter gleichen Allelfrequenz-Bedingungen). Diese Zahl ist vorteilhaft, wenn Mikrosatellitenorte mit verschiedenen Allelzahlen (Haplotypzahlen) verglichen werden sollen (GÁSPÁRDY u. Mitarb., 2018).

Tabelle 1. Ergebnisse der Statistik für Mikrosatelliten in Cikta Schafbestand
(Mittel ± SD)

| Mikrosatelliten | N _a | N _e | I | I _{rel} , % | H _o | H _e |
|-------------------|----------------|----------------|-------------|----------------------|----------------|----------------|
| BM0757 | 5,33 ± 0,58 | 3,43 ± 0,49 | 1,41 ± 0,05 | 54,5 | 0,72 | 0,79 |
| BM8125 | 4,67 ± 0,58 | 3,35 ± 0,84 | 1,31 ± 0,26 | 56,4 | 0,80 | 0,73 |
| OarCP49 | 5,67 ± 0,58 | 4,12 ± 0,18 | 1,53 ± 0,05 | 59,2 | 0,88 | 0,78 |
| BM0827 | 6,00 ± 1,00 | 4,59 ± 0,74 | 1,63 ± 0,13 | 58,1 | 0,92 | 0,81 |
| OarHH47 | 4,00 ± 0,00 | 2,66 ± 0,62 | 1,07 ± 0,17 | 46,1 | 0,52 | 0,60 |
| CSSM47 | 3,33 ± 1,53 | 2,54 ± 0,55 | 0,98 ± 0,28 | 42,2 | 0,77 | 0,65 |
| MAF214 | 6,00 ± 0,00 | 3,60 ± 0,26 | 1,46 ± 0,09 | 52,0 | 0,84 | 0,74 |
| OarHH41 | 9,33 ± 1,53 | 6,15 ± 0,58 | 1,97 ± 0,10 | 56,9 | 0,82 | 0,87 |
| OarVH72 | 6,33 ± 1,53 | 3,44 ± 0,31 | 1,42 ± 0,05 | 47,3 | 0,81 | 0,71 |
| Hauptdurchschnitt | 5,63 ± 1,71 | 3,76 ± 1,10 | 1,42 ± 0,29 | 52,5 ± 6,01 | 0,78 ± 0,11 | 0,74 ± 0,08 |

N_a = Anzahl der Allele; N_e = Anzahl der effektiven Allele; I = Shannonscher-Information-Index; I_{rel} = relative Shannon-Information-Index; H_o = beobachtete Heterozygotie; H_e = erwartete Heterozygotie

Der Durchschnitt der beobachteten und erwarteten Heterozygotie lag immer über 0,50 und lag in einem größeren Bereich von 0,52-0,92 bzw. 0,65-0,87. Die Werte der fehlerfreien erwarteten Heterozygotie (uH_e, Zahlen werden hier nicht dargestellt) entsprechen vollständig den Werten der erwarteten Heterozygotie.

Tabelle 2 gibt einen Überblick über die Länge der Mikrosatelliten für jede Herde. Unterschiede wurden nur in drei Fällen (OarCP49, CSSM47 und OarHH41) festgestellt, was bedeutet, dass die Herden einen hohen Identitätsgrad aufweisen und die Familien der Cikta-Rasse genetisch nahe sind. Die Untersuchung von SHARMA u. Mitarb. (2016) wurde in den gefährdeten Tibetischen Schafen von Indien durchgeführt, die alle unsere Mikrosatelliten enthielten. In allen Fällen wurde eine unerwartete Identität im Allelbereich (Größe) festgestellt.

Tabelle 2. Größe der Mikrosatelliten bei den Cikta-Beständen gezeigt in Basispaaren
(Mittel ± SD)

| Mikrosatelliten | Nagydorog n = 80 | Pénzesgyőr n = 44 | Szécsénke n = 20 | Alle n = 144 | P-Wert |
|-----------------|--------------------------|--------------------------|--------------------------|-----------------|--------|
| BM0757 | 182,4 ± 4,6 | 183,2 ± 10,0 | 183,8 ± 5,3 | 182,8 ± 6,5 | 0,645 |
| BM8125 | 114,4 ± 2,3 | 114,8 ± 2,8 | 114,2 ± 2,1 | 114,5 ± 2,4 | 0,596 |
| OarCP49 | 91,0 ^b ± 8,4 | 88,5 ^{ab} ± 7,9 | 86,3 ^a ± 6,3 | 89,5 ± 8,1 | 0,020 |
| BM0827 | 220,6 ± 3,5 | 220,0 ± 2,9 | 219,9 ± 2,7 | 220,3 ± 3,2 | 0,513 |
| OarHH47 | 133,8 ± 3,0 | 134,1 ± 3,4 | 134,7 ± 2,5 | 134,0 ± 3,0 | 0,283 |
| CSSM47 | 129,5 ^a ± 1,3 | 130,0 ^b ± 1,5 | 131,0 ^b ± 1,0 | 129,9 ± 1,4 | 0,005 |
| MAF214 | 206,6 ± 21,3 | 202,4 ± 19,0 | 202,4 ± 22,0 | 204,8 ± 20,8 | 0,334 |
| OarHH41 | 129,8 ^b ± 8,0 | 125,9 ^a ± 6,1 | 131,8 ^b ± 7,5 | 129,2 ± 7,7 | 0,015 |
| OarVH72 | 131,1 ± 5,7 | 132,8 ± 6,4 | 129,3 ± 5,2 | 131,2 ± 5,9 | 0,073 |

^{a, b} - die unterschiedliche Buchstaben drücken die statistisch bewiesene Abweichung (P < 0,05) aus

Das gemeinsame Wilksche Lambda der Diskriminanz-Funktion betrug 0,606. Dieser höhere Wert zeigt die signifikante (F = 18,2 und P < 0,001) Unterscheidungsfähigkeit der Funktionen an. Nicht alle unabhängigen Variablen waren signifikant (P > 0,05), folglich spielt nicht jeder Mikrosatellit eine Rolle bei der Isolierung der Herden und Familien pro Herde. Es gab nur drei Mikrosatelliten (OarCP49, CSSM47 und OarHH41), die den Unterschied zwischen den

Herden im Vergleich zu den anderen deutlich erhöhten, was sich aus ihren P-Werten und den relativen Effekten aus Tabelle 3 ergibt.

Tabelle 3. Ergebnisse der Diskriminanzanalyse

| Mikrosatelliten | Wilksche Lambda | F-Wert | P-Wert | R ² | Relative Wirkung (%) |
|-----------------|-----------------|--------|--------|----------------|----------------------|
| BM0757 | 0,607 | 0,048 | 0,953 | 0,220 | 0,18 |
| BM8125 | 0,607 | 0,036 | 0,965 | 0,303 | 0,14 |
| OarCP49 | 0,665 | 4,752 | 0,011 | 0,232 | 18,23 |
| BM0827 | 0,612 | 0,497 | 0,610 | 0,382 | 1,91 |
| OarHH47 | 0,607 | 0,038 | 0,963 | 0,192 | 0,15 |
| CSSM47 | 0,778 | 13,904 | <0,001 | 0,351 | 53,33 |
| MAF214 | 0,614 | 0,604 | 0,549 | 0,261 | 2,32 |
| OarHH41 | 0,652 | 3,703 | 0,028 | 0,263 | 14,21 |
| OarVH72 | 0,637 | 2,488 | 0,088 | 0,338 | 9,54 |

Als Klassifizierungsergebnis betrug die Gesamtgenauigkeit 64,2%. Die Genauigkeit der Herden war wie folgt: Nagydorog 85,2%, Pénteszgyőr 21,4% und Szécsénke 60,0%. Niedrige Präzisionswerte zeigen an, dass die Herden (und Individuen, die Familien repräsentieren) ähnlich sind, und die Rasse wird fast gleichermaßen von den drei Herden vertreten.

Die quadratischen Mahalanobis-Entfernungen von den Gruppenschwerpunkten waren wie folgt: 9,6 (P = 0,56), 9,7 (P = 0,257) und 11,1 (P = 0,184). Diese niedrigeren und nicht signifikanten Werte bestätigen, dass es keine paarweise Trennung der Schwerpunkte der verglichenen Herden gibt. Die Tiere der kleineren Populationen von Pénteszgyőr und Szécsénke gehören zu den Individuen der bestandsreichsten Nagydorog-Herde, auch wenn die Funktion (Root) 1 hauptsächlich darin besteht, zwischen Szécsénke und den anderen zu diskriminieren (Nagydorog und Pénteszgyőr; P für alle Wurzeln <0,001). In vertikaler Richtung (Wurzel 2) ist keine Tendenz erkennbar, dass Punkte unter oder über der Mittellinie (0) fallen und der Signifikanz-Test ergab für alle verbleibenden Wurzeln nach Entfernung der ersten Wurzel, P = 0,102. Bei der vom Aussterben bedrohten Tsigai-Rasse unterschieden sich die Herden (5 Herden, jeweils 48 Mutterschafe) bei allen acht Mikrosatelliten stark (Wilks λ = 0,059, p <0,001). Der durchschnittliche Anteil der korrekten Einstufung (83,7%) war äußerst zufriedenstellend (GÁSPÁRDY u. Mitarb., 2013).

Schlussfolgerungen und Empfehlungen

Unsere Ergebnisse, die auf Mikrosatelliten-Loci-Informationen basieren, haben die Tatsache bestätigt, dass der Cikta-Bestand des frühen 21. Jahrhunderts tatsächlich aus genetisch eng verwandten Tieren, Familien oder Herden besteht. Die Ähnlichkeit wird auf den schrumpfenden Population des kleinen Tierbestandes in den 70er Jahren und die Folge eines Engpass-Effekts zurückgeführt. Da die Herden sich in mütterlicher Abstammung mehr teilen als die in dieser Studie betrachteten, kann der Unterschied zwischen den Herden noch geringer sein. Trotz dieser Situation spiegelte sich in den meisten Mikrosatelliten die große Allel-Vielfalt wider. Der Grad der Heterozygotie, der als hoch angesehen wird (ca. 75-80%), kann auf die Wirkung von Widdern, die in einem größeren Anteil als gewöhnlich kamen vor, zurückgeführt werden. Ab 2011 trägt das neu eingeführte zentralisierte Aufzucht-Programm dazu bei, die Zuchtböcke unter den Herden gut zu organisieren. Ein interessanter Vorschlag zur Erhaltung der Vielfalt innerhalb der Rasse ist der regelmäßige Austausch von Weibchen

zwischen den Herden. Dies kann implementiert werden; der Transport von Tieren beinhaltet jedoch auch immer mehr umsichtige Tiergesundheits-Maßnahmen. Die Beharrlichkeit der genetischen Unveränderlichkeit und der Zweifel an dem akzeptablen Niveau der genetischen Veränderung nehmen einen zentralen Platz beim Schutz seltener Haustierte ein. Die Herden ändern sich jedoch ständig in ihrer genetischen Zusammensetzung, trotz des Willens, Beständigkeit und Unveränderlichkeit zu bewahren.

Danksagung

Die Autoren danken dem Europäischen Landwirtschaftsfonds für die Entwicklung des ländlichen Raums (ELER) im Rahmen der Maßnahme zur Erhaltung der genetischen Ressourcen bis 17/2012. (II.29.) VM-Erlass des Ministeriums für ländliche Entwicklung, Ungarn (Id.-Nr.: 2081807051, 2013-2017). Diese Arbeit wurde auch durch das Projekt EFOP-3.6.3-VEKOP-16-2017-00008 unterstützt und von der Europäischen Union und dem Europäischen Sozialfonds kofinanziert.

Literaturverzeichnis

- BAUMUNG, R. – CUBRIC-CURIK, V. – SCHWEND, K. – ACHMANN, R. – SÖLKNER, J (2006): Genetic characterisation and breed assignment in Austrian sheep breeds using microsatellite marker information. *J. Anim. Breed. Genet.*, 123, 265-271.
- BOHM, J. (1878): Die Schafzucht nach ihrem jetzigen rationellen Standpunkt. 2er Teil: Die Züchtung des Schafes. Verlag von Wiegandt, Hempel & Baren, Berlin.
- Dell Inc. (2015): Dell Statistica (data analysis software system), version 13.
- DIERINGER, D. – SCHLÖTTERER, C. (2003): Microsatellite analyser (MSA): a platform independent analysis tool for large microsatellite data sets. *Mol. Ecol. Notes*, 3: 167-169.
- FAO, Food and Agriculture Organization of the United Nations (1998): Secondary Guidelines for Development of National Farm Animal Genetic Resources Management Plans. Measurement of Domestic Animal Diversity (MoDAD): Original Working Group Report.
- FAO, Food and Agriculture Organization of the United Nations (2011). Molecular genetic characterization of animal genetic resources. FAO Animal Production and Health Guidelines No. 9, Rome, Italy.
- GÁSPÁRDY, A. – KUKOVICS, S. – ANTON, I. – ZSOLNAI, A. – KOMLÓSI, I. (2013): Hazai cigája juhnyájak összehasonlítása mikroszatellita-polimorfizmusok alapján (in Hungarian). *Magy. Allatorv. Lapja*, 135: 660-665.
- GÁSPÁRDY, A. – HOLLY, V. – ZENKE, P. – MARÓTI-AGÓTS, Á. – SÁFÁR, L. – BALI PAPP, Á. – KOVÁCS, E. (2018): The response of prion genic variation to selection for scrapie resistance in Hungarian indigenous sheep breeds. *Acta Vet. Hung.*, 66: 562-572.
- JÁNOSI, J.ZS. – MATYÓKA, K. – SÁFÁR, L. (2017): Cikta. In: Régenhonos juh- és kecskefajtáink (ed Sáfár lászló), HVG Press, 106-138.
- KOPPÁNY, G. (2000): The Cikta sheep. In: Bodó I (ed) Living heritage - Old historical Hungarian livestock. Agroiinform, Budapest, Hungary, 58-59.
- KORTH, J.C.E.D. (1825): Das Schaf und die Schafzucht in allen ihren Zweigen. Paulische Buchhandlung, Berlin.
- NEUBAUER, V. – VOGL, C. – SEREGI, J. – SÁFÁR, L. – BREM, G. (2015): Genetic diversity and population structure of Zackel sheep and other Hungarian sheep breeds. *Arch. Anim. Breed.*, 58: 343-350.

- PICHLER, R. – HUSSAIN, T. – XU, W. – AFTAB, A. – BABAR, M.E. – THIRUVENKADAN, A.K. – RAMASAMY, S. – TENEVA, A. – SEBASTINO, K. – SANOU, M. – TRAORE, A. – DIALLO, A. – PERIASAMY, K. (2017): Short tandem repeat (STR) based genetic diversity and relationship of domestic sheep breeds with primitive wild Punjab Urial sheep (*Ovis vignei punjabiensis*). Small Ruminant Res., 148: 11-21.
- SHARMA, R. – KUMAR, B. – ARORA, R. – AHLAWAT, S. – MISHRA, A.K. – TANTIA, M.S. (2016): Genetic diversity estimates point to immediate efforts for conserving the endangered Tibetan sheep of India. Meta Gene, 8: 14-20.