

DOKTORI (PH.D.) ÉRTEKEZÉS

MIHALIK BENDEGÚZ

DEBRECEN

2022

DEBRECENI EGYETEM
ÁLLATTENYÉSZTÉSI TUDOMÁNYOK DOKTORI ISKOLA

Doktori Iskola vezető:

Dr. Komlósi István
egyetemi tanár, az MTA doktora

Témavezető:

Dr. Kusza Szilvia
egyetemi tanár, az MTA doktora

Társ-témavezető:

Dr. Stéger Viktor
tudományos főmunkatárs

A KÁRPÁT-MEDENCÉBEN TALÁLHATÓ VADDISZNÓ (*SUS SCROFA*) ÁLLOMÁNYOK POPULÁCIÓDINAMIKAI VIZSGÁLATA, KÜLÖNÖS TEKINTETTEL AZOK EREDETÉRE, GENETIKAI DIVERZITÁSÁRA ÉS FÖLDRAJZI ELKÜLÖNÜLÉSÉRE

Készítette:

Mihalik Bendegúz
doktorjelölt

Debrecen

2022

A KÁRPÁT-MEDENCÉBEN TALÁLHATÓ VADDISZNÓ (*SUS SCROFA*) ÁLLOMÁNYOK POPULÁCIÓDINAMIKAI VIZSGÁLATA, KÜLÖNÖS TEKINTETTEL AZOK EREDETÉRE, GENETIKAI DIVERZITÁSÁRA ÉS FÖLDRAJZI ELKÜLÖNÜLÉSÉRE

Értekezés a doktori (PhD) fokozat megszerzése érdekében
az Állattenyésztési tudományok tudományágban

Írta: **Mihalik Bendegúz** okleveles vadgazda mérnök

Készült a Debreceni Egyetem Állattenyésztési Tudományok Doktori Iskolája
(Genomika Programja) keretében

Témavezető:

Dr. Kusza Szilvia

egyetemi tanár, az MTA doktora

Társ-témavezető:

Dr. Stéger Viktor

tudományos főmunkatárs

Az értekezés bírálói:

Aláírás

.....
.....

.....
.....

A bírálóbizottság:

Aláírás

elnök:

.....

tagok:

.....

.....
.....
.....

.....
.....
.....

Az értekezés védésének időpontja: 20.

1 TARTALOM

2	Rövidítések jegyzéke	6
3	Bevezetés, célkitűzés.....	8
3.1	Bevezetés	8
3.2	Célkitűzés.....	11
4	Irodalmi áttekintés	12
4.1	A vaddisznó (<i>Sus scrofa</i> Linnaeus, 1758) rendszertani besorolása.....	12
4.2	A vaddisznó faj általános jellemzése	14
4.2.1	Elterjedés, élőhely, mozgáskörzet	14
4.2.2	A vaddisznóállomány létszámalakulása világszerte.....	21
4.2.2.1	A vaddisznóállomány alakulása Európán kívül	21
4.2.2.2	A vaddisznóállomány alakulása Európában.....	24
4.2.2.3	A vaddisznóállomány alakulása Magyarországon	25
4.2.3	Szaporodási jellemzők	27
4.2.4	Vaddisznó alfajok rövid jellemzése	30
4.3	A vaddisznó ökológiai hatásai	32
4.4	A vaddisznó ökonómiai hatásai	33
4.4.1	A vaddisznó hasznosításából származó bevételek	33
4.4.1.1	Közvetlen vadászati bevételek	33
4.4.1.2	Trófeavadászatból származó bevételek.....	34
4.4.1.3	A vaddisznóhús jellemzői és az ebből származó bevételek	35
4.4.2	A vaddisznó betegségei.....	36
4.4.3	A vaddisznó kártétele.....	37
4.5	A vaddisznók azonosítására használt módszerek.....	41
4.5.1	Anatómiai és morfológiai módszerek	41
4.5.2	Genetikai módszerek.....	42
4.5.2.1	Vaddisznó fajon végzett molekuláris genetikai vizsgálatokhoz szükséges mintavételi lehetőségek.....	42
4.5.2.2	DNS szekvenálás fajazonosításhoz.....	43
4.5.2.3	Mitokondriális módszerek terjedés és leszármazás-vizsgálatokhoz.....	43
4.5.2.4	Mikroszatellita módszerek populációgenetikai és egyedazonosítás-vizsgálatokhoz.....	44
4.5.2.5	A hibridizáció megállapítására alkalmas módszerek	45
5	Anyag és módszerek	48
5.1	Mintavétel	48
5.1.1	Vaddisznó minták.....	48
5.1.2	Házi sertés minták	50

5.2	A begyűjtött minták háttéradatainak felvétele	50
5.3	Genomiális DNS izolálás	51
5.4	A vizsgált régiók amplifikálása.....	51
5.4.1	Az STR régiók amplifikálása populációgenetikai vizsgálatokhoz.....	51
5.4.2	Az InDel régiók amplifikálása hibridizációs vizsgálatokhoz	53
5.5	Minták genotipizálása	55
5.6	Statisztikai értékelés.....	55
5.6.1	A kárpát-medencei vaddisznó állományok populációgenetikai profiljának meghatározása.....	55
5.6.2	A populációk/alpopulációk méretének és elhelyezkedésének megállapítása, az azokat elkülönítő tényezők feltárása, valamint a köztük levő genetikai differenciálódás mértékének vizsgálata	56
5.6.3	Az egyedazonosításra is alkalmas markerszett tesztelése	56
5.6.4	A kárpát-medencei vaddisznó állományok populációdinamikai vizsgálatai.....	57
5.6.4.1	Az állomány korábbi genetikai beszűkülésére utaló palacknyak-hatás vizsgálata.....	57
5.6.4.2	A levizsgált vaddisznó mintaszett rokonsági analízise	58
5.6.5	Vaddisznó hústermék-nyomonkövetésre kifejlesztett markerszett tesztelése természetes állományokon, hibridizációs vizsgálatok	60
5.6.5.1	A fejlesztett markerszett pontosságának vizsgálata bioinformatikai úton	60
5.6.5.2	A hazai vaddisznóállomány hibridizáltsági fokának vizsgálata.....	60
6	Eredmények	63
6.1	A kárpát-medencei vaddisznó állományok populációgenetikai profiljának alap kutatása.....	63
6.1.1	Genetikai diverzitás mutatók.....	63
6.2	A populációk/alpopulációk méretének és elhelyezkedésének megállapítása, az azokat elkülönítő tényezők feltárása, valamint a köztük levő genetikai elkülönülés mértékének vizsgálata.....	68
6.2.1	Térbeli és genetikai szerkezet vizsgálat	68
6.2.1.1	Klaszteranalízis	68
6.2.1.2	Főkomponens-analízis.....	70
6.2.2	Az alpopulációs elkülönülés okai.....	72
6.2.3	Az alpopulációk populációgenetikai alap kutatása	73
6.3	Az egyedazonosításra is alkalmas markerszett tesztelése nagy mintaszámon, regionális szinten	74
6.4	A kárpát-medencei vaddisznóállományok populációdinamikai vizsgálatai.....	76
6.4.1	Az állomány korábbi genetikai beszűkülésére utaló palacknyak-hatás vizsgálata.....	76
6.4.2	A levizsgált mintaszett rokonsági analízise	76

6.5	Vaddisznó hústermék-nyomonkövetésre kifejlesztett markerszett tesztelése természetes állományokon, hibridizációs vizsgálatok	81
6.5.1	A kifejlesztett markerszett pontosságának vizsgálata bioinformatikai úton	81
6.5.2	A vaddisznó hibridizációs vizsgálat eredményei	84
6.5.3	A hibridizációs markerszett megbízhatóságának vizsgálata	85
6.5.4	A hibridizációs markerszett eredményeinek tesztelése szimulált genotípusok hozzáadásával.....	87
6.5.5	A hibridizációs vizsgálatok értékelése	90
7	Következtetések és javaslatok.....	92
7.1	Következtetések	92
7.2	Tervek a genetikai vizsgálatok folytatására:	94
7.3	Tervek a hibridizációs vizsgálat folytatására:	94
8	Új tudományos eredmények.....	95
9	Az eredmények gyakorlati hasznosíthatósága.....	96
10	Összefoglalás	97
11	Summary	99
12	Irodalomjegyzék.....	101
13	Publikációs lista	116
14	Melléletek.....	119
14.1	Egy további gyakorlati hasznosítási mód: a trófeahamisítás kiszűrése - esettanulmány.....	119
15	Köszönetnyilvánítás	122
16	Nyilatkozatok	123
16.1	Doktorjelölt nyilatkozata.....	123
16.2	Témavezetői nyilatkozatok	123

2 RÖVIDÍTÉSEK JEGYZÉKE

ASP	Afrikai sertéspestis
DNS	Dezoxiribonukleinsav
D-Loop	Displacement loop (elcsúszási hurok)
EU	Európai Unió
GPS	Global Positioning System (globális helymeghatározó rendszer)
H_e	Expected heterozygosity (várt heterozigotitás)
H_o	Observed heterozygosity (észlelt heterozigotitás)
HWE	Hardy-Weinberg egyensúly (populációgenetikai együttható)
IAM	Infinite Allele Model (végtelen allél modell)
InDel	Insertion-Deletion (beépülő-kivágódó DNS szakasz)
IUCN	International Union for Conservation of Nature (Természetvédelmi Világszövetség)
KSH	Központi Statisztikai Hivatal
MC1R	MelanoCortin 1 Receptor
MCMC	Markov Chain Monte Carlo (Markov- féle valószínűségi eloszlási mutató)
mtDNS	Mitokondriális dezoxiribonukleinsav
N_a	Number of alleles (allélszám)
NR6A1	Nuclear Receptor subfamily 6 Group A member 1 (nukleáris receptor 6. alcsoportjának 1. egyede)
MATE GBI	Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem Genetika és Biotechnológiai Intézet
NCBI	National Center for Biotechnology Information (Nemzeti Biotechnológiai Információs Központ)
N_e	Number of effective alleles (effektív allélszám)
NÉBIH	Nemzeti Élelmiszerlánc-biztonsági Hivatal

OIE	Organisation Mondiale de la Santé Animale (Állategészségügyi Világszervezet)
OVA	Országos Vadgazdálkodási Adattár
PCA	Principal Component Analysis (főkomponens analízis)
PCR	Polymerase Chain Reaction (polimeráz láncreakció)
ProtK	Proteináz K ezim
RT-PCR	Real-time PCR (valósídejű PCR)
SMM	Stepwise Mutation Model (lépésenkénti mutációs modell)
SNP	Single Nucleotide Polymorphism (pontmutáció)
STR	Short Tandem Repeat (rövid, egymás után ismétlődő DNS szakasz)
TPM	Two-Phase Mutation Model (kétlépéses mutációs modell)
USA	United States of America (Amerikai Egyesült Államok)
USDA	United States Department of Agriculture (az Egyesült Államok Mezőgazdasági Minisztériuma)
VGE	Vadgazdálkodási Egység

3 BEVEZETÉS, CÉLKITŰZÉS

3.1 Bevezetés

A vaddisznó (*Sus scrofa*) a világ és Európa legelterjedtebb nagyvadfajai közé tartozik. Nagytestű, generalista mindenevő vad, ami hazánk nagyvadjai közül a leginkább mondható R stratégistának, vagyis rövid ivaréresi idővel sok utódot fial. Állománya az 1960-as évektől kezdve afrikai sertéspestis vírus (ASP) fertőzés előtti időszakban töretlenül növekedett. Magyarországon és Európa-szerte átlagosan 10-20 évente megduplázta létszámát, az afrikai sertéspestis (ASP) 2018-ban történt megjelenése előtt állományát közel 120 000-re becsülték hazánkban. Mérete és mobilitása egyaránt nagy, mozgáskörzete a néhány 100 hektártól akár 15 000 hektárig terjedhet. Ezen tulajdonságai miatt élőhelyére lényeges hatást gyakorol, ökológiai és ökonómiai szempontból egyaránt. Bolygatásával a biodiverzitást csökkentő és növelő hatásokat egyaránt kimutattak hazánkban, valamint jelentős természetvédelmi, vadgazdálkodási és mezőgazdasági kárt is okoz, például a földön fészkelő madarak tojásainak elfogyasztásával, vagy a kukoricavetés kitúrásával. Ezen kívül jelentős számú vadbaleset résztvevői, a közutakon 2019-ben 627 vaddisznót ütöttek el Magyarországon, aminek anyagi vonzatán kívül emberi életek is komoly veszélybe kerültek. Kiváló alkalmazkodóképességét jól példázza, hogy a Természetvédelmi Szövetség (IUCN, International Union for Conservation of Nature) a világ 100 leginvazívabb faja között tartja számon.

Más fajokon végzett hazai felmérések eredményei szerint a Kárpát-medence állománya két haplotípusra oszlik, ezért érdekesnek bizonyulhat a hazai vaddisznóállomány ilyen jellegű felmérése reprezentatív mintaszettel. Ugyanis ezidáig Magyarországon a modern, genetikai módszerekre támaszkodó vizsgálatok száma alacsony, és azokban az esetekben is rendkívül kis elemszámú, mindössze néhány tucat egyed magában foglaló kutatások születtek, amelyekből hazánk és a Kárpát-medence vaddisznóállományának genetikai háttere, változatossága, valamint földrajzi felosztottságára vonatkozó információkat nem tudtak leszűrni. Dolgozatomban ezt a hiányt szeretném pótolni, modern genetikai módszerekkel és szoftverekkel levizsgálni és analizálni a kárpát-medencei egyedeket, hogy válaszokat kapjunk ezekre a kérdésekre, ami alapján a jövőben a fajjal való gazdálkodás még tudományosabb alapokra helyeződhet.

A genetikai alapú kutatás az adott faj pontos megismerésének fontos mérföldköve, hiszen a diverzitás befolyásolja az adaptációt, vagyis a külső hatásokra adott válasza való képességet és annak mértékét. Egy nagy létszámú, változatos egyedekből álló populáció

túlélési esélye jóval nagyobb az esetlegesen bekövetkező klimatikus, emberi, vagy egyéb negatív hatások esetében. Ezen kívül egy tágas genetikai háttérrel rendelkező állatcsoport tenyésztése, vagy az azzal való gazdálkodás során nagyobb eséllyel találhatunk számunkra kedvező változatokat, amelyeket szeretnénk az adott csoportban elterjeszteni. A tenyésztésben több olyan módszer is ismert (például fajtaátalakító-, vagy cseppvér keresztezés) ahol bizonyos minőségi, vagy mennyiségi tulajdonságot javítanak idegen fajta bevonásával. Mivel a vaddisznó extenzív életmódja miatt ellenállóbb a házi sertéseknél, így egy jó genetikai hátterű állomány ilyen jellegű tulajdonságait akár egyes házi sertésfajták tenyésztési programjában is fel lehet használni, illetve a vaddisznó „élő génbankként” is funkcionál, ami önmagán túl is értéket hordoz a keresztezési lehetőségek miatt. Ezen kívül, bár a vaddisznó alapvetően vadfaj, de farmi és kerti körülmények közt is tartják és tudatosan tenyésztik, tehát betegségekkel szembeni ellenállást, húsmínőséget, vagy akár szaporodási és felnevelési sikert, alomszámot, takarmányhasznosítást és még számos, háziállatok esetében előnyösnek ítélt tulajdonságot lehet rögzíteni és tovább javítani bennük a genetikára alapozott, szelekciós tenyésztés során. Végezetül megfelelő kontroll alatt és a készterméken az eredetet feltüntetve a hibrid egyedek tenyésztése és tartása az előbb leírt okok miatt bizonyos esetekben előnyös is lehet, például a zsírosabb késztermékek (kolbász) előállításához.

Mivel a vaddisznó a házi sertés őse és genetikailag egy fajba tartoznak, ezért a hibridizáció rendkívül könnyen végbemegy közöttük. A jelenségre rásegít továbbá az extenzív állattartás gyakorlata, miáltal az elmúlt 50 évet kivéve a két állatcsoport egyedei könnyen találkozhattak és hibrid utódokat hozhattak létre a természetben. Habár a hibridizáció a biodiverzitás növekedését okozhatja és így bizonyos szempontból kívánatosnak is tekinthető, de egy vadfaj és egy háziállat kereszteződése esetében mégis kerülendő. Először is egy háziállat nem természetes úton, a környezeti tényezők általi nyomás során szelektálódott és alakult jelenlegi formájára, tehát így a természetben való túlélőképessége gyengébb vad társaiénál. Jó példa erre a vaddisznó vastag és erős serteszőrzete, szemben a legtöbb házi sertésfajta szinte csupasz bőrrel, vagy a házi sertés vastag zsírrétege, ami sok esetben már a mozgásukban is gátolja őket és a szívüket is erős terhelésnek teszi ki. Egyes házi sertésfajták stressztűrő képessége is rendkívül alacsony, ami természetes közegben, számukra idegen területen szintén komoly hátrányt jelent számukra. Másodsorban a házi sertés gének megjelenése a vaddisznópopulációkban a vaddisznó génállomány csökkenéséhez vezet, várhatóan egyes allélek el is tűnnek, ami

így, bár bizonyos szempontból növeli a diverzitást, de mégis a vaddisznó génkészlet csökkenését okozza. Ez hazánkban is jellemző probléma, ahol a házi sertések külterjes tartása miatt a génkészletek évtizedeken keresztül keveredtek, de egyes országokban (USA, Ausztrália) a félig házi- félig vad „feral pig” milliós létszámban van jelen, hatalmas károkat okozva a mezőgazdaságban. Végezetül a vadászok számára sem vonzó a morfológiájában házi sertés jegyeket mutató egyedek elejtése, amivel így gazdasági kár is keletkezik a helyi vadgazdálkodó számára.

Végül, de nem utolsósorban a genetikai háttér pontos ismerete nyithat utat olyan hosszú távú jövőbeli tervekhez, mint az adott faj teljes diverzitásának megőrzése génbankokban egy esetleges katasztrófahelyzet esetére, vagy ASP és egyéb kórokozó-toleráns egyedek kitenyésztése.

3.2 Célkitűzés

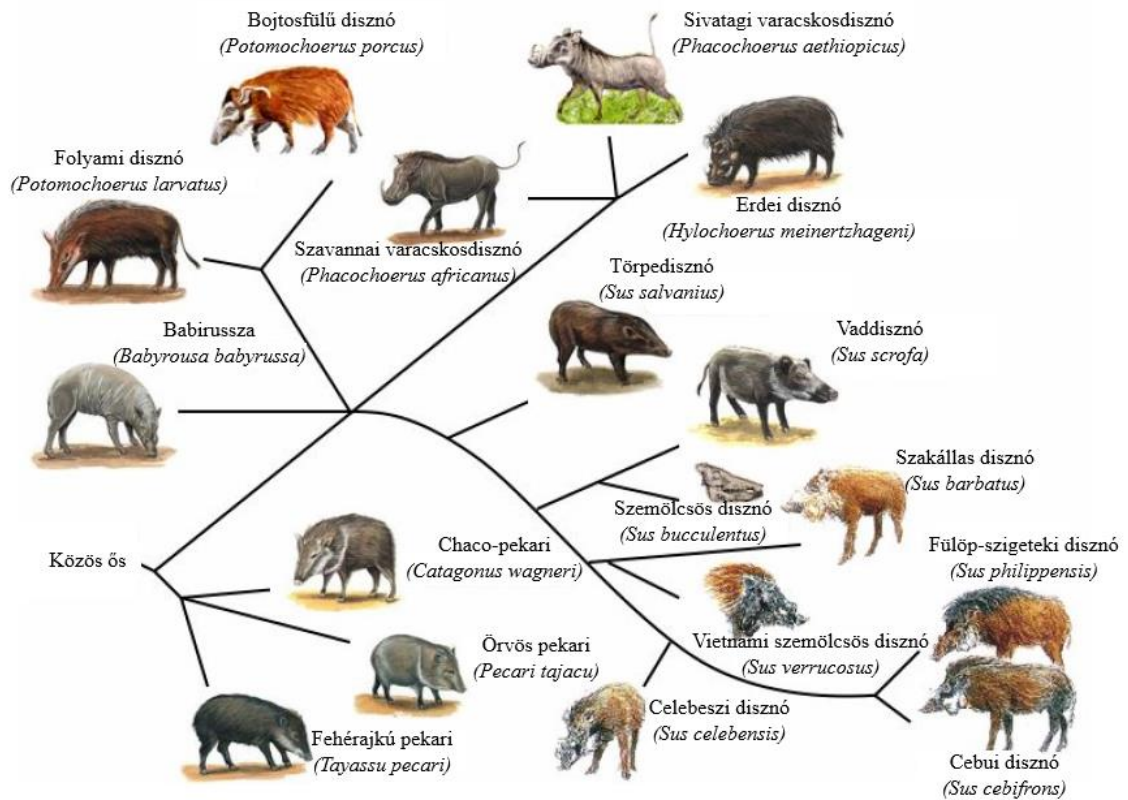
Munkánk fő kutatási céljai a következők voltak:

- A kárpát-medencei, különös tekintettel a magyarországi vaddisznó állományok populációgenetikai profiljának alapkutatása, az allélszámok, genetikai diverzitás mértéke, heterozigotitás-értékek és Hardy-Weinberg egyensúlyi értékek kiszámítása.
- A populációk/alpopulációk méretének és elhelyezkedésének megállapítása, az azokat elkülönítő tényezők feltárása, valamint a köztük levő genetikai elkülönülés mértékének vizsgálata.
- Az egyedazonosításra alkalmas markerszett tesztelése nagy mintaszámon, regionális szinten.
- Hazánk vaddisznóállományát érintő múltbeli hatások feltárása populációdinamikai vizsgálatok által.
- Egy eredetvizsgálatra kifejlesztett vaddisznóspecifikus markerszett tesztelése természetes állományokon. A markereink paramétereinek (megbízhatóság, pontosság) összehasonlítása korábbi irodalmi adatokkal. Amennyiben a korábban említett paraméterek megfelelnek a tudományág követelményeinek, a kárpát-medencei vaddisznók hibridizáltsági szintjének megállapítása.

4 IRODALMI ÁTTEKINTÉS

4.1 A vaddisznó (*Sus scrofa* Linnaeus, 1758) rendszertani besorolása

A vaddisznó besorolását a tudományos rendszerezés alapelveit bevezető Carl von Linné, eredeti nevén Carolus Linnaeus végezte el 1758-ban. Ez a rendszerezés az évek során, a fajok pontosabb megismerésével és újabb módszerek alkalmazásával többször is változott. Az egyes szakmai honlapok és könyvek általi besorolásban kisebb eltérések a mai napig megtalálhatóak, főleg az alacsonyabb, elnevezés nélküli kategóriákban. A vaddisznó az állatok (*Animalia*) országába, azon belül a gerinchúrosok (*Chordata*) törzsébe és a gerincesek (*Vertebrata*) altörzsébe tartozó vadfaj. Osztály szinten a négy lábúak (*Tetrapoda*) főosztályába, azon belül az emlősök (*Mammalia*) osztályába és az eleven szülő emlősök (*Theria*) alosztályának méhlepényesek (*Placentalia*) alosztályába tartozik. Lábujjalakulása miatt a patások (*Ungulata*) csoportjába, annak is párosujjú patások (*Artiodactyla*) rendjébe sorolják, mivel a 3. és 4. ujjuk hegyén járnak, ami a gyors futáshoz és stabil támaszkodáshoz is ideális végtagalakulási forma. Ide tartoznak a tevealakúak (*Tylopoda*), valamint az *Artiofabula* csoport, melybe disznóalakúak (*Suina*), a kérődzők (*Ruminantia*) és a bálnákat és vízilovakat magában foglaló *Whippomorpha* alrendek tartoznak. A disznóalakúak alrendjén belül a vaddisznó további 19 fajjal együtt a disznófélék (*Suidae*) családjának tagja, alcsalád szinten pedig a *Suinae* csoporté, ahová a vaddisznót is magában foglaló *Suini* nemzetségen kívül további négy nemzetség tartozik, mégpedig a *Potamochoerini* (pl: folyami disznó (*Potamochoerus larvatus*), a mára kihalt *Hippohyini*, a *Phacochoerini*, melynek egyetlen élő neme a varacskos disznóké (*Phacochoerus*) és a babiruszákat (*Babyrousa sp.*) tartalmazó *Babyrousa*. A besorolás legalsó szintjén a *Sus* nem található, melybe a 13 fosszilis fajon kívül 10 napjainkban is élő faj tartozik, köztük a vaddisznó (*Sus scrofa*). Az alábbi ábrán (1.) a disznóalakúak alrendjének törzsfája látható Chen és mtsai. alapján (2007).

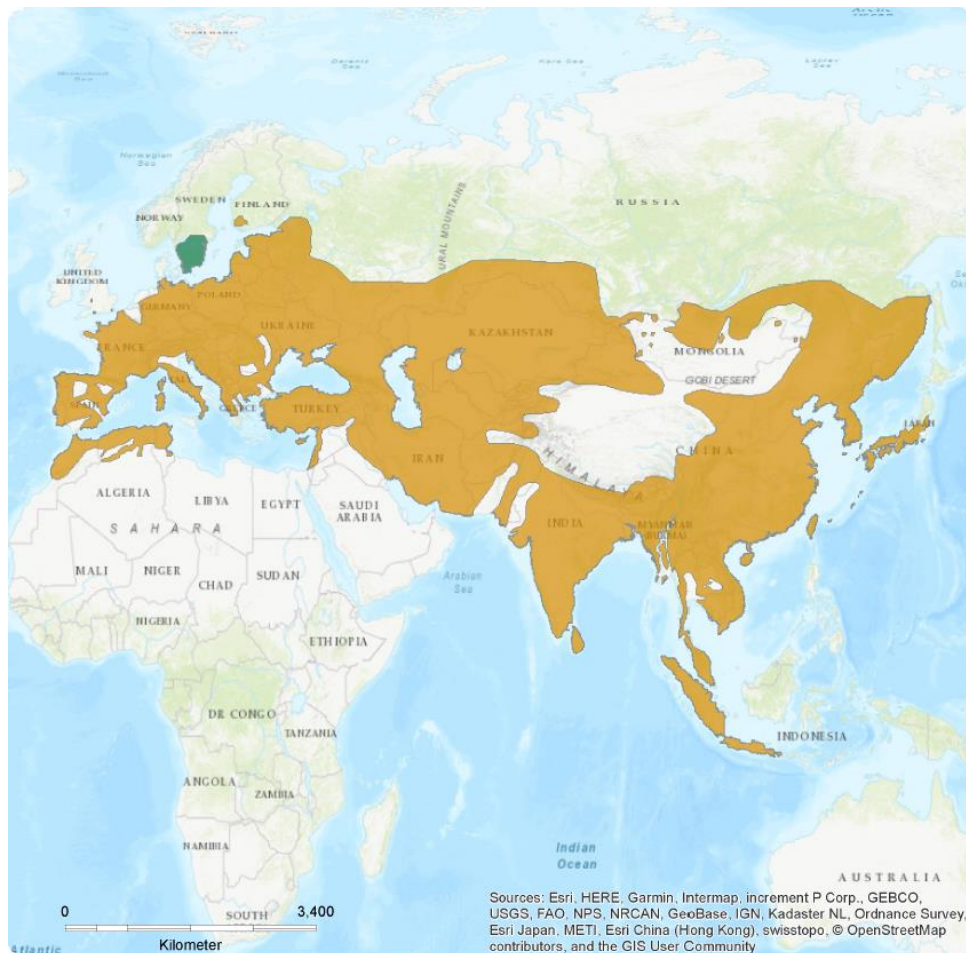


1. ábra: A disznóalakúak törzsfája (Chen és mtsai., 2007)

4.2 A vaddisznó faj általános jellemzése

4.2.1 Elterjedés, élőhely, mozgáskörzet

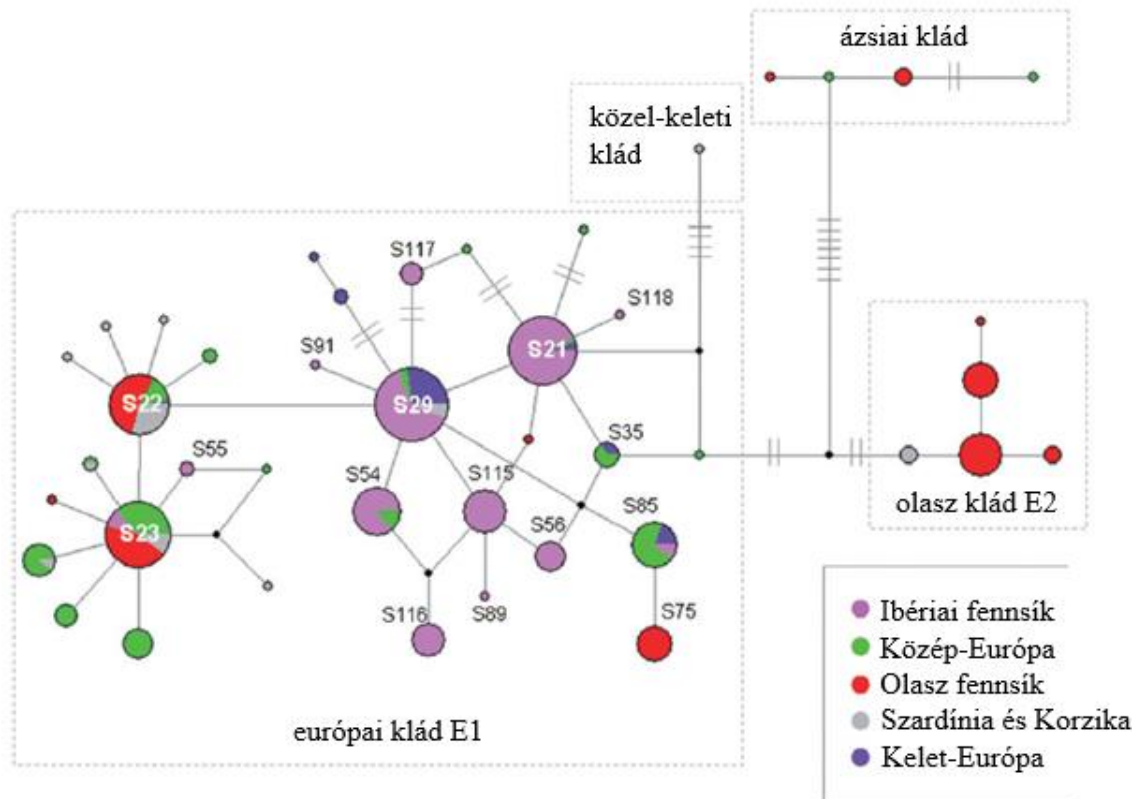
A vaddisznó generalista, mindenevő és rendkívül jól adaptálódó faj. Környezetéhez való alkalmazkodását jól mutatja széleskörű elterjedése, mely magában foglalja Eurázsia területét a 60. szélességi foktól délre és Észak-Afrika egyes részeit, valamint vadászati céllal betelepítették Észak- és Dél-Amerikába is (Faragó, 2007), (2. ábra). Az IUCN általi besorolása „least concern”, vagyis nem veszélyeztetett (Keuling és Leus, 2008). Rendkívüli alkalmazkodóképessége miatt a nagy testű, invazív emlősök modellfajának is használják (Lewis és mtsai., 2017) valamint a vaddisznó és a vele azonos fajba tartozó visszavadult házi sertés szerepel az ISSG (Invasive Species Specialist Group, az IUCN invazív fajokra szakosodott alcsoportja) 100 leginkább invazív fajának listáján (ISSG, 2015; Lewis és mtsai., 2017).



2. ábra: A vaddisznó természetes elterjedési területe (Keuling és Leus, 2008)

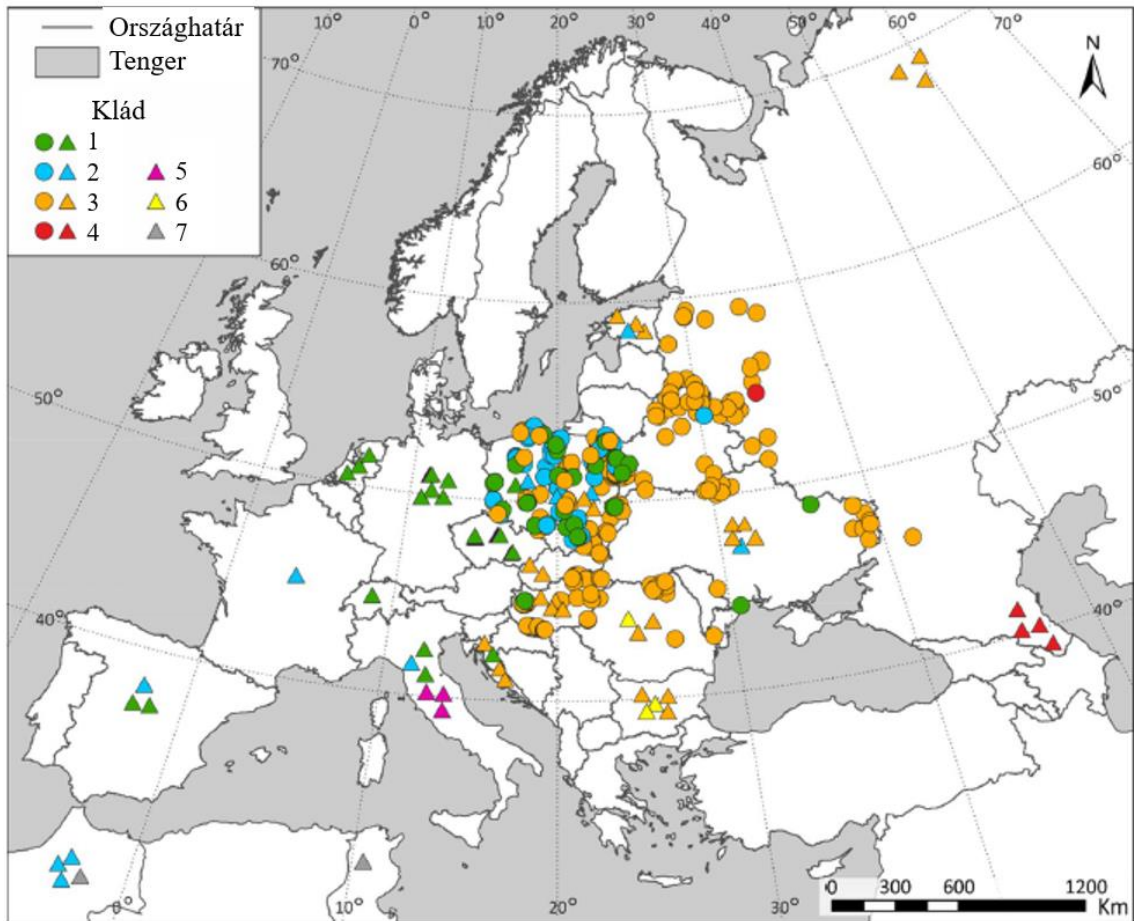
Színmagyarázat: barna: jelen levő, zöld: visszatelepült

Északi elterjedési határa az a terület, ahol télen már 40-50 centiméteres hótakaró található (Danilkin, 2001). Közép és Kelet-Európában korábban két klád (3. ábra) összesen 16 haplotípusát találták meg, ebből 14 az európai haplocsoportba, kettő pedig a kelet-ázsiai haplocsoportba tartozik (Giuffra és mtsai., 2000; Alves és mtsai., 2010; Kusza és mtsai., 2014).



3. ábra: A két európai vaddisznó klád, összehasonlítva az ázsiai kládokkal (Alves és mtsai., 2010)

Újabb mitokondriális DNS vizsgálatokkal további 5 klád jelenlétét állapították meg Európában, melyekből kettő főleg Lengyelország területén található meg, illetve kettő Ázsiából terjedt át és kizárólag Európa keleti részén van jelen (4. ábra). Ebben a kutatásban mitogenom-analízis vizsgálatokban 3 csoportot tudtak elkülöníteni, amelyből Magyarországot egy jellemzi (5. ábra) (Niedzialkowska és mtsai., 2021).

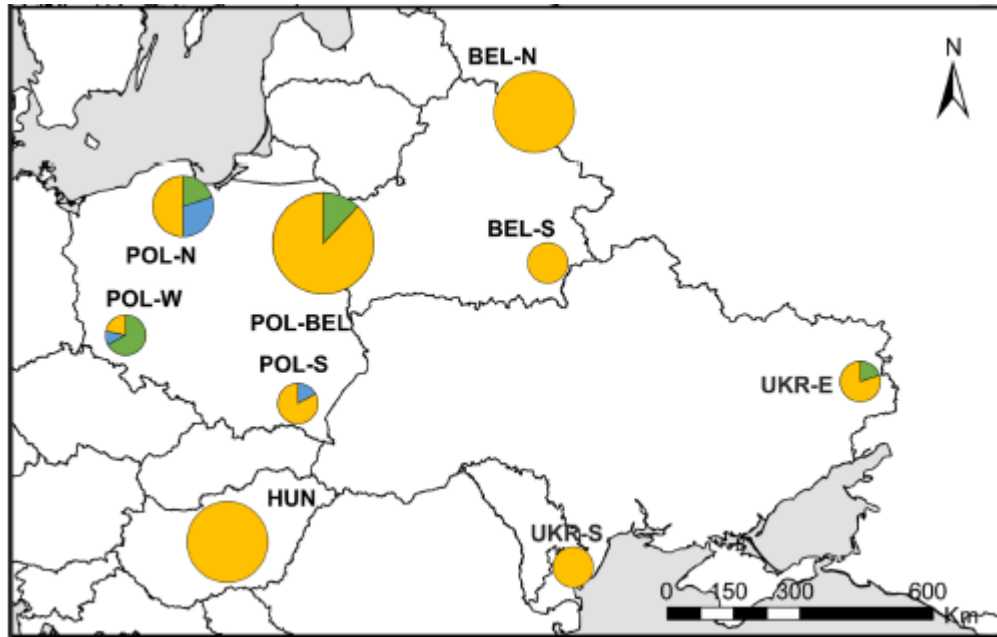


4. ábra: Az Európában jelen lévő 7 vaddisznó klád mtDNS alapján

Jelmagyarázat:

kör alakú minták: Niedzialkowska és mtsai., 2021

háromszög alakú minták: Khederzadeh és mtsai., 2019



5. ábra: Az Európában jelen lévő 3 vaddisznó csoport mitogenom-analízis alapján
(Niedzialkowska és mtsai., 2021)

A vaddisznók számára vélhetően az utolsó jégkorszak után a Balkán és a Kárpátok szolgált magterületként, ahonnan visszatelepültek az északibb területekre, valamint az eurázsiai régióból kiindulva hódították meg Nyugat-Európát (Larson és mtsai., 2005; Alexandri és mtsai., 2012). Ezen kívül kutatások szerint az Ibériai-félszigeten szintén található volt egy refúgium, mivel azon a területen a közép-európai kládtól eltérő haplotípust találtak (Alves és mtsai., 2010).

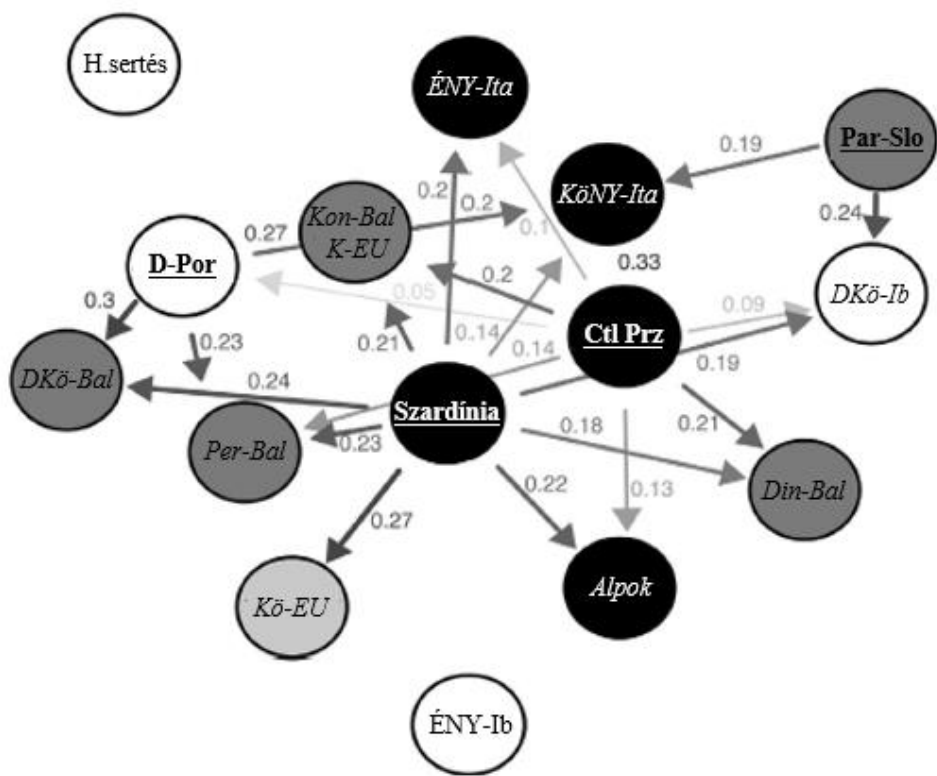
A holocén kortól az 1500-as évekig a vaddisznó elterjedési területe Kelet-Európában nagyjából megegyezett a maival, azonban ekkortól az emberi hatások miatt jelentősen visszaszorult. A balti államokban Litvánián kívül mindenhol kiirtották, az 1900-as évek elejére pedig egész Kelet-Európából és Nyugat-Szibériából eltűnt, a Kaukázust, a Volga-deltát, Kazahsztánt és Közép-Ázsiát kivéve. Azonban napjainkra szinte teljesen visszahódította ezeket a területeket, ebből is látszik, hogy alkalmazkodóképessége és szaporodóképessége rendkívül jó (Danilkin, 2001). Ennek ellenére több kutatás eredménye is azt mutatta, hogy az utolsó jégkorszak nagyobb hatással járt a vaddisznó genetikai hátterére, mint az elmúlt időszak hatásai (Larson és mtsai., 2005; Scandura és mtsai., 2011).

A faj migrációs hajlama viszonylag nagy (Kőhalmy, 1994) egyes kutatások alapján átlagosan 1-3 km kocáknál, ami vándorló, fiatal kanoknál akár 10-15 km-ig is felmehet (Faragó, 2007). Andrzejewski és Jezierski 1965 és 1970 közt egy lengyelországi nemzeti parkban folyó kutatásai szerint a vizsgált kb. 2500 hektáros erdőterületen évente a kifejlett egyedek 12-32%-a cserélődött (Andrzejewski és Jezierski, 1978).

Az egyes kondák mozgáskörzete 200-2 000 ha (Bihari és mtsai., 2007), más források szerint kortól és ivartól függően átlagosan 130-480 ha (Podgorski, 2013), azonban a környezeti hatásokra (élelemhiány, túl nagy állománysűrűség) a mozgáskörzet lényegesen növekedhet, egyes források szerint akár 15 000 ha-ig (Szemethy, 2005). Újabb kutatások szerint kötődik a mezőgazdasági területekhez is, a termőfölddel határos erdőrészekben erősebb állománynövekedésre képes, mint a nagy kiterjedésű erdőtömbökben (Hohmann 2016).

A populáció, mint fogalom meghatározása már önmagában sem könnyű feladat. Ökológiailag egy adott faj tényleges szaporodási kapcsolatban álló egyedeinek összességét hívjuk így, melyek térben és időben együtt élnek (Bihari és mtsai., 2008). Más megfogalmazásban: „az élővilág egyed feletti szerveződésének szerkezeti és működési alapegysége, amely egy bizonyos szünbiológiai vizsgálati szempont szerint azonosnak tekinthető életközösség”. Lényegét talán a következő meghatározás mutatja meg legjobban: „A populáció olyan egyedek csoportja, amelyek igen nagy valószínűséggel párosodnak egymás között egy másik populáció valamely egyedével történő párosodás valószínűségéhez képest”. Azonban még ez a megfogalmazás sem tökéletes, mivel a mozgékonyabb fajok (nagytestű, illetve szárnyas) folytonos elterjedése miatt a távolság lehet határoló tényező, ez azonban nem éles határt jelent, hanem átmenetet (Faragó és Náhlik, 1997). Ez az átmenet nagyban függ az adott faj mozgékonyaságától és a földrajzi akadályoktól, valamint a fajhibridek is problémát okozhatnak a pontos meghatározásban. Erre nyújtanak megoldást a modern molekuláris genetikai módszerek (Csányi, 2017). Egy populáció pontos méretének meghatározásáról kevés irodalmi adat áll rendelkezésünkre. Annak ellenére, hogy a házi sertések genetikai leírásával számos kutatás és közlemény foglalkozik, a vaddisznópopulációk összetételéről és diverzitásáról keveset tudunk, különösen Közép-Európában és ezen belül is Magyarországon (Scandura és mtsai., 2011; Velickovic és mtsai., 2014). Egy 1980-as években a franciaországi Grésigne térségében végzett kutatás eredményei szerint a helyi populáció mérete 700 km², ahonnan a migráció kb 5%-os volt (Spitz és mtsai.,

1984). Goedbloed és mtsai (2012) modern, SNP (Single Nucleotide Polymorphism, pontmutáció) és D-loop (displacement loop, elcsúszási hurok) módszert alkalmazva, északnyugat-európai vaddisznókat célzó vizsgálatában 4 elkülönült populációt találtak, valamint ugyanerre az eredményre jutottak egy romániai vaddisznókat és házi sertéseket, köztük mangalicákat is összehasonlító vizsgálatban (Manunza és mtsai., 2016). Ezekből az adatokból is jól látszik, hogy a populációt, mint fogalmat sokan sokféleképp értelmezik, valamint az adott populáció életterének mérete az élőhelyi adottságok fényében nagyban változhat (Bihari és mtsai., 2007). Mivel Európából hiányoznak azok a barrierek, amik egy olyan nagyobb testű, mozgékony fajt, mint a vaddisznó jó eséllyel megállítanának, ezért a populációk közti génáramlást nem akadályozza semmi, így azok nem élesen elkülönültek (Scandura és mtsai., 2011). Egy Közép-, és Kelet-Európát célzó vizsgálatban 7 vaddisznópopulációt találtak, melyből Közép-Európát 3 populáció jellemezte, azonban ebben az esetben sem sikerült élesen elhatárolni a populációkat földrajzi elhelyezkedés szerint, mivel a másik három populációban (a hetedik populációt a házi sertések adták) is jelen voltak Közép-Európából származó minták és fordítva (Velickovic és mtsai., 2016). Ez egybevág korábbi vizsgálatokkal, amelyek szerint az európai populációk nem homogének, hanem alpopulációkra tagolhatóak (6. ábra) (Scandura és mtsai., 2008; Scandura és mtsai., 2011b).



6. ábra: Néhány európai alpopuláció és az azok közötti génáramlás mértéke
(Velickovic és mtsai., 2016)

A nyilak a génáramlás irányát jelzik, a nyilakon levő számok pedig a relatív migrációs együtthatót.

Alpopulációk színezése: Ibéria: fehér, kontinentális Európa: világos szürke, Balkán: sötétszürke, Olaszország: fekete.

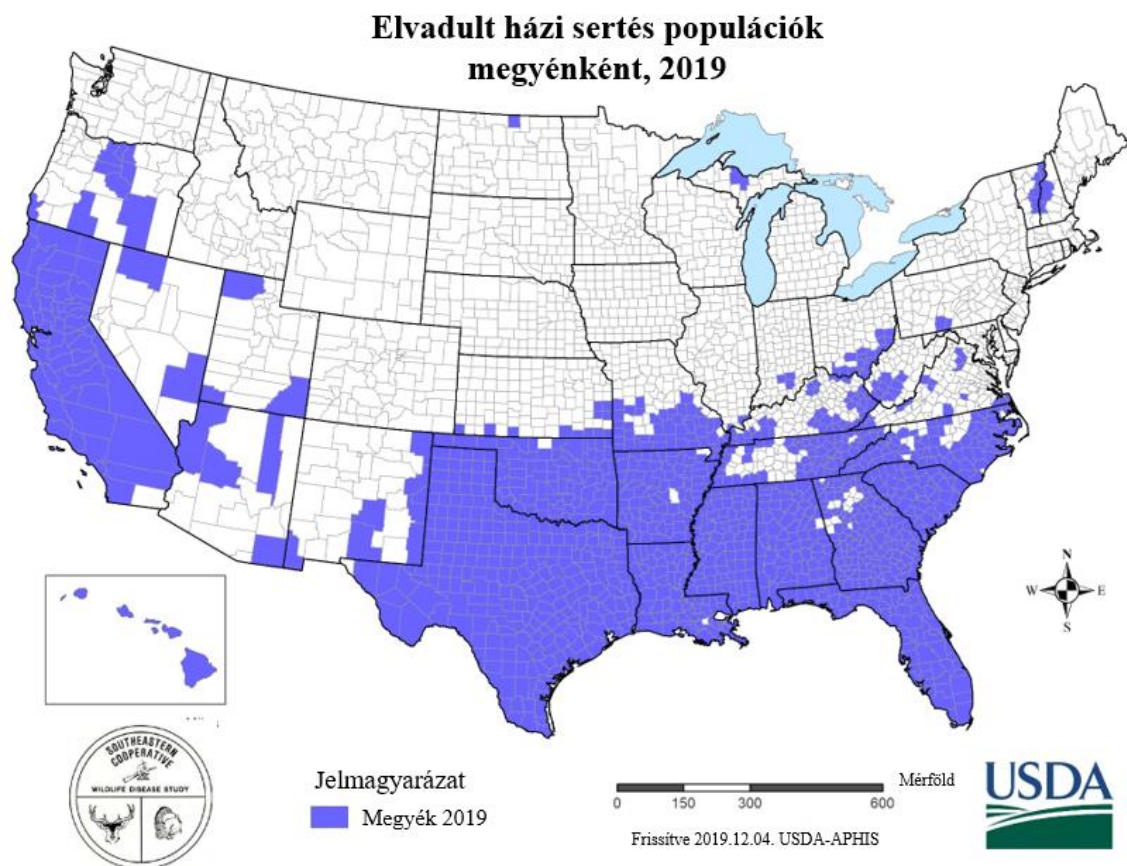
Az alap populációk jelölése aláhúzással, a nyelő populációké pedig dőlt betűvel történik.

H. sertés: házi sertés fajták, ÉNY-Ita: északnyugat-Olaszország, DKÖ-Bal: dél- és közép-Balkán, D-Por: dél-Portugália, Kon-Bal K-EU: Kontinentális Balkán és kelet-Európa, KöNY-Ita: középnyugat-Olaszország, Par-Slo: partmenti-Szlovénia, Per-Bal: peridinári-Balkán, Ctl.Prz: Castelporziano, Dkö-Ib: délközép-Ibéria, Kö-EU: közép-Európa, Din-Bal: dinári-Balkán, Ény-Ib: északnyugat-Ibéria

4.2.2 A vaddisznóállomány létszámalakulása világszerte

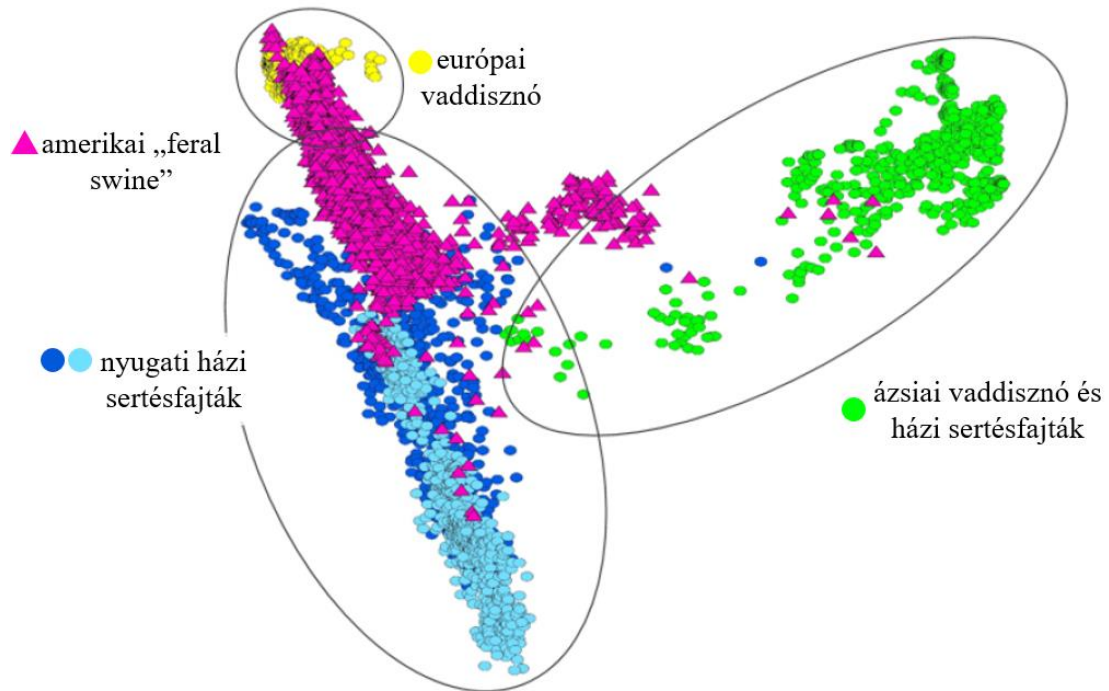
4.2.2.1 A vaddisznóállomány alakulása Európán kívül

Amerika vaddisznóállományairól nagyon kevés információ áll rendelkezésre. Ennek oka az elvadult házi sertésekben keresendő, amely a kolonizáció óta több, mint 6 millió egyed számoló vad állományt hozott létre. Mivel a vaddisznót az 1900-as években telepítették be vadászati céllal hatalmas szabad területi „ranchokra”, ahol szabadon találkozhattak a visszavadult házi sertésekkel. Állománynövekedése és területfoglalása itt is jelentős, 1982-ben mindössze 9 államban volt megtalálható, míg 2010-ben már 44 államban volt jelen. Genetikailag tiszta vaddisznó ezeken a területeken szinte nem is található, a néhány kivételt pedig az elvadult házi sertésekkel (és hibridekkel) egy kalap alá véve „feral swine”-nak nevezik és kártevőként kezelik. Az alábbi ábrán (7.) az USA (Amerikai Egyesült Államok) „feral swine” által betelepült államai és megyéi láthatóak (Lapidge és mtsai., 2012; USDA, 2020).



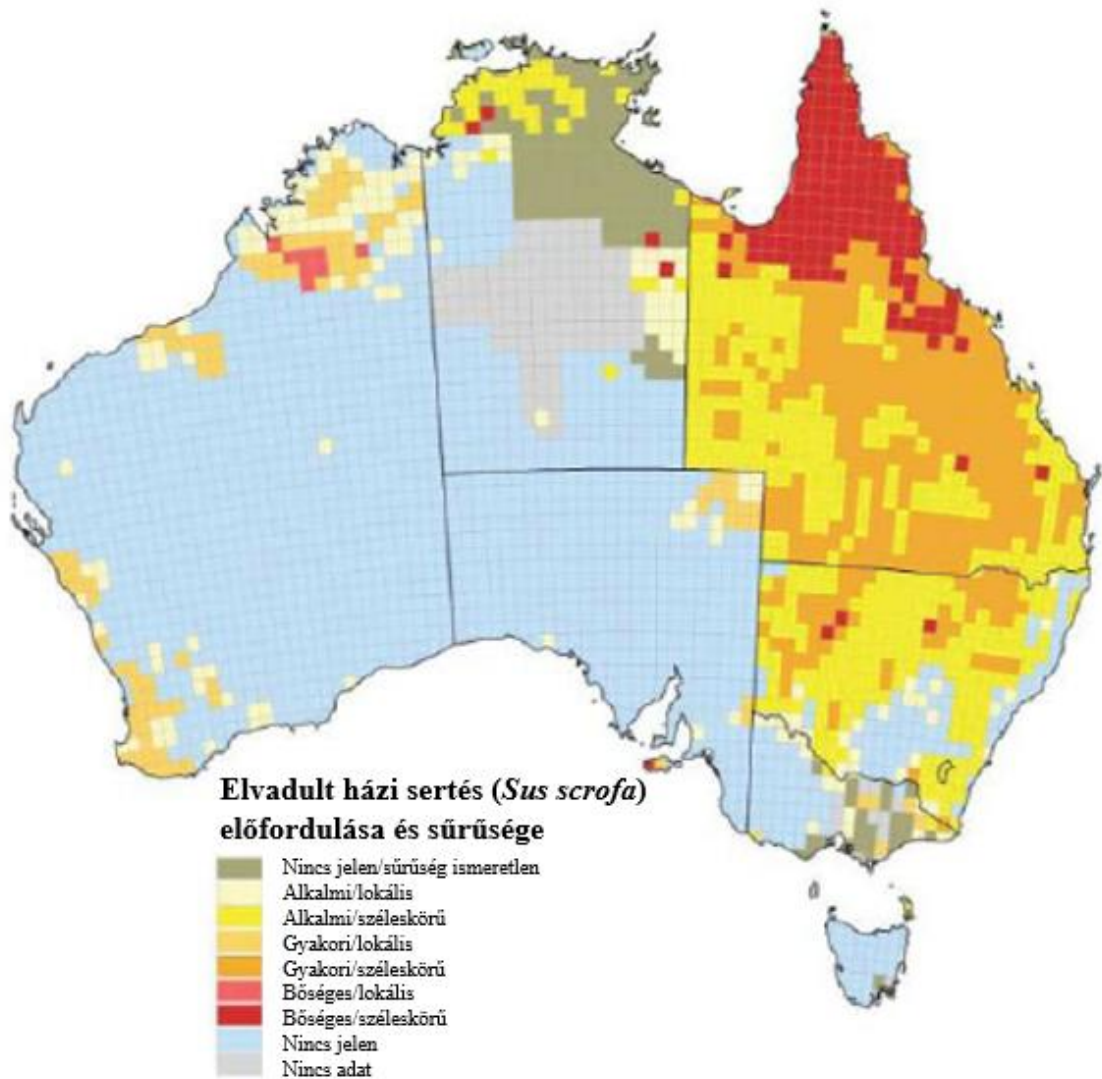
7. ábra: Az USA „feral swine” által betelepült államai és megyéi (USDA, 2020)

Az általam talált legnagyobb mintaszámú vizsgálatban 7622 amerikai „feral swine”-t és 2516 referencia egyed (amerikai és európai házi sertés:1385, európai vaddisznó: 403, ázsiai házi sertés: 591, ázsiai vaddisznó: 109, rokon fajok: 28) genotipizáltak Illumina SNP chip segítségével 29 375 lokuszra, majd az eredményeket főkomponens-analízissel vetették össze. Az eredmények a 8. ábrán láthatóak, melyek megerősítik, hogy a „feral swine” főképp az európai vaddisznó és az amerikai házi sertésfajták keveredéséből jött létre (Burton és mtsai., 2021).



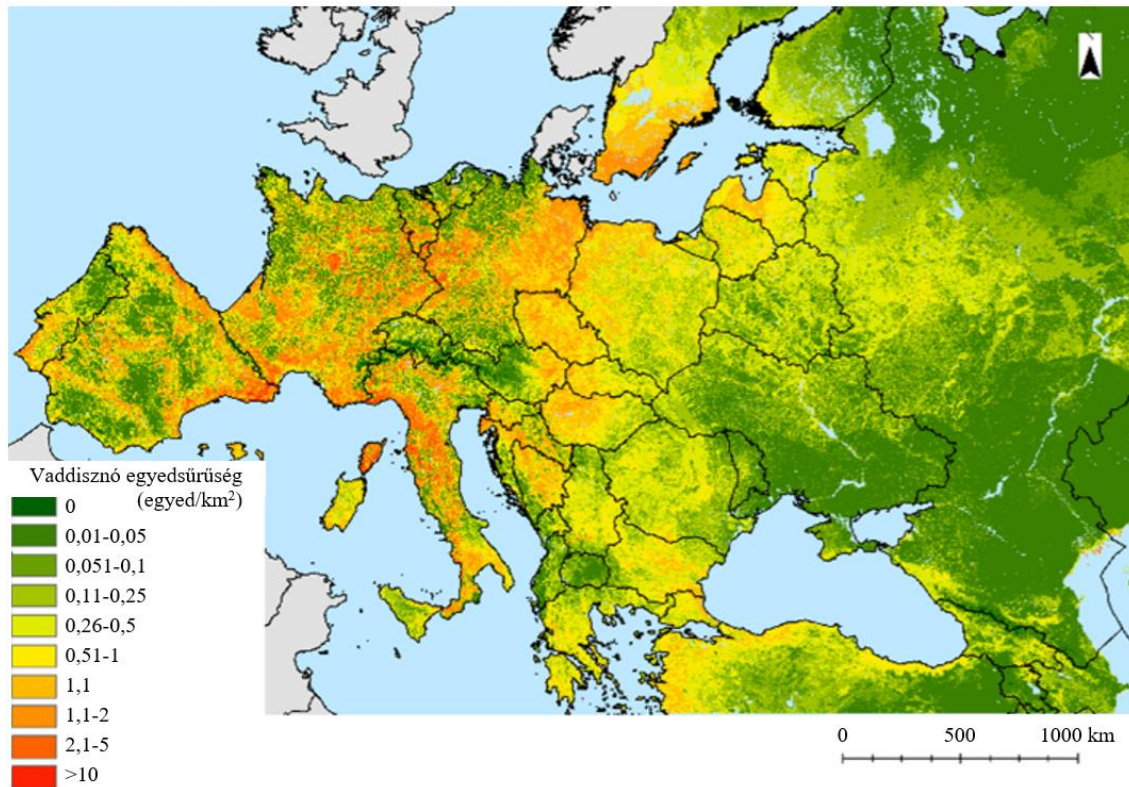
8. ábra: Az amerikai „feral swine” genetikai elemzése összehasonlítva vaddisznó és házi sertés csoportokkal (Burton és mtsai., 2021)

Ausztrália hatalmas, ember által alig lakott területei miatt még kevésbé található pontos számok a „feral swine” létszámalakulásával kapcsolatban. Állományát már az 1990-es években 4 és 24 millió közé becsülték, napjainkban ez a szám 23,5 millió egyed. Az elvadult házi sertések Ausztrália minden államában megtalálhatóak (9. ábra), és a mezőgazdasági károkozásokon kívül az endemikus, veszélyeztetett állatfajok állománycsökkenésének egyik kulcsfaktoraként tartják számon (Commonwealth of Australia, 2017; Lapidge és mtsai., 2012).



9. ábra: Ausztrália „feral swine” által betelepült államai és megyéi (Lapidge és mtsai., 2012)

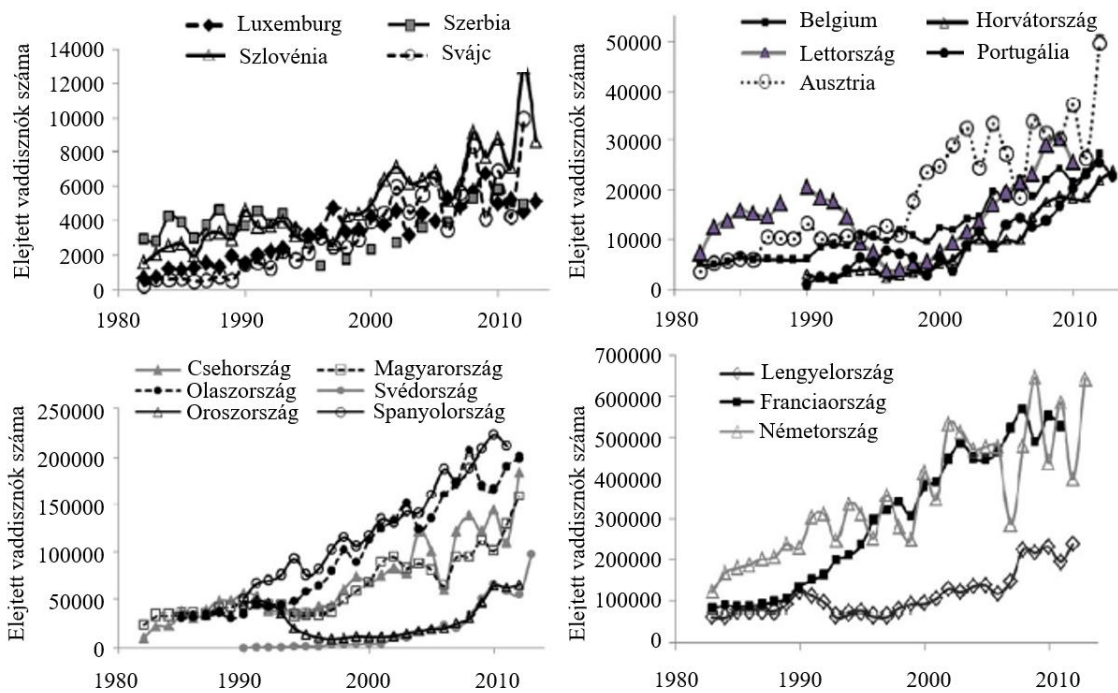
Ázsia vaddisznópopulációinak méretéről és kiterjedéséről is meglehetősen hiányosak az információk, az információhiány oka ebben az esetben is a hatalmas néptelen területekben keresendő, ami közel lehetetlenné teszi a megfigyelést és monitorozást. Egy kutatásban különböző modellezési módszerekkel vizsgálták az eurázsiai vaddisznópopulációk sűrűségét. Eredményeik szerint az ázsiai területeken a szélsőségesen hideg telek, az élőhely homogenitása és a búvóhelyek hiánya miatt a vaddisznósűrűség meglehetősen alacsony, a 0,5 egyed/km²-t szinte sehol nem haladja meg (10. ábra, Pittiglio és mtsai., 2018)



10. ábra: Eurázsia vaddisznó-egyedsűrűségi térképe mozaikos modellezés alapján
(Pittiglio és mtsai., 2018)

4.2.2.2 A vaddisznóállomány alakulása Európában

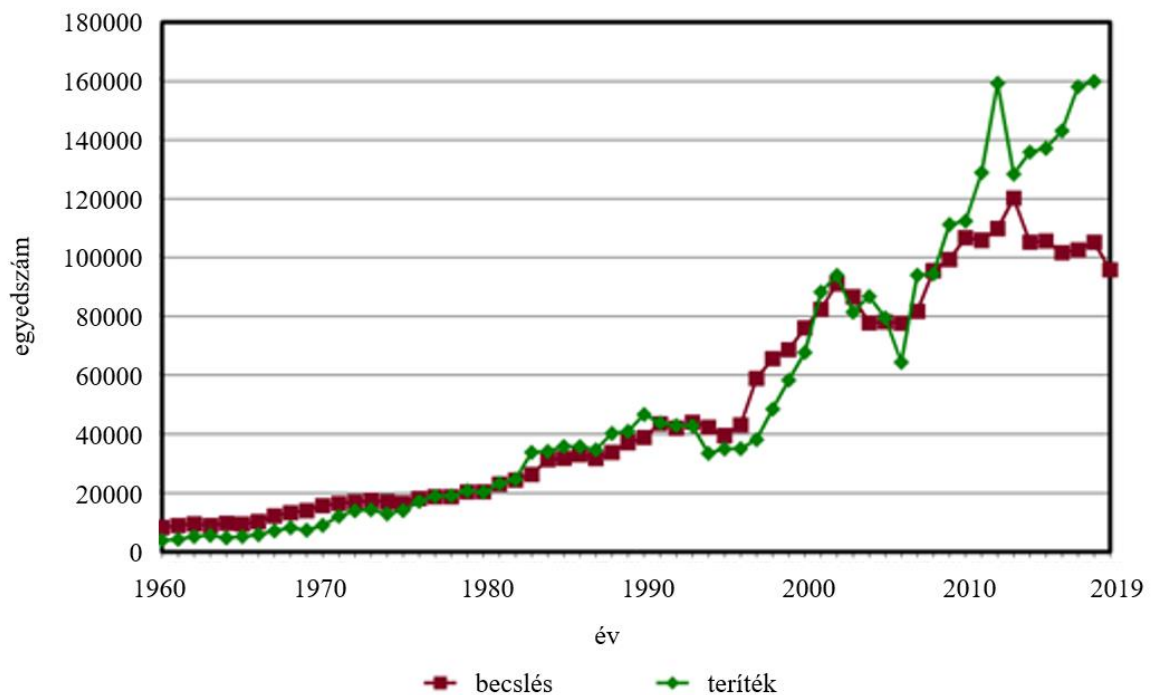
A vaddisznóállományok pontos alakulásának követése az Európán belüli országokban sem megszokott, a létszámbecslés helyett az éves terítékadatokat tartják számon, így az állományméretekéről csak közelítő értékeket lehet tudni. Internetes források nagyságrendileg 10 millió példányra teszik az európai állomány méretét, ami az emberi hatások, valamint az adaptáció miatt a 60-as évektől kezdve 10-20 évente megduplázza állományméretét (Sáez-Ryouela és Tellería, 1986). Az alábbi ábrán látható, hogy az 1980-as évektől a 2010-es évek közepéig Európa minden vizsgált országában a teríték átlagosan 5-10-szeresére növekedett, ami nem valósulhatott volna meg erőteljes állománynövekedés nélkül (11. ábra).



11. ábra: Különböző európai országok vaddisznó-terítékének alakulása (Massei és mtsai., 2014)

4.2.2.3 A vaddisznóállomány alakulása Magyarországon

Magyarországon az 1960-as évektől kezdve működtetik az Országos Vadgazdálkodási Adattárat, így a legpontosabb és legrészletesebb adatsor innen áll rendelkezésre. Hazánk becsült vaddisznóállománya 1960-ban 8 300 egyed volt, melyből 3 900 került terítékre, tehát a vadászati nyomás 47%-os volt. A létszámát 1972-re duplázta meg, 1997-re pedig már 50 000 fölötti egyedet becsültek. A 2010-es évben először a lépte át a becsült állomány a 100 000-et, amit kisebb hullámmal napjainkban is tart. 2020-ban a becslések szerint 82 959 példány volt hazánkban. A teríték aránya az összes többi nagyvadunkhoz hasonlóan erőteljesen növekedett, az állománynövekedésnél is nagyobb mértékben. 2001-től már általában a törzsállomány 100%-a fölött van a hasznosított mennyiség, napjainkban pedig a 150%-hoz közeledik (12. ábra) (Csányi és mtsai., 2019; Csányi és mtsai., 2020).



12. ábra: Magyarország vaddisznóinak állomány- és terítékadatai 1960 és 2019 között (Csányi és mtsai., 2019)

A vaddisznóállományok természetes mortalitását egy franciaországi intenzíven vadászott állományban mindkét ivar esetében 15% körül állapították meg (Toigo és mtsai., 2007). Mivel ez az arány (részben a nagyragadozók hiánya miatt) az erőteljes növekedést nem tudja kompenzálni, így a folyamatos növekvő tendencia a jövőben is valószínűsíthető az eltartóképesség határáig, vagy egy új populációsabályozó faktor bekerüléséig. Kutatások szerint a vaddisznóállomány szinten tartásához az élőhelytől és a helyi állománytól függően 150-250%-os hasznosításra van szükség a nagyszámú szaporulat és gyors ivarérettség miatt (Csányi, 1995; Faragó, 2007). Napjainkban ilyen új faktor az afrikai sertéspestis vírusa, amely az emberre ártalmatlan, de a megbetegedett vaddisznókban (és házi sertésekben) közel 100%-os mortalitást okoz. A vírust 1909-ben fedezték fel házi sertésekben, Kenyában, ahol későbbi kutatások szerint a helyi varacskos disznó (*Phacochoerus africanus*), erdei disznó (*Hylochoerus meinertzhageni*) és folyami disznó (*Potamochoerus larvatus*) állományokban volt jelen tünetmentesen. Európában először 1957-ben Portugáliában észlelték, innen azonban 1958-ra sikerült kiirtani. Az 1960-as években Spanyolországban, Olaszországban és Franciaországban több járvány is kitört, azóta pedig Európa szinte összes országában előfordult ASP járvány, amelyeket a

szardíniai és a Földközi-tenger környéki populációk kivételével sikerült megfékezni. A legújabb fertőzés 2007-ben Grúziából indult. Magyarország szomszédai közül Ukrajnában 2012-ben, Lengyelországban 2014-ben mutattak ki először ASP-s disznót. Hazánkban hivatalosan 2018 április 21-én, Heves megyében regisztrálták az első afrikai sertéspestises egyedeket egy vaddisznóban (Bishop és mtsai., 2010; Carrillo, 2014; NÉBIH, 2014; Mujibi és mtsai., 2018; NÉBIH, 2018). A fertőzés jelenleg is terjed, a NÉBIH 2021 március 8-i adatai szerint Magyarországon 5148 bejelentés érkezett ASP-vel fertőzött vaddisznókról az elmúlt három évben (NÉBIH, 2021). AZ OIE (Organisation Mondiale de la Santé Animale; Állategészségügyi Világszervezet) adatai alapján pedig az elmúlt öt évben Európa-szerte közel 30 000 vaddisznó és 1 383 372 házi sertés hullott el a megbetegedésben (1. táblázat)(OIE, 2020).

1. táblázat:

ASP előfordulások száma földrészekre lebontva 2016-2020 között (OIE, 2020)

Régió	Házi sertés				Vaddisznó				Összes kitörés	Összes eset
	Kitörés	Gyanús eset	Eset	Veszteség	Kitörés	Gyanús eset	Eset	Veszteség		
Afrika	128	213795	61459	85539					128	61459
Ázsia	9928	8107951	115309	6733791	631		1121		10559	116430
Európa	4271	1859480	625269	1383372	17307		29513		21578	654782
Összesen	14327	10181226	802037	8202702	17938	0	30634	0	32265	832671

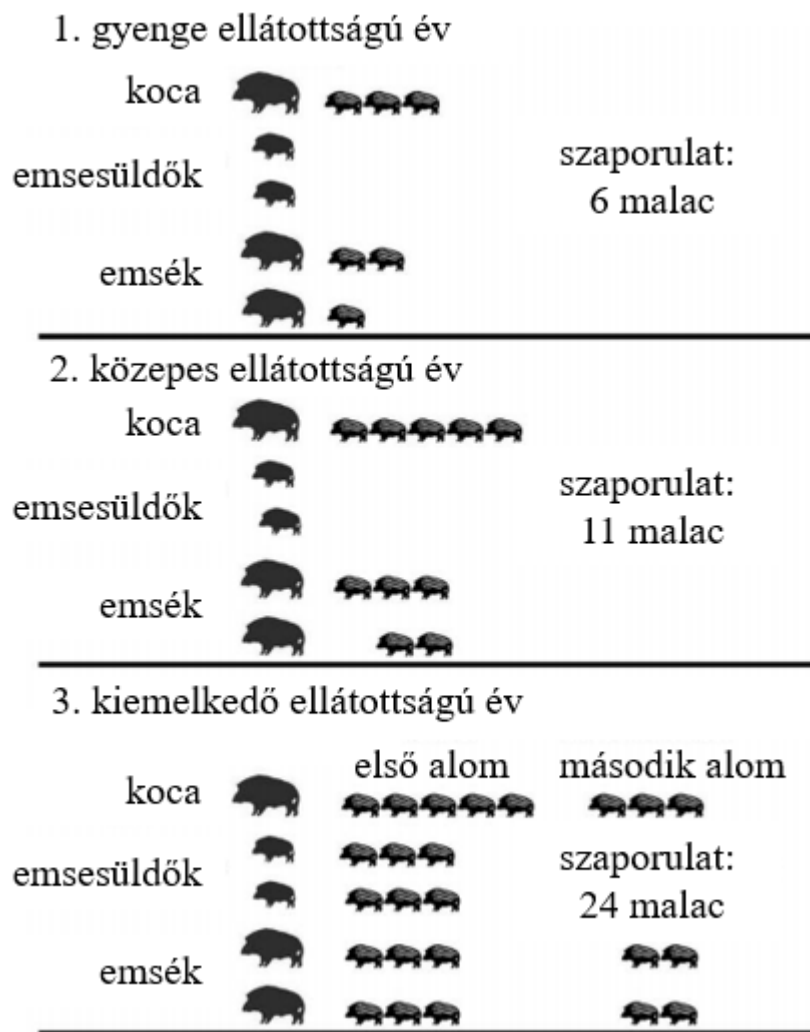
4.2.3 Szaporodási jellemzők

A vaddisznó fajban többek által leírt és igazolt megállapítás, hogy a kocák életkora nagyban befolyásolja az alomszámot. Tehát adott esetben ugyanakkora kiindulási kocalétszám mellett is egy idősebb állomány ugyanannyi idő alatt jobban gyarapodik, mint egy fiatalabb (2. táblázat) (Náhlík és Sándor, 2004; Faragó, 2007).

Különböző korú kocák átlagos alomszáma (Náhlik és Sándor, 2004)

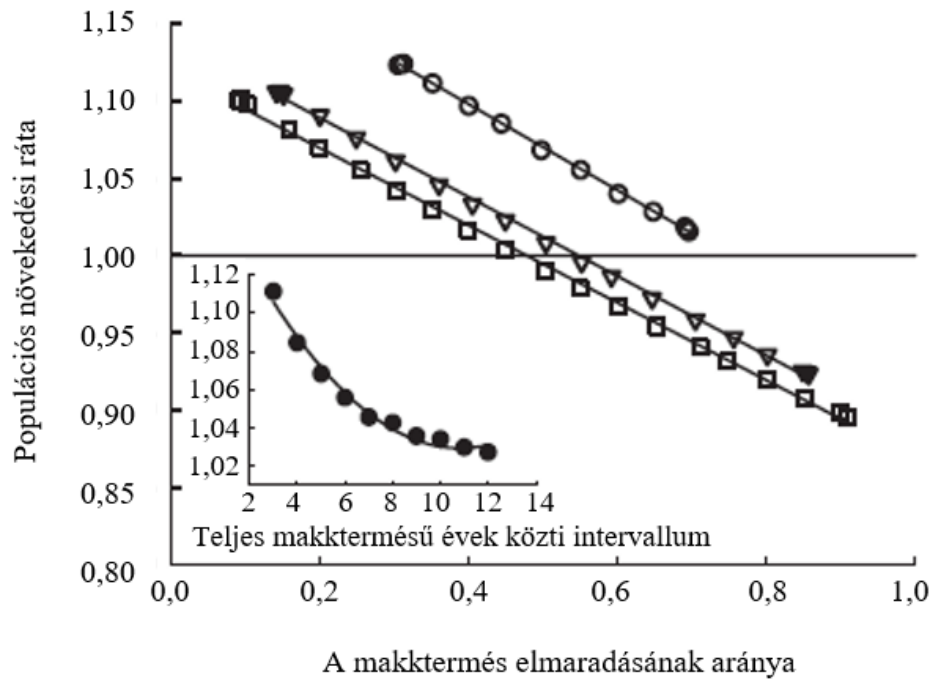
Vizsgálatok	Korosztályok					
	1	2	3	4-5	6-7	7-
Jezierski, 1977	1,00	3,40		4,00	5,00	
Náhlik és Sándor, 2004	5,14	6,00		7,29	8,00	8,00
De Vos és Sassani 1977	4,20	5,60	6,50			
Pedone és mtsai., 1991	3,64	5,07	5,60			

Ehhez hozzátartozik az is, hogy a vaddisznó nagyvadjaiink közül a leginkább R stratégista faj (13. ábra), tehát egy jobb táplálék-ellátottságú évben jelentősen több malac születik, mint egy gyengébb évben. (Nagy, 2004).



13. ábra: Különböző korú vaddisznók szaporulata az évek táplálék-ellátottságától függően (Nagy, 2004)

A táplálékbázis fontosságát számos kutatás megerősíti. Táplálkozása nagyrészt növényi részekből áll, de gerincteleneket és elhullott állati tetemeket is fogyaszt. Jellemzően a helyi adottságokhoz igazítja táplálkozását, de a makkot és földigilisztát preferálja (Schley, 2003; Faragó, 2007; Oja, 2017). Egy lengyel vizsgálatban egy nem vadászott területen az elhullás 61%-át okozta közvetlenül az éhezés (Okarma és mtsai., 1995), valamint a nagy makktermésű évek egyedszámra gyakorolt hatását is bizonyították (14. ábra) (Bieber és Ruf, 2005). Ugyanerre vezethető vissza Náhlik és munkatársai (2013) eredménye is, miszerint enyhe pozitív korreláció van a kocák testméretei és tömege, valamint a magzatok száma között.



14. ábra: A makktermés vaddisznópopulációk növekedési rátájára gyakorolt hatása (Bieber és Ruf, 2005)

Ezen kívül megfigyelések azt is mutatják, hogy a vaddisznók napjainkban, vélhetően a felmelegedés hatására hamarabb válnak ivaréretté és kisebb a vemhesülési küszöb-tömegük is, valamint szoros összefüggést mutattak ki a januári átlaghőmérséklet, a vegetációnövekedési index és a vaddisznók sűrűsége között (Melis és mtsai., 2006).

4.2.4 Vaddisznó alfajok rövid jellemzése

A vaddisznó fajnak Trense (1989) szerint 25 alfaja létezik, melyből Európában hét található meg: *S. s. scrofa* (Ny- és K-Európa északi fele), *S. s. castilianus* (Ibériai-félsziget), *S. s. barbarus* (É-Afrika), *S. s. majori* (Olaszország), *S. s. meridionalis* (Szardínia, Korzika), *S. s. reiseri* (Balkán-félsziget) és *S. s. attila* (Közép- és Kelet-Európa) (Faragó, 2007). Más szakirodalmak 16-17-re teszik az alfajok számát, melyekből a *S. s. scrofa*, a *S. s. attila* és a *S. s. meridionalis* átfed a korábban hivatkozott irodalommal (Albarella és mtsai., 2007; Groves és Grubb, 1993; Keuling és Leus, 2008). Az alábbiakban az újabb elkülönítést vettük alapul és fejtettük ki bővebben Albarella és mtsai. (2007) alapján (3. táblázat):

Vaddisznó alfajok alapvető jellemzői (Albarella és mtsai., 2007)

Alfaj neve (<i>Sus scrofa</i> subsp.)	Morfológia	Elterjedési terület
<i>scrofa</i>	változatos méret, sötétbarna szín	Ny-, és K-Európa, Albánia(?)
<i>meridionalis</i>	kis méret, vékony szőrzet, kicsi serte	Korzika, Szardínia, Andalúzia
<i>algira</i>	hasonló a <i>scrofa</i> -hoz, de kisebb	É-Afrika
<i>attila</i>	nagy méret, sárgás szín, hosszú serte	K-Európától Kazahsztánig, Kaukázus
<i>lybicus</i>	kis méret, világos szín, serte szinte nincs	D-Kaukázustól Nílus- deltáig, Törökországtól Balkánig
<i>nigripes</i>	világos szín, fekete lábak	K-Ázsia, Tien-san hegylánc
<i>sibiricus</i>	kis méret	Mongólia, Transzbajkál
<i>ussuricus</i>	hatalmas méret (300kg), erős szőrzet (télen sárgásszürke, nyáron fekete), serte szinte nincs	K-Oroszország, Korea, ÉK-Kína
<i>leucomystax</i>	kis méret, rövid lábak, sárgásbarna szőrzet, serte nincs	Japán szigetek
<i>riukiuanus</i>	kis méret	Ryukyu szigetek
<i>taevanus</i>	kis méret, fekete szín	Taiwan
<i>moupinensis</i>	kis méret, rövid serte	Kína, Vietnam
<i>dauidi</i>	kis méret, világosbarna szín, hosszú serte	Irántól Indiáig, Tádzsikisztán
<i>cristatus</i>	dauidihoz hasonló, csíkos hát, magas koponya	D-Himalájától K-Indiáig, DK-Ázsiától Kra- földhídig
<i>affinis</i>	cristatushoz hasonló, annál kisebb	Srí Lanka
<i>vittatus</i>	kis méret, rövid fej, változatos szín	Malajzia, Ny-Indonézia, Szumátra
?	egy darab koponya, ami eltér a többtől	Srí Lanka

A vaddisznó széleskörű elterjedése és alfajainak száma, valamint a hibridizáció miatt a kromoszómaszáma is változékony. Általánosságban 36 kromoszómával rendelkeznek, szemben a házi sertés 38 kromoszómájával. Hibridjeik között 37-es szám is előfordul, ezen kívül egyes területeken, például Törökországban, Olaszországban, vagy Lengyelországban olyan vaddisznók is megtalálhatóak, amelyeknek 38 kromoszómája van (Albaryak és Inci, 2007, Grossi és mtsai., 2006, Macchi és mtsai., 1995, Rejduch és mtsai., 2003).

4.3 A vaddisznó ökológiai hatásai

Egy populáción belüli vaddisznók létszám-meghatározásának legegyszerűbb modelljében a kocák számát szorozzák az átlagos felnevelt szaporulatszámmal. Az újonnan született nőivarú disznók a következő évben már fialhatnak (Bieber és Ruf, 2005, Bihari és mtsai., 2007) a szaporulat száma pedig a koca korától és az élőhely minőségétől függően átlagosan 3-6 közt alakul, azonban már 12-es almokat is feljegyeztek (Szemethy, 2005). Egy elméleti kutatás modelljei szerint rossz körülmények között is maximum évente 15%-os állománycsökkenésre lehet számítani, közepes körülmények között 9%-os növekedésre, ideális körülmények közt pedig akár 63%-os éves növekedésre (Bieber és Ruf, 2005)

Mivel a vaddisznó nagy testű, mindenevő, kondában élő faj, ezért számos másik fajra van hatással (15. ábra).



15. ábra: A vaddisznó hatása más állatfajokra (Massei és Genov, 2004 nyomán)

Bár legtöbbször károkozásukkal kerülnek előtérbe, azonban ez a hatás lehet pozitív is. Táplálkozásukkal elsősorban a gerinctelenek (földigiliszta, lárvák) állományát befolyásolják, mely a fákat károsító rovarok esetében jelentősen csökkenti azok fában okozott kárát (Massei és Genov, 2004).

Bolygatásával a flórát is befolyásolja. Több kutatás is megerősíti, hogy bár a bolygatás a helyi növényzet összetételének megváltozását okozhatja, és erdészeti szakkifejezésként használva valóban károsítás, de ökológiai definícióként nem egyenlő azzal: „A bolygatás bármilyen, időben viszonylagosan elkülönülő esemény, amely megbontja az életközösség vagy a populáció szerkezetét, megváltoztatja a források, az aljzat felhasználhatóságát, vagy a fizikai környezetet” (Mátyás, 1996; Gálhidy, 2008). Egy vizsgálat szerint túrása után a növényi diverzitás előbb csökken, de utána rövid idő alatt visszaáll eredeti állapotára, amivel végső soron nem történik károsítás (Massei és Genov, 2004). Hazai vizsgálatok szerint pedig egyes védett növényfajok körüli túrásra a növények tőszámnöveléssel reagálnak, így végső soron a vaddisznó ezen ritka növények „szaporításában” segédkezik (Bíró és mtsai., 2012).

4.4 A vaddisznó ökonómiai hatásai

A vaddisznó jelentős bevételeket generál, ugyanakkor komoly anyagi károkat is okozó vadfajunk. Ezen kettőssége miatt a vaddisznóval való gazdálkodás tervezésébe is szükséges belekalkulálni az anyagi lehetőségeket és veszélyeket. Jelen fejezetben ezeket az ökonómiai vonzatokat tekintjük át.

4.4.1 A vaddisznó hasznosításából származó bevételek

4.4.1.1 Közvetlen vadászati bevételek

Magyarországi vadászati bevételei pontosan nem elérhetőek, ráadásul a vaddisznó vadászatának különböző módjai rendkívül eltérő költséggel járnak, vadkárrelhárító vadászaton akár ingyen is elejthető, míg egy több napos nagyterítékű hajtás során több millió, akár néhány tízmillió forint bevételt is generálhat a vadgazdálkodó. Az alábbi táblázatot így két jelentős online vadászat-értékesítő honlap, a bookyourhunt.com és a safariinternational.com oldalán elérhető ajánlatokból állítottuk össze Magyarországra és a környező országokra (4. táblázat).

4. táblázat:

Vaddisznóvadászatok árai Magyarországon és a szomszédos országokban
(bookyourhunt.com és safariinternational.com)

Ország	Min. ár (€)	Napok száma	Egyéb fajok	Max. ár (€)	Napok száma	Egyéb fajok	Forrás
Magyarország	480	3	gím, őz, muflon	3047	3	-	bookyourhunt
Szlovákia	680	5	gím, dám, muflon	1140	5	gím, dám, muflon	bookyourhunt
Ukrajna	725	3	-	1175	3	-	bookyourhunt
Románia	600	2	-	3500	5	gím	bookyourhunt
Szerbia	890	2	-	3490	2	-	safariinternational
Horvátország	1250	4	-	2000	3	-	bookyourhunt
Horvátország	1390	2	-	-	-	-	safariinternational
Ausztria	990	1	-	-	-	-	safariinternational
Csehország	480	1	-	2735	5	-	bookyourhunt

4.4.1.2 Trófeavadászatból származó bevételek

A 2019-20-as idényben 5405 db vadkanagyart bíráltak le, melynek több, mint harmada (34,9%) érmet is kapott. (Csányi és mtsai., 2021) Az érmes trófeák pontos számáról és az ebből származó becsült minimum bevételről készített táblázat alább látható (5. táblázat). A számítás azonban mindenképp csak becslésnek tekinthető, mivel egyrészt az árat az elérhető legolcsóbb árlista alapján állítottam össze (alulbecslés), ugyanakkor tagi vadászat, vagy vadkárrelhárítás során elejtett kan trófeája után nem minden esetben kell a trófea értéke alapján fizetni (felülbecslés).

5. táblázat:

A 2019-ben elejtett érmes vadkan trófeák megoszlása és az ebből származó becsült minimum bevételek (Csányi és mtsai., 2021 nyomán)

Év: 2019	Db	Min. cm	Min. ár (Ft)	Össz. ár (Ft)
Bronz	1098	18	155 000	170 190 000
Ezüst	545	20	240 000	130 800 000
Arany	241	22	350 000	84 350 000
Összesen	1884	-	-	385 340 000

4.4.1.3 A vaddisznóhús jellemzői és az ebből származó bevételek

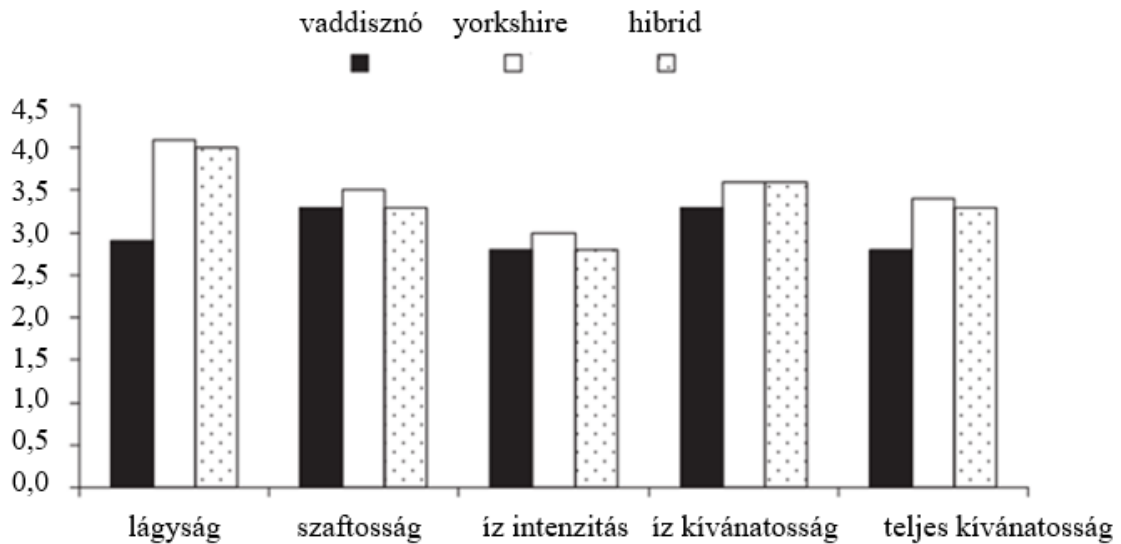
A vaddisznó húsa más vadhúsokhoz viszonyítva kedvező árú, prémium kategóriás termék (Bodnárné és mtsai, 2009). A házi sertésével összevetve a vaddisznóhús kedvezőbb beltartalmi értékekkel bír (6. táblázat), valamint textúrája is kifejezettebb. Ezzel szemben kisebb zsírtartalma miatt a hús szárazabb, kezelése nehezebb (16. ábra), ami elriaszthatja a vásárlókat (Sales és Kotrba, 2013).

6. táblázat:

A vaddisznóhús makronutriens-arányának összehasonlítása házi disznó húzával (Ivanovic és mtsai., 2021, Marsico és mtsai., 2007, Vörös, 2009)

Jelmagyarázat: A,B: P<0,01; a,b: P<0,05

	Testrész	Fehérje %	Zsír %	Szénhidrát %	Nedvesség %	Hamu %	pH	Referencia
Vaddisznó	teljes test	26	5	0,4	-	-	-	Vörös, 2009
Házi sertés	teljes test	16	22,5	0,6	-	-	-	Vörös, 2009
Vaddisznó	karaj	23,3 A	1,76 a	-	73,56	0,86 a	6,06 a	Ivanovic és mtsai., 2021
Landrace	karaj	21,2 B	3,83 b	-	73,51	1,17 b,A	6,36 b	Ivanovic és mtsai., 2021
Yorkshire	karaj	21,8 AB	2,53 a	-	74,31	1,09 B	6,43 b	Ivanovic és mtsai., 2021
Vaddisznó	karaj	25,87 A	1,55 A	-	70,5 A	1,23 A	6,35	Marsico és mtsai., 2007)
Vaddisznó (nevelt)	karaj	22,5 B	2 A	-	73,41 B	1,3 A	6,41	Marsico és mtsai., 2007)
Hibrid (nevelt)	karaj	22,24 B	2,15 A	-	73,65 Bb	1,27 A	6,61 A	Marsico és mtsai., 2007)
Házi sertés	karaj	21,35 B	4,56 B	-	71,37 a	0,86 B	6,04 B	Marsico és mtsai., 2007)



16. ábra: A vaddisznóhús néhány paraméterének összehasonlítása Yorkshire, illetve keresztezett fajta húsával (Sales és Kotba, 2013)

Az imént említett pozitív tulajdonságainak, nagy állományméretének és átlagos testtömegének köszönhetően a vaddisznó húsa 2016-ban a teljes vadhús-előállítás 50%-át adta (Csányi és mtsai., 2017). Részből a hús minősége és ára, részből a házi sertéssel való könnyű hibridizációja miatt a vaddisznóhús hamisítása és élőállatként, vagy termékként való értékesítése is megjelent (Mayer és Hochegger, 2011).

4.4.2 A vaddisznó betegségei

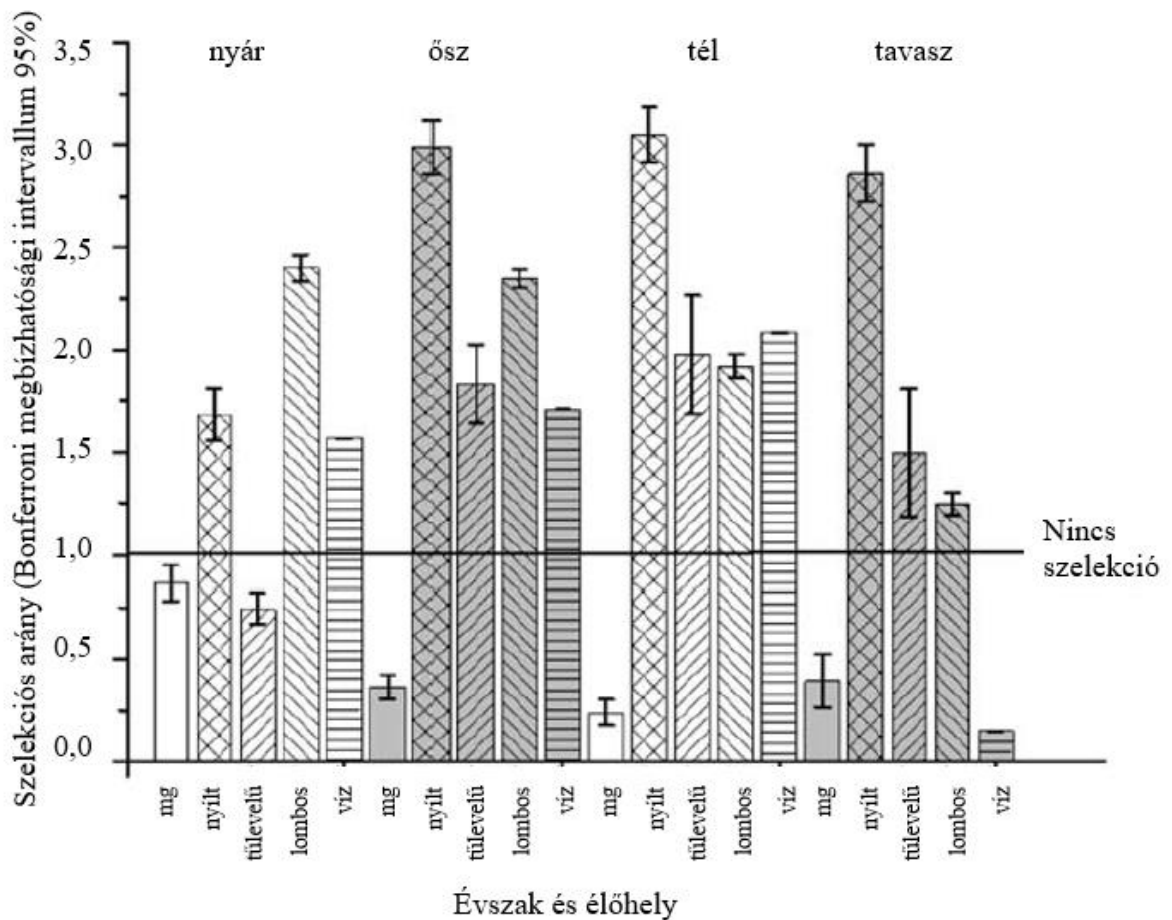
A vaddisznók betegségeik terjesztésében is szerepet játszanak. Mivel a házi sertéssel egy fajba tartoznak, ezért betegségeik is közösek. Ruiz-Fons és munkatársai (2008) 13-féle fő patogént emeltek ki, melyek a disznókat megbetegíthetik, ezek közül a legveszélyesebbnek a klasszikus sertéspestist és az afrikai sertéspestist tartják, melyet majdnem 50%-ban a vaddisznókkal való interakciók okoztak és az 1990-es években az Európai Unió (EU) belül 13, évekig tartó járványt okozott (Laddomada, 2000). Mindkét betegséget vírusok okozzák, a klasszikus sertéspestis kórokozója a *Pestivirus C*, míg az afrikai sertéspestisé az *Astivirus*. A két betegség lefolyása és tünetei annyira hasonlóak, hogy csak laboratóriumi vizsgálattal lehet megállapítani annak okozóját. A fertőzött egyed lázas, végtagjai gyengék, megfigyelhető étvágytalanság, hasmenés, vemhes kocák esetében vetélés. Előrehaladott stádiumban idegrendszeri tüneteket, akár bénulást is okoz, a bőrfelületen, valamint a szervekben (elsősorban vese, lép) testszerte előforduló pontszerű vérzések jelennek meg. Mindkét vírus általában 3-4 hét alatt az állat elhullását okozza. Habár a sertéspestis-vírusok emberre nem veszélyesek, de virulenciájuk és

ellenállóképességük miatt bejelentési kötelezettség alá tartoznak (Felföldiné, 2019, OIE, 2020). A vaddisznó egyes betegségeire az ember is fogékony, ezeket zoonózisnak nevezzük. Egy lengyel vizsgálatban a vaddisznók több, mint 10%-a volt fertőzött valamelyik *Leptospira* családba tartozó baktériumtörzsszel. Ugyanez az arány Portugáliában akár 66% is lehet (Vale-Goncalves és mtsai., 2015). A *Leptospira*-fertőzött egyed egész életében vizeletével üríti a baktériumokat, melyek a kötőhártyán, nyálkahártyán, vagy a bőr sérülésein keresztül jutnak be az emberi szervezetbe, majd a májban szaporodni kezdenek. A betegség 1-2 hetes lappangás után robbanásszerűen alakul ki, elsősorban a májat és vesét károsítja, és fajtájától függően 1-20%-ban halálos. Legtöbbször a kukoricát címerező munkások betegednek meg benne, de az elejtett vadat kezelő személyekre is veszélyes lehet (Tulassay, 2010; Zmudzki és mtsai., 2016; HTTP1, 2017). Főbb zoonózisai közé tartozik még a trichinellózis, amelyet egy vékonybélben élő fonálféreg, a *Trichinella spiralis* okoz, valamint a Hepatitis E vírus. A trichinellózis során a vékonybél a benne élősködő férgek és azok toxinjai miatt begyullad, ezen kívül a lárvák a vérárammal az izomszövetekhez jutnak és ott betokozódnak. Izomfájdalmat és bélpanaszokat okoz, akár halálos is lehet (Beregi, 2011). A Hepatitis E kórokozói a *Hepeviridae* családba tartozó vírusok közé tartoznak. A vírus elsősorban a májban szaporodik, májkárosodást okozhat, azonban csak nagyon ritka esetben halálos, ennek ellenére bejelentési kötelezettség alá tartozó betegség. Egy lengyel vizsgálatban 470 vaddisznó máj-és vérmintából 57 esetben találtak Hepatitis E RNS-t (12,1%) és 232 esetben antitesteket, ami azt jelenti, hogy a disznók 50%-a korábban átesett a Hepatitis E fertőzésen (Kozyra és mtsai., 2020). Angliában és több más országban is mára megszokottá vált a városokhoz szokott vaddisznó kanok betörése és házi disznó kocákkal való párzása, ami a lehetséges fertőzési forráson kívül az infrastruktúrában is anyagi kárt okozott (Goulding és mtsai., 1998).

4.4.3 A vaddisznó kártétele

A vaddisznó túrásával jelentős mezőgazdasági és erdei károkat képes okozni. Egyik preferált elesége a makk, amin keresztül az erdészeti felújításokat támadja. Mezőgazdasági termények közül a kukoricát, gabonaféléket fogyasztja előszeretettel, ezekre ráadásul vetéskor és érésben is rájár, így a gazdálkodó számára kettős kár keletkezik. Csak Magyarországon 2020-ban 2 milliárd 300 millió forintnyi mezőgazdasági és több, mint 100 millió forint erdészeti vadkárt fizettek ki. Ugyan ez a mennyiség nem írható kizárólag a vaddisznó számlájára, de táplálkozása, testmérete,

szokásai (túrás) és állománymérete miatt az egyik legjelentősebb mezőgazdasági károkozóként tartják számon. Mindez annak ellenére igaz, hogy több kutatásban is negatív preferenciát mutattak ki a mezőgazdasági táblákra vonatkozóan (17. ábra), az erdők melletti 50-100 méteres sávot kivéve (Csányi és mtsai., 2020; Faragó és mtsai., 2007; Sarwar, 2019; Schley és mtsai., 2008; Thurfjell és mtsai., 2009).



17. ábra: A vaddisznó élőhely-preferenciája évszakokra bontva (Thurfjell és mtsai., 2009). Jelmagyarázat: mg: mezőgazdasági területek, nyílt: nyílt terület, tölvevelű: tölvevelű erdő, lombos: lombos erdő

A mezőgazdasági károkozáson kívül a vaddisznók közlekedési baleseteket is okozhatnak. Ezekben az esetekben vadban, emberi javakban is kár keletkezik, valamint akár emberéletekbe is kerülhet. Kutatások szerint a populáció 0,5-5%-a eshet áldozatul elütéseknek. Magyarországon ez a szám 2019-ben 627 egyed volt, átlagosan éves szinten 0,5-0,7% körül alakul (Bruiderink és mtsai., 1996; Csányi és mtsai., 2020; Goulding és mtsai., 1998; Kociolek és mtsai., 2007; Scandura és mtsai., 2011a). Ezen felül a

vaddisznók a városi élethez is adaptálódnak. Világszerte egyre több kisvárosban, sőt akár több milliós fővárosok (köztük Budapest) periferiáján is lehet már vaddisznóval találkozni. Ezek az egyedek a kertek feltúrásán túl fokozott veszéllyel járnak, mivel emberi élőhelyeken járnak át. Egyes egyedek olyannyira megtalálták a szükségleteik kielégítéséhez szükséges területet, hogy már ki se járnak a város határain, illetve több vizsgálat szerint is a városi vaddisznók genetikailag elkülöníthetőek vadon élő társaiktól (Castillo-Contreras és mtsai, 2017; Kowalewska, 2019; Zsolnai és mtsai, 2022).

Károkozása ellen világszerte különböző módon küzdenek. A vadkár csökkentésére többféle módszer is rendelkezésre áll: Amerikában a rendkívül nagy létszámú, elvadult, hibridizált állományok miatt szelektív mérgezéssel (Lapidge és mtsai., 2012), illetve GPS-el jelölt „Júdás” disznó által segített helikopterből gépfegyverrel történő irtással védekeznek ellene. Ezekre a tevékenységekre nem is vadászatként, hanem kártevőirtásként (pest control) hivatkoznak (18. ábra). Néhány, hazánkban tiltott módszer hatékonyságát Angliában is vizsgálták (Goulding és mtsai., 1998; Mayer és Brisbin, 2009).



18. ábra: az USDA disznókezelési csoportjának logója

A szöveg jelentése: kezeld a károkozást, állítsd meg az elvadult disznót

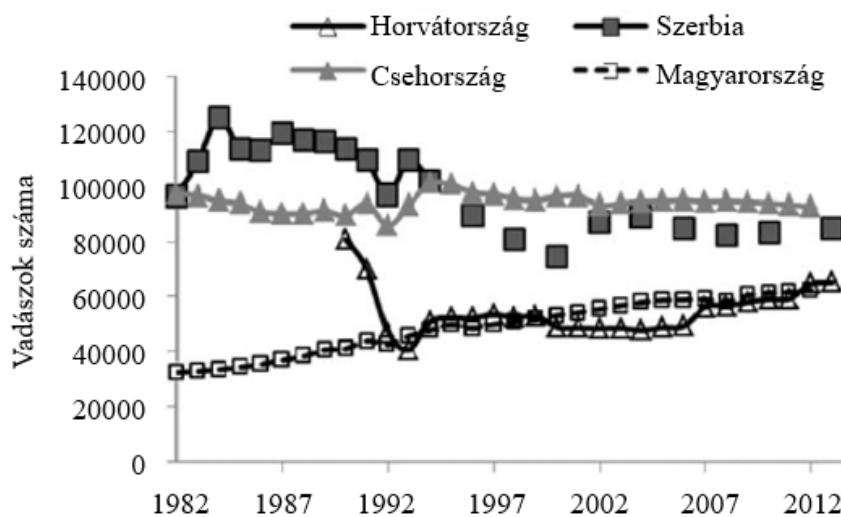
Európában az intenzív vadászat, elterelő etetés, valamint az érzékeny területek elkerítése a bevett szokás. Leginkább ezek egyidejű alkalmazása nyújt megoldást, bár a kisebb állományméret nem jelent feltétlenül kisebb mértékű károkozást (Geisser és Reyer, 2004; Bleier, 2004; USDA, 2020). Ennek lehetséges magyarázata, hogy így hozták az állományt az ökonómiai eltartóképesség azon szintjére, ahol a minimális hatás érvényesül, valamint a bolygatott, intenzíven vadászott állomány a stressz miatt a táplálékot gyengébben

hasznosítja, így ugyanannyi egyed sokkal több rágáskárt okozhat, amennyiben nincs megfelelő nyugalma (Csányi és Majzinger, 2007; Horn és mtsai., 2011). Egy svájci tanulmányban is a korábban ismertetett három módszer kombinációját alkalmazták 44 vadászterületen. Eredményeik szerint csak a vadászat nyújtott megoldást a problémára, de csak abban az esetben, ha elsősorban a nőstények létszámát csökkentik, mivel a szaporulat számát a nőstények száma határozza meg, valamint a hatékony állománycsökkentéshez szükséges a törzsállomány 150-250%-át elejteni az élőhely és a kocák korösszetételének függvényében (Nagy, 2004; Ebert és mtsai., 2012). Az etetés és a kerítések építése komoly anyagi befektetést is igényel, ami nem térül meg, ráadásul a kerítések felhúzása a károkozást csak más területre viszi át, hiszen a vaddisznó a számára elérhető egyéb területeken kénytelen megtalálni táplálékát (Geisser és Reyer, 2004). Hazai vizsgálatokban azt is kimutatták, hogy a vaddisznó ugyan fogyasztja a kukoricát, de annak tömegaránya jóval kevesebb, mint a megjelenési gyakorisága, tehát különösebben nem keresi a kukoricát, amennyiben egyéb energiadús táplálék is rendelkezésére áll (Heltai és mtsai., 2016). Más területeken a kukoricaföldek több, mint 50%-ában okozott kárt, átlagosan a termés 6,7%-át pusztították el, búzánál pedig a táblák 30%-ába mentek bele és 3%-nyi kárt okoztak (Brooks és mtsai., 1989). Összességében megállapítható, hogy a vaddisznó számára szükséges legalább egy energiadús táplálékfaj jelenléte, mint a tölgyek (makk), kukorica, vagy búzafélék. Ezek azonban legtöbbször emberi kezelés alatt állnak, így ahol a vaddisznó megjelenik, ott számítani kell a károkozására is (Schley és Roper, 2003).

Mivel hazánkban a vaddisznó az egyik fő vadkárokozó nagyvadunk, így esetükben is volt (helyenként jelenleg is van) állománycsökkentési program, ami szintén negatívan befolyásolja a vaddisznók létszámát. Ez azonban a gyakorlatban ritkán sikeres, mivel a hatékony állományszabályozáshoz a törzsállomány minimum 150%-át kellene hasznosítani, amiben a malacok és süldők aránya 80% lenne (Nagy, 2004). Ezeket a számokat azonban még napjainkban sem éri el a hasznosítás.

Érdekesség, hogy habár Európában az évtizedek során a vadászok létszáma folyamatosan csökken, az elejtett vaddisznók száma növekvő tendenciát mutat, vagyis egyre kevesebb vadász egyre több vaddisznót ejt el. Ennek ellenére a vaddisznók létszáma az ASP megjelenése előtt még így is növekedett, tehát a vadászat biztosan mérsékli, de lényegesen nem befolyásolja a vaddisznók létszám-növekedési trendjét. Az afrikai sertéspestis megjelenése óta a vaddisznók létszáma hazánkban szóbeli információk és a

hivatalos adatok alapján is egyaránt csökken. A populáció sűrűség-csökkentése miatt a vadásztársaságok egy részénél a hobbivadászokat azzal is motiválják, hogy a vadászok esetében elengedik a kilövési és trófeadíjat, valamint az egészséges egyedek húsa ingyenesen, vagy rendkívül alacsony áron elvihető. Magyarországon a vadászok létszáma az európai trenddel szemben lassú növekvő tendenciát mutat (19. ábra). (Csányi és mtsai., 2020; Massei és mtsai., 2014).



19. ábra: A vadászok létszáma néhány közép-, és kelet-európai országban (Massei és mtsai., 2014)

4.5 A vadászok azonosítására használt módszerek

4.5.1 Anatómiai és morfometriai módszerek

Ezek a vizsgálatok a legkönnyebben elvégezhető és legolcsóbb módszerek közé tartoznak, azonban használhatóságuk limitált, napjainkra kissé túlhaladott. Jelenleg főleg olyan esetekben használják, amikor nincs lehetőség DNS kinyerésére, például régészeti leletek kapcsán. Ez a módszer hasznos lehet a fajok terjedésének, illetve háziasításának meghatározására (Vigne és mtsai., 2009; Arif és mtsai., 2011). Hasonló módszerekkel a vadászok M2 és M3 fogát vizsgálva arra a következtetésre jutottak, hogy bár nem lehet egyértelműen megállapítani a méretekből az egyed élőhelyét, azonban délről északra, illetve nyugatról-keletre a disznók átlagos méretei növekednek (Albarella és mtsai., 2009).

4.5.2 Genetikai módszerek

A vaddisznó állományok minőségének és genetikai variabilitásának megőrzéséhez feltétlenül szükséges a populációk genetikai feltérképezése, az állományokon belüli alléldiverzitás, a populációk közti genetikai különbségek és a populációk közti génáramlás megállapítása. (Forman és Deblinger, 2000). A fertőzések során egyes, rezisztens géneket hordozó egyedek előnybe kerülhetnek a populáción belüli többi egyedhez képest, többek között ezért is fontos az állományok megfelelő genetikai diverzitása. Egy franciaországi sertéspestis járvány nyomán kimutatták, hogy a 42 vizsgált lokusból négyben változott az allélfrekvencia, ezek közül is a PGM-2 lokusz esetében extrém szignifikáns szinten növekedett a 113 bp hosszú allél jelenléte a 100 bp-s allél rovására (Lang és mtsai., 2000). Ezt a tudást hasznosítva könnyebben megőrizhető a biodiverzitás, valamint jobban fel lehet készülni az esetleges *vis maior* események kezelésére.

4.5.2.1 Vaddisznó fajon végzett molekuláris genetikai vizsgálatokhoz szükséges mintavételi lehetőségek

A mintagyűjtésre lehetőség van nem-invazív módszerek alkalmazásával is. Ennek nagy előnye, hogy nem szükséges az állatokat elejteni, csapdába ejteni, vagy akár találkozni velük, hiszen manapság már néhány szőrszálból, hullatéből, vagy nyálból is végezhető genetikai analízis, így például védett, vagy ritka fajoknál jól alkalmazható metódus (Taberlet és mtsai., 1999). Azonban ez a módszer kevésbé biztonságos, mivel előfordulhat, hogy több egyed szőrszárait gyűjtjük össze és kezeljük egyben, valamint leírások és saját tapasztalatok szerint is a szőrből, nyálból, hullatéből kinyerhető DNS minősége is gyengébb, mint az izomszövetből kaphatóé (Ghatak és mtsai., 2013). Ezért egy olyan nagy létszámban vadászott faj, mint a vaddisznó esetében legcélszerűbb a mintát izomszövetből venni. A hulladék-elemzés szintén elterjedt, viszonylag jó genetikai módszer, azonban hátrányai közé tartozik, hogy egy egyedet többször is megmintázhatunk (ez a populáció struktúrája szempontjából torzítást okoz, illetve az azonos genotípusok kizárása esetén idő és pénz vesz kárba), valamint vaddisznónál dögevése miatt előfordulhat, hogy házi disznót, vagy akár vaddisznót fogyasztott (Faragó, 2007). Németországban egy vizsgálatban 515 gyűjtött hullatéből 244 esetben sikerült DNS-t izolálni, ami 149 egyedhez tartozott, volt olyan egyed, amit hatszor mintáztak meg (Ebert és mtsai., 2012).

4.5.2.2 DNS szekvenálás fajazonosításhoz

A DNS „vonalkód” módszer használata fajok közötti elkülönítésre alkalmas. A folyamat alapja, hogy szekvenálással olyan DNS szakaszt kell találni, amely az adott fajra jellemző, monomorf, azonban fajok között eltérő. Hátránya, hogy mivel egy lokuszt vizsgál, ezért a kereszteződések esetében nem alkalmazható. Ezen kívül az eredményt befolyásolja a referencia-adatbázis minősége is, ami miatt átlagosan 17%-os félrediaosztizálást találtak. Tovább bonyolítja a detektálást, hogy a vaddisznó és a házi sertés egy fajba tartozik, így esetünkben csupán arra használható, hogy valóban disznómintáról van-e szó (Valentini és mtsai., 2008).

4.5.2.3 Mitokondriális módszerek terjedés és leszármazás-vizsgálatokhoz

A mitokondriális DNS csak anyai ágon öröklődik, így az anyai leszármazási vonalak megállapításában nyújthatnak segítséget. Ezzel a módszerrel viszonylag könnyen és olcsón megállapíthatóak a nagy területekre jellemző haplocsoportok és haplotípusok (Alves és mtsai., 2010; Fang és Andersson, 2006; Kusza és mtsai., 2014). A vaddisznókat érintő hatásokkal kapcsolatos vizsgálatok közül egy, a balkáni régiót, mint jégkorszaki refúgiumot vizsgáló kutatásban 200 vaddisznó mitokondriális DNS-ét vetették össze 791 GenBankból letöltött D-loop szekvenciával. Az európai 94 haplotípusból a balkáni mintákban 68-at találtak meg a kelet-európai kládból és a kis-ázsiai kládból, melyek közül 62 csak a Balkánon fordul elő (Alexandri és mtsai., 2012). Egy másik, Közép-Európát is magába foglaló vizsgálatban 26 haplotípust találtak, köztük 14 korábban nem leírtat is, valamint arra az eredményre jutottak, hogy a vaddisznók utolsó expanziója 18-80 ezer évvel ezelőtt történt, tehát az utolsó jégkorszak hatással lehetett az elterjedési területeikre (Scandura és mtsai., 2008). Sokszor az ember is segíti a fajok, így a vaddisznó térnyerését akár országhatárokon keresztül is, a holocén kezdetekor (kb. 12 000 éve) már telepítették többek között Ciprusra (Vigne és mtsai., 2009). Ezeket az elmúlt század kivételével csak ritkán jegyezték fel, így a vizsgálatok néha egészen meglepő eredményeket hoznak. Több kutatás is kimutatta például Ázsiára jellemző vaddisznó, vagy házi sertés haplotípusok jelenlétét Európán belül, Luxemburgban például a vaddisznók majdnem harmadának mtDNS-e ázsiai haplotípusú (Frantz és mtsai., 2013), a Balkánon is több esetben találtak a helyi haplocsoportból kilógó egyedeket (Alexandri és mtsai., 2012; Velickovic és mtsai., 2014). Ázsiában, Irán északi részén is kimutattak olyan zónákat, ahol megtalálhatóak európai és ázsiai haplotípusok is, tehát a területen a két csoport keveredik (Khalilzadeh és mtsai., 2016).

4.5.2.4 Mikroszatellita módszerek populációgenetikai és egyedazonosítás-vizsgálatokhoz

A mikroszatellita markerek olyan DNS szakaszok, melyekben általában 5-40-szer ismétlődő 1-6 (más források szerint 1-4) bázis hosszúságú szakaszok találhatóak. Amennyiben ez a rész eléggé variábilis, úgy PCR amplifikáció segítségével lehetőség nyílik akár egyedszintű elkülönítésre is (Selkoe és Toonen, 2006; Bálint, 2010; Abdul-Muneer, 2014). További előnyei, hogy rövid, 100-400 (általában 100-300) bázispár hosszúságú DNS szakaszt amplifikálunk, tehát a régebbi, jobban fragmentált DNS-ből is nagyobb valószínűséggel sikerül információt kinyerni. Mivel a különböző primerek jól multiplexelhetők, ezért egyidejű használatukkal további költségeket lehet csökkenteni (Behl és mtsai., 2002; Senan és mtsai., 2014). A mikroszatelliták alkalmazásának hátrányait is figyelembe kell venni azok alkalmazásakor. Egy primerszett tervezéséhez megfelelő méretű referencia-adatbázis létrehozása szükséges, mely időigényes és költséges. Mivel a primer tapadási helyének minden esetben azonosnak kell lennie, ezért a fejlesztett primerek legtöbbször faj-, vagy fajtaspecifikusak, így szinte minden fajhoz (és néhány esetben fajtákhoz is) új primerszett tervezésére van szükség (Selkoe és Toonen, 2006; Arif és mtsai., 2011), melyet azután optimalizálni is szükséges (Senan és mtsai., 2014). Továbbá egy erős állománycsökkenés utáni palacknyak-hatás miatt rövid idő alatt is nagy különbségek jelentkezhetnek, amik nem feltétlen felelnek meg a valódi, biológiai szempontból is fontos genetikai távolságnak, illetve a homoplázia jelensége is torzíthat. Szerencsére ennek kiküszöbölésére rendelkezésünkre állnak olyan függvények, amelyek ezt a kérdést eldöntik, többek közt a várt és észlelt heterozigotitás kapcsolatának vizsgálatával, valamint több primer tesztelése és közös értékelése is megoldást jelenthet (Hedrick, 1999, Selkoe és Toonen, 2006; Hoshino és mtsai., 2012). Mindezek ellenére egy helyesen kifejlesztett és összerakott mikroszatellita markerszett ár-érték arányban az egyik legjobb választás, nem véletlen, hogy az elmúlt öt évben majdnem 5 000 szakcikk született, amiben ezt a módszert használják (Hoshino és mtsai., 2012). Ráadásul vaddisznó esetében a markerfejlesztést nagyban megkönnyíti, hogy 2012 óta több disznó referencia-genom is rendelkezésünkre áll (Groenen és mtsai., 2012; Groenen, 2016).

A populációk elkülönítéséhez már STR markerekre van szükség, mivel a mitokondriális DNS mutációs rátája meglehetősen alacsony (Bálint, 2010), ezzel szemben az STR-ek jóval magasabb polimorfizmust mutatnak, amivel a genetikai struktúrát pontosabban meg lehet állapítani. Ezt bizonyította egy ázsiai vaddisznókkal foglalkozó kutatás is, ahol a korábbi, mtDNS-re alapozott kutatások nem tudtak strukturáltságot kimutatni, azonban

STR markerekkel lokális és regionális szinten is sikerült különbségeket kimutatni (Randi, 1995; Choi és mtsai., 2014). A vaddisznók egyéni genotipizálása optimális esetben már 4 mikroszatellita marker és az ivarmeghatározó marker segítségével lehetséges, azonban a cikk szerzői kiemelték, hogy közeli rokonokat vizsgáltak, valamint a használt markerektől is függ az eredmény (Kolodziej és mtsai., 2011). A gyakorlatban általában 11-14 markert használnak a kutatás céljától, a vizsgált egyedektől és a megengedett hibahatártól függően, mivel ennyi markerrel már 97-100%-os biztonsággal tudják az egyedeket genotipizálni (Caratti és mtsai., 2011; Lin és mtsai., 2014). A szülő-utód kapcsolatot egy Magyarországot is érintő vizsgálatban 14 optimalizált mikroszatellit segítségével sikerült 100%-os biztonsággal megállapítani (Costa és mtsai., 2012). A mikroszatellita genetikai vizsgálatok felhasználhatóak ezen kívül vad-gépjármű ütközés bizonyítására, vadorzás esetén, illetve az élelmiszeriparban a hús nyomonkövetésére is (Caniglia és mtsai., 2010; Johnson és mtsai., 2014).

4.5.2.5 A hibridizáció megállapítására alkalmas módszerek

Mivel a házi sertést kb. 9 ezer éve domesztikálták a vaddisznóból, ezért még napjainkban is képesek hibridizálódni. A vaddisznó és házi sertés elkülönítése nem lehetséges a mitokondrium D-loop régiójának vizsgálatával, ezért más módszerekre van szükség. A mitokondriális DNS Avall enzimmel már képes a vaddisznót és a házi sertést elválasztani egymástól, akár fogyasztásra előkészített húsok esetében is (Sales és Kotrba, 2013). A vaddisznó-mangalica elválasztáshoz nagy könnyebbséget jelent, hogy a három mangalica fajta teljes genomja már meghatározásra került, ami alapján fajtaelkülönítő SNP-eket is találtak (Zsolnai és mtsai., 2013).

A balkáni vaddisznók genomjában akár több, mint 10% házi sertésre jellemző génekkel rendelkező egyedeket is kimutattak, de Európa-szerte egyaránt találhatóak hibridek. Magyarország 14 mintázott vaddisznójából ugyan egy sem volt hibrid, de a kis mintaszám megtévesztő lehet és a Kárpát-medence többi országából Romániában is találtak hibrideket, ami a tiszta vaddisznóállományokat fenyegető veszélyforrás (Giuffra és mtsai., 2000; Arif és mtsai., 2011, Iacolina és mtsai., 2018). Természetes körülmények között a hibrid egyedek aránya viszonylag alacsony, azonban kertekben magasabb arányban találhatóak hibrid egyedek, melyek az állomány genetikai struktúráját befolyásolhatják (Scandura és mtsai., 2011). A hibridizáltságot szintén többféle módszerrel vizsgálták, például a korábban már hivatkozott északnyugat-európai vaddisznókkal foglalkozó kutatásban házi disznók SNP-it keresték vaddisznókban.

Eredményeik szerint a vaddisznók közel 10%-ában megtalálható volt házi disznó SNP, ráadásul két házi disznó haplotípusból. Ebből arra következtettek, hogy a kereszteződés több időpontban, több fajtával is megtörtént (Giuffra és mtsai., 2000; Goedbloed és mtsai., 2012). Hasonló eredményre jutottak egy átfogó, 66 fajtára kiterjedő vizsgálatban is, ahol a mitokondriális DNS citokrom-b génjének hipervariábilis D-loop régiója segítségével vizsgálták a populációk expanzióját és a domesztikálást (Fand és Andersson, 2006). Ugyanezt a módszert egészítették ki a szőrmeszín-kódoló MC1R (melanocortin 1 receptor) gén vizsgálatával és 14 markert tartalmazó mikroszatellita-analízissel egy belga, luxemburgi és németországi vaddisznók hibridizáltságát kutató vizsgálatban. Eredményeik szerint a vaddisznók ötöde az ázsiai haplocsoportba tartozik, valamint nyolc esetben (1,2%) találtak erősen hibridgyanús egyedet, további 9 esetben (1,3%) pedig közepesen hibridgyanúst, valamint 25 vaddisznót nem sikerült egyértelműen a tiszta vaddisznók közé sorolni (Frantz és mtsai., 2013) Az MC1R gén azonban nem minden esetben ad megbízható eredményt. Az STR markerek eredményeivel összehasonlítva megállapították, hogy a vaddisznók 6%-ában is házi sertés specifikus MC1R allél található, így annak használata önmagában félrediagnosztizáláshoz vezethet (Rebala és mtsai., 2016). Egy másik, szintén hibridizáció megállapítására használt gén, az NR6A1 (nuclear receptor subfamily 6 group A member 1) allélváltozatait használták mind törvényszéki, mind élelmiszeripari felhasználásra. Előbbiben ismert hibrideken a korábban már tárgyalt MC1R génnel közösen alkalmazva érték el a legjobb eredményeket, 20/21 hibrid helyes besorolásával (Lorenzini és mtsai., 2020), míg utóbbiban kétféle módszer (single plex valósídejű PCR (RT-PCR) és duplex RT-PCR) közös alkalmazásával sikerült elérniük 91,5%-os helyes besorolást (Kaltenbrunner és mtsai., 2019). Velickovic és mtsai (2014) vojvodinai vizsgálatukban 11 tetranukleotid mikroszatellita marker segítségével mérték a hibridizáltságot, majd a kapott adatokat a Structure 2.3.3 program segítségével elemezték ki. Eredményeik szerint a 63 vaddisznóból mindössze kettő bizonyult hibridnek (véltetően F1), ezen kívül a program egyértelműen elválasztotta a vaddisznókat a házi sertésektől. Természetesen a markerszámok növelésével az eredmények pontossága is növekszik, bár nem egyenes arányossággal, így a felmerülő költségeket mindig szükséges a ráfordítás-haszon elve alapján is vizsgálni. Egy japán kutatásban 52 mikroszatellita lokuszra vizsgálták le a Fukushima környéki vaddisznóállomány 8 egyedét, ami a 2011-es atomreaktor-katasztrófa után az elszabadult házi sertésekkel hibridizálódott. Az egyedeket 10 házi sertéssel és 13 korábban elejtett vaddisznó mintával hasonlították össze. Az 52 markerből

végül 32-t használtak fel, mivel a többi 20 marker amplifikációja csak alacsony százalékban volt sikeres. Eredményeik alapján 68 közös allélt kaptak a csoportok között, melynek közel harmada (21) csak a fukushimai katasztrófa utáni időszakban volt kimutatható a vaddisznókban (Anderson és mtsai., 2020).



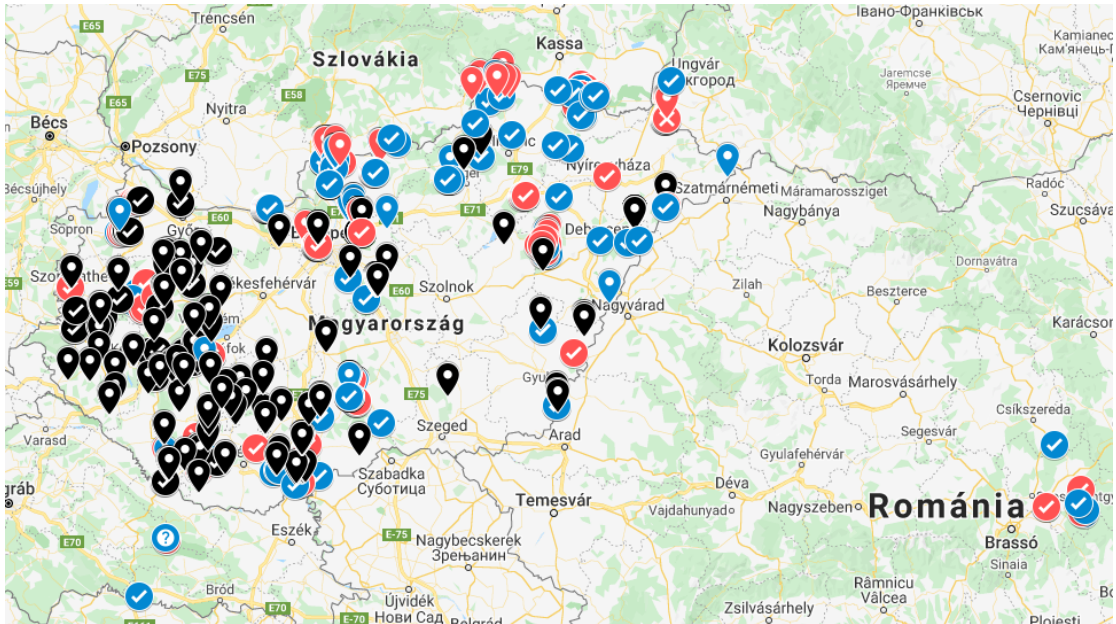
1. kép: F1-es vaddisznó x vietnami csüngőhasú disznó-hibrid (saját fotó)

5 ANYAG ÉS MÓDSZEREK

5.1 Mintavétel

5.1.1 Vaddisznó minták

Kutatásunkhoz Magyarország teljes területéről (n=470), valamint a környező országokból (Románia n=5, Horvátország n=4, Szlovákia n=4) gyűjtöttünk vaddisznó izomszövet- (n=423) és szőrmintákat (n=63). Mivel a vaddisznó hazánkban egész évben legálisan vadászható, ezért hivatásos- és sportvadászoktól kértünk elejtés után mintát, valamint más intézmények kutatóitól is érkezett szőr és izolált DNS. Ezen kívül vadfeldolgozó cégekhez (Öreglaki Vadfeldolgozó Kft., Villányi-Vad Kft., és Sárrét-Vad Kft.) látogattam el, ahol egyszerre nagy mennyiségben, az ország jelentős részét lefedő mintaszettet tudtam begyűjteni. A mintákat egyedi azonosítóval ellátott, 1ml ethanol tartalmú 2ml-es eppendorf csövekben (izomszövet), illetve nylon zacskókban (szőr) tároltam. Az azonosítóhoz rendeltük papíron az elejtés pontos globális helymeghatározó rendszer-béli (GPS) koordinátáit, vagy ennek hiányában az elejtés területén illetékes vadgazdálkodási egység (VGE) kódszámát, az adatsort pedig a lehető leghamarabb digitalizáltam egy Microsoft Excel fájlba, illetve Google térképen ábrázoltam (19. ábra). A begyűjtött 486 darab mintát feldolgozásig -20°C-on fagyasztva tároltuk.



19. ábra: A begyűjtött minták Google térképen ábrázolva (2017-es állapot)

Színmagyarázat: kék: hímek, rózsaszín: nőstények, fekete: nem meghatározott nemű egyedek

Jelmagyarázat: pipa: levizsgált egyedek, X: levizsgált és a mintavételezésből kivett egyedek, kérdőjel: levizsgált, de kérdéses minőségű egyedek, jelölő pont: vizsgálatra váró egyedek



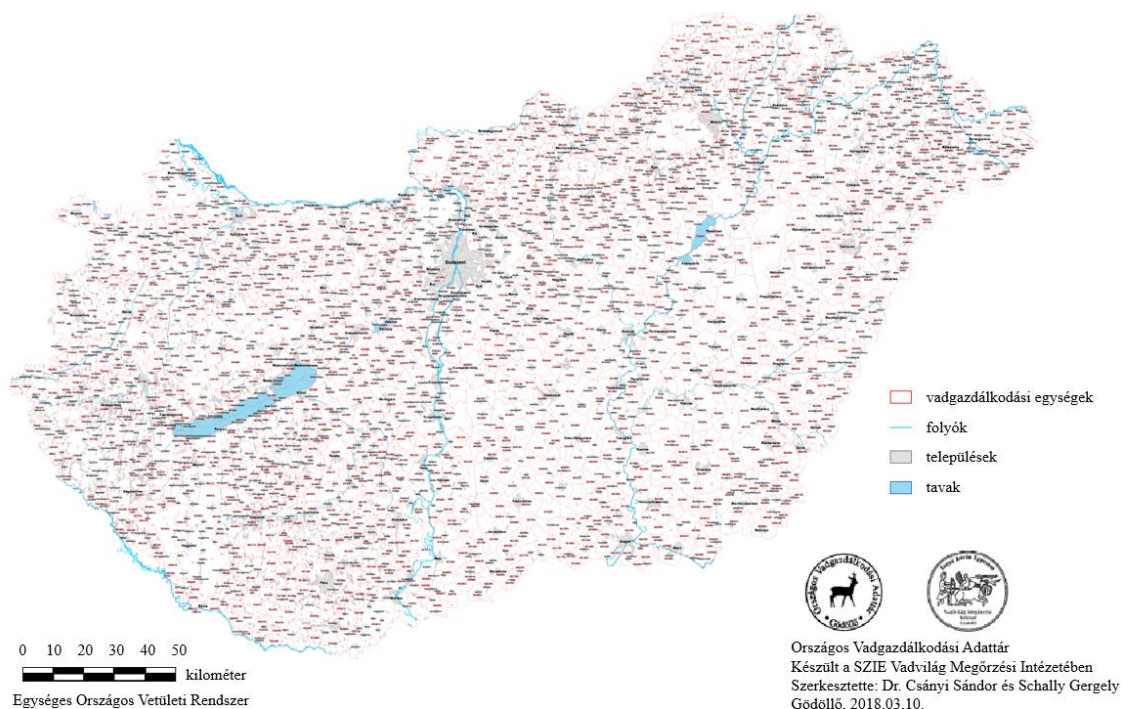
2. kép: Személyesen végzett elejtés és mintavételezés (saját fotó)

5.1.2 Házi sertés minták

A kutatáshoz felhasznált pietrain, hampshire, magyar nagy fehér, H39 x magyar nagy fehér, landrace, duroc, duroc x mangalica, szőke mangalica, fecskehasú mangalica, vörös mangalica (minden n=12) minták begyűjtése már a vizsgálataink elkezdése előtt, egy másik kutatáshoz megtörtént és így rendelkezésünkre álltak (Szemethy és mtsai, 2020). A házi sertések közül a több generáción át tenyésztési programba vont pedigrés egyedekből vettünk szőrmintát. A mintákat ezután a korábban leírt módon tároltuk és kezeltük.

5.2 A begyűjtött minták háttéradatainak felvétele

Az egyedek földrajzi elhelyezkedését egy Microsoft Excel munkalapra vezettük fel. Amennyiben rendelkezésünkre állt pontos GPS koordináta, úgy azt adtam meg, ez azonban a legtöbb egyednél nem volt elérhető számomra. Így a többi esetben az alább látható (20. ábra), az Országos Vadgazdálkodási Adattár (OVA) által szerkesztett, Magyarország 1445 vadgazdálkodási egységét és azok középpontjait tartalmazó térképet vettük alapul és a VGE-k középpontjainak koordinátáit írtam be az egyedek elejtési helyeként.



20. ábra: Magyarország vadgazdálkodási egységeinek térképe azok egyedi azonosítóival

5.3 Genomiális DNS izolálás

A feldolgozás első lépéseként a begyűjtött, különböző típusú mintákból genomiális DNS-t izoláltunk. Izomszövet-minta esetében a Geneaid Genomic Tissue Kitet (Geneaid, Taiwan), míg szőrtüsző esetén a QIAamp DNA Investigator Kitet (QIAGEN, Németország) használtuk, a hivatalos gyártói protokollban megadott lépéseket követve (13.1 és 13.2-es mellékletek).

Az izolált DNS mennyiségét és minőségét NanoDrop ND-1000 (Thermo Scientific, USA) spektrofotométeren ellenőriztük. A polimeráz láncreakció (PCR) vizsgálatokhoz szükséges DNS koncentrációját desztillált víz hozzáadásával egységesen 15 ng/μl-re hígítottuk és úgy tároltuk -20°C-on a későbbi laboratóriumi felhasználásig.

5.4 A vizsgált régiók amplifikálása

5.4.1 Az STR régiók amplifikálása populációgenetikai vizsgálatokhoz

A populációgenetikai vizsgálatok alapját képező STR markerszett a Lin és mtsai. (2014) által fejlesztett, 13 darab, fluoreszcens jelöléssel ellátott tetranukleotid markerszett volt, melyet a MATE (Magyar Agrár-és Élettudományi Egyetem) GBI (Genetika és Biotechnológiai Intézet) Alkalmazott Vad-és Haszonállat Genomikai Csoportjának munkatársaival a helyi viszonyokra optimalizáltunk.

A multiplex markerszettet 20 μl-es mennyiségre optimalizáltuk, a szükséges DNS mennyiség 45 ng, amihez a homogenizált mintákból 3 μl-t adtunk. Az összemérés során a QIAGEN Multiplex PCR Mixből 10 μl-t, az egyes primer mixekből 0,28-0,65 μl mennyiséget adtunk hozzá, majd az egészet 20 μl-re végtérfogatra egészítettük ki 1,23 μl desztillált vízzel (7. táblázat).

A populációgenetikai STR multiplex reakció összemérő protokollja

Reagens	Szekvencia	Fluoreszcens jelölés	Koncentráció	Mennyiség (µl)
DNS templát			15 ng/µl	3
PigSTR 1A_F	CCTGCCTCTGAACTGGAAAG	6-FAM	10 µM/µl	0,14
PigSTR 1A_R	GGACTGGAGGAGGAGGGTAT	-		0,14
PigSTR 1B_F	AGCCATACATCCGTTTGTCC	PET	10 µM/µl	0,225
PigSTR 1B_R	GGTCTCACCGACTCTTAGTGC	-		0,225
PigSTR 4B_F	TGGCTCCCTTTCCTTAGGTT	6-FAM	10 µM/µl	0,225
PigSTR 4B_R	AAATGTCCCAACTGTGTCTGTCTG	-		0,225
PigSTR 4C_F	GCCTCATGTAGCCTTATAAAATCC	VIC	10 µM/µl	0,21
PigSTR 4C_R	GATCTAGCACACTCGGGTCTT	-		0,21
PigSTR 5C_F	GGTGGTTGGAGAGACCAGAA	6-FAM	10 µM/µl	0,145
PigSTR 5C_R	GAGCAGTGCCAGGAAGGTAG	-		0,145
PigSTR 7B_F	GCTGTTCCCTGAGACCCTGAG	PET	10 µM/µl	0,225
PigSTR 7B_R	AAATCTGTGTTTCCATCCATCCA	-		0,225
PigSTR 11A_F	CACGTGATCCTTTGCAACAT	PET	10 µM/µl	0,24
PigSTR 11A_R	GCAGGTGCATGCCTAAAAAG	-		0,24
PigSTR 11B_F	TCCATTAGCATCATCCTCTCA	6-FAM	10 µM/µl	0,325
PigSTR 11B_R	AAATCCACATTGGTTATCTAGATGGAG	-		0,325
PigSTR 13E_F	GATCAAATCCGCAACCTCAT	VIC	10 µM/µl	0,225
PigSTR 13E_R	TCAACACAACATGGAGAAATCC	-		0,225
PigSTR 14A_F	TGTTGCTGCTATGGGAATTG	-	10 µM/µl	0,165
PigSTR 14A_R	AAACCCTGCTTCTTTGGAGACAG	NED		0,165
PigSTR 14B_F	ACAGCACAATCGATCTTCCA	NED	10 µM/µl	0,2
PigSTR 14B_R	GGGACAATAAAGAGGCACCA	-		0,2
PigSTR 15A_F	TGGTGTGGTTTGATCCTCA	VIC	10 µM/µl	0,225
PigSTR 15A_R	AAATCGGATTCTTTTCCCACCTA	-		0,225
PigSTR 17A_F	AAATCCCCTGTGATGTGTGC	VIC	10 µM/µl	0,155

PigSTR 17A_R	AGTAGTTTGTGAAAAGAGGCAGGA	-		0,155
PigSTR AM_F	GCAGGATCGGTCTGTTTTTC	-	10 µM/µl	0,155
PigSTR AM_R	ATGCAAGCCCTCCGAGAA	PET		0,155
QIAGEN Multiplex Mix			2x	10
DD H2O				1,23
Összesen				20

Az előbbieken részletezett módon összemért mixet ezután egy LifeECO (Hangzhou Bioer Technology, Hangzhou, Kína) típusú PCR készülékbe helyeztük a DNS amplifikálása céljából. A protokollhoz tartozó egyes szakaszok pontos futtatási beállításait (kezdeti denaturáció; denaturáció, feltapadás, meghosszabbítás; végső meghosszabbítás szakasz) az alábbi táblázat tartalmazza (8. táblázat):

8. táblázat:

A PCR készülék beállítása az STR multiplex reakcióhoz

PCR program	Hőmérséklet	Idő (mp)	Ismétlésszám
Populációgenetika	95 °C	15:00	1 ×
	94 °C	0:30	
	61 °C	0:30	35 ×
	72 °C	1:00	
	72 °C	1:30:00	1 ×

5.4.2 Az InDel régiók amplifikálása hibridizációs vizsgálatokhoz

A hibridizációs vizsgálatokhoz egy, a MATE GBK Alkalmazott Vad-és Haszonállat Genomikai Csoport által fejlesztett (Szemethy és mtsai., 2020), 3 markert tartalmazó InDel markerszettet használtunk, így optimalizálásra nem volt szükség.

A multiplex markerszett összemérése 25 µl-ben történt, DNS-ből pedig 45 ng-ra volt szükség. Az egységnyi PCR-hez QIAGEN Multiplex PCR Mixből 12,5 µl-t, a reagens mixekből pedig 0,7-2,05 µl-t mértünk be, majd 5,35 µl desztillált vízzel egészítettük ki (9. táblázat).

9. táblázat:

A hibridizációs InDel multiplex reakció összemérő protokollja

Reagens	Szekvencia	Fluoreszcens jelölés	Koncentráció	Mennyiség (µl)
DNS templát			15 ng/µl	3
W1_F	TGGCTCTGCATGAATATGCT	ATTO550	10 µM/µl	0,35
W1_R	GGGAGCTGTGAAACAAAGGA	-		0,35
W2_F	CTGGCAAGCACAGAGTCAAA	ATTO565	10 µM/µl	0,6
W2_R	TCCAGACAAAGGAGGCTTTCT	-		0,4
W2_in_R	AGGTAGACACTGACAGGGAT	-		0,4
W3_F	TCTAGCATCACTGGCGCATA	-	10 µM/µl	0,65
W3_R	AATCCTTATGCTCAGAACACCT	HEX		0,75
W3_in_F	ACTTTTGTGTGATTTCGGGTAC	-		0,65
QIAGEN Multiplex mix			2x	12,5
DD H ₂ O				5,35
Összesen				25

Az előbbieken részletezett módon összemért mixet ezután egy LifeECO (Hangzhou Bioer Technology, Hangzhou, Kína) típusú PCR készülékbe helyeztük a DNS amplifikálása céljából. A protokollhoz tartozó egyes szakaszok pontos futtatási beállításait (kezdeti denaturáció; denaturáció, feltapadás, meghosszabbítás; végső meghosszabbítás szakasz) az alábbi táblázat tartalmazza (10. táblázat):

10. táblázat:

A PCR készülék beállítása az InDel reakcióhoz

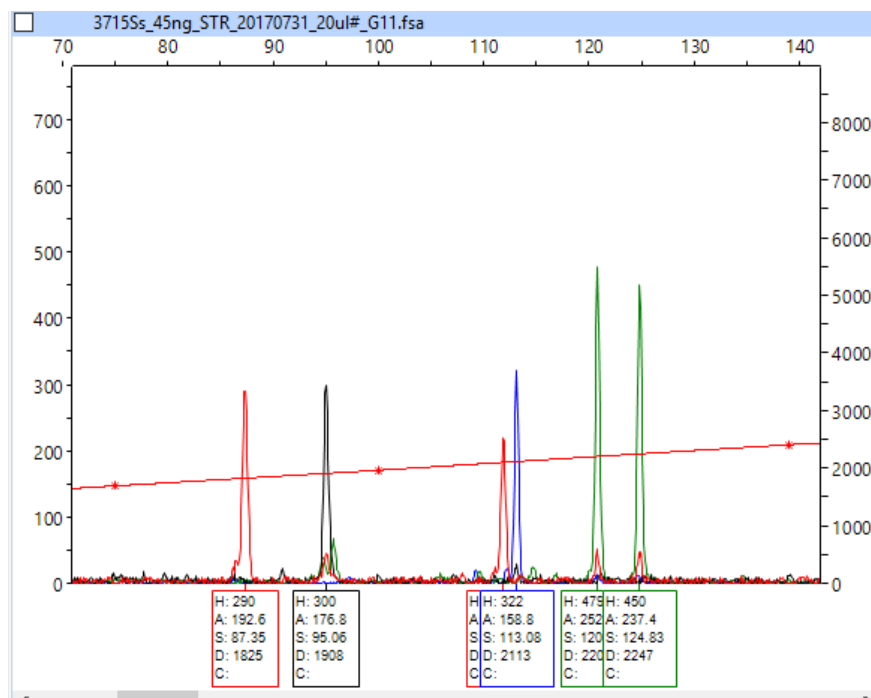
PCR program	Hőmérséklet	Idő (mp)	Ismétlésszám
Hibridizáció	95 °C	15:00	1 ×
	94 °C	0:40	
	60 °C	0:40	40 ×
	72 °C	0:30	
	72 °C	5:00	1 ×

5.5 Minták genotipizálása

Az amplifikációk után a képződő termékeket 1,5%-os agaróz gélelektroforézis segítségével ellenőriztük 100A áramerősséggel, 30 percig. Az eredmény alapján a mintákat 10-100-szoros hígításban készítettük elő a fragment-analízishez. A termékekből 2 µl-t 10 µl HIDI formamiddal (Thermo Fisher Scientific, Massachusetts, USA) és 0,3 µl LIZ500 Size Standarddal (Thermo Fisher Scientific, Massachusetts, USA) kevertünk össze. A genotipizálást a BIOMI Kft. laboratóriuma ABI 3100 (Applied Biosystems, Massachusetts, USA) genetikai analizátoron végezte el.

5.6 Statisztikai értékelés

A BIOMI Kft.-től kapott nyersadatokat elemzéséhez PeakScanner v1.0 (Applied Biosystems, Foster City, CA, USA) programot használtunk (21. ábra). Az eredmények Microsoft Excel táblázatban kerültek felvezetésre.



21. ábra: Egy egyed STR fragment eredményeinek részlete PeakScanner programban

5.6.1 A kárpát-medencei vaddisznó állományok populációgenetikai profiljának meghatározása

A teljes mintaszett genetikai vizsgálatához GenAlEx v.6.5. szoftvert (Peakall és Smouse, 2012) használtunk. A program segítségével megállapítottuk a markerenkénti allélszámok,

effektív allélszámok, a várt és kapott heterozigotizációs értékek és a Hardy-Weinberg egyensúlytól való eltérés mértékét.

5.6.2 A populációk/alpopulációk méretének és elhelyezkedésének megállapítása, az azokat elkülönítő tényezők feltárása, valamint a köztük levő genetikai differenciálódás mértékének vizsgálata

Az egyedek csoportosítását és a köztük levő genetikai különbség mértékének kiszámítását (F_{st}) a Geneland v.3.4.2. (Guillot és mtsai., 2012) program segítségével végeztük el. Input fájlokként az egyedek genetikai profilját és a minták koordinátáit tápláltuk be. A futtatás paramétereit irodalmi adatok alapján a következőkre állítottuk:

- lehetséges populációk száma: 1-10
- ismétlések száma: 100 000
- ritkítás: 100
- allélfrekvencia modell: nem korrelált
- térbeli modell: igaz
- null allél modell: hamis
- többszörös egyedi futás: nem

Az alpopulációk genetikailag egymáshoz viszonyított helyzetét főkomponens analízis módszerrel a Past v.2 program használatával vizualizáltuk. A módszer lényegében a sokváltozós kölcsönhatások változóinak számát csökkenti le, egymással nem korreláló változókra úgy, hogy a változatosságot minél jobban megtartsa és így egy egyszerűbben kezelhető, mégis hiteles adatsort eredményezzen (Hammer és mtsai., 2001). A kapott eredmények vizuális megjelenítését a Google által biztosított térképre helyeztük az ArcGis nevű program segítségével. A kész térképet elemezve először szabad szemmel próbáltuk a lehetséges elválasztó tényezőket (barriereket) megtalálni, majd a Barrier v.2.2. (Manni és mtsai., 2004) programot használva. Végül a csoportokat külön-külön is levizsgáltuk a GenAIEx v.6.5. szoftverrel, az előző alfejezetben már említett módon.

5.6.3 Az egyedazonosításra is alkalmas markerszett tesztelése

Az általunk használt STR markerszett az irodalmi adatok szerint alkalmas egyedszintű azonosításra is. Érdekességképpen ezt az állítást is leteszteltük az általunk vizsgált mintaszetben. A vizsgálatot a Colony v2.0.6.6-os programban (Jones és Wang, 2010) végeztük el. Az eredmények vizualizálása a következőképp zajlott: az egyes egyedek genetikai profiljait egymás alá írtuk úgy, hogy minden oszlopba csak egyetlen számjegy

kerüljön, a teljes táblázatot a számjegyek alapján növekvő sorba rendeztük, majd a jobb átláthatóság érdekében minden számjegyet különböző színű háttérrel láttunk el. Az általunk talált allélszámok alapján a markerszett az alábbi képlettel (22. ábra) kiszámítható számú egyedet tud elkülöníteni.

$$\left(n_1 + \frac{(n_1 - 1) \times n_1}{2}\right) \times \left(n_2 + \frac{(n_2 - 1) \times n_2}{2}\right) \times \dots \times \left(n_N + \frac{(n_N - 1) \times n_N}{2}\right)$$

22. ábra: az azonosítható egyedi genetikai profil kiszámításához használt képlet (Fegyverneki, 2011)

Jelmagyarázat: n=az adott markeren talált allélszám, N=a használt markerek száma

5.6.4 A kárpát-medencei vaddisznó állományok populációdinamikai vizsgálatai

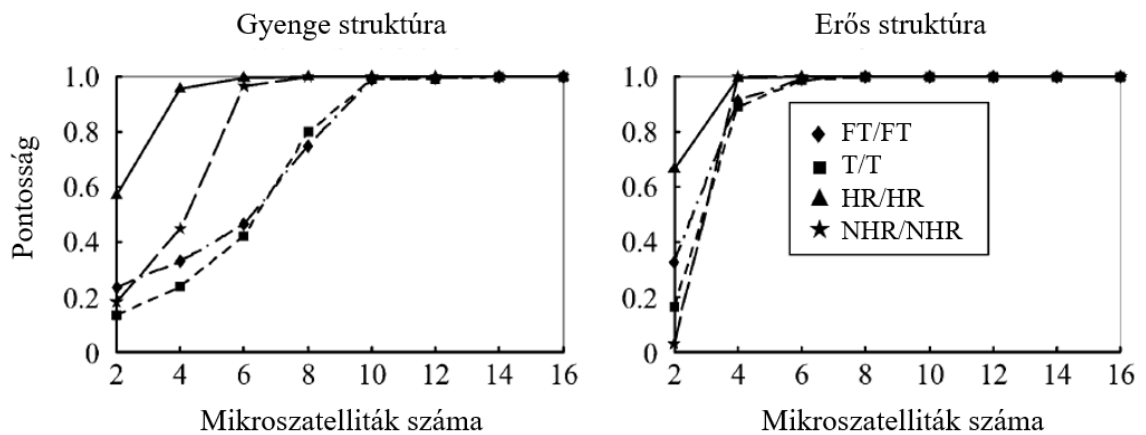
5.6.4.1 Az állomány korábbi genetikai beszűkülésére utaló palacknyak-hatás vizsgálata

A palacknyak-hatás vizsgálatához Bottleneck v.1.2.02. programot használtunk (Cornuet és Luikart, 1996), amivel a 13 mikroszatellita marker eredményeit futtattuk le 486 vaddisznó mintán. A szoftver beállításai a következők voltak:

- Mutációs modell:
 - o Végtelen allél modell (Infinite allele model, IAM): nincs
 - o Lépésenkénti mutációs modell (Stepwise mutation model, SMM): van
 - o Kétlépéses mutációs modell (Two-phase mutation model, TPM): van
- a TPM varianciája: 30%
- az SMM aránya a TPM-ben: 70%
- ismétlések száma: 1000
- Statisztikai tesztek:
 - o sign teszt: igen
 - o standardizált különbség teszt: igen
 - o Wilcoxon-féle rangösszegteszt: igen
- módváltás (Mode-shift): igen

5.6.4.2 A levizsgált vaddisznó mintaszett rokonsági analízise

A rokonsági kapcsolatok vizsgálatát Colony v2.0.6.6-os programmal (Jones és Wang, 2010) végeztük el. A szoftver programozóinak vizsgálata szerint a családi kötelék erőssége és a rokonság foka függvényében már 4-10 mikroszatellita marker esetében is 90% fölötti pontossággal képes megállapítani az egyedek közötti kapcsolatokat, így vizsgálatainkhoz a program megbízhatóan használható. A szükséges markerszámokat az 23. ábra tartalmazza (Wang és Santure, 2009).



23. ábra: A pontos rokonsági fok megállapításához szükséges mikroszatellita markerek száma (Wang és Santure, 2009)

Jelmagyarázat: FT/FT: féltestvéri kapcsolat, T/T: testvéri kapcsolat, HR/HR: hozzárendelt szülők, NHR/NHR: nem hozzárendelt szülők

A szoftver futási paraméterei a következők voltak:

- Analízis típusa: empirikus analízis
- Szaporodási rendszer:
 - o hím poligámia: van
 - o nőstény poligámia: van
 - o beltenyésztettség: van
 - o klónok: nincsenek
- Faj:
 - o ivariság: kétivarú
 - o ploidia: diploid
- Futás hossza: hosszú

- Analízis típusa: teljes valószínűség (full-likelihood)
- Valószínűségi precizitás: magas
- Futás specifikációi:
 - Allélfrekvencia frissítése: igen
 - testvériség skálázása: igen
 - futások száma: 1
 - random number seed: 1234
- Testvériség előzetes felosztása:
 - gyenge felosztás
 - apai testvériség mérete: 1
 - anyai testvériség mérete: 1
- Markerek jellemzői:
 - marker típusa: kodomináns
 - allél lemorzsolódási arány: 0
 - hibahatár: 0,0001
 - allélfrekvencia: ismeretlen
- Szülők jellemzői:
 - apa valószínűsége a mintaszettben: 0,5
 - anya valószínűsége a mintaszettben: 0,5
 - ismert apai utódok száma: 0
 - ismert anyai utódok száma: 0
 - kizárt apaság: 0
 - kizárt anyaság: 0
 - kizárt apai testvériség: 0
 - kizárt anyai testvériség: 0

Az eredmények értékelésénél csak a 90%-os valószínűség fölötti rokoni kapcsolatokat fogadtuk el irodalmi adatok és a visszaellenőrzés alapján. Utolsó lépésben az egyedpárok egymástól való földrajzi távolságát Google Térkép alkalmazásban mértük le. Mivel a legtöbb egyed pontos elejtési helye csak vadgazdálkodási egység szinten ismert, ezért a távolságot 10 km-es pontosságra kerekítettük.

5.6.5 Vaddisznó hústermék-nyomonkövetésre kifejlesztett markerszett tesztelése természetes állományokon, hibridizációs vizsgálatok

5.6.5.1 A kifejlesztett markerszett pontosságának vizsgálata bioinformatikai úton

Az eredetileg hústermék-nyomonkövetésre kifejlesztett markerszeten egy kettős célú elővizsgálatot végeztünk el: bioinformatikai úton megállapítottuk a pontosságát, valamint azt összevetettük más, a hibridizáció megállapítására legtöbbit használt markerek (MC1R és NR6A1) pontosságával. Utóbbiak a szőrzet színét meghatározó gének SNP polimorfizmusain alapulnak, többek közt Lorenzini és munkatársai (2020) is ezt a módszert alkalmazták vizsgálatukban. Az összehasonlítást a következőképp végeztük el: az NCBI (National Center for Biotechnology Information, Nemzeti Biotechnológiai Információs Központ) adatbázisából letöltött (a BioSample azonosítókat a 32. ábra tartalmazza) 11 házi sertés és 12 (holland) vaddisznó teljes genomra (SSC11.1) illesztettük IGV 2.3.97 (Robinson és mtsai., 2011) program segítségével a használt primereket, majd leellenőriztük, hogy az adott primer az egyednek megfelelő allélvariációt adja-e (vaddisznók esetében világoskék, házi sertéseknél szürke). Amennyiben a fajtának megfelelő színnel ellátott allélt jelezte a program, úgy 100%-os eredményt jegyeztünk fel, heterozigóta jelzés (sötétkék) esetében 50%-ot, a genomtól eltérő eredmény esetében pedig 0%-ot. Végül a 23 genom által adott eredményeket átlagoltuk, így megkaptuk a markerek pontosságát.

5.6.5.2 A hazai vaddisznóállomány hibridizáltsági fokának vizsgálata

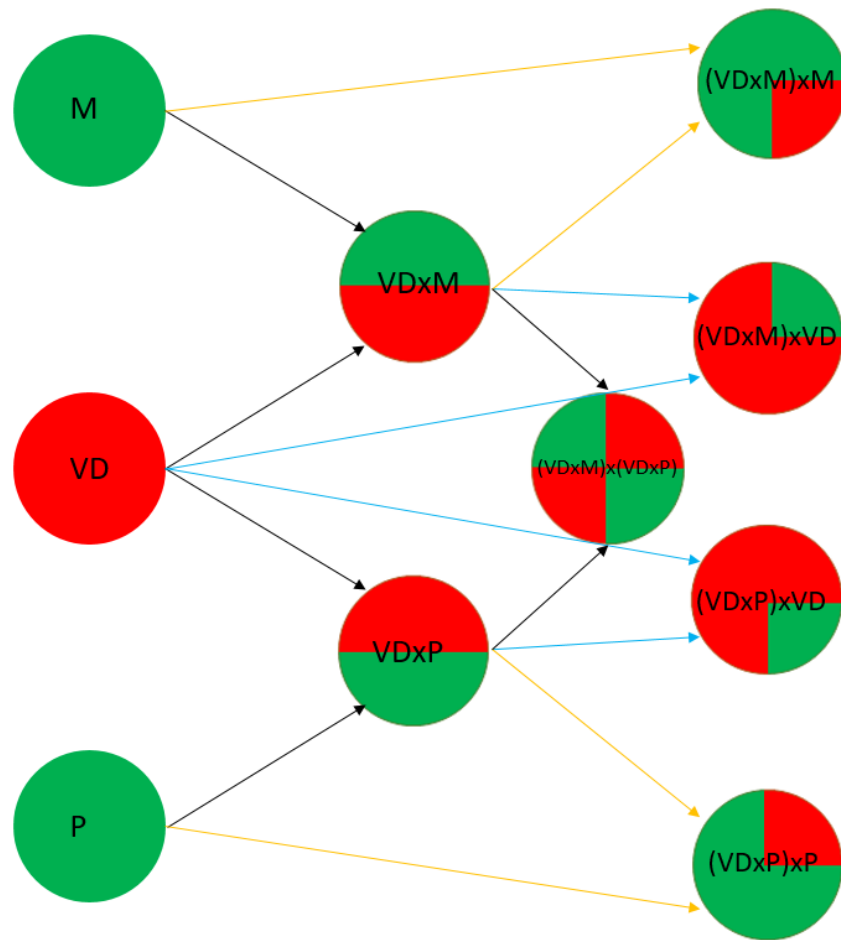
Az egyedek hibridizáltsági fokának kimutatásához a Structure 2.3.3 (Pritchard és mtsai., 2000) programot használtuk. A vizsgálatot elvégeztük csak a 3 InDel marker eredményeivel, valamint kiegészítve a 13 STR marker eredményeivel is. Az InDel markerszett szükségességét az adja, hogy önmagában az egyedazonosításra kifejlesztett STR markerszett nem képes a mangalicákat megbízhatóan elkülöníteni a vaddisznóktól. Mivel a mangalica fajta létrehozásakor vaddisznó egyedeket is használtak, így a két csoport a markerszett eredményei alapján genetikailag közelebb áll egymáshoz, mint a mangalicák a többi vizsgált fajtához (Szemethy és mtsai., 2020).

A szofvert a következő beállításokkal használtuk:

- A csoportok számát (K) mindkét esetben kettőre állítottuk, mivel ebben az esetben csak a vaddisznók és házi sertések elkülönítése volt a cél.
- Paraméterek:

- Égetési periódus hossza: 750 000
 - Markov Chain Monte Carlo (MCMC) ismétlések száma égetés után: 250 000
- Ismétlések száma: 5

Irodalmi adatok alapján azokat az egyedeket vettük hibridnek, amikben mindkét csoporthoz való tartozás valószínűsége elérte legalább a 25%-ot, ez alatt vagy tiszta vaddisznó, vagy tiszta házi sertésként soroltam be az adott egyedeket. A markerek hatékonyságát szimulált F1-F2-es vaddisznó-házi sertés hibridekkel is teszteltük, majd az eredményeket statisztikai módszerekkel vetettük össze. A mesterséges hibridek létrehozásához a Hybridlab v1.0-ás szoftvert használtuk (Nielsen és mtsai., 2006), ami meglévő egyedek genetikai profiljából képes szimulálni hibrid genotípusokat. Ehhez már korábban levizsgált, minél tisztább genotípusú vaddisznókat (n=12) használtunk fel, a szimulációban külön 12 pietrainnel, illetve a három mangalicafajta 4-4 egyedével hoztunk létre F1-es hibrideket. Következő lépésben az F1-es hibrideket kereszteztük vissza vaddisznókkal, valamint a másik fajta szülőegyedeivel, így létrehozva 75%-ban, illetve 25%-ban vaddisznó utódokat. Végezetül a két F1-es csoport egyedeire is lefuttattunk egy keresztezést. Az alkalmazott lépéseket és a kapott genotípusokat a 24. ábra szemlélteti:



24. ábra: A genotípusok szimulációja Hybridlab V1.0 programban

Jelmagyarázat: VD: vaddisznó, M: mangalica, P: pietrain, x: keresztezés jele, nyilak: szülő-utód kapcsolat, piros szín: vaddisznó gének, zöld szín: házi sertés gének

6 EREDMÉNYEK

6.1 A kárpát-medencei vaddisznó állományok populációgenetikai profiljának alapkutatása

6.1.1 Genetikai diverzitás mutatók

A vizsgálatok első lépéseként a populációgenetikai vizsgálatok általános felosztását követve az egyedek és a mintaszett alapvető genetikai jellemzőit állapítottuk meg. Ez az adatsor már önmagában is jelentős információtartalommal rendelkezik az egyedek diverzitásáról és az azokat fenyegető esetleges veszélyekről, például adaptációs nehézségek, vagy allélvesztés lehetősége. A populációt jellemző értékeket GenAlEx program segítségével állapítottuk meg (11. táblázat).

A vizsgálatba vont vaddisznó minták genetikai jellemzői markerenként

Jelmagyarázat: ÉH: észlelt heterozigotizás, VH: várt heterozigotizás: HWE: a Hardy-Weinberg egyensúlytól való eltérés szignifikancia-szintje (ns: nem szignifikáns; *: $p < 0,05$; **: $p < 0,01$; ***: $p < 0,001$)

Lokusz	Egyedszám	Allélszám	Effektív allélszám	ÉH	VH	HWE
PigSTR14B	482	7	1,162	0,145	0,140	*
PigSTR7B	485	8	3,179	0,367	0,685	***
PigSTR4B	462	5	1,929	0,459	0,482	ns
PigSTR4C	485	6	1,891	0,404	0,471	***
PigSTR17A	485	6	1,450	0,353	0,311	ns
PigSTR11A	485	5	1,766	0,427	0,434	ns
PigSTR14A	477	4	1,640	0,375	0,390	ns
PigSTR11B	415	14	2,640	0,342	0,621	***
PigSTR1B	386	9	1,192	0,036	0,161	***
PigSTR15A	479	14	5,095	0,758	0,804	***
PigSTR5C	484	8	2,871	0,610	0,652	***
PigSTR13E	409	8	3,689	0,465	0,729	***
PigSTR1A	485	5	1,284	0,206	0,221	***

A markerenkénti allélszám 4 (PigSTR14A) és 14 (PigSTR11B és PigSTR15A) között változott, 7,62-es átlagos értékkel. Egy korábbi, Costa és mtsai (2012) által közölt cikk eredményei szerint 14, az általunk használtaktól eltérő markerekkel 3 és 14 közötti allélszámot találtak, 6,21-es átlaggal. Vernesi és mtsai (2003) pedig egy harmadik, 9 markert tartalmazó szettet használva 6-12 közötti allélt találtak, 8,8-as átlagos allélszámmal. Más európai országokban végzett vizsgálatokkal összehasonlítva a magyarországi állomány genetikai változatossága a középső tartományba esik, amint azt

a 12. táblázat eredményei is mutatják. A heterozigotitási értékek közötti eltérésekkel hasonló eredményt adott egy korábbi kutatás, melyben az utódok és lehetséges szülő egyedek genetikai változatosságát vizsgálták valós és szimulált csoportokon. Ebben a vizsgálatban az alacsonyabb észlelt heterozigotitási mutatókat az állatok azon viselkedésével magyarázták, miszerint a túl távoli fajtársakat elkerülik azok túlságosan különböző, így esetleg más körülményekhez adaptálódott génekészlete miatt (Pérez-González és mtsai, 2017).

12. táblázat:

Az általunk vizsgált vaddisznóállomány genetikai alapadatai összehasonlítva korábbi vizsgálatok eredményeivel, átlagos allélszám szerinti növekvő sorrendbe rakva

Mintavétel helye	Egyedszám	Markerszám	Kapott allélszám	Átlagos allélszám	Referencia
Kelet-Ázsia	238	16	-	3,4-9,6	Choi és mtsai., 2014
Németország	1186	14	6-17	4,4	Reiner és mtsai., 2021
Lengyelország	100	11	4-6	4,91	Tajchman és mtsai., 2018
Litvánia	96	15	2-13	5,02	Griciuvienė és mtsai., 2021
Magyarország	49	14	3-14	6,21	Costa et al., 2012
Németország	63	10	3-17	7,5	Nikolov és mtsai., 2009
Magyarország	486	13	4-14	7,62	Mihalik és mtsai., 2020
Belgium	325	14	5-25	8,8	Frantz et al., 2012
Magyarország	29	9	6-12	8,8	Vernesi és mtsai., 2003

Horvátország	264	14	4-19	8,92	Sprem és mtsai., 2016
Portugália	110	6	3-15	10,17	Ferreira és mtsai., 2009
Bulgária	289	10	5-31	12	Nikolov és mtsai., 2009
Európa	723	11	9-29	19	Velickovic és mtsai., 2016

Ezek alapján megállapíthatjuk, hogy a markerszett jó hatékonysággal alkalmazható a hazai vaddisznóállomány genetikai vizsgálatára. Az is látható, hogy a magyarországi vaddisznóállomány diverzitása a többi európai állományhoz képest közepesnek mondható, ennek oka azonban lehet az egymástól eltérő markerszettek használata is. A többi citált cikk közül is mindössze kettőben használják ugyanazt a szettet (Frantz al., 2012 és Sprem al., 2016), négy kutatócsoport pedig szinte teljesen egyedi markerszetteket használt (Vernesi és mtsai., 2003 Ferreira és mtsai., 2009, Velickovic és mtsai., 2016, Tajchman és mtsai., 2018) (13. táblázat).

**A különböző kutatásokban használt markerszettek egymással való százalékos
átfedései (oszlop/sor)**

	Costa (14)	Nikolov (10)	Mihalik (13)	Frantz (14)	Vernesi (9)	Sprem (14)	Ferreira (6)	Velickovic (11)	Tajchman (11)	Reiner (14)	Griciuviéné (15)
Costa (14)		30,00	0,00	57,14	0,00	57,14	0,00	0,00	0,00	57,14	33,33
Nikolov (10)	21,43		0,00	28,57	0,00	28,57	0,00	0,00	0,00	21,43	13,33
Mihalik (13)	0,00	0,00		0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Frantz (14)	57,14	40,00	0,00		0,00	100,00	0,00	0,00	0,00	42,86	20,00
Vernesi (9)	0,00	0,00	0,00	0,00		0,00	0,00	0,00	72,73	0,00	0,00
Sprem (14)	57,14	40,00	0,00	100,00	0,00		0,00	0,00	0,00	42,86	26,67
Ferreira (6)	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00		0,00	27,27	0,00	0,00
Velickovic (11)	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00		0,00	0,00	0,00
Tajchman (11)	0,00	0,00	0,00	0,00	88,89	0,00	50,00	0,00		0,00	0,00
Reiner (14)	57,14	30,00	0,00	42,86	0,00	42,86	0,00	0,00	0,00		33,33
Griciuviéné (15)	35,71	20,00	0,00	21,43	0,00	28,57	0,00	0,00	0,00	35,71	

A várt heterozigotizációs érték a PigSTR4B és a PigSTR17A marker kivételével minden esetben magasabb volt az észlelnél, ami beltenyészettséget jelez. 9 marker esetében kaptunk szignifikáns eltérést a Hardy-Weinberg egyensúlytól, a szignifikancia szintje 1 esetben (PigSTR14B) $p < 0,05$ és 8 esetben (PigSTR7B, PigSTR4C, PigSTR11B, PigSTR1B, PigSTR15A, PigSTR5C, PigSTR13E, PigSTR1A) $p < 0,001$ (11. táblázat). Ezek az eredmények egybevágóak a korábbi európai vizsgálatok eredményeivel, azonban a magyar kutatásokétól eltérnek. Bulgáriában és Németországban 9, illetve 8 marker esetében volt az észlelt érték szignifikánsan alacsonyabb a vártnál (Nikolov és mtsai., 2009). Ezzel ellentétben Magyarországon a korábban vizsgált esetekben 9 markerből mindössze egy tér el szignifikánsan a Hardy-Weinberg egyensúlytól, egy másik

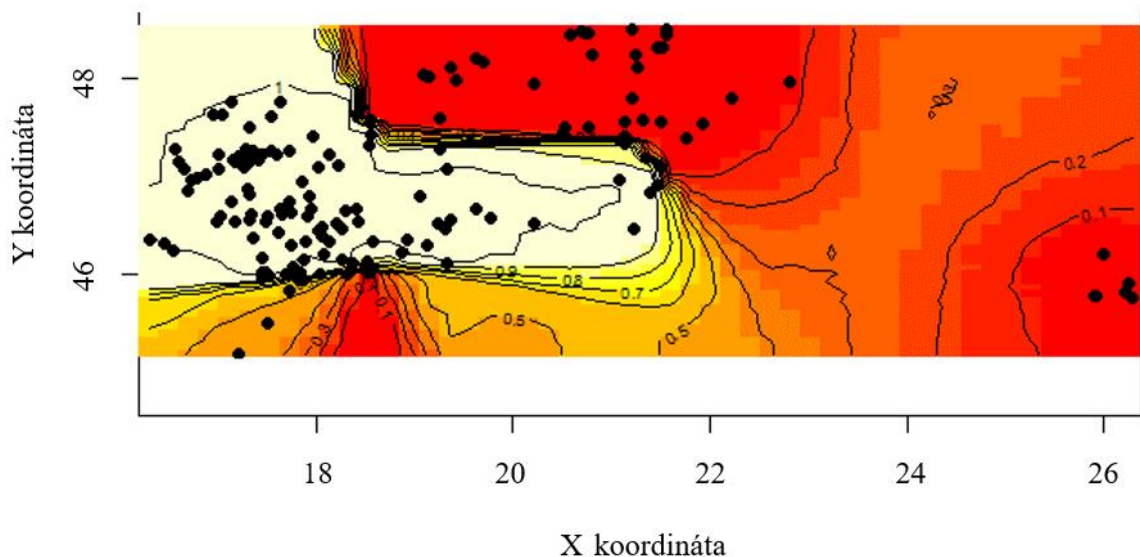
kutatásban pedig a 14 markerből 8 esetben az észlelt heterozigotitási érték meghaladta a vártat (Vernesi és mtsai., 2003; Costa és mtsai., 2012).

6.2 A populációk/alpopulációk méretének és elhelyezkedésének megállapítása, az azokat elkülönítő tényezők feltárása, valamint a közöttük levő genetikai elkülönülés mértékének vizsgálata

6.2.1 Térbeli és genetikai szerkezet vizsgálat

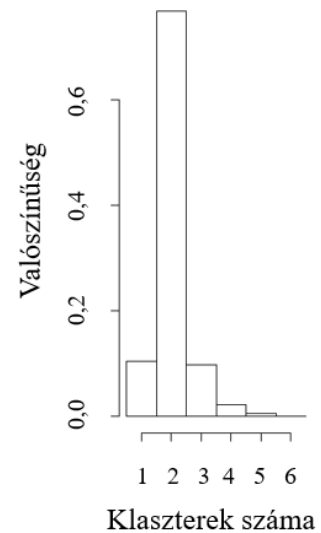
6.2.1.1 Klaszteranalízis

Az állomány genetikai mutatóinak kiszámítása után a csoportba rendezésüket végeztük el a Geneland szoftver segítségével. Az eredmények a következő képen láthatóak (25. ábra):

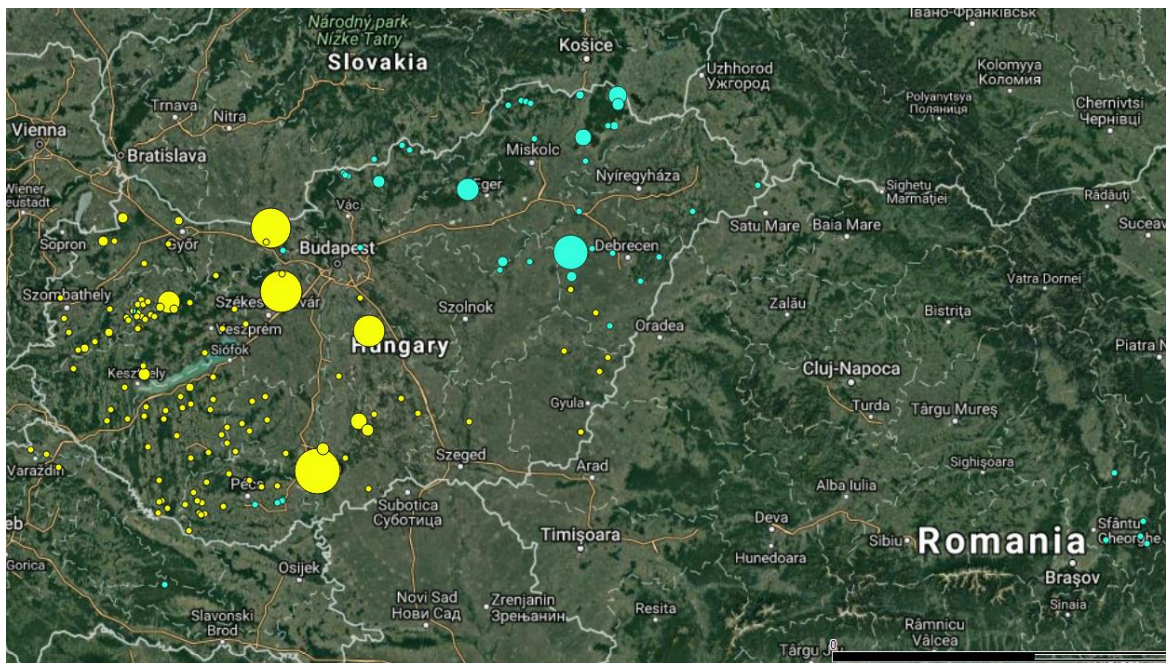


25. ábra: A minták csoportokba rendezése a Geneland program által

A program szerint a legvalószínűbb eloszlás 2 populáció, aminek a valószínűsége közel 80% (26. ábra). A csoportosítás eredménye szerint az egyik csoport (fehérrel jelölt) a mintázott terület nyugati részén található, ami Magyarországot foglalja magában, az északkeleti régió kivételével, a másik csoport (pirossal jelölt) pedig a többi részt foglalja el, ami Magyarország északkeleti részét, valamint a külföldi mintákat tartalmazza. A két csoportot meglehetősen erős határvonal választja el egymástól, amibe kevés minta esik bele, továbbá délen látható egy „betüremkedés”, ahol az északi csoportra jellemző egyedek találhatóak. Az ábra könnyebb értelmezhetősége érdekében a mintákat ArcGis szoftver használatával egy, a Google által biztosított térképre vezettem fel (27. ábra).



26. ábra: A legvalószínűbb populációszám kiszámítása



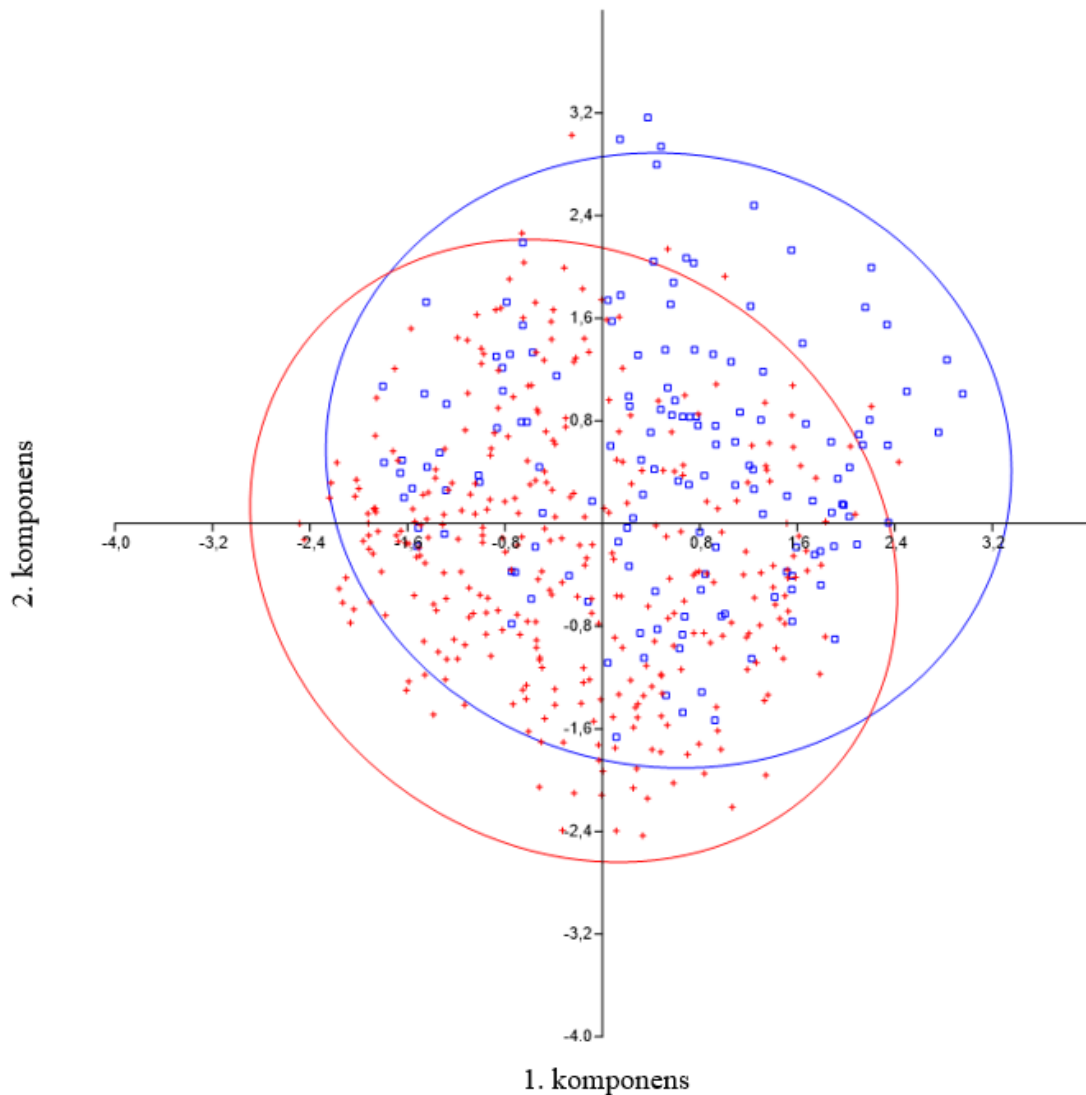
27. ábra: A minták alpopulációkba sorolva ArcGis-ben ábrázolva

Jelmagyarázat: kék kör: első csoport (n=147), sárga kör: második csoport (n=339). A körök mérete az adott VGE-ben gyűjtött minták számát mutatja

A két csoport elkülönülése a kép alapján is szinte tökéletes, a határvonal Komárom-Esztergom, Pest, Jász-Nagykun-Szolnok és Hajdú-Bihar megyékben található. Egyértelműen csoportidegen egyedből mindössze egy darab található, Veszprém megyében. A külföldről kapott minták eredményeink alapján a két alpopulációba beleilleszkednek. Ez az eredmény a horvát és szlovák minták esetében egyáltalán nem meglepő, hiszen a politikai határok a természeti határokkal nem, vagy csak kis részben esnek egybe (például a magyar-szlovák határ nyugati felében a Duna, vagy a magyar-horvát határon a Dráva), azonban ezek a természetes barrierek nem képeznek átjárhatatlan akadályt a vaddisznó számára. Magyarország déli határára a mintagyűjtési időszakban épült meg a magyar-horvát határon, azonban ennek hatását még nem sikerült kimutatnunk. A román minták esetében a nagy földrajzi távolság okozhatott volna elkülönülést, mivel a hozzájuk legközelebbi Magyarországon mintázott egyedeket is több, mint 500 km-re gyűjtötték be számunkra. Az elkülönülés hiányának oka vélhetően az a tény, hogy a két mintázott csoport között is élnek vaddisznók, ahonnan nem sikerült DNS-t gyűjteni.

6.2.1.2 Főkomponens-analízis

A vizsgált minták csoportosítása után szükséges volt megállapítani, hogy azok milyen kapcsolatban állnak egymással, mennyire különböznek egymástól. A csoportok egymáshoz való viszonyát az F_{st} érték mutatja meg, így a következő lépésben ezt a mutatót számoltam ki, szintén a Geneland szoftvert használva. Esetünkben ez az érték 0,03, ami nem éri el a közepes elkülönülés szintjét ($F_{st} > 0,05$), tehát a program egy adott populáció két alpopulációjaként azonosította a csoportokat. Az alpopulációk egymáshoz viszonyított genetikai helyzetét főkomponens analízis módszerrel ábrázolva az alábbi ábra mutatja (28. ábra):



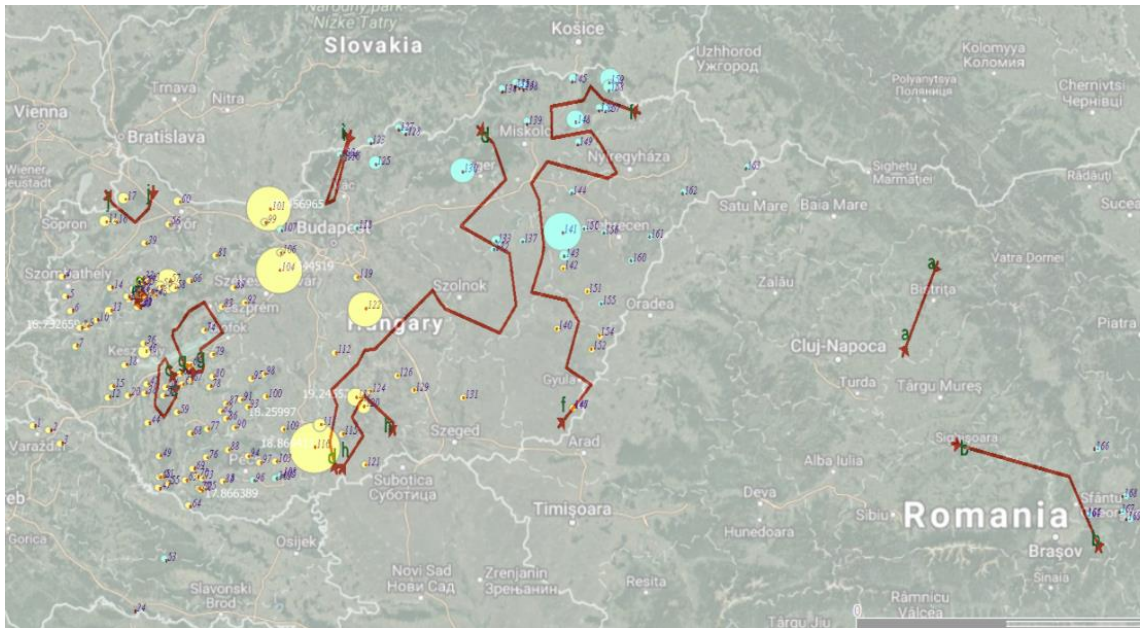
28. ábra: A két alpopuláció egymáshoz viszonyított genetikai elhelyezkedése főkomponens analízis módszerrel ábrázolva

Jelmagyarázat: kék négyzetek: az első csoport egyedei (n=147), piros pluszjelek: a második csoport egyedei (n=339), a színes körök a csoportok köré húzott 95%-os valószínűségi halmazok

Az ábrán jól látható, hogy a két csoport nem különül el egymástól nagymértékben, az egyedek túlnyomó többsége a két valószínűségi halmaz metszetében található. A halmazok mérete nem tér el jelentősen egymástól, tehát a genetikai változatosság közel megegyező. Ez az eredmény megerősíti a Geneland és GenAIEx által kapott eredményeket, miszerint nem beszélhetünk különálló populációkról, azonban jól látható különbségek vannak a két csoport közt, ami alpopulációkat jelent.

6.2.2 Az alpopulációs elkülönülés okai

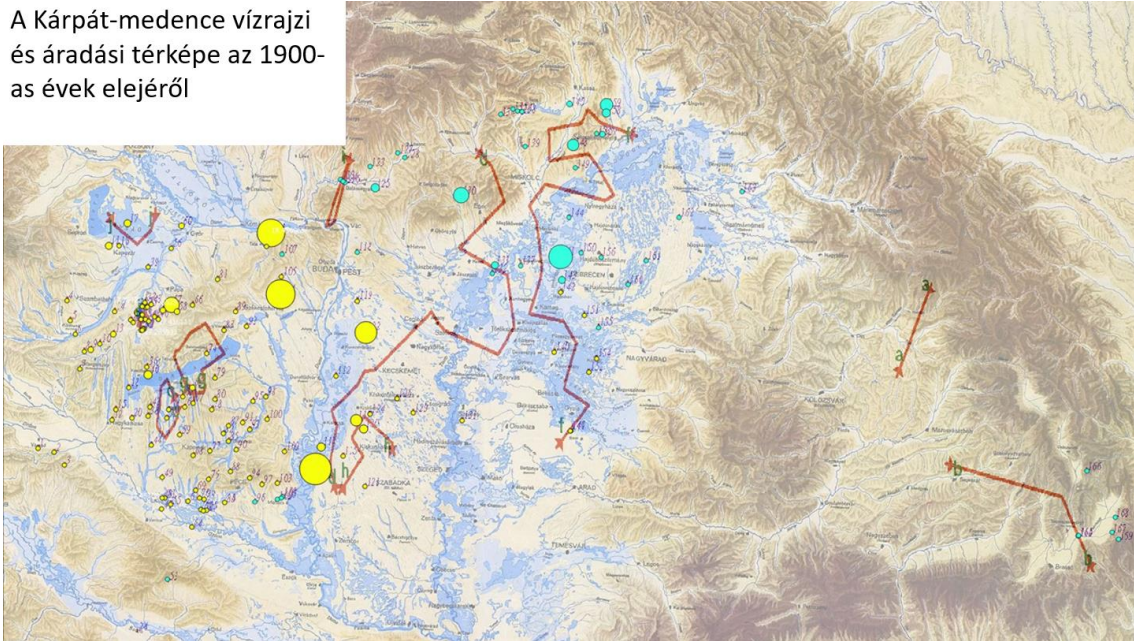
A csoportok közötti elkülönülésre adható legegyszerűbb magyarázat a földrajzi barrierekből keresendő. Első lépésként tehát a már korábban bemutatott térképen kerestük az alpopulációk közötti területen különböző akadályokat, úgymint autópályák, tavak, folyók. Mivel egyértelmű földrajzi barriert nem találtunk, ezért a Barrier program segítségével kerestük az elkülönülési vonalakat. Az így generált eredmények az alábbi ábrán láthatóak (29. ábra).



29. ábra: A Barrier program eredményei a korábbi térképre vetítve

A Barrier program általi eredmények szintén nem követik sem az általunk kapott genetikai elkülönülés vonalát, sem a valós földrajzi viszonyokat, ezért további lehetséges okokat kerestünk. Mivel a Kárpát-medencébe való visszatelepülés az utolsó jégkorszak után más fajoknál leírtan is több területről zajlott le, ezért múltbeli hatások nyomát kerestük. Végül egy 1900-as évek eleji vízrajzi térkép és az eredményeink összevetése adott lehetséges magyarázatot az eloszlásra. Az alábbi ábrán (30.) látható, hogy az északkeleti ártéri rész, a Mátrával határolva nagyjából egybeesik a kézzel jelölt alpopuláció elhelyezkedésével és a Barrier program által kijelölt „f” kódú barrierrel. Az elkülönülés pontos okainak kiderítése azonban amiatt is nehézségekbe ütközik, mivel országszerte több, mint 100 vadaskert található, amelyekbe engedélyeztetés után máshonnan származó egyedek telepíthetők. Így egy-egy korábbi telepítés nyomai akár lényegesen befolyásolhatják az eredményeket.

A Kárpát-medence vízrajzi és áradási térképe az 1900-as évek elejéről



30. ábra: Az alpopulációk és a Barrier program eredményei egy 1900-as évek eleji ártéri térképen ábrázolva

6.2.3 Az alpopulációk populációgenetikai alapkutatása

A korábbi eredmények alapján elvégeztük az alpopulációk genetikai alapadatainak feltérképezését is (14. táblázat). Az alpopulációs felosztás hasonló eredményeket adott, mint a teljes mintaszett egyben történő vizsgálata, az egyetlen lényeges különbség, hogy az 1-es számú csoport (észak-kelet) a Hardy-Weinberg egyensúlytól mindössze 4 esetben tér el $H_e > H_o$ irányba szignifikánsan, szemben a 2-es csoport 8 eltéréssel (minden esetben $p < 0,001$).

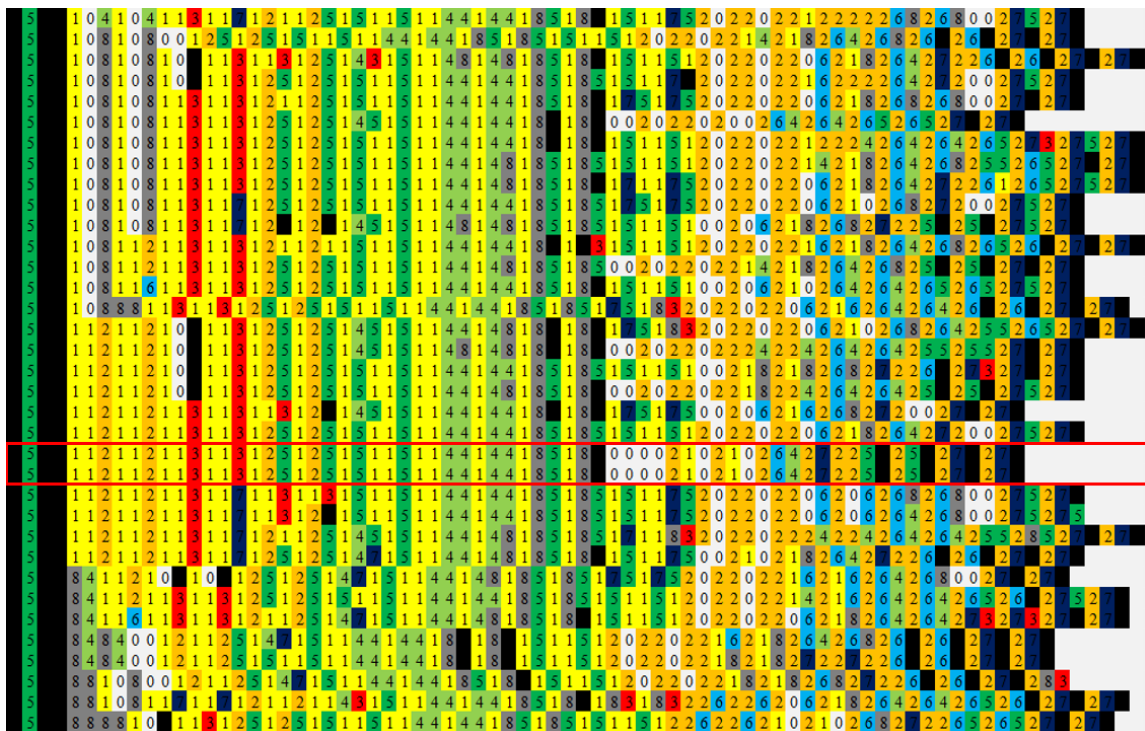
A vaddisznó minták genetikai jellemzői markerenként

Jelmagyarázat: Asz: allélszám, EAsz: effektív allélszám, ÉH: észlelt heterozigotitás, VH: várt heterozigotitás; HWE: a Hardy-Weinberg egyensúlytól való eltérés szignifikancia-szintje (ns: nem szignifikáns; *: $p < 0,05$; **: $p < 0,01$; ***: $p < 0,001$)

Lokusz	Csoport 1 (n=147)					Csoport 2 (n=339)				
	Asz	EAsz	ÉH	VH	HWE	Asz	EAsz	ÉH	VH	HWE
PigSTR14B	4	1,11	0,10	0,10	ns	6	1,19	0,16	0,16	*
PigSTR7B	7	3,30	0,50	0,70	***	8	3,09	0,31	0,68	***
PigSTR4B	3	1,90	0,42	0,47	ns	5	1,94	0,48	0,48	ns
PigSTR4C	5	2,26	0,56	0,56	ns	6	1,75	0,34	0,43	***
PigSTR17A	6	1,66	0,49	0,40	ns	5	1,37	0,29	0,27	ns
PigSTR11A	4	2,08	0,61	0,52	*	4	1,58	0,35	0,37	ns
PigSTR14A	3	1,60	0,40	0,37	ns	3	1,66	0,37	0,40	ns
PigSTR11B	7	1,51	0,31	0,34	ns	13	3,08	0,35	0,68	***
PigSTR1B	5	1,10	0,04	0,09	***	6	1,23	0,03	0,19	***
PigSTR15A	12	4,84	0,75	0,79	ns	13	5,15	0,76	0,81	***
PigSTR5C	5	2,89	0,58	0,65	***	6	2,85	0,62	0,65	***
PigSTR13E	8	3,87	0,49	0,74	***	7	3,11	0,45	0,68	***
PigSTR1A	4	1,26	0,19	0,21	ns	3	1,29	0,21	0,23	***

6.3 Az egyedazonosításra is alkalmas markerszett tesztelése nagy mintaszámon, regionális szinten

Az egyedazonosítás teszteléséhez létrehozott táblázat egy részéről készített ábra alább látható (31. ábra). A statisztikai képlet eredményei szerint az általunk használt markerszett a kapott allélszámok esetében összesen $9,65 \cdot 10^{18}$ (megközelítőleg 10 trillió) egyedet tud elkülöníteni, azonban az általunk vizsgált 486 egyedből kettő genetikai profilja teljesen megegyezett, azaz a levizsgált 13 markeren minden egyes allél eredménye egyforma volt.



31. ábra: Az egyedazonosítás teszteredményeinek egy része, kiemelve a két egyforma egyed

Az egyezés okára három lehetséges magyarázatot találtunk:

- 1: A két egyedben két marker (PigSTR11B és PIGSTR1B) többszöri ismétlés után sem adott eredményt, tehát nem zárható ki, hogy azokon a részekben található a különbség.
- 2: Mindkét egyed elejtési helye Borota, így előfordulhat, hogy egytetjű ikrekről van szó, ami vaddisznók esetében is előfordulhat (Náhlik és mtsai., 2013). Ebben az esetben az egyedek valóban megegyező genetikai profillal rendelkeznek.
- 3: Előfordulhat, hogy egy egyedet kétszeresen mintáztak meg, így az egyező genotípus tulajdonképpen a markerszett megbízhatóságát erősíti meg.
- 4: Habár a kiértékelést is leellenőriztük, de lehetséges, hogy értékelési hiba miatt egyezik a két egyed.

6.4 A kárpát-medencei vaddisznóállományok populációdinamikai vizsgálatai

6.4.1 Az állomány korábbi genetikai beszűkülésére utaló palacknyak-hatás vizsgálata

A palacknyak-hatás vizsgálatához használt mikroszatellita markerszett adatait a mikroszatellita markerekre általánosan használt két módszerrel, az egy-és kétlépéses mutációs modellekkel (SMM és TPM) vizsgáltuk le. Mindkét statisztikai módszer eredményei szerint mind a 13 marker mutációs-drift egyensúlyban van, és a mode-shift teszt is normális (L-alakú) eloszlást mutat, tehát a közelmúltból genetikai beszűkülést nem sikerült kimutatni. Azonban az utóvizsgálatok kimutatták, hogy eltérések mutatkoznak a HWE-től, az SMM 13, a TPM 11 lokuszon talált az elvárt értéknél kevesebb heterozigóta egyedet, amit a Wilcoxon-féle rangösszegteszt is megerősített (TPM=0,00201, SMM=0,00006). Ennek alapján megállapítható, hogy a távolabbi múltban a hazai vaddisznóállományt genetikai beszűkülést okozó hatás érte.

6.4.2 A levizsgált mintaszett rokonsági analízise

Az általunk levizsgált mintaszett rokonsági mutatóit a következő mutatókra vizsgáltuk: testvérek, féltestvérek, illetve apasági és anyasági kapcsolatok. Az elemzéseket elvégeztük a mikroszatellita markerszettel (n=486), illetve előbbit kiegészítve az InDel markerszettel (n=422). Az eredmények az alábbi három táblázatban láthatóak (15., 16. és 17. táblázat).

A mintaszett testvéri vizsgálatának eredményei

Jelmagyarázat: *dőlt betű*: mindkét vizsgálat szerint legalább 90%-os valószínűséggel testvér egyedek

Színmagyarázat: kettőnél nagyobb létszámú testvéri csoportok

	Mikroszatellita				Mikroszatellita+InDel			
	Egyed1	Egyed2	Valószínűség	Földrajzi távolság (km)	Egyed1	Egyed2	Valószínűség	Földrajzi távolság (km)
Testvérek	4518	4566	0,999	60	3565	3717	1	10
	4568	4569	0,989	0	3715	3740	1	10
	2292	2295	0,987	0	3832	3834	0,999	0
	4618	4619	0,986	0	4568	4569	0,99	0
	5291	5297	0,982	30	4618	4619	0,989	0
	5116	5117	0,979	0	611	997	0,986	40
	3725	3797	0,978	350	2292	2295	0,983	0
	611	997	0,976	40	4577	4607	0,979	150
	4577	4607	0,972	140	5157	5254	0,971	140
	5308	5311	0,969	80	5291	5297	0,971	30
	4642	4672	0,966	0	4620	4660	0,97	230
	3646	5260	0,965	310	3750	3751	0,969	0
	4529	4530	0,965	50	4542	4571	0,965	80
	3784	4630	0,962	120	3648	4636	0,958	100
	5174	5239	0,962	80	4641	4642	0,95	0
	5171	5245	0,961	170	4562	5154	0,945	130
	4547	5161	0,96	180	4641	4672	0,939	0
	5310	5311	0,96	40	4642	4672	0,932	0
	4599	4600	0,952	0	5117	5119	0,927	0
	3205	3749	0,928	230	3723	3726	0,919	0
	4626	5295	0,91	300	3725	3797	0,906	350
	2208	4670	0,903	170	4550	4571	0,9	80
	5118	5254	0,9	170				
Átlag			109,565				61,3636	
Szórás			109,024				91,8226	

A testvéri vizsgálat 23, illetve 22 testvérpár meglétét tárta fel több, mint 90%-os valószínűséggel. A két eredmény sor között 7 testvérpár fedt át ezen a valószínűségi szinten. A kombinált markerszett eredményei szerint ráadásul két darab, egyenként 3 egyedből álló testvéri csoport is megmintázásra került (a narancssárgával jelölt csoport

harmadik testvérpárosa, a 4542 és 4550 azonosítószámú egyed közti kapcsolatot a Colony 0,840-es valószínűségűre becsülte, így az nem került be a táblázatba annak ellenére, hogy a kapcsolat vélhetően valós).

A testvéri kapcsolatoknál leellenőriztük az egymástól való földrajzi távolságot is, ami meglepő eredményt adott: bár elméletileg a testvérek egymás mellett, maximum néhány 10 kilométerre élnek egymástól, de a mi eredményeink mást mutatnak. Ebben az összehasonlításban megbízhatóbbnak tűnnek a kombinált markerszett eredményei, mivel az átlagos távolság csak 61,3 km szemben az STR 110 kilométeres eredményével. A szórás mindkét esetben meghaladja az átlagot, amit néhány egymástól nagyon távoli testvérpár okoz. Ezeket a kiugró távolsági adatokat okozhatja a vaddisznók áttelepítése, ami főleg kertek között gyakori tevékenység, illetve a magas valószínűségi mutató ellenére nem zárható ki genotipizálási hiba miatti hamis eredmény sem.

A mintaszett féltestvéri vizsgálatának eredményei

Jelmagyarázat: *dőlt betű*: mindkét vizsgálat szerint legalább 90%-os valószínűséggel testvér egyedek

Színmagyarázat: kettőnél nagyobb létszámú testvéri csoportok

	Mikroszatellita				Mikroszatellita+InDel			
	Egyed1	Egyed2	Valószínűség	Földrajzi távolság (km)	Egyed1	Egyed2	Valószínűség	Földrajzi távolság (km)
Féltestvér	2207	3725	0,95	180	3565	4509	1	320
	356	3743	0,949	330	3565	4615	1	230
	2207	3797	0,949	170	3715	4633	1	120
	3743	3745	0,946	0	3715	4669	1	120
	5171	5271	0,937	80	3715	5293	1	380
	4523	5168	0,935	180	3717	4509	1	390
	2203	4661	0,926	60	3717	4615	1	240
	5299	5307	0,924	80	3740	4633	1	110
	2206	2211	0,921	10	3740	4669	1	110
	2196	4586	0,917	300	3740	5293	1	380
	3202	3736	0,915	260	4509	4615	1	150
	5171	5173	0,915	0	4633	4669	1	0
	4645	5173	0,914	0	4633	5293	1	320
	2259	3732	0,913	520	4669	5293	1	320
	4503	5287	0,913	50	356	3743	0,972	320
	4657	5185	0,906	70	2198	3836	0,961	270
	4653	4657	0,9	0	2207	3797	0,956	170
	5245	5271	0,9	100	3202	3736	0,95	270
					2199	3191	0,949	190
					4645	5173	0,934	10
					5171	5173	0,933	0
					3743	3745	0,924	0
					4686	5228	0,923	110
					2233	4665	0,919	60
					3737	3741	0,918	0
					3737	5302	0,916	340
				4581	5147	0,913	150	
				4623	5178	0,908	210	
				2261	5251	0,906	270	
Átlag			132,889				191,724	
Szórás			143,222				127,085	

A féltestvéri vizsgálat 18, illetve 29 féltestvérpár meglétét tárta fel több, mint 90%-os valószínűséggel. A két eredmény sor között 6 féltestvérpár fed át ezen a valószínűségi szinten. A mikroszatellita markerszett eredményei szerint három darab kettőnél több egyedből álló féltestvéri csoport került megmintázásra, a kombinált markerszett pedig 5 ilyen csoportot adott ki, amiből a legnagyobb 5 egyedet foglal magában. A csoportok minden egyes kapcsolata ebben az esetben sem látható a táblázatban, mivel itt is akadtak olyan féltestvérpárok, amiknek a valószínűsége kevesebb, mint 90%, de ezekben az esetekben az alacsonyabb valószínűség ellenére is elfogadhatónak tűnik a valódi kapcsolat.

A földrajzi távolság ellenőrzése során a korábbiaktól eltérő eredmény született, vagyis ebben az esetben a mikroszatellita szett átlagos távolsága kisebb, 133 km-el, szemben a kombinált markerszett 192 km-es eredményével. A minták térképen való visszaellenőrzésekor azonban egyértelműen kirajzolódik, hogy az egymástól nagyon távoli egyedek 3 magterületről származnak, amik egymástól nagyjából 120, 240, illetve 320 kilométerre találhatóak. A három magterületről kettő ráadásul nagy kiterjedésű, vaddisznóskerteket is magában foglaló vadgazdálkodási egység, így ebben az esetben a féltestvérek közötti nagy földrajzi távolságra az áttelepítések magyarázatot adnak.

17. táblázat:

A szülői vizsgálat eredményei

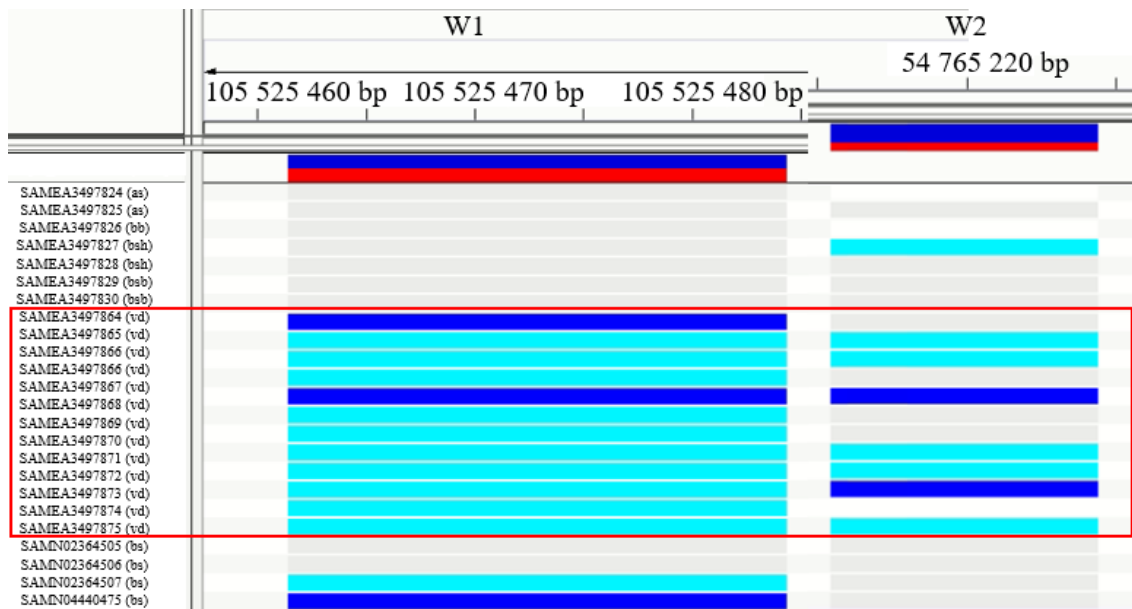
Szülő (nőstény)	Utód	Valószínűség	Földrajzi távolság (km)
3716	3715	1	0
3716	3740	1	0
3716	4633	1	110
3716	4669	1	110
3716	5293	1	380
4689	3565	0,9773	210
4689	3717	0,9773	220
4689	4509	0,9773	180
4689	4615	0,9773	40

A szülői vizsgálat csak a kombinált markerszett esetében, anya-utód kapcsolatokat mutatott ki 2 anyával, amelyeknek 5, illetve 4 utóda szerepel a mintaszettben. Az utódok megegyeznek a féltestvéri vizsgálat két nagy csoportjával, tehát ezen csoportok közös szülője a koca volt. Az egymástól való nagy távolságok magyarázata tehát ebben az esetben is vélhetően az áttelepítésre vezethető vissza.

6.5 Vaddisznó hústermék-nyomonkövetésre kifejlesztett markerszett tesztelése természetes állományokon, hibridizációs vizsgálatok

6.5.1 A fejlesztett markerszett pontosságának vizsgálata bioinformatikai úton

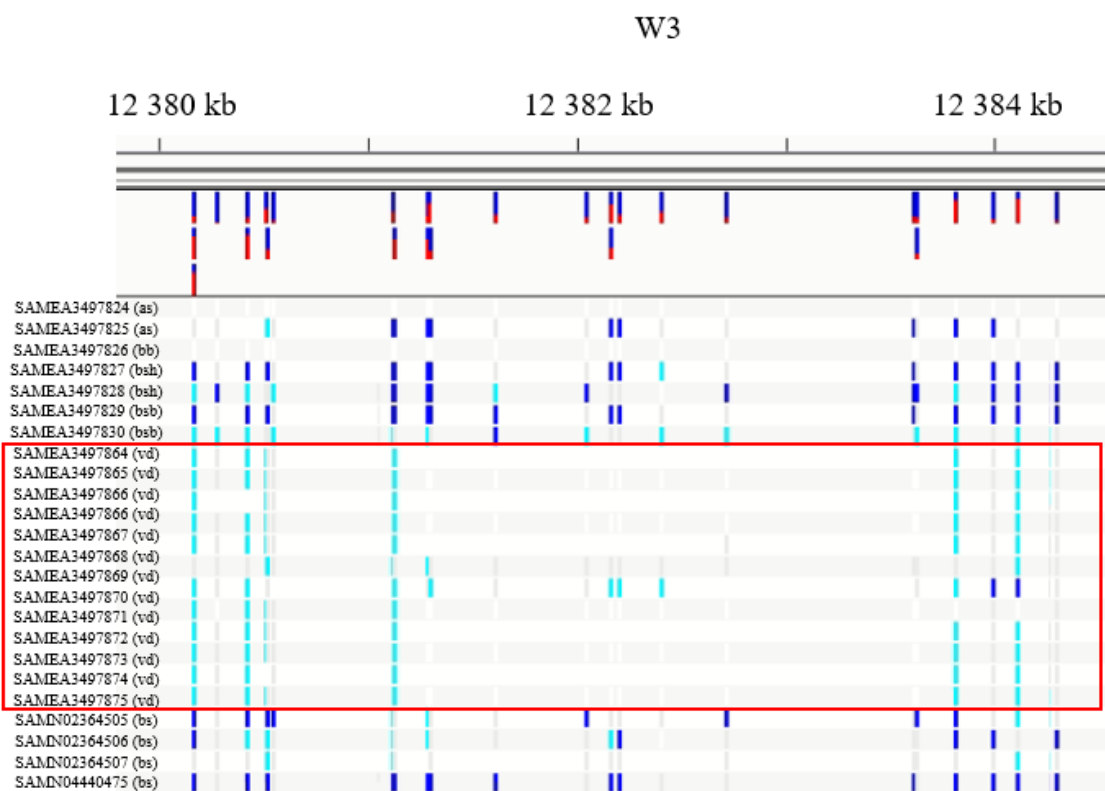
A markerfejlesztés sikerét jól példázza a következő összevetés, melyben az elérhető legújabb és egyik legrészletesebb kutatással, Lorenzini és munkatársai (2020) vizsgálatával hasonlítottuk össze a saját markerszettünk eredményeit. A saját markereink eredményei a 32. és 33. ábrákon láthatóak. A W3 marker értékelése kétféleképp történt, mivel a markert az SSC10.2-es referencia genomra terveztük, de jelenleg már az újabb, SSC11.1-es genom is elérhető, ahol a használt régió megváltozott, így a marker eredménye a programban fragmentálódott képet mutat (33. ábra). Egyik értékelésben a legtöbbet kapott fragmentszint vettük eredményül, a másikban pedig a színek átlagos értékét (18. táblázat).



32. ábra: A W1 és W2 marker eredményei IGV programban az SSC11.1-es genomon megjelenítve

Jelmagyarázat: as: angler schatterswein, bb: bunte bentheimer, bsh: berkshire, bsb: british saddleback, vd: vaddisznó

Színmagyarázat: szürke: homozigóta referencia allél (nem vaddisznó), sötétkék: heterozigóta, világoskék: homozigóta variáns allél (vaddisznó), fehér: hiányzó allél



33. ábra: A W3 marker eredményei IGV programban az SSC11.1-es genomon megjelenítve

Jelmagyarázat: as: angler schatterswein, bb: bunte bentheimer, bsh: berkshire, bsb: british saddleback, vd: vaddisznó

Színmagyarázat: szürke: homozigóta referencia allél (nem vaddisznó), sötétkék: heterozigóta, világoskék: homozigóta variáns allél (vaddisznó), fehér: hiányzó allél

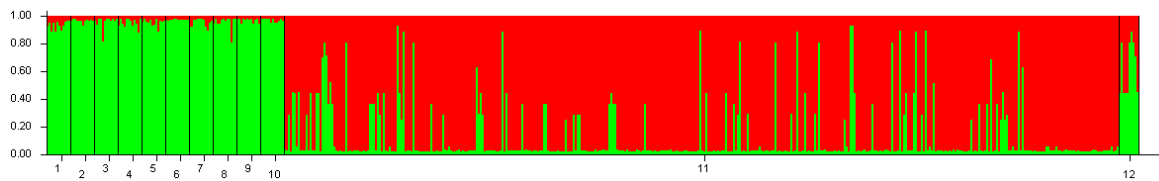
Különböző hibridizációra kifejlesztett markerek pontosságának összehasonlítása

fajta	W1	W2	W3 (legtöbb)	W3 (átlag)	MC1R2/3	MC1R1	NR6A1
angler schatterswein	100	-	-	-	-	-	100
angler schatterswein	100	100	100	50	100	100	100
bunte bentheimer	100	-	-	0	-	-	100
berkshire	100	0	50	50	100	0	50
berkshire	100	100	50	50	100	0	100
british saddleback	100	100	50	50	50	100	100
british saddleback	100	100	0	50	50	100	-
vaddisznó	50	0	100	50	0	0	100
vaddisznó	100	100	100	50	0	0	100
vaddisznó	100	100	100	50	-	-	-
vaddisznó	100	0	100	50	0	-	100
vaddisznó	50	50	100	50	0	0	100
vaddisznó	100	0	0	50	0	0	100
vaddisznó	100	0	100	50	0	-	-
vaddisznó	100	100	100	50	0	-	-
vaddisznó	100	100	100	50	0	0	0
vaddisznó	100	50	100	50	0	0	100
vaddisznó	100	-	100	50	0	-	0
vaddisznó	100	100	100	50	0	0	50
berkshire	100	100	50	50	100	0	-
berkshire	100	100	100	50	100	-	100
berkshire	0	100	100	50	-	-	100
berkshire	50	100	50	50	100	0	50
összesítve	2050	1400	1650	1050	700	300	1450
mennyiség	23	20	21	22	19	14	18
pontosság (%)	89,13	70	78,57	47,73	36,84	21,43	80,56

Az eredményekből látható, hogy az MC1R polimorfizmusok pontossága rendkívül gyenge, mindössze 21,43% és 36,85%. Ezt követi a W3 és W2 InDel markerek pontossága, a két legjobb eredményt pedig az NR6A1 és a W1 markerek adták.

6.5.2 A vaddisznó hibridizációs vizsgálat eredményei

A hibridizáltsági vizsgálatokat 422 vaddisznó mintán végeztük el, egy 120 házi sertést tartalmazó referencia-adatbázis segítségével (1: pietrain, 2: hampshire, 3: nagy fehér, 4: H39 x nagy fehér, 5: landrace, 6: duroc, 7: duroc x mangalica, 8: szőke mangalica, 9: fecskehasú mangalica, 10: vörös mangalica, minden esetben n=12), valamint 10 ismert vaddisznó-házi sertés hibridet is a vizsgálatba vontunk. Az általunk korábban fejlesztett 3 InDel markert tartalmazó multiplex Structure program által adott Bayesi klasztereredménye az alábbi ábrán (35. ábra) látható:



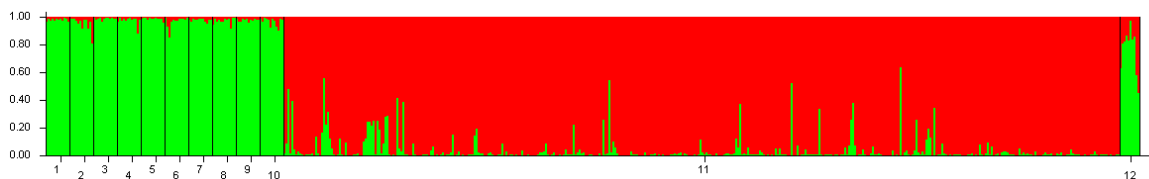
35. ábra: Hibridizáltsági jellemzők 3 InDel marker alapján

Jelmagyarázat: 1-10-es csoportok: házi sertésfajták, 11-es csoport: vaddisznók, 12-es csoport: ismert vaddisznó hibridek. Minden egyes függőleges vonal egy egyedet jelöl

Színmagyarázat: zöld: házi sertés, piros: vaddisznó

Az eredményeken jól látható, hogy a program az első 10 csoport (házi sertések) mind a 120 egyedet tiszta házi sertésként azonosította, a vaddisznó minták közül 336 minta lett vaddisznó, 71 hibrid, 18 pedig házi sertés, az ismert hibridek közül pedig 6-ot sorolt a hibridek és 4-et a házi sertések közé

Következő lépésben az InDel markerszettet kiegészítettük a validáló STR markerszett által kapott genotípusokkal, majd ezt az adatsort klasztereztük szintén a Structure programban (36. ábra):



36. ábra: Hibridizáltsági jellemzők az InDel markerszett és a validáló STR markerszett alapján

Jelmagyarázat: 1-10-es csoportok: házi sertésfajták, 11-es csoport: vaddisznók, 12-es csoport: ismert vaddisznó hibridek. Minden egyes függőleges vonal egy egyedet jelöl

Színmagyarázat: zöld: házi sertés, piros: vaddisznó

A kombinált módszerek eredménye alapján az első 10 csoportban változás nem tapasztalható a korábbiakhoz képest, a vaddisznók esetében a hibridizáltsági arányt jelentősen csökkentette a mikroszatellita markerszett hozzáadása, valamint a hibridek hibridizáltsági jellemzőit is némiképp változtatta, azonban ebben az esetben mindkét irányú változás látható. A kombinált eredmények (STR és InDel szett) alapján a 120 házi sertés mindegyikét házi sertésként azonosította a program, a vaddisznók közül 20 valójában hibrid, a hibridek közül pedig 3 lett a hibridek, 7 pedig a házi sertések közé besorolva.

6.5.3 A hibridizációs markerszett megbízhatóságának vizsgálata

Az eredmények összevetése után megállapítható, hogy az általunk készített markerszett „szigorúbb” a validáló (STR) szettnél, mivel a vaddisznók közül is sorol egyedeket a hibrid és házi sertések közé, valamint az ismert hibridek egy részét is házi sertésnek jelzi. Házi sertéseket egy esetben sem sorolt a vaddisznók közé, három esetben hibridnek sorolta. A markerszett pontosságát az alábbi táblázatok ábrázolják 19. és 20. táblázat).

A vizsgált minták besorolása a hibridizációs (W) markerszett és a validáló markerszett által

Jelmagyarázat: HS: házi sertés, VD: vaddisznó

Színmagyarázat: zöld: megegyező genotípus, sárga: javítható hiba, piros: nem javítható hiba

		Fajta W (InDel) szerint		
		HS	Hibrid	VD
Fajta validálva (STR)	HS	124	3	0
	Hibrid	9	12	3
	VD	9	56	336

A két eredmény összehasonlítása alapján a hibridizációs markerszett a valóssal megegyező eredményt adott 472 esetben, ami a teljes mintaszett 85,5%-a. „Túl szigorú”, a validáló markerszett által kijavítható hibát 13,41%-ban vétett, „túl megengedő”, tehát nem kijavítható hibát pedig mindössze 1,09%-ban.

A hibás besorolások száma és százalékos aránya

Jelmagyarázat: HS: házi sertés, VD: vaddisznó

Színmagyarázat: sárga: javítható hiba, piros: nem javítható hiba

Fajta (InDel/STR)	HS/VD	HS/hibrid	Hibrid/VD	Hibrid/HS	VD/HS	VD/hibrid
Darab	9	9	56	3	0	3
Százalék	1,63	1,63	10,14	0,54	0,00	0,54

Összességében megállapítható, hogy a markerszett kb. 14 százalékban téves pozitív eredményt ad, ami azonban kiküszöbölhető, amennyiben a kérdéses egyedeket az STR markerszettel is levizsgáljuk. Téves negatív eredményt mindössze 1%-ban kaptunk, ami kifejezetten jó eredménynek mondható. Mivel az InDel markerszettet eredetileg egy gyors és olcsó előszűrésre alkalmas módszernek fejlesztettük ki, így az eredmények alapján a markerfejlesztést sikeresnek nyilvánítottuk.

6.5.4 A hibridizációs markerszett eredményeinek tesztelése szimulált genotípusok hozzáadásával

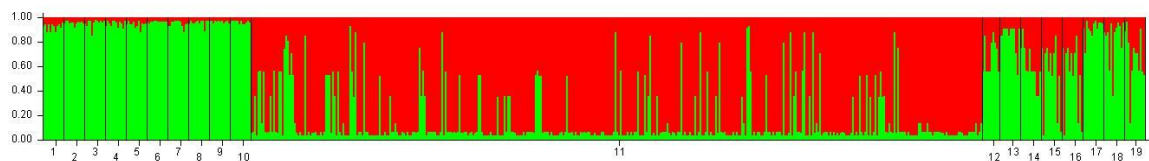
A hibridizációs vizsgálatok utolsó lépéseként az eredmények során legtisztább genotípusúként azonosított vaddisznókat és házi sertéseket kereszteztük 2 generáción át a Hybridlab utódgenerátor szoftver segítségével. A klaszterezési programban a csoportosítás első 12 csoportjának felosztása megegyezik a korábban leírt 12 csoporttal, a 13-19. csoport egyedei pedig az 21. táblázatban találhatóak.

A szimulált genotípusok létrehozásának körülményei

Jelmagyarázat: VD: vaddisznó, M: mangalica, P: pietrain, x: hibridizáció jele, HS: házi sertés

Csoport sorszáma	Szülő 1	Szülő 2	hibridizáció aránya (VDxHS%)
13	VD	M	50-50
14	VD	P	50-50
15	VD	VDxM	75-25
16	VD	VDxP	75-25
17	M	VDxM	25-75
18	P	VDxP	25-75
19	VDxM	VDxP	50-50

A virtuális egyedekkel kibővített mintasor Bayesi klaszterezése a 37 és 38. ábrán látható.



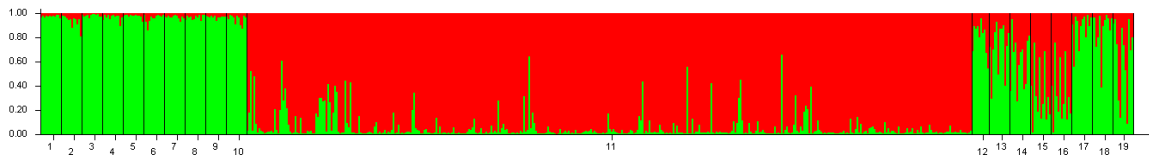
37. ábra: Hibridizáltsági jellemzők 3 InDel marker alapján

Jelmagyarázat: 1-10-es csoportok: házi sertésfajták, 11-es csoport: vaddisznók, 12-es csoport: ismert vaddisznó hibridek, 13-19-es csoportok: szimulált vaddisznó hibridek. Minden egyes függőleges vonal egy egyed jelöl

Színmagyarázat: zöld: házi sertés, piros: vaddisznó

Az InDel eredmények szerint a program házi sertések összes egyedét továbbra is tiszta házi sertésként azonosította. A vaddisznó minták közül a korábbinál 3-al több, összesen 339 minta lett vaddisznó, ugyanennyivel kevesebb, vagyis 68 hibrid, 18 pedig házi sertés, az ismert hibridek közül pedig egy korábba házi sertésként besorolt egyed a hibridek közé sorolt, így a hibridek száma 7, a házi sertéseké pedig 3. A szimulált egyedek eredményeit később, a két markerszett közös eredményeivel együtt, a 22. táblázatban elemezzük ki.

Utolsó klaszterezési vizsgálatunkban az InDel és STR markerszettek közös eredményei láthatóak, a szimulált egyedeket bevonva (38. ábra):



38. ábra: Hibridizáltsági jellemzők az InDel markerszett és a validáló STR markerszett alapján

Jelmagyarázat: 1-10-es csoportok: házi sertésfajták, 11-es csoport: vaddisznók, 12-es csoport: ismert vaddisznó hibridek, 13-19-es csoportok: szimulált vaddisznó hibridek. Minden egyes függőleges vonal egy egyedet jelöl

Színmagyarázat: zöld: házi sertés, piros: vaddisznó

Az előző ábrán is látható módon a házi sertéseket ebben az esetben is minden egyed esetében a saját klaszterükbe (házi sertések közé) sorolta be a szoftver. A vaddisznók közül 27 állatot jelzett hibridnek, ami 7-el több, mint a szimulált egyedek nélküli vizsgálatban, a vaddisznók száma pedig ugyanennyivel kevesebb. Házi sertésként egy vaddisznót sem azonosított a program. Az ismert hibrid egyedek eredményei változatlanok, 7 esetben a házi sertések és 3 esetben a hibridek közé tartoznak.

A virtuális genotípusok összesített eredményei a következő, 22. táblázatban láthatóak:

22. táblázat:

A szimulált egyedek besorolási eredményei két módszerrel, a hibridizáltsági arány függvényében

Jelmagyarázat: HS: házi sertés, VD: vaddisznó

Színmagyarázat: zöld: megegyező genotípus, sárga: javítható hiba, piros: nem javítható hiba

N	hibridizáltsági arány (HS/VD%)	W			STRW		
		HS	hibrid	VD	HS	hibrid	VD
24	75-25%	21	3	0	20	4	0
36	50-50%	15	20	1	13	21	2
24	25-75%	6	12	6	2	12	10

Az eredményekben jól látszik, hogy a várható eloszláshoz képest minden esetben a házi sertések irányába van eltolódva az adott csoportba sorolt egyedek száma. Ebből az a következtetés vonható le, hogy a százalékos arány, aminél az egyedet hibridnek soroljuk be esetünkben túl szigorú, mivel már kevés házi sertésekkel megegyező allélt is túl nagy hangsúllyal vesz figyelembe a program.

6.5.5 A hibridizációs vizsgálatok értékelése

Eredményeink alapján a hazai vaddisznó populáció 2,84%-a hibridizálódott. Korábbi eredményekkel összehasonlítva ez a szám átlagosnak mondható az egyéb STR markerekkel végzett vizsgálatokhoz képest. Két korábbi kutatásban sem sikerült STR markerekkel hibrid egyedeket kimutatni (Nikolov és mtsai., 2017; Sprem és mtsai., 2014). Egy olasz vaddisznókat célzó vizsgálatban 20 STR markert 164 vaddisznón használva mindössze 2,44%-os hibridizáltsági arányt találtak (Lorenzini és mtsai., 2020). Frantz és munkatársai (2013) egy több országot is lefedő kutatásban 697 disznót vizsgáltak le egy 14 markert tartalmazó szettel, eredményeik szerint a vaddisznók 6,32%-a mutatta hibridizáltság jeleit (23. táblázat).

**Az általam vizsgált vaddisznóállomány hibridizáltsági szintje összehasonlítva
korábbi vizsgálatok eredményeivel, növekvő sorrendben**

Mintavétel helye	Egyedszám	Markerszám	Marker típusa	Hibridek aránya (%)	Referencia
Bulgária	291	10	STR	0,00	Nikolov és mtsai., 2017
Horvátország	40	14	STR	0,00	Sprem és mtsai., 2014
Olaszország	164	20	STR	2,44	Lorenzini és mtsai., 2020
Magyarország	422	16	STR+InDel	2,84	Jelen tanulmány
Olaszország, Nyugat-Balkán	201	1	NR6A1	3,34	Fontanesi és mtsai., 2014
Belgium, Luxemburg, Németország	697	14	STR	6,32	Frantz és mtsai., 2013
Olaszország	164	1	NR6A1	9,76	Lorenzini és mtsai., 2020
Olaszország, Nyugat-Balkán	201	2	MC1R	11,20	Fontanesi és mtsai., 2014
Bulgária	291	2	MC1R	15,80	Nikolov és mtsai., 2017
Olaszország	164	2	MC1R	15,86	Lorenzini és mtsai., 2020
Lengyelország	265	1	MC1R	24,00	Dzialuk és mtsai., 2017

A színezetet befolyásoló génmutációk (MC1R és NR6A1) alapján végzett kutatások jóval nagyobb mértékű hibridizációt mutattak ki, azonban ezekben a vizsgálatokban sokkal kevesebb DNS szakaszt néznek, mivel ezekben a szekvenciákban kevés (1-3) SNP található. Így az eredmények is kevésbé pontosak, mint a jóval nagyobb mennyiségű, több polimorfizmust is tartalmazó STR markerszettek esetében.

7 KÖVETKEZTETÉSEK ÉS JAVASLATOK

7.1 Következtetések

A Kárpát-medencében élő vaddisznók populációgenetikai vizsgálata során megállapítottuk, hogy populációs elkülönülés a területek között nem található, mindössze két alpopulációt sikerült azonosítani. Az alpopulációk mérete és léptéke némileg ellentétben áll a korábbi vadgazdálkodási gyakorlattal, amikor vadgazdálkodási egység szinten, néhány ezer, legfeljebb néhány tízezer hektáros méretben próbáltak a vaddisznóval sikeresen gazdálkodni. Ugyanakkor a 2018-tól érvényben lévő szabályozás, amelyben hazánkat öt vadgazdálkodási tájra (Tiszántúli, Északi hegy-és dombvidéki, Duna-Tisza közti, Dél-dunántúli és Észak-dunántúli), és összesen 51 tájegységre osztották már összhangban lehet a hatékony, fenntartható, nagyléptékű vadgazdálkodási tervek készítéséhez (Magyarország Kormánya, 2018). A hazai vaddisznóállományok megfelelő genetikai változatossággal rendelkeznek, tehát mesterséges állományjavításra ebből a szempontból semmiképp nem szorulnak.

Az alpopulációk összehasonlítása során kiderült, hogy a csoportokra a teljes populációra megállapított genetikai jellemzők külön-külön is igazak. Tehát megfelelően diverz, nagyméretű és nagy területet lefedő állományok élnek hazánkban, amelyek vélhetően a jövőbeli esetleges változásokhoz is képesek lesznek alkalmazkodni. Az alpopulációk közötti, illetve az egy-egy alpopuláción belüli valódi barrierek hiánya a vaddisznók remek alkalmazkodóképességével és nagy mozgáskörzetével kiegészítve jelentős egyedszámú, relatíve homogén csoportok jelenlétét okozzák. Ezek a jellemzők lokális katasztrófák esetében kifejezetten előnyösek, mivel a környező területekről hamar újra tud települni az érintett rész, azonban betegségek terjedése szempontjából hátrányos, mivel az egyedek a kórokozókat rövid idő alatt messzire képesek vinni, természetes határok nélkül. A vaddisznó ezen tulajdonságai miatt az ASP terjedését csak rendkívül gyors, hatékony és jól szervezett lezárással lehet egy adott területen megelőzni.

Az egyedazonosításra alkalmas markerszett a vizsgálataink alapján közel 100% eséllyel valóban képes az egyedazonosításra, az egyetlen genetikailag megegyező mintapár létezésének mind biológiai, mind módszertani magyarázata lehetséges.

A populációdinamikai vizsgálatok két részre tagolhatóak. Elsőként, a palacknyak-hatás vizsgálata szerint a hazai vaddisznóállomány jelenleg migrációs-drift egyensúlyban van, tehát nem mutatható ki zajló genetikai beszűkülést okozó hatás nyoma. Azonban az erős

heterozigóta hiány, amit az összes alkalmazott teszt megerősített azt jelzi, hogy a múltban a populációt érte olyan hatás, mely során az állomány mérete és így genetikai változatossága is erősen lecsökkent. Korábbi leírások alapján ezek a hatások vélhetően a két világháború idejére vezethetők vissza, amikor a harcok és az emberi élelmiszerhiány miatt a vadállományt erősen megritkították. Az analízis második fele, a rokonsági vizsgálatok eredményei kettős képet mutatnak, a kapott testvér-, vagy féltestvér párosok közel fele egy vadászterületről származik, viszont a több száz kilométeres távolságok főleg testvérek esetében kétségre adhatnak okot. Ezen eredmények valódisága az állat mozgáskörzetét, migrációs hajlamát és az áttelepítések lehetőségét figyelembe véve megmagyarázható, de pontosságának ellenőrzésére további vizsgálatok szükségesek, amelyeket a mikroszatellita és az InDel markerszett kombinálásával érdemes végrehajtani, mivel a kapott eredmények ebben az esetben sokkal megbízhatóbbnak tűnnek.

A hibridizációs vizsgálatok eredményei alapján a hazai vaddisznópopuláció a kevésbé hibridizáltak közé tartozik. A hibrid egyedek területi elhelyezkedését átnézve megállapítottuk, hogy nem található olyan magterület, ahonnan a hibridek származnak. A hibridizálódott vaddisznók az ország területén elszórva találhatóak, tehát nem szándékos állományhamisításról, hanem vélhetően egyedi, véletlen esetekről van szó. A lehetséges okok közé tartozik egy-egy házi sertés kiszabadulása és elvadulása, vagy a korábbi, 70-es évekig bevett szokás, a házi sertések makkoltatása során született hibrid egyedek fennmaradása a populációban. Emiatt, az érintett vadásztársaságok jó hírnevének megtartását szem előtt tartva hibridizáltsági térképet nem készítettünk. A szimulált egyedekkel kiegészített eredmények szerint az alkalmazott markerszettek az adott mintaszetten túl szigorúan veszik a házi sertés-allélek jelenlétét, mivel a várt hibridizáltsági foknál a csoportokon belül minden esetben a házi sertések túltreprezentáltak voltak. Ennek a hibának a kiszűrésére vonatkozó javaslatunk a 6.3-as fejezetben találhatóak, azonban eredményeinket ebben a formában is hasznosnak tartjuk, mivel a módszer esetleges gyakorlati hasznosítása során a kelleténél kicsit több vaddisznót vonnának ki az árusításból/továbbtenyésztésből, de a szűrőn a genetikailag kevésbé tiszta egyedek alig 1-2%-a jutna át.

7.2 Tervek a genetikai vizsgálatok folytatására:

- Magyarország területén belül nagyobb elemszámú vizsgálatok végzése, kiváltképp az alpopulációs határ környékéről, hogy a valós határt minél pontosabban beazonosíthassuk.
- A Kárpát-medence többi országából jóval magasabb mintaszám vizsgálata és a kutatásba való bevonása, hogy a környező országok állományai valóban összehasonlíthatóak legyenek a hazai populációval.
- Ismert pedigrijű vaddisznó egyedek rokonsági vizsgálata a markerszett pontosságának számszerűsítéséhez.

7.3 Tervek a hibridizációs vizsgálat folytatására:

- Az általunk alkalmazott markerszett kiegészítése a korábban széleskörűen alkalmazott NR6A1 markerrel, a még pontosabb és megbízhatóbb eredmények elérése érdekében.
- A kombinált markerszettel nagyobb elemszámú vizsgálatok elvégzése.
- A tiszta genetikai profilú egyedek felhasználásával nagyobb elemszámú, változatosabb genetikai összetételű és hibridizáltsági arányú leszármazási vonalak szimulálása, majd azok klaszterezésbe vonása.

8 ÚJ TUDOMÁNYOS EREDMÉNYEK

1. Elsőként végeztem hazánkban ilyen mértékű vaddisznógenetikai vizsgálatokat STR markerek felhasználásával. Megállapítottam a magyarországi vaddisznópopuláció genetikai változatosságának (7,62 allél/marker) és hibridizáltságának (2,84%) mértékét.
2. Megállapítottam, hogy Magyarország vaddisznópopulációja két alpopulációra tagolódik (északkeleti (n=147) és az ország többi részére kiterjedő (n=339)), a határvonal feltételezhetően az utolsó jégkorszak és a vízrendezések maradványa, mivel a két alpopuláció keveredését gátló barrier nem található közöttük.
3. Bebizonyítottam, hogy hazánkban is az általam használt STR markerszett segítségével egyedi azonosítás végezhető vaddisznókon legalább 99,79%-os pontossággal.
4. Genetikai vizsgálatokkal kimutattam a hazai állományt érő múltbeli palacknyakhatás jelenlétét (SMM módszerrel 13/13, TPM módszerrel 13/11 markeren mutatkozik szignifikáns heterozigóta hiány, melyet a Wilcoxon-féle rangösszegteszt is megerősített, SMM=0,00006; TPM=0,00201), illetve a jelenlegi genetikai beszűkülést okozó események hiányát.
5. Vad populációban is leellenőriztem és bebizonyítottam az általunk korábban kifejlesztett InDel hibridizációs markerszett megbízhatóságát (85,5%-os pontossággal) és szükségességét a széles körben alkalmazott módszerek (MC1R és NR6A1) mellett.

9 AZ EREDMÉNYEK GYAKORLATI HASZNOSÍTHATÓSÁGA

1. A magyarországi vaddisznók közti átfogó mintavételezéssel, valamint genetikai diverzitásának és szerkezetének megállapításával olyan adatbázist hoztunk létre, ami a jövőbeli kutatások számára is hasznosítható alapot, vagy összehasonlítási lehetőséget biztosít populációgenetikai-, diverzitás-, vagy hibridizációs vizsgálatok számára.
2. Az alpopulációk méretének és elhelyezkedésének tudatában átfogó, nagyléptékű vadgazdálkodási tervek elkészítésére nyílt lehetőség mind a hasznosítás, mind az ASP elleni védekezés témakörében.
3. Az egyedazonosító STR markerszett használata megoldást nyújt különböző peres ügyek, mint orvvadászat, vagy trófeahamisítás elbírálására modern genetikai módszerek alkalmazásával.
4. Az InDel (és szükség esetén STR) markerszett alkalmazásával lehetőség van a kerti, vadasparki, vagy farmi vaddisznóállományok vizsgálatára és az eredmények alapján a hibrid egyedek kiszűrésére. Ezáltal az állományok valóban kizárólag genetikailag tiszta vaddisznókból állnának, ami a fenotípusra, húsminőségre is hatással lehetne. A vadasparkokba, vadfarmokra bekerülő vaddisznókból minden esetben javasoljuk a mintavételezést, amit eladáskor le lehet vizsgálni, ezzel az eladott egyed genetikai háttere, minősége bizonyíthatóvá válik.

10 ÖSSZEFOGLALÁS

Európa-szerte a nagytestű vadfajok általános térhódítása jellemző az elmúlt évtizedekben. Ezek közül is az egyik kiemelkedő faj a vaddisznó, mely a világ 100 leginvazívabb élőlénye közt is helyet kapott kivételes adaptációs képességének hála. Disszertációm ezért a vaddisznó genetikai és populációdinamikai vizsgálatával foglalkozik, mivel hazánk egyik legjelentősebb vadfajáról van szó, melynek genetikai háttere ezidáig nem kapott elég figyelmet.

A Kárpát-medencén belül négy országból összesen 486 vaddisznóból gyűjtöttünk mintát, amit egy 13 markert tartalmazó egyedazonosításra használt STR, valamint egy 3 markerből álló, a vaddisznókat a házi sertésektől elválasztó InDel markerszettel vizsgáltunk le. Az eredmények alapján először határoztuk meg a magyarországi alpopulációk genetikai mutatóit, valamint a méretüket, a területi elhelyezkedésüket és az azokat meghatározó tényezőket. Megállapítottuk, hogy két csoport található hazánkban, melyek egy populáció különböző alpopulációi, valamint hogy az elkülönülés egy kisebb, az ország északnyugati részét lefedő és egy nagyobb, a többi területet tartalmazó részre osztja azokat. Továbbá nyomokat találtunk arra vonatkozóan, hogy mind az utolsó jégkorszak, mind az 1800-as évek végén kezdődő vízrendezés hatásai a mai napig érződnek a magyarországi populációban. A populációgenetikai rész lezárásaképp az egyedazonosító markerszettet teszteltük le arra vonatkozóan, hogy valóban képes-e minden egyedét szétválasztani. Az általunk vizsgált 486 vaddisznó összesen 485 különböző genotípusba tartozott, a két megegyező genotípusú egyedre pedig biológiai magyarázat adható.

Populációdinamikai vizsgálataink során kimutattuk, hogy bár genetikai beszűkülést okozó esemény a hazai vaddisznóállományban jelenleg nem zajlik, de a múltban erős palacknyak-hatás érte a populációt, mivel szinte az összes vizsgált allélon (SMM: 13/13, TPM: 11/13) szignifikáns heterozigóta hiány mutatkozik. A rokonsági vizsgálatokban a mikroszatellita markerszett alapján 23, a kombinált markerszett alapján pedig 22 testvérpárt találtunk 90%-os valószínűségi szinten. Féltestvéri kapcsolatokat 18-at, illetve 29-et, szülő-utód rokonságot pedig kizárólag a kombinált markerszett eredményei alapján sikerült kimutatni, ahol 2 anya összesen 9 utódját találtuk meg.

Disszertációm záró részében egy korábban hústermék-nyomonkövetésre kifejlesztett, a vaddisznót a házi sertésektől elválasztó és vegyes genotípust is kimutatni képes

markerszettet teszteltünk a vad populáción a hibridizáció megállapítása céljából. Ebben az esetben 422 vaddisznót tudtunk a vizsgálatba bevonni, mely során először csak a 3 hibridizációs (InDel) markert használtuk fel, majd a hibridizációs markerszettet és az egyedazonosító (STR) markerszettet összevontuk. Eredményeink alapján az InDel markerszett 85,5%-ban a valós eredményeket adja, hamis pozitív eredményt a hibridizáltságra (javítható hiba) 13,41%-ban, míg hamis negatív eredményt 1,09%-ban. Mivel ezt a markerszettet eredetileg elővizsgálatok számára fejlesztettük ki, így ezt az eredményt kifejezetten jónak könyveltük el, ami még a megerősítő vizsgálatokkal együtt is lényeges mennyiségű pénzt és időt spórol meg. A szett megbízhatósága után a pontosságát is levizsgáltuk. Ehhez 23 teljes genomra (11 házi sertés és 12 vaddisznó) illesztettük az általunk használt InDel, valamint a szakirodaloman leggyakrabban előforduló markereket. Az eredmények alapján a mi három markerünkből kettő (W1: 89,13%, W2: 70%) önmagában is megállja a helyét a régebben használt markerekkel szemben (MC1R1 és MC1R2: 36,84%, MC1R3: 21,43%, NR6A1: 80,56%), a három marker kombinációja pedig korábbi vizsgálataink alapján 95% fölötti pontosságot biztosít.

11 SUMMARY

In recent decades the distribution area of large game species has generally been increasing across Europe. One typical example is the wild boar, which is one of the most invasive species in the world due to its superior adaptability. Therefore, my dissertation is written about the genetics and population dynamics of the wild boar, as it is one of the most widespread and important game species in Hungary, but its genetic background has so far received insufficient attention.

We collected samples from a total of 486 wild boars in four countries within the Carpathian Basin; these were analyzed with 13 STR markers used for individual identification and 3 InDel markers used for separating wild boars from domestic breeds. Based on the results, we first determined the basic genetic indicators of the Hungarian subpopulations, as well as their size, spatial location and the barriers that separate them. We found that there are two groups in Hungary, which are different subpopulations of a single population, of which the smaller one is located in the northwestern part of the country, and the larger one populates the other areas. Furthermore, we found traces of the effects of both the last ice age and the water management started in the late 1800s that can still be seen in the Hungarian population nowadays. In the last part of the population genetics section, the individual identification marker set was tested to see if it could really separate all individuals. The sample set of 486 wild boars studied belonged to a total of 485 genotypes, and the two individuals with the same genotype can be biologically explained.

Our population dynamics studies have shown that although there is currently no evidence of an event causing genetic depletion in wild boars, the population was strongly affected by bottlenecks in the past, as there is a significant deficiency in heterozygosity in almost all examined alleles (SMM: 13/13, TPM: 11/13). In the kinship studies 23 sibling pairs were found at the probability level of 90% based on the microsatellite marker set and 22 sibling pairs based on the combined marker set. Also, respectively 18 and 29 half-sibling pairs were identified, but parental-offspring relatedness was shown only by the results of the combined marker set, which detected a total of 9 offspring of 2 mothers.

In the last part of my dissertation a marker set – one that separates wild boar from domestic pigs and can also detect mixed genotypes, which had been previously developed for tracking meat products – was tested in a wild population to determine the level of

hybridization. In this part we were able to include 422 wild boars in the study. At first, the 3 InDel markers were used, and then this set was combined with the STR set. Based on our results, the InDel marker set gives valid results in 85.5%, a false positive result for hybridization (which can be corrected by later tests) in 13.41% and false negative results in 1.09% of the cases. Since this set was originally developed for pre-screening, this result was considered to be exceptionally good for studies, because even with confirmatory testing it saves a significant amount of money and time. To check the accuracy of the set, the InDel and the most commonly used markers were aligned to 23 whole genomes (11 domestic pigs and 12 wild boars). Our results showed that two of our three markers (W1: 89.13%, W2: 70%) can, each by itself, provide satisfactory results as opposed to the previously used markers (MC1R1 and MC1R2: 36.84%, MC1R3: 21.43%, NR6A1: 80.56%) and, based on our previous studies, the combination of the three markers provides an accuracy of over 95%.

12 IRODALOMJEGYZÉK

- ABDUL-MUNEER, P.M. 2014: Application of Microsatellite Marker sin Conservation Genetics and Fisheries Management: Recent Advances in Population Structure Analysis and Conservation Strategies. Genetics Research International vol. 2014. 11 pp.
- ALBARELLA, U., DOBNEY, K., ERVYNCK, A., ROWLEY-CONVY, P. 2007: Pigs and humans, 10,000 years of interaction. Oxford University Press, Oxford. 454 pp.
- ALBARELLA, U., DOBNEY, K., ROWLEY-CONWY, P. 2009: Size and shape of the Eurasian wild boar (*Sus scrofa*), with a view to the reconstruction of its Holocene history. Environmental Archaeology 14(2): 103-136. pp.
- ALBAYRAK, I. és INCI, S. 2007: The karyotype of the wild boar *Sus scrofa* Linnaeus, 1758 in Turkey (Mammalia: Artiodactyla). Turkish Journal of Zoology 31: 65-68. pp.
- ALEXANDRI, P., TRIANTAFYLLIDIS, A., PAPAKOSTAS, S., CHATZINIKOS, E., PLATIS, P., PAPAGEORGIOU, N., LARSON, G., ABATZOPOULOS, T.J., TRIANTAPHYLLIDIS, C. 2012: The Balkans and the colonization of Europe: the post-glacial range expansion of the wild boar, *Sus scrofa*. Journal of Biogeography 39. 713-723. pp.
- ALVES, P.C., PINHEIRO, I., GODINHO, R., VICENTE, J., GORTÁZAR, C., SCANDURA, M. 2010: Genetic diversity of wild boar populations and domestic pig breeds (*Sus scrofa*) in South-western Europe. Biological Journal of the Linnean Society 101. 797-822. pp.
- ANDERSON, D., NEGISHI, Y., TOMA, R., NAGATA, J., TAMATE, H., KANEKO, S. 2020: Robust microsatellite markers for hybrid analysis between domesticated pigs and wild boar. Genetic resources 1(2):29-41. pp.
- ANDRZEJEWSKI, R. és JEZIEFSKI, W. 1978: Management of a wild boar population and its effect on comemrcial land. Acta Theriologica vol. 23, 19: 309-339. pp.
- ARIF, I.A., KHAN, H.A., BAHKALI, A.H., AL HOMAIDAN, A.A., AL FAHRAN, A.H., AL SADOON, M., SHOBRAK, M. 2011: DNA marker technology for wildlife conservation. Saudi Journal of Biological Studies 18: 219-225. pp.

- Bálint M. 2010: Molekuláris biológia I-II. Műszaki Könyvkiadó Kft. Budapest. 609 pp.
- BEHL, R., SHEORAN, N., BEHL, J., TANTIA, M.S., VIJH, R.K. 2002: Microsatellite sequences of mammals and their applications in genome analysis in pigs- a review. Asian-Australian Journal of Animal Sciences 15(12): 1822-1830. pp.
- BEREGI A. 2011: Vadegészségtan. Jegyzet vadgazda mérnöki szakos hallgatók részére. Szent István Egyetem, Gödöllő. 119 pp.
- BIEBER, C. és RUF, T. 2005: Population dynamics in wild boar *Sus scrofa*: ecology, elasticity of growth rate and implications for the management of pulsed resource consumers. Journal of Applied Ecology 42, 1203-1213. pp.
- BIHARI Z., CSORBA G., HELTAI M. (szerk.) (2007): Magyarország emlőseinek atlasza. Kossuth kiadó, Budapest. 360 pp.
- BIHARI Z., ANTAL ZS., GYÜRE P. (2008): Természetvédelmi ökológia. Debreceni Egyetem, Debrecen. 66 pp.
- BIRÓ ZS., KATONA K., BLEIER N., LEHOCZKI R., ÚJVÁRY D., SZILÁGYI ZS., MARKOLT F., SZEMETHY L. 2012: A kőrösladányi vadaskert vaddisznó állományának hatása a védett növényekre. Természetvédelmi Közlemények 18: 67-76. pp.
- BISHOP, S.C., AXFORD, R.F.E., NICHOLAS, F.W., OWEN, J.B. 2010: Breeding for disease resistance in farm animals, 3rd edition. CABI, UK. 362 pp.
- BLEIER N. 2004: A mezőgazdasági vadkár ökológiai és ökonómiai összefüggései. Doktori (PhD) értekezés, Gödöllő. 124 pp.
- BODNÁRNÉ SKOBRÁK E., GUNDEL J., JÁVOR A. 2009: Különböző ivarú vaddisznók húsának néhány fontosabb beltartalmi értéke. Agrártudományi Közlemények 2009/37. 25-29. pp.
- BROOKS, J.E., AHMAD, E., HUSSAIN, I., KHAN, M.H. 1989: The agricultural importance of the wild boar (*Sus scrofa* L.) in Pakistan. Tropical Pest Management 35(3): 278-281. pp.
- BRUINDERINK, G.W.T.A.G., HAZEBROEK, E. 1996: Ungulate Traffic Collisions in Europe. Conservation Biology, 1059-1067. pp.

- BURTON, V., SMYSER, T.J., TIFFANY, C., PIAGGIO, T., MEYERS, R., ZAUN, B., BERGMAN, D. 2021: Feral swine genetic attributes of Arizona. United States Department of Agriculture, Animal and Plant Health Inspection Service előadás diasor. 22 pp.
- CANIGLIA, R., FABBRI, E., GRECO, C., GALAVERNI, M., RANDI, E. 2010: Forensic DNA against wildlife poaching: Identification of a serial wolf killing in Italy. *Forensic Science International: Genetics* 4, 334-338. pp.
- CARATTI, S., ROSSI, L., SONA, B., ORIGLIA, S., VIARA, S., MATRANO, G., TORRE, C., ROBINO, C. 2010: Analysis of 11 tetrameric STR in wild boars for forensic purposes. *Forensic Science International: Genetics* 4, 339-342. pp.
- CARRILLO, C. 2014: African Swine Fever Virus. IN: Motarjemi, Y., Moy, G., Todd E. 2014: *Encyclopedia of food safety* vol. 1. Elsevier, London, 241-245. pp.
- CASTILLO-CONTRERAS, R., CARVALHO, J.L., SERRANO, E., MENTABERRE, G. 2017: Urban wild boars prefer fragmented areas with food resources near natural corridors. *Science of the Total Environment* 615: 282-288. pp.
- CHEN, K., BAXTER, T., MUIR, W.M., GROENEN, M.A., SCHOOK, L.B. 2007: Genetic resources, genome mapping and evolutionary genomics of the pig (*Sus scrofa*). *International Journal of Biological Sciences* 3, 153-165. pp.
- CHOI, S.K., LEE, J-E., KIM, Y-J., MIN, M-S., VOLOSHINA, I., MYSLENKOV, A., OH, J.G., KIM, T-H., MARKOV, N., SERYODKIN, I., ISHIGURO, N., YU, L., ZHANG, Y-P., LEE, H., KIM, K.S. 2014: Genetic structure of wild boar (*Sus scrofa*) populations from East Asia based on microsatellite loci analyses. *BMC Genetics* 15(85): 10 pp.
- Commonwealth of Australia, 2017: Threat abatement plan for predation, habitat degradation, competition and disease transmission by feral pig (*Sus scrofa*). 40 pp.
- CORNUET, J.M. és LUIKART, G. 1996: Description and power analysis of two tests for detecting recent population bottlenecks from allele frequency data. *Genetics* 144, 2001-2014. pp.
- COSTA, V., PÉREZ-GONZÁLEZ, J., SANTOS, P., FERNÁNDEZ-LLARIO, P., CARRANZA, J., ZSOLNAI A., ANTON I., BUZGÓ J., VARGA GY.,

- MONTEIRO, N., BEJA-PEREIRA, A. 2012: Microsatellite markers for identification and parentage analysis in the European wild boar (*Sus scrofa*). BMC Research Notes 5(479): 6 pp.
- CSÁNYI S. 1995: Wild boar population dynamics and management in Hungary. Ibx Journal of Mountain Ecology 3, 222-225. pp.
- CSÁNYI S. 2017: Vadállományok és jellemzésük. Egyetemi diasor, Szent István Egyetem. 40 dia. Letöltve: 2017 feb. 14
- CSÁNYI S. és MAJZINGER I. 2007: A vadbiológia és vadgazdálkodás alapjai. Egyetemi tananyag, Hódmezővásárhely. 81 pp.
- CSÁNYI S., MÁRTON M., KOVÁCS V., KOVÁCS I., PUTZ K., SCHALLY G. 2018: Vadgazdálkodási Adattár 2017/2018. vadászati év. Gödöllő. 52 pp.
- CSÁNYI S., MÁRTON M., KÖTELES P., LAKATOS E.A., SCHALLY G. 2019: Vadgazdálkodási Adattár 1960-2018-19. Gödöllő. 24 pp.
- CSÁNYI S., MÁRTON M., KISS K., KÖTELES P., SCHALLY G. 2020: Vadgazdálkodási Adattár 2019/2020. vadászati év. Gödöllő. 66 pp.
- DANILKIN, A.A. 2001: The wild boar: an unprecedented spread or restoration of the species range? Doklady Biological Sciences 380, 457-460. pp.
- DZIALUK, A., ZASTEMPOWSKA, E., SKORZEWSKI, R., TWARUZEK, M., GRAJEWSKI, J. 2017: High domestic pig contribution to the local gene pool of the free living European wild boar: a case study in Poland. Mammal Research , Vol 63(1), 7 pp.
- EBERT, C., KNAUER, F., SPIELBERGER, B., THIELE, B., HOHMANN, U. 2012: Estimating wild boar *Sus scrofa* population size using faecal DNA and capture-recapture modelling. Wildlife Biology 18: 142-152. pp.
- FANG, M. és ANDERSSON, L. 2006: Mitochondrial diversity in European and Chinese pigs is consistent with population expansions that occurred prior to domestication. Proceedings of the Royal Society B 273: 1803-1810. pp.
- FARAGÓ S. és NÁHLIK A. 1997: A vadállomány szabályozása – a fenntartható vadgazdálkodás populációökológiai alapjai. Mezőgazda kiadó, Budapest. 315 pp.
- FARAGÓ S. 2007: Vadászati állattan. Mezőgazda kiadó, Budapest. 496 pp.

- FEGYVERNEKI S. 2011: Valószínűség-számítás és matematikai statisztika. Miskolc, 150 pp.
- FELFÖLDINÉ LÉVAI R. 2019: Egy klasszikus sertéspestis ellen kifejlesztett markervakcina hatékonysági vizsgálatai célállat fajon. PhD értekezés, Állatorvostudományi Egyetem, Állatorvostudományi Doktori Iskola. 94 pp.
- FONTANESI, L., RIBANI, A., SCOTTI, E., UTZERI, V.J., VELICKOVIC, N., DALL'OLIO, S. 2014: Differentiation of meat from European wild boars and domestic pigs using polymorphisms in the MC1R and NR6A1 genes. *Meat Sciences*, Vol 98, 781-784. pp.
- FORMAN, R.T.T. ÉS DEBLINGER, R.D. 2000: The ecological road-effect zone of a Massachusetts (U.S.A.) suburban highway. *Conservation Biology* 14(1): 36-46. pp.
- FRANTZ, A.C., ZACHOS, F.E., KIRSCHNING, J., CELLINA, S., BERTOUILLE, S., MAMURIS, Z., KOUTSOGIANNOULI, E.A., BURKE, T. 2013: Genetic evidence for introgression between domestic pigs and wild boars (*Sus scrofa*) in Belgium and Luxembourg: a comparative approach with multiple marker systems. *Biological Journal of the Linnean Society* 110: 104-115. pp.
- GÁLHIDY L. 2008: Az aljnövényzet fajösszetételének és tömegességének változásai középhegységi bükkösök mesterséges és széldöntés nyomán létrejövő lékjeiben. Doktori értekezés, ELTE TTK Biológia Doktori Iskola. 79 pp.
- GEISSER, H. ÉS REYER, H-U. 2004: Efficacy of hunting, feeding and fencing to reduce crop damage by wild boars. *Journal of Wildlife Management* 68(4): 939-946. pp.
- GIUFFRA, E., KIJAS, J.M.H., AMARGER, V., CARLBORG, Ö., JEON, J.T., ANDERSSON, L. 2000: The origin of domestic pig: independent domestication and subsequent introgression. *Genetics* 154: 1785-1791. pp.
- GOEDBLOED, D. J., MEGENS, H. J., VAN HOOFT, P., HERRERO-MEDRANO, J. M., LUTZ, W., ALEXANDRI, P., CROOIJMANS, R. P. M. A., GROENEN, M., VAN WIEREN, S. E., YDENBERG, R. C., PRINS, H. H. T 2012: Genome-wide single nucleotide polymorphism analysis reveals recent genetic introgression from domestic pigs into Northwest European wild boar populations. *Molecular Ecology* 22(3), 856-866. pp.

- GOULDING, M.J., SMITH, G., BAKER, S. 1998: Current status and potential impact of wild boar (*Sus scrofa*) in the English countryside: a risk assessment. Report to Conservation Management Division C, MAFF. 62 pp.
- GRICIUVUIENÉ, L., JANELIŪNAS, Z., JURGELEVICIUS, V., PAULAUSKAS, A. 2021: Genetic population structure of *Sus scrofa* in Lithuania before the african swine fever outbreak. Research Square, 10 pp.
- GROENEN, M.A., ARCHIBALD, A.L., UENISHI, H., TUGGLE, C.K., TAKEUCHI, Y., ROTHSCHILD, M.F. és mtsai. 2012: Analyses of pig genomes provide insight into porcine demography and evolution. Nature 491: 393-398. pp.
- GROENEN, M.A. 2016: A decade of pig genome sequencing: a window on pig domestication and evolution. Genetics Selection Evolution 48(23): 9 pp.
- GROSSI, S.F.; LUI, J.F., GARCIA, J.E., MEIRELLES, F.V. 2006: Genetic diversity in wild (*Sus scrofa scrofa*) and domestic (*Sus scrofa domestica*) pigs and their hybrids based on polymorphism of a fragment of the D-loop region in the mitochondrial DNA. Genetics and Molecular Research 5(4): 564-568. pp.
- GUILLOT, G., RENAUD, S., LEDEVIN, R., MICHAUX, J., CLAUDE, J. 2012: A unifying model for the analysis of phenotypic, genetic and geographic data. Systematic Biology 61(5): 897-911. pp.
- HAMMER, Ø., HARPER, D.A.T., RYAN, P.D. 2001: PAST: paleotological statistics software package for education and data analysis. Palaeontologica Electronica 4(1). 9 pp.
- HEDRICK, P.W. 1999: Perspective: highly variable loci and their interpretation in evolution and conservation. Evolution 53(2): 313-318. pp.
- HELTAI M., ANTAL CS., KOVÁCS F., RÁCZ K., CSÉPÁNYI P., NAGY A., CSÓKÁS A., SCHALLY G., CSÁNYI S. 2016: A vaddisznó budapesti előfordulásának jogi és biológiai háttere II. Erdészeti Lapok CLI(6): 191-194. pp.
- HOHMANN, U. 2016: What drives wild boar populations? IN: 11th International symposium on wild boar and other suids, abstract booklet. 43. pp.
- HORN P., PÁSZTHY GY., BENE SZ. 2011: Sertésenyésztés. 203 pp.

- HOSHINO, A.A., BRAVO, J.P., NOBILE, P.M., MORELLI, K.A. 2012: Microsatellites as tools for genetic diversity analysis. IN: Mahmut Caliskan (szerk.): Genetic diversity in microorganisms. 149-170. pp.
- HTTTP1 2017: http://www.webbeteg.hu/cikkek/fertozo_betegseg/16483/kukoricat-cimerezo-munkasok-kerultek-korhazba-leptospirozis-miatt letöltve: 2017.11.13.
- IACOLINA, L., PERTOLDI, C., AMILLS, M., KUSZA SZ., VIK STRONEN, A. és mtsai. 2018: Hotspots of recent hybridization between pigs and wild boars in Europe. Scientific Reports 8, doi: [10.1038/s41598-018-35865-8]
- ISSG 2015: Global Invasive Species Database: species profile *Sus scrofa*. 14 pp.
- IVANOVIC, S., PAVLOVIC, M., PAVLOVIC, I., SAVIC, B., NESIC, K., MITROVIC, R., BALTIC, B. 2021: Meat quality parameters of wild boar and commercial pig breeds. Meat Technology 62 (1). 13 pp.
- JOHNSON, R.N., WILSON-WIDE, L., LINACRE, A. 2014: Current and future directions of DNA in wildlife forensic science. Forensic Science International: Genetics 10, 1-11. pp.
- JONES, O. és WANG, J. 2010: COLONY: a program for parentage and sibship inference from multilocus genotype data. Molecular Ecology Resources 10: 551-555. pp.
- KALTENBRUNNER, M., MAYER, W., KERKHOFF, K., EPP, R., RÜGGERBERG, H., HOCHEGGER, R., CICHNA-MARKL, M. 2019: Differentiation between wild boar and domestic pig in food by targeting two gene loci by real-time PCR. Scientific Reports 9, 11 pp.
- KEULING, O. és LEUS, K. 2008: The IUCN red list of threatened species: wild boar. 21 pp.
- KHALILZADEH, P., REZAEI, H.R., FADAKAR, D., SERATI, M., ALIABADIAN, M., HAILE, J., GOSHTASB, H. 2016: Contact zone of Asian and European wild boar at North West of Iran. PlosOne <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0159499>
- KOCIOLEK, A., CLEVINGER, A. 2007: Highway Median Impacts on Wildlife Movement and Mortality. IN: Proceedings of the 2007 International Conference on Ecology and Transportation. 609-612. pp.

- KOŁODZIEJ, K., THEISSINGER, K., BRÜN, J., SCHULZ, H.K, SCHULZ, R. 2011: Determination of the minimum number of microsatellite markers for individual genotyping in wild boar (*Sus scrofa*) using a test with close relatives. *European Journal of Wildlife Research*, DOI 10.1007/s10344-011-0588-9
- KOWALEWSKA, A. 2019: Feral urban wild boars: Managing spaces of conflict with care and attention. *Przeład Kulturoznawczy* 4(42): 524-538. pp.
- KOZYRA, I., JABLONSKI, A., BIGORAJ, E., RZEUZKA, A. 2020: Wild boar as a sylvatic reservoir of hepatitis E virus in Poland: a cross-sectional population study. *Viruses* 12, 1133. 9 pp.
- KÓHALMI T. (szerk) 1994: *Vadászati enciklopédia*. Mezőgazda kiadó, Budapest. 628 pp.
- KUSZA SZ., PODGÓRSKI, T., SCANDURA, M., BOROWIK, T., JÁVOR A., SIDOROVICH, V.E., BUNEVICH, A.N., KOLESNIKOV, M., JEDRZEJEWSKA, B. 2014: Contemporary genetic structure, phylogeography and past demographic processes of wild boar *Sus scrofa* population in central and eastern Europe. *PLoS ONE* 9(3): e91401. 11 pp.
- LADDOMADA, A. 2000: Incidence and control of CSF in wild boar in Europe. *Veterinary Microbiology* 73: 121-130. pp.
- LANG, S., PESSON, B., KLEIN, F., SCHREIBER, A. 2000: Wildlife genetics and disease: allozyme evolution in the wild boar (*Sus scrofa*) caused by a swine fever epidemic. *Genetics Selection Evolution* 32, 303-310. pp.
- LAPIDGE, S., WISHART, J., STAPLES, L., FAGERSTONE, K., CAMPBELL, T., ELSEMANN, J. 2012: Development of a feral swine toxic bait (Hog-Gone) and bait hopper (Hog-Hopper) in Australia and the USA. *Proceedings of the 14th WDM Conference*. 19-24. pp.
- LARSON, G., DOBNEY, K., ALBARELLA, U., FANG, M., MATISOO-SMITH, E. és mtsai. 2005: Worldwide phylogeography of wild boar reveals multiple centers of pig domestication. *Science* 307: 1618-1621. pp.
- LEWIS, J.S., FARNSWORTH, M.L., BURDETT, C.L., THEOBALD, D.M., GRAY, M., MILLER, R.S. 2017: Biotic and abiotic factors predicting the global

- distribution and population density of an invasive large mammal. *Scientific Reports* 7:44152. 12 pp.
- LIN, Y-C., HSIEH, H-M., LEE, J-C-I., HSIAO, C-T., LIN, D-Y., LINACRE, A., TSAI, L-C. 2014: Establishing a DNA identification system for pigs (*Sus scrofa*) using a multiplex STR amplification. *Forensic Science International: Genetics* 9, 12-19. pp.
- LORENZINI, R., FANELLI, R., TANCREDI, F., SICLARI, A., GAROFALO, L. 2020: Matching STR and SNP Matching STR and SNP genotyping to discriminate between wild boar, domestic pig, and their recent hybrids for forensic purposes. *Scientific Reports*, Vol 10(3188).
- LOWE, S., BROWNE, M., BOUDJELAS, S., DE POORTER, M. 2000: 100 of the World's worst invasive alien species. A selection from the Global Invasive Species Database. 12 pp.
- MACCHI, E., TARANTOLA, M., PERRONE, A., PARADISO, M.C., PONZIO, G. 1995: Cytogenetic variability in the wild boar (*Sus scrofa scrofa*) in Piedmont (Italy): Preliminary data. *Ibex Journal of Mountain Ecology* 3: 17-18. pp.
- Magyarország Kormánya, 2018: Az Agrárminiszter 10-14/2018(VII.3.) AM rendelete a ... Vadgazdálkodási Táj vadgazdálkodási tájegységeinek vadgazdálkodási tervéről. *Magyar Közlöny*, 2018/104, 8945-9040. pp.
- MANNI, F., GUÉRARD, E., HEYER, E. 2004: Geographic patterns of (genetic, morphologic, linguistic) variation: how barriers can be detected by „Monmonier's algorithm”. *Human Biology*, 76(2), 173-190. pp.
- MANUNZA, A., AMILLS, M., NOCE, A., CABRERA, B., ZIDI, A., EGHBALSALIED, S., CARRILO DE ALBORNOZ, E., PORTELL, M., MERCADÉ, A., SÁNCHEZ, A., BALTEANU, V. 2016: Romanian wild boars and Mangalitzta pigs have a European ancestry and harbour genetic signatures compatible with past population bottlenecks. *Scientific Reports* 6:29913, DOI: 10.1038/srep29913
- MARSICO, G., RASULO, A., DIMATTEO, S., TARRICONE, S., PINTO, F., RAGNI, M. 2007: Pig, F1 (wild boar x pig) and wild boar meat quality. *Italian Journal of Animal Science* 6(1) 701-703

- MASSEI, G. és GENOV, P.V. 2004: The environmental impact of wild boar. *Galemys*, 16, 135-145. pp.
- MASSEI, G., KINDBERG, J., LICOPPE, A., GACIC, D., SPREM, N. ÉS MTSAL. 2014: Wild boar populations up, number of hunters down? A review of trends and implications for Europe. *Pest Management Science*. DOI 10.1002/ps.3965. 10 pp.
- MÁTYÁS CS. (szerk.) 1996: Erdészeti ökológia. Mezőgazda Kiadó, Budapest. 218 pp.
- MAYER, J.J. és BRISBIN, I.L. JR. 2009: Wild pigs – biology, damage, control techniques and management. Savannah River National Laboratory, Aiken, South Carolina. 408 pp.
- MAYER, W., HOCHEGGER, R. 2011: Discrimination of two alleles of the melanocortin receptor 1 gene to discern European wild boar (*Sus scrofa scrofa*) and domestic pig (*Sus scrofa domestica*) in meat products by real-time PCR. *European Food Research and Technology* 232, 687-692. pp.
- MELIS, C., SZAFRANSKA, P.A., JEDRZEJEWSKA, B., BARTON, K. 2006: Biogeographical variation in the population density of wild boar (*Sus scrofa*) in western Europa. *Journal of Biogeography* 33: 803-811. pp.
- MRÁZ B. ÉS KATONA K. 2014: Állati magterjesztés, kiemelten a vaddisznó (*Sus scrofa*) szerepe a növényzeti mintázatok kialakulásában – áttekintés. *Gyepgazdálkodási Közlemények* 2014(1-2), 39-47. pp.
- MUJIBI, F.D., OKOTH, E., CHERUIYOT, E.K., ONZERE, C., BISHOP, R.P., FEVRE, E.M., THOMAS, L., MASEMBE, C., PLASTOW, G., ROTHSCILD, M. (2018): Genetic diversity, breed composition and admixture of Kenyan domestic pigs. *Plos ONE* <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0190080>. 15 pp.
- NAGY E. 2004: Vaddisznó-gazdálkodásunk időszerű kérdései. IN: A vadgazdálkodás időszerű kérdései 3: Vaddisznó. Dénes Natur Műhely, Pusztazámor. 51 pp.
- NÁHLIK A., SÁNDOR GY., TARI T. 2013: A vaddisznó (*Sus scrofa*) szaporulatának alakulása egy szabadterületi populációban. *Erdészettudományi Közlemények* 3(1): 261-269. pp.
- NÁHLIK A. ÉS SÁNDOR GY. 2004: Egy vaddisznó populáció szaporodóképessége. *Vadbiológia* 11, 55-64. pp.

- NÉBIH, 2014: Rövid ismertető az afrikai sertéspestisről és Közép-Európai megjelenésének veszélyéről. 6 pp.
- NÉBIH, 2018: portal.nebih.gov.hu /afrikai-sertespestis. letöltve: 2018.05.02.
- NÉBIH 2021: ASP előfordulások/esetek honlap <https://portal.nebih.gov.hu/asp-elofordulasok>. letöltve: 2021.03.08.
- NIEDZIALKOWSKA, M., TARNOWSKA, E., LIGMANOWSKA, J., JEDRZEJEWSKA, B., PODGÓRSKI, T., RADZISZEWSKA, A., RATAJCZYK, I., KUSZA SZ., BUNEWICH, A.N., DANILA, G., SHKVYRIA, M., GRZYBOWSKI, T., WOZNIAK, M. 2021: Clear phylogeographic pattern and genetic structure of wild boar *Sus scrofa* population in Central and Eastern Europe. Scientific Reports 2021/11:9680. 16 pp.
- NIELSEN, E.E.G., BACH, L., KOTLICKI, P. 2006: Hybridlab (version 1.0): a program for generating simulated hybrids from population samples. Molecular Ecology Notes 6, 971-973. pp.
- NIKOLOV, I.S., STOECKLE, B.C., MARKOV, G., KUEHN, R. 2017: Substantial hybridization between wild boars (*Sus scrofa scrofa*) and East Balkan pigs (*Sus scrofa f. domestica*) in natural environment as a result of semi-wild rearing in Bulgaria. Czech Journal of Animal Science, Vol 62(1), 1-8. pp.
- OIE 2020: Global situation of african swine fever. Report no.47: 2016-2020. 2 pp.
- OJA, R. 2017: Consequences of supplementary feeding of wild boar – concern for ground-nesting birds and endoparasite infection. Dissertationes Biologicae Universitatis Tartuensis 322, 73 pp.
- OKARMA, H., JEDRZEJEWSKA, B., JEDRZEJEWSKY, W., KRASINSKI, A., MILKOWSKI, L. 1995: The roles of predation, snow cover, acorn crop, and man-related factors of ungulate mortality in Bialowieza Primeval Forest. Poland Acta Theriologica 40, 197-217. pp.
- PEAKALL, R. és SMOUSE, P.E. 2012: GenAIEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research – an update. Bioinformatics 28(19), 3 pp.
- PÉREZ-GONZÁLEZ, J., COSTA, V., SANTOS, P., CARRANZA, J., ZSOLNAI A., FERNÁNDEZ-LLARIO, P., MONTEIRO, N.M., ANTON I., BEJA-PERREIRA,

- A. 2017: Heterozygosity decrease in wild boar mating system – a case of outbreeding avoidance? *Journal of Zoology*, 302(1), 9 pp.
- PITTIGLIO, C., KHOMENKO, S., BELTRAN-ALCRUDO, D. 2018: Wild boar mapping using population-density statistics: From polygons to high resolution raster maps. *Plos One* 13(5): 19 pp.
- PORGÓRSKI, T. 2013: Effect of relatedness on spatial and social structure of the wild boar *Sus scrofa* population in Bialowieza Primeval Forest. Doktori disszertáció, Varsói Egyetem. 92 pp.
- PRITCHARD, J.K., STEPHENS, M., DONNELLY, P. 2000: Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* 155: 945–959. pp.
- RANDI, E. 1995: Conservation genetics of the genus *Sus*. *IBEX Journal of Mountain Ecology* 3: 6-12.pp.
- REBALA, K., RABTSAVA, A.A., KOTOVA, S.A., KIPEN, V.N., ZHURINA, N.V., GANDZHA, A.I., TSYBOWSKY, I.S. 2016: STR profiling for discrimination between wild and domestic swine specimens and between main breeds of domestic pigs reared in Belarus. *PLoS ONE* DOI: 10.1371. 14 pp.
- REINER, G., RUMPEL, M., ZIMMER, K., WILLEMS, H. 2021: Genetic differentiation of wild boar populations in a region endangered by African swine fever. *The Journal of Wildlife Management* 85(3): 423-436. pp.
- REJDUCH, B., SLOTA, E., RÓZYCKI, M., KOSCIELNY, M. 2003: Chromosome number polymorphism in a litter of European wild boar (*Sus scrofa scrofa* L.) *Animal Science Papers and Reports* 21: 57-62. pp,
- ROBINSON, J.T., THORVALDSDOTTIR, H., WINCKLER, W., GUTTMAN, M., LANDER, E.S., GETZ, G., MESIROV, J.P. 2011: Integrative Genomic Viewer. *Nature Biotechnology* 29, 24-26.
- RUIZ-FONS, F., SEGALÉS, J., GORTÁZAR, C. 2008: A review of viral diseases of the European wild boar: Effects of population dynamics and reservoir role. *The Veterinary Journal* 176, 158-169. pp.
- SALES, J., KOTRBA, R. 2013: Meat from wild boar (*Sus scrofa* L.): A review. *Meat Science* 94, 187-201. pp.

- SARWAR, M. 2019: Raiding of agricultural crops and forests by wild boar (*Sus scrofa* L.) and its mitigation tricks. *Journal of Scientific Agriculture* 3(15): 1-5. pp.
- SCANDURA, M., IACOLINA, L., CRESTANELLO, B., PECCHIOLI, E., DI BENEDETTO, M.F., RUSSO, V., DAVOLI, R., APOLLONIO, M., BERTORELLE, G. 2008: Ancient vs recent processes as factors shaping the genetic variation of the European wild boar: are the effects of the last glaciation still detectable? *Molecular Ecology* 17: 1745-1762. pp.
- SCANDURA, M., BIOSA, D., IACOLINA, L., APOLLONIO, M. 2011a: Genetic population structure, landscape features and human perturbation in the Sardinian wild boar. *International Conference in Landscape Genetics, Book of Abstracts*, 21. pp. Bialowieza, 2011 október 10-12.
- SCANDURA, M., IACOLINA, L., APOLLONIO, M. 2011b: Genetic diversity in the European wild boar *Sus scrofa*: phylogeography, population structure and wild x domestic hybridization. *Mammal Review* 41(2): 125-137. pp.
- SCHLEY, L. és ROPER, T.J. 2003: Diet of wild boar *Sus scrofa* in Western Europe, with particular reference to consumption of agricultural crops. *Mammalian Review* 33(1): 43-56. pp.
- SENAN, S., KIZHAKAYIL, D., SASIKUMAR, B., SHEEJA, T.E. 2014: Methods for development of microsatellite markers: an overview. *Notulae Scientia Biologicae* 6(1): 1-13. pp.
- SPITZ, F-J., G.-VALET, G. 1984: Éléments de démographie du sanglier (*Sus scrofa*) dans le région de Grésigne. *Acta oecologica* 5: 43-59. pp. IN: Kóhalmi T. (szerk.) (1994): *Vadászati enciklopédia. Mezőgazda kiadó, Budapest.* 628 pp.
- SPREM, N., SALAJPAL, K., SAFNER, T., DIKIC, D., JURIC, J., CURIK, I. DIKIC, M., CUBRIC-CURIK, V. 2014: Genetic analysis of hybridization between domesticated endangered pig breeds and wild boar. *Livestock Science*, Vol 162, 1-4. pp.
- SZEMETHY D., MIHALIK B., FRANK K., NAGY T., ÚJVÁRY D., KUSZA SZ., SZEMETHY L., BARTA E., STÉGER V. 2020: Development of wild boar species-specific DNA markers for a potential quality control and traceability method in meat products. *Food Analytical Methods* 2020/14, 18-27. pp.

- SZEMETHY L. 2005: Vadászati állattan és etológia: emlősök. Szent István Egyetem, Gödöllő. 103 pp.
- TABERLET, P., WAITS, L.P., LUIKART, G. 1999: Noninvasive genetic sampling: look before you leap. *TREE* 14(8): 323-327. pp.
- TAJCHMAN, K., DROZD, L., KARPINSKI, M., CZYZOWSKI, P., GOLEMAN, M. 2018: Population genetics structure of wild boars in Poland. *Russian Journal of Genetics* 54(5): 548-553. pp.
- THURFJELL, H., BALL, J.P., AHLEN, P-A., KORNACHER, P., DETTKI, H., SJÖBERG, K. 2009: Habitat use and spatial patterns of wild boar *Sus scrofa* (L.): agricultural fields and edges. *European Journal of Wildlife Research* 55, 517-523. pp.
- TOIGO, C., SERVANTY, S., GAILLARD, J.M., BRANDT, S., BAUGET, E. 2007: Disentangling natural from hunting mortality in an intensively hunted wild boar population. *The Journal of Wildlife Management* 72(7): 1532-1539. pp.
- TULASSAY ZS. 2010: A belgyógyászat alapjai 1. Medicina Könyvkiadó Zrt. Budapest. 1335 pp.
- USDA, 2020: History of Feral Swine in the Americas. <https://www.aphis.usda.gov/aphis/ourfocus/wildlifedamage/operational-activities/feral-swine/sa-fs-history>. letöltve: 2021. 05.14.
- VALE-GONCALVES, H.M., CABRAL, J.A., FARIA, M.C., NUNES-PEREIRA, M., FARIA, A.S., VELOSO, O., VIEIRA, M.L., PAIVA-CARDOSO, M.N. 2015: Prevalence of *Leptospira* antibodies in wild boars (*Sus scrofa*) from Northern Portugal: risk factor analysis. *Epidemiology & Infection*, 143(10): 2126-2130. pp.
- VALENTINI, A., POMPANON, F., TABERLET, P. 2008: DNA barcoding for ecologists. *Trends in Ecology and Evolution* 24(2): 110-117. pp.
- VELICKOVIC, N., DAN, M., FERREIRA, E., KOCIS TUBIC, N., OBREHT, D., BEUKOVIC, N., FONSECA, C. 2014: Comparative analysis of wild boar and domestic pig populations based on microsatellite data. Book of 3rd International Symposium of Hunting, Belgrade, Serbia 26-28 September, 2014. 139-143. pp.
- VELICKOVIC, N., FERREIRA, E., DJAN, M., ERNST, M., OBREHT VIDAKOVIC, D., MONACO, A., FONSECA, C. 2016: Demographic history, current expansion

and future management challenges of wild boar populations in the Balkans and Europe. *Heredity* 2016: 1-10. pp.

VERNESI, C., CRESTANELLO, B., PECCHIOLI, E., TARTARI, D., CARAMELLI, D., HAUFFE, H., BERTORELLE, G. 2003: The genetic impact of demographic decline and reintroduction in the wild boar (*Sus scrofa*): A microsatellite analysis. *Molecular Ecology* 12, 11 pp.

VIGNE, J-D., ZAZZO, A., SALIÉGE, J-F., POPLIN, F., GUILAINE, J., SIMMONS, A. 2009: Pre-neolithic wild boar management and introduction to Cyprus more than 11,400 years ago. *PNAS* 106(38): 16135-16138. pp.

VÖRÖS G. 2009: Amit tudnunk kell a vadhúsról. *Vadászévkönyv 2009*

WANG, J. és SANTURE, A.W. 2009: Parentage and sibship inference from multilocus genotype data under polygamy. *Genetics* 181: 1579-1594. pp.

ZMUDZKI, J., JABLONSKI, A., NOWAK, A., ZEBEK, S., ARENT, Z., BOCIAN, L., PEJSAK, Z. 2016: First overall report of *Leptospira* infections in wild boars in Poland. *Acta Veterinaria Scandinavia* 58(3). 5 pp.

ZSOLNAI A., TÓTH G., MOLNÁR J., STÉGER V., MARINCS F., JÁNOSI A., UJHELYI G., KOPPÁNYNÉ SZABÓ E., MOHR A., ANTON I., SZÁNTÓ-EGÉSZ R., SIPOS R., EGERSZEGI I., DALLMANN K., TÓTH P., MICSINAI A., BRÜSSOW, K-P., RÁTKY J. 2013: Looking for breed differentiating SNP loci and for a SNP set for parentage testing in *Mangalica*. *Archiv Tierzucht* 56(19): 200-207. pp.

ZSOLNAI A., CSÓKÁS A., SZABÓ L., PATKÓ L., CSÁNYI S., MÁRTON M., LAKATOS E.A., ANTON I., DEUTSCH F., HELTAI M. 2022: Genetic adaptation to urban living: molecular DNA analyses of wild boar populations in Budapest and surrounding area. *Mammalian Biology* 102: 221-234. pp.

13 PUBLIKÁCIÓS LISTA



**DEBRECENI
EGYETEM**

**DEBRECENI EGYETEM
EGYETEMI ÉS NEMZETI KÖNYVTÁR**

H-4002 Debrecen, Egyetem tér 1, Pf.: 400
Tel.: 52/410-443, e-mail: publikaciok@lib.unideb.hu

Nyilvántartási szám: DEENK/419/2022.PL
Tárgy: PhD Publikációs Lista

Jelölt: Mihalik Bendegúz
Doktori Iskola: Állattenyésztési Tudományok Doktori Iskola
MTMT azonosító: 10058463

A PhD értekezés alapjául szolgáló közlemények

Idegen nyelvű tudományos közlemények hazai folyóiratban (2)

1. **Mihalik, B.**, Frank, K., Szemethy, D., Stéger, V., Kusza, S.: Development of an InDel marker set to establish hybridization between wild boar and domestic pig (*Sus scrofa*) breeds.
Agrártud. Közl. 2019 (1), 21-25, 2019. ISSN: 1587-1282.
DOI: <http://dx.doi.org/10.34101/actaagrar/1/2364>
2. Wanjala, G., **Mihalik, B.**, Stéger, V., Kusza, S.: Lake Balaton as a geographical barrier for gene flow between wild boar (*Sus scrofa*) populations in Hungary.
Acta Agronom. Óváriens. 58 (2), 36-55, 2017. ISSN: 1416-647X.

Idegen nyelvű tudományos közlemények külföldi folyóiratban (4)

3. Szemethy, D., **Mihalik, B.**, Frank, K., Nagy, T., Újváry, D., Kusza, S., Szemethy, L., Barta, E., Stéger, V.: Development of Wild Boar Species-Specific DNA Markers for a Potential Quality Control and Traceability Method in Meat Products.
Food Anal. Methods. 2020, 1-10, 2020. ISSN: 1936-9751.
DOI: <http://dx.doi.org/10.1007/s12161-020-01840-1>
IF: 3.366
4. **Mihalik, B.**, Kusza, S., Stéger, V., Wanjala, G., Németh, Z.: Effects of natural and artificial barriers on the genetic diversity of game species: a review.
Balk. J. Wildl. Res. 5 (1), 1-18, 2020. EISSN: 2335-0113.
DOI: <http://dx.doi.org/10.15679/bjwr.v5i1.61>
5. **Mihalik, B.**, Frank, K., Astuti, P. K., Szemethy, D., Szendrei, L., Szemethy, L., Kusza, S., Stéger, V.: Population Genetic Structure of the Wild Boar (*Sus scrofa*) in the Carpathian Basin.
Genes. 11 (10), 1-9, 2020. ISSN: 2073-4425.
DOI: <http://dx.doi.org/10.3390/genes11101194>
IF: 4.096
6. **Mihalik, B.**, Stéger, V., Frank, K., Szendrei, L., Kusza, S.: Barrier effect of the M3 highway in Hungary on the genetic diversity of wild boar (*Sus scrofa*) population.
Res. J. Biotechnol. 13 (12), 32-38, 2018. ISSN: 0973-6263.





További közlemények

Magyar nyelvű tudományos közlemények hazai folyóiratban (2)

7. Frank, K., Fehér, P., **Mihalik, B.**, Stéger, V.: Genetikai vizsgálatok a vadgazdálkodás szolgálatában.
Vadászévkönyv. 2019, 150-157, 2019. ISSN: 1419-4732.
8. Rung, Á., **Mihalik, B.**, Beke, J., Heltai, M.: A dolmányos varjú tavaszi és kora nyári táplálkozásának vizsgálata a Kiskunságban.
Vadbiológia. 17, 68-77, 2015. ISSN: 0237-5710.

Idegen nyelvű tudományos közlemények hazai folyóiratban (1)

9. **Mihalik, B.**: Maximal sustainable harvesting, as a method of raising the wildlife management's incomes.
Rev. Agric. Rural Dev. 5 (1-2), 38-43, 2016. ISSN: 2677-0792.

Idegen nyelvű tudományos közlemények külföldi folyóiratban (1)

10. Ashrafzadeh, M. R., Khosravi, R., Fernandes, C., Aguayo, C., Bagi, Z., Lavadinović, V. Z., Szendrei, L., Beukovic, D., **Mihalik, B.**, Kusza, S.: Assessing the origin, genetic structure and demographic history of the common pheasant (*Phasianus colchicus*) in the introduced European range.
Sci. Rep. 11 (1), 1-14, 2021. EISSN: 2045-2322.
DOI: <https://doi.org/10.1038/s41598-021-00567-1>
IF: 4.996

Idegen nyelvű absztrakt kiadványok (7)

11. Fehér, P., Szepesi, K., Frank, K., Heltai, B., **Mihalik, B.**, Újváry, D., Szilágyi, I., Gombkötő, P., Szemethy, L., Stéger, V.: Development of genetic monitoring methods for hungarian large carnivores: Canidae.
In: *Fiatel Biotechnológusok Országos Konferenciája*. Szerk.: Tamás László, Zelenyánszki Helga, JATEPress, Szeged, 67, 2018. ISBN: 9789633153703
12. Heltai, B., Szepesi, K., Frank, K., Fehér, P., Tokár, A., **Mihalik, B.**, Bognár, G., Kolics, Horváth, É., Barta, E., Bodó, S., Kolics, B., Stéger, V.: Development of microsatellite markers related to the hygienic behaviour of honey bees.
In: *Fiatel Biotechnológusok Országos Konferenciája*. Szerk.: Tamás László, Zelenyánszki Helga, JATEPress, Szeged, 68, 2018.
13. **Mihalik, B.**, Frank, K., Szemethy, D., Stéger, V., Barta, E., Kusza, S.: Genetic structure of the Hungarian wild boars (*Sus scrofa*) - initial results.
In: *12th International Symposium on Wild Boar and Other Suids : Book of Abstracts*, Mendel University in Brno, Brno, 52, 2018. ISBN: 9788075095640





14. **Mihalik, B.**, Frank, K., Barta, E., Stéger, V., Kusza, S.: M3 highway as a potential barrier of wild boar (*Sus scrofa*) in Hungary.
In: Modern Aspects of Sustainable Management of Game Populations : Book of Abstracts, [University of Forestry], [Sofia], 55, 2018.
15. Fehér, P., Frank, K., Heltai, B., Szepesi, K., **Mihalik, B.**, Barta, E., Újváry, D., Gombkötő, P., Szemethy, L., Stéger, V.: Genetic monitoring of Hungarian carnivores: Felidae.
In: Hungarian Molecular Life Sciences : Book of Abstracts. Ed.: Zsuzsanna, Heiszler, Róbert Hohol, Nóra Éles-Etele, Diamond Congress Kft, Budapest, 249-250, 2017. ISBN: 9786155270345
16. **Mihalik, B.**, Szemethy, D., Frank, K., Szepesi, K., Heltai, B., Fehér, P., Újváry, D., Szemethy, L., Barta, E., Stéger, V., Kusza, S.: Preliminary report on genetic structure of the Hungarian wild boars (*Sus scrofa*).
In: International Scientific Symposium "Bioengineering of Animal Resources 2017": Book of Abstracts. Ed.: M. Dragomirescu, N. Pacala, I. Pet, L. Stef, Banat's University of Agricultural Sciences and Veterinary Medicine, Temesvár, 1, 2017.
17. Szemethy, D., Frank, K., Szepesi, K., **Mihalik, B.**, Újváry, D., Szemethy, L., Barta, E., Stéger, V.: Development of wild boar species-specific DNA markers.
In: 11th International Symposium on Wild Boar & Other Suids : Abstract booklet, [s. n.], Luxembourg, 51, 2016 .

A közlő folyóiratok összesített impakt faktora: 12,458

A közlő folyóiratok összesített impakt faktora (az értekezés alapjául szolgáló közleményekre): 7,462

A DEENK a Jelölt által az iDEa Tudóstérbe feltöltött adatok bibliográfiai és tudományometriai ellenőrzését a tudományos adatbázisok és a Journal Citation Reports Impact Factor lista alapján elvégezte.

Debrecen, 2022.09.07.



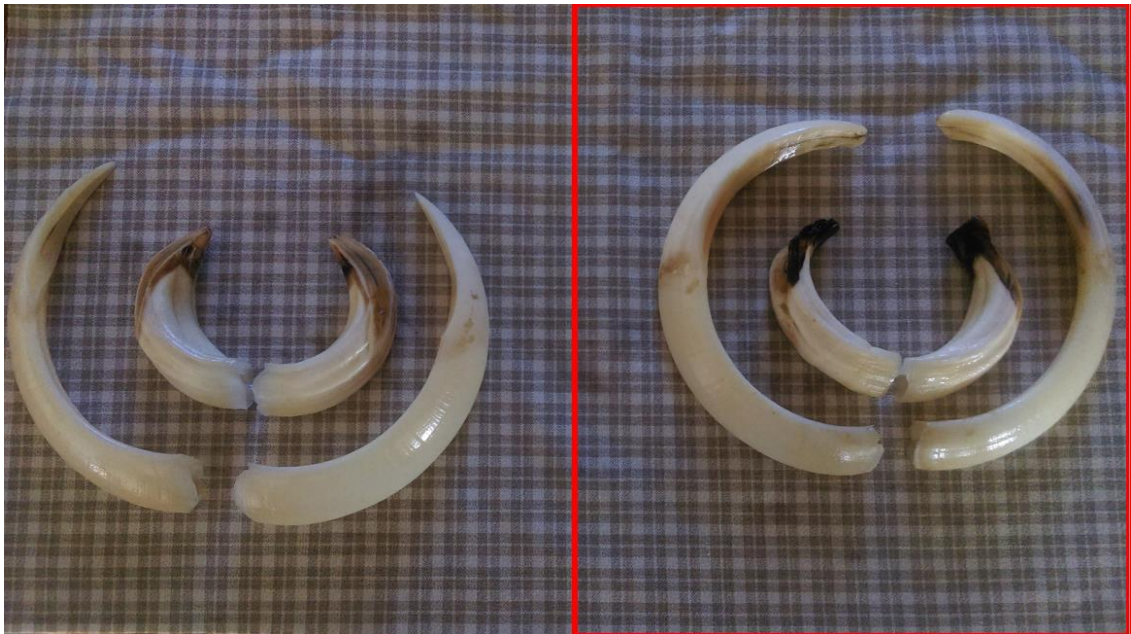
14 MELLÉKLETEK

14.1 Egy további gyakorlati hasznosítási mód: a trófeahamisítás kiszűrése - esettanulmány

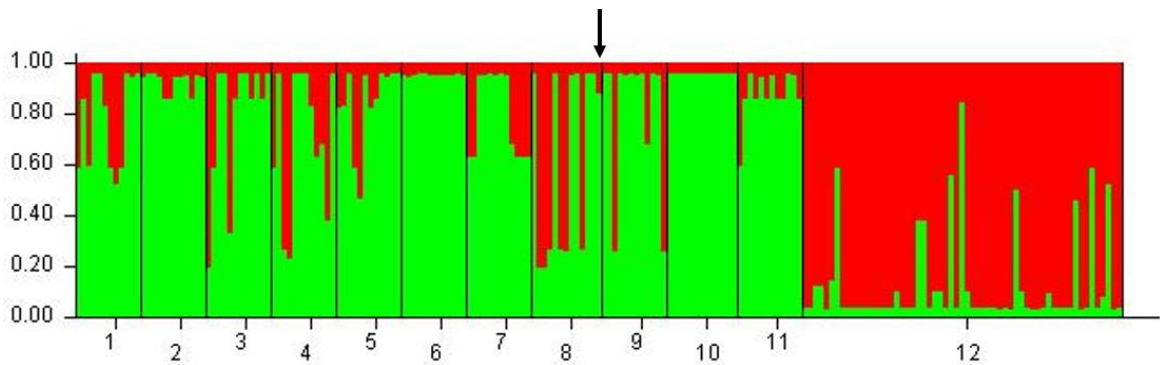
Az alábbi esettanulmány egy kiemelkedően nagyméretű házi sertés agyar kapcsán készült (3. és 4. kép). Az állatot Kecelen vágták le, majd az állat gazdája az agyarakat a trófeakikészítés lépései szerint szakszerűen preparálta. Mivel az agyarakat ebben a formában nehéz megkülönböztetni a vaddisznó agyarától (a kisagyarak végén látható fekete rész a perzseléskor keletkezett) (5, kép), ezért kíváncsiságból a belső felületéről mintát vettünk, majd a korábban már említett módszerrel izoláltuk, az InDel markerszett használatával PCR módszerrel felszaporítottuk a csontból kinyert DNS-t, majd elvégeztük a fajtaazonosító genetikai vizsgálatokat (39. ábra).



3. és 4. kép: Az ismert egyed életében (mangalica x duroc hibrid)



5. kép: Vaddisznó agyar (balra) összevetve mangalica/duroc agyarral



39. ábra: A kérdéses egyed klaszterezés után (nyíllal jelölve)

Jelmagyarázat: 1-11-es csoportok: házi sertésfajták, 12-es csoport: vaddisznók,

Minden egyes függőleges vonal egy egyedet jelöl

Színmagyarázat: zöld: házi sertés, piros: vaddisznó

Az állat besorolását (vagyis, hogy nem vaddisznó) a genetikai vizsgálat is megerősítette. Ugyan esetünkben ez nem is volt kérdéses, mivel az egyed életében is láttuk, de ezáltal sikerült bizonyítani, hogy a vizsgálat elvégzése kétes eredetű trófeák esetében bizonyítékot adhat annak eredetével kapcsolatban.

15 KÖSZÖNETNYILVÁNÍTÁS

Ezúton szeretnék köszönetet mondani minden közreműködőnek, aki dolgozatom elkészültéhez valamilyen módon hozzájárult.

Elsősorban köszönettel tartozom témavezetőmnek, Dr. Kusza Szilviának és külső témavezetőmnek, Dr. Stéger Viktornak, hogy kutatásomhoz szükséges szakmai, tárgyi és anyagi háttérrel biztosították, valamint az irányomba mutatott türelmükért és elhivatottságukért.

Köszönetet szeretnék mondani a MATE-GBI Alkalmazott Vad-és Haszonállat Genomikai Csoport minden tagjának, külön kiemelve Dr. Frank Krisztiánt és Szemethy Dánielt, a tőlük kapott segítségért.

Ezúton köszönöm Dr. Szemethy Lászlónak, hogy tanácsokkal és javaslatokkal látott el az elvégzendő vizsgálatokkal kapcsolatban.

Szeretném megköszönni a mintavételhez nyújtott segítséget Buzánszky Láng Mónikának (Öreglak Vadfeldolgozó Kft.), Balogh Gyulának (Sárrét-Vad Kft.) és Villányi Péternek (Villányi-Vad Kft.) valamint összes munkatársuknak, akik a vadfeldolgozóknak a rendelkezésemre álltak. Ezen kívül köszönet illeti Dr. Szendrei Lászlót, Dr. Farkas Pétert és Újváry Dórát, hogy további mintákat biztosított vizsgálataimhoz.

Végezetül szeretném megköszönni családomnak és barátaimnak, akik az évek során mindvégig biztattak és mellettem álltak.

A kutatás az Emberi Erőforrások Minisztériuma ÚNKP-17-3, valamint ÚNKP-19-3 kódszámú Új Nemzeti Kiválóság Programjának támogatásával készült.

Vizsgálataimhoz forrást biztosított az EFOP-3.6.3-VEKOP-16-2017-00008-as kutatási projekt.

16 NYILATKOZATOK

16.1 Doktorjelölt nyilatkozata

Ezen értekezést a Debreceni Egyetem Állattenyésztési Tudományok Doktori Iskola keretében készítettem, a Debreceni Egyetem doktori (Ph.D.) fokozatának elnyerése céljából.

Debrecen, 20.....

.....

a jelölt aláírása

16.2 Témavezetői nyilatkozatok

Tanúsítom, hogy doktorjelölt 20.....-20..... között a fent megnevezett Doktori Iskola keretében irányításommal/irányításunkkal végezte munkáját. Az értekezésben foglalt eredményekhez a jelölt önálló alkotó tevékenységével meghatározóan hozzájárult, az értekezés a jelölt önálló munkája. Az értekezés elfogadását javaslom/javasoljuk.

Debrecen, 20.....

.....

Dr. Kusza Szilvia

.....

Dr. Stéger Viktor