

DOKTORI (Ph.D.) ÉRTEKEZÉS

Véghné Tóth Bianka Mónika

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

**A MAGYARORSZÁGI ÁRUTERMELŐ PONTY (*CYPRINUS CARPIO* L.)
ÁLLOMÁNYOK GÉNTARTALÉKAINAK VIZSGÁLATA MITOKONDRIÁLIS
ÉS MIKROSZATELLIT MARKEREKRE ALAPOZVA**

Készítette:

VÉGHNÉ TÓTH BIANKA MÓNICA
doktorjelölt

Debrecen

2022

**A MAGYARORSZÁGI ÁRUTERMELŐ PONTY (*CYPRINUS CARPIO* L.)
ÁLLOMÁNYOK GÉNTARTALÉKAINAK VIZSGÁLATA MITOKONDRIÁLIS ÉS
MIKROSZATELLIT MARKEREKRE ALAPOZVA**

Értekezés a doktori (Ph.D.) fokozat megszerzése érdekében
az állattenyésztési tudományok tudományágban

Írta: **VÉGHNÉ TÓTH BIANKA MÓNICA** okleveles biológus

Készült a Debreceni Egyetem Állattenyésztési Tudományok Doktori Iskola
(Genomika programja) keretében

Témavezető: Dr. Kusza Szilvia D.Sc.

Az értekezés bírálói:

név	fokozat	aláírás
.....		
.....		

A bírálóbizottság:

	név	fokozat	aláírás
elnök:			
tag:			
titkár:			

Az értekezés védésének időpontja: 20.... ..

„Úgy látszik az életnek, mindennek, ami él, nincs más célja, mint a lehető végső időig
megmaradni és megújulni.”
Márai Sándor

TARTALOMJEGYZÉK

1. BEVEZETÉS.....	1
2. IRODALMI ÁTTEKINTÉS	3
2.1. Az akvakultúra helyzete a világon, az Európai Unióban és Magyarországon	3
2.2. A ponty rendszertana, általános jellemzői és jelentősége	6
2.3. A ponty (<i>Cyprinus carpio</i> L.) származása és elterjedésének története	9
2.4. A vizsgálatba vont magyar pontytájfajták rövid jellemzése	12
2.5. A ponty genetikai jellemzői	17
2.6. A ponty molekuláris genetikai vizsgálatai	18
2.6.1. Transzferrin-polimorfizmus	18
2.6.2. Mitokondriális DNS (mtDNS)	19
2.6.3. Restrikciós fragment-hossz polimorfizmus (RFLP).....	25
2.6.5. Miniszatellit (Változó Számú Tandem Ismétlődés – VNTR)	26
2.6.6. Mikroszatellitek (Egyszerű Szekvencia Ismétlődések – SSR; Rövid Tandem Ismétlődések – STR)	27
2.6.7. Újgenerációs szekvenálás ponty fajban	33
2.7. Markertípusok kiválasztásának lehetőségei	35
2.8. A magyar pontytájfajták természetvédelmi vonatkozásai.....	39
3. ANYAG ÉS MÓDSZER.....	41
3.1. Mintagyűjtés.....	41
3.2. Genomiális DNS izolálása	42
3.3. Mikroszatellit markeren alapuló vizsgálat	42
3.4. Mitokondriális DNS vizsgálat.....	47
4. EREDMÉNYEK	52
4.1. Mikroszatellit markeren alapuló vizsgálat eredményei.....	52
4.1.1. Genetikai sokféleség paraméterei.....	52
4.1.2. Genetikai szerkezetre vonatkozó adatok	60
4.2.1. Genetikai sokféleség paraméterei.....	62
4.2.2. Genetikai szerkezetre vonatkozó adatok	65
5. KÖVETKEZTETÉSEK ÉS JAVASLATOK.....	71
6. ÚJ TUDOMÁNYOS EREDMÉNYEK	75
7. AZ EREDMÉNYEK GYAKORLATI HASZNOSÍTHATÓSÁGA.....	76
8. ÖSSZEFOGLALÁS.....	77

9. SUMMARY	80
10. IRODALOMJEGYZÉK	83
11. PUBLIKÁCIÓK AZ ÉRTEKEZÉS TÉMAKÖRÉBEN.....	100
12. MELLÉKLETEK	105
13. RÖVIDÍTÉSEK JEGYZÉKE	120
14. ÁBRÁK JEGYZÉKE	122
15. TÁBLÁZATOK JEGYZÉKE	123
16. MELLÉKLETEK JEGYZÉKE	124
17. KÖSZÖNETNYILVÁNÍTÁS	125
18. NYILATKOZATOK	127

1. BEVEZETÉS

A domesztikált fajok tenyésztéséhez hasonlóan a vízi fajok domesztikációja is az evolúciós nyomás egyik formája. Az evolúciós nyomás hatásainak vizsgálata elengedhetetlen az akvakultúra gyakorlatának javításához. Ezen hatások érvényesülését a molekuláris genetika alkalmazása felfedheti és felhasználható az akvakultúra gyakorlatának javítására. Az antropogén hatások befolyásolhatják a fogva tartott populációk genetikai szerkezetét, kiemelten a kereskedelmi érdekek miatt szaporított formákat. Mindebből kifolyólag rendkívül fontos a genetikai sokféleség ismerete azon szakemberek számára, akik az állományukat javítani szeretnék. Továbbá a fogva tartott populációk genetikai szintű megismerése nélkülözhetetlen az állattenyésztési gyakorlatok megértése szempontjából. Mindezekon kívül egy faj genetikai variációja meghatározza a természetben való túlélési képességét, valamint befolyásolja alkalmazkodó képességét a különböző környezeti változásokra. Tehát egy faj fennmaradásához, valamint rezisztenciájához genetikai variációra van szükség. A genetikai variációk kezeléséhez szükséges a fajok, fajták, tájfajták genetikai sokféleségének jellemzése, mindezen felül a fajok genetikai állapotának állandó figyelemmel kísérése elengedhetetlen megőrzésükhöz és kezelésükhöz.

A különböző halgazdaságokban gazdaságilag jelentős ponty (*Cyprinus carpio* L.) halfajnak világszerte próbálják javítani genetikai állományát betelepítések, keresztezések révén. Ennek ellenére azonban a fajt számos veszély fenyegeti, mint például a homogenizálódott génkészlet a fogva tartás miatt, amikor a szaporítók ugyanazt a genetikai erőforrást alkalmazzák. A mesterséges betelepítések, tenyésztési tevékenységek is problémákat okozhatnak akár tájfajtákon belül is. Hangsúlyozni kell a genetikai eltolódás hatásait is az alapító és/vagy palacknyakhatásokat, mely hatások feltételezhetően befolyással voltak a betelepített domesztikált ponty populációkra.

A fentiekben leírt problémák alapján fogalmaztuk meg célkitűzéseinket, ahol figyelembe vettük, hogy Magyarországon a tenyésztett pontyoknak (fajon belül) helyi populációi alakultak ki, melynek okai az eltérő környezeti feltételek, a különböző gazdaságok eltérő tenyésztési tevékenységei, a tenyészállományok zárt tenyésztési rendszerei és a kis méretük voltak. Annak ellenére, hogy kereskedelmi szempontból igen jelentős és hatalmas piaci kereslettel bíró fajról van szó, hiányos genetikai adatok jellemzik valamint

továbbra sem egyértelmű eredetük és rokonsági viszonyaik. Továbbá figyelemreméltó tény az is, hogy a magyar halgazdaságok a saját ponty állományukat külön tájfajtnak tekintik, melyek esetében a fenotípusos különbség elenyésző. Az országban kizárólag fajtaelismerésre bejelentett vagy fajtaelismeréssel rendelkező fajták, vagy hibridek hozhatóak kereskedelmi forgalomba továbbtenyésztésre, amennyiben rendelkeznek az eredetükről szóló fajtaelismeréssel. Jelenleg a teljesítményértékelés genetikai szűrést nem tartalmaz.

A molekuláris markerek segítségével feltárhatóak a populáción belüli és a populációk közötti összefüggések, jellemezhetők az adott populációk génkészletei, hasznos információval szolgálhatnak a populációk szabályozásához a nyomonkövetés során. Mindezekon túl a genetikai különbségek meghatározása, a populációszerkezet megértése és a különböző tájfajták alkalmasságának megkülönböztetése szempontjából is elengedhetetlenek. A molekuláris genetikai vizsgálatokban a mikroszatellit markert széles körben használják akvakultúra kutatásokban, ahol a populációkon belüli és a populációk közötti változások kismértékűek lehetnek. Illetve a mikroszatellit marker mellett gyakran a mitokondriális markert alkalmazzák a különböző kutatásokban, mellyel a ponty genetikai szerkezetére, származására vonatkozó információk tárhatóak fel. Mindezek ismeretében alkalmaztuk e két módszert dolgozatomban a molekuláris genetikai vizsgálatok során. Véleményünk szerint fontos a magyar pontytájfajták genetikai struktúrájának a minél szélesebb körben való megismerése, hogy eredetükről, rokonsági viszonyaikról pontosabb képet kapjunk, mely hiánypótló adat elengedhetetlen a termelési tulajdonságuk, a heterózishatás javítása, valamint a beltenyésztettségi leromlás meggátolása érdekében.

Kutatásunk során az alábbi célkitűzéseket fogalmaztuk meg:

- ☛ A magyar pontytájfajták genetikai diverzitásának és populáció szerkezetének vizsgálata mikroszatellit markerekre alapozva.
- ☛ A magyar pontytájfajták genetikai sokféleségének elemzése és filogenetikai jellemzésük mitokondriális DNS citokróom *b* régió 687 bp hosszúságú szakasza által.
- ☛ A vizsgálatba vont magyar pontytájfajták esetleges keveredésének kimutatása biparentális és maternális öröklődésen alapú módszerek segítségével.
- ☛ Tudományos ismeretek hiányának pótlása, melyek segítik a gyakorlati szakemberek munkáját.

2. IRODALMI ÁTTEKINTÉS

2.1. Az akvakultúra helyzete a világon, az Európai Unióban és Magyarországon

Az akvakultúra a tengeri és édesvízi élőlények ellenőrzött körülmények közötti tenyésztését jelenti (HORVÁTH és URBÁNYI, 2004; FOCARDI és mtsai., 2005). Az ágazat jelenleg és a folyamatosan növekvő népességből adódóan, várhatóan a jövőben is, egyre fontosabb és szükségesebb eleme lesz a globális élelmiszerellátásnak (FAO, 2020; ORSZÁGGYŰLÉS HIVATALA, 2020). A haltenyésztés gazdálkodási gyakorlatai jelentősen eltérnek a különböző kontinenseken, valamint az egyes országokban és azok régióiban, tevékenységét pedig 1950 óta felülvizsgálja és közzéteszi az Élelmiszerügyi és Mezőgazdasági Világszervezet (FAO: *Food and Agriculture Organization of the United Nations*) (FAO, 2020). A FAO statisztikai adatai azt mutatják, hogy folyamatosan növekszik az akvakultúrában termelt hal és egyéb halászati termékek mennyisége, azonban az édesvízi és a tengeri halfogások mennyisége évről évre csökkenő tendenciát mutat. Az akvakultúra ágazat hozzájárulása a teljes halellátáshoz a 2018-as évben megelőzte az ázsiai és a csendes-óceáni térségből származó halászati termelést (EUROPEAN COMMISSION, 2020; FAO, 2020) (1. táblázat).

1. táblázat: A 2018. évi halászati és akvakultúra termelés a világban

Forrás: Saját szerkesztés a FAO 2020-ban közzétett adatai alapján, térképek forrása: II

	 Ázsia és Csendes-óceán	 Afrika	 Észak-Amerika	 Kelet- és Észak-Afrika	 Latin-Amerika és a Karib-térség	 Európa	 Világ
Akvakultúra	72 581 989	606 399	659 557	1 696 236	3 139 634	3 411 239	82 095 054
Halászat	49 771 569	8 073 640	5 876 787	2 905 807	14 447 000	15 344 697	96 433 763
Összesen	122 353 558	8 680 038	6 536 344	4 602 043	17 586 634	18 755 936	178 528 817
<i>Akvakultúrából származó haltermelés %-os arányban</i>	59,3%	7,0%	10,1%	36,9%	17,9%	18,2%	46,0%

Megjegyzés: Az adatok élőszűlyra, millió tonna/évre vonatkoznak és nem tartalmazzák a vízi növényeket.

A halászat csökkenése az Európai Bizottság által bevezetett szakpolitikai kvóta és a túlhalászat eredménye, az akvakultúrában megfigyelhető termelési növekedés pedig magyarázható az ágazat fejlődésével. A szaporodni képes ivarérett halak mennyisége

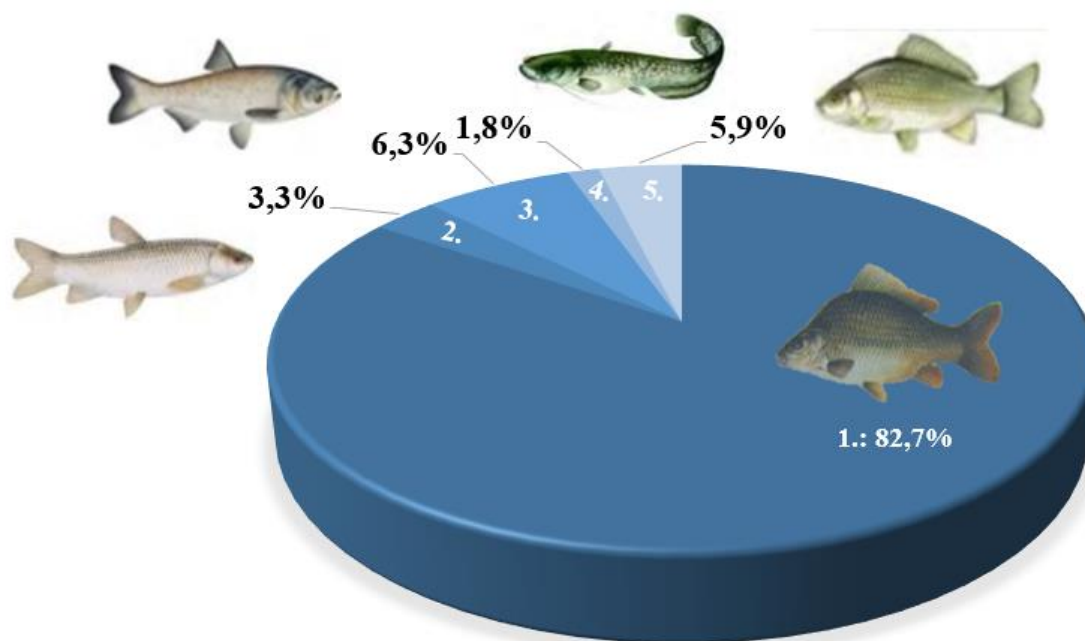
egyre jobban csökken, mely korlátozza a populációk szaporodási képességét (MA-HAL, 2016).

A világ összes halászati és akvakultúra tevékenységéből származó termelés 2019-ben a halak, a rákok, a kagylók és egyéb vízi állatfajokra vonatkoztatva majdnem elérte a 178 millió tonnát (FAO, 2021). Világszerte növekvő tendenciát mutat, 2019-ben 48% volt (85,3 millió tonna), melyből az ázsiai és a csendes-óceáni haltermelés járult hozzá legnagyobb mértékben a globális termeléshez (71,0%), legkisebb mértékben Afrika (7,0%) és Amerika (12,1%), Európa pedig a harmadik helyet foglalta el (10,0%). Hasonlóan az előző évekhez képest a legjelentősebb ország Kína (48,2 millió tonna) volt, 2019-ben 57,0%-át adta a világ összes haltermelésének illetve 64,0%-át Ázsiáénak (FAO, 2021; MA-HAL, 2021). Világszinten a halászatban és az akvakultúrában termelt mennyiség a 2019-es évben az előző évhez viszonyítva 6,3%-kal javult valamint 4,9%-kal emelkedett a haltermelés, amennyiben Kína adatait figyelmen kívül hagyjuk (FAO, 2021; MA-HAL, 2021). A FAO (2020) nyilvántartása szerint az akvakultúrában tenyésztett fajok száma 2018-ban elérte a 622-t, mely 31,8%-os növekedést jelent a 2006 évihez képest (n=472). Ez az igen magas fajsám rámutat arra, hogy az akvakultúra termelés nélkülözhetetlen és változatos élelmiszertermelő ágazat. Az ágazat termelési értéke nagyléptékben emelkedett, míg 2000-ben 53,7 milliárd dollár volt, addig 2018-ban több mint 263 milliárd dollárra emelkedett (EUROPEAN COMMISSION, 2020). A tógazdasági és intenzív haltenyésztést továbbra is az édesvízi halfajok vezetik. Az összes édesvízi haltermelés 63%-a pontyféle, ezen belül pedig, az édesvízi haltermelés 3,7%-át adja maga a ponty faj (EUROPEAN COMMISSION, 2020).

Az Európai Unió tagállamai 1,36 millió tonnával járultak hozzá a világ globális akvakultúra-termeléséhez a 2019-es évben. Az Európai Unió jelenleg ötödik helyen helyezkedik el a világ haltermelésében. A tagállamok összes haltermelését tekintve 74,0% a tengeri akvakultúrából, 21,0% az édesvízi akvakultúrából és 5,0% a brakkvízi (félsósvízi) termelésből adódik (EUROPEAN COMMISSION, 2020). A tógazdasági és intenzív haltermelés tekintetében Spanyolország (31,0%), az Egyesült Királyság (22,0%), Franciaország (20,0%), Olaszország (14,0%) és Görögország (13,0%) a legnagyobb haltermelők a tagállamok közül (MA-HAL, 2021). Édesvízi halat legnagyobb mennyiségben Lengyelország termel (43,3 ezer tonna), megelőzve ezzel Olaszországot (36,7 ezer tonna) és Franciaországot (35,8 ezer tonna). Azok az országok, amelyek

tengerrel nem szomszédosak, Ausztria, Csehország, Magyarország és Szlovákia, édesvízi akvakultúra termelésük 3,4% az összes EU termelésben (EUROPEAN COMMISSION, 2020). Az egy főre eső hal, illetve tenger gyümölcse fogyasztás 24,4 kg volt az unióban 2016-ban, mely 4 kg-al több a világ többi részéhez képest (EUROPEAN COMMISSION, 2020). A ponty az édesvízi halfajok közül a második legjelentősebb az EU országában, 5,27%-át adta a kitermelt halmennyiségnek (73,5 ezer tonna) 2019-ben. Értéke megközelítőleg 177 ezer dollár volt, mely a világ akvakultúra termelésének a ~6%-a (EUROPEAN COMMISSION, 2020; MA-HAL, 2021).

Magyarországon a halgazdálkodás a mezőgazdaság egyik ágazata (MA-HAL, 2020). Az édesvízi haltermeléshez az Európai Unión belül 6,4%-kal járul hozzá hazánk (EUROPEAN COMMISSION, 2020). Az édesvízi haltermelés mennyisége 2018-ban elérte a 17,9 ezer tonnát, így a hetedik helyet foglaljuk el a tagállamokon belül (FAO, 2020; MA-HAL, 2020). Statisztikai adatok szerint (MA-HAL, 2020) 2018-ban az édesvízi halelőállítás összesen 22 541 tonna volt, melyből 14 414 tonnát tett ki az étkezési célú haltermelés. Hazánk az EU országai közül a harmadik legnagyobb pontytermelő ország (11,4 ezer tonna), hasonlóan az előző évekhez Lengyelország (21,3 ezer tonna) és Csehország (17,9 ezer tonna) előzte meg (FAO, 2021; MA-HAL, 2021). A 2020. évi étkezési célú haltermelés 82,7%-át a ponty adta országunkban (11 909 tonna) (**1. ábra**). Továbbá az étkezési célú haltermelésben jelen volt a fehér és a pettyes busa, valamint ezek hibridjei (910 tonna), az amur (477 tonna) és egyéb ragadozó- (compó, csuka, harcsa, süllő – 329 tonna), nemes- és vadhal fajok (771 tonna) (**1. ábra**). Magyarországon az egy főre eső halfogyasztás a 2020-as évben 6,37 kg volt (EUROPEAN COMMISSION, 2020). Az éves étkezési haltermelés értéke a hazai halászati ágazatban 2019-ben 15,9 milliárd forintot ért el, mely azt jelenti, hogy a világ haltermeléséhez 0,01%-kal járultunk hozzá (MA-HAL, 2020).



1. ábra: Az étkezési haltermelés megoszlása fajonként Magyarországon 2020-ban

Forrás: Saját szerkesztés a MA-HAL 2021-ben közzétett adatai alapján

Jelmagyarázat: 1. ponty; 2. amur; 3. busa (fehér és pettyes busa és hibridjei); 4. harcsa; 5. egyéb (süllő, compó, csuka, nemes halak és vadhalak)

2.2. A ponty rendszertana, általános jellemzői és jelentősége

A ponty (*Cyprinus carpio*, Linnaeus 1758) az alábbi rendszertani kategóriákba tartozik PINTÉR (1989) szerint:

- Gerincesek törzse (*Vertebrata*)
- Sugarasúszójú halak osztálya (*Actinopterygii*)
- Pontyalakúak rendje (*Cypriniformes*)
- Pontyfélék családja (*Cyprinidae*)
- *Cyprininae* alcsaládja
- Ponty neme (*Cyprinus*)

Feltehetően a ponty a legismertebb sugarasúszójú csontos halak közé tartozó faj (PINTÉR, 1989), mely palearktikus elterjedésű (I2; I3). Ez a betelepítéseknek és a domesztikációnak köszönhető, mely eredményeképpen világszerte számos helyi és kitenyésztett fajta alakult ki (KOMEN, 1990; BALON, 2004). Magyarországon őshonos és az egyetlen házasított halfaj a szivárványos pisztráng után (LEHOCZKY és mtsai., 2015).

Az öröklődésnek és a környezeti hatásoknak köszönhetően a ponty testalakja változékony, mely négy mutatóval jellemezhető:

- 🐟 profilindex: hosszúság és testmagasság aránya,
- 🐟 keresztmetszet index: testmagasság és testszélesség aránya,
- 🐟 fejindex: testhossz és fejhossz aránya,
- 🐟 faroknyél index: testmagasság és faroknyélhossz aránya.

Mindezek alapján a vadponty formája a nyurgaponty (*C.c. morpha hungaricus*), a vadpontyból nemesített forma a tőponty (*C.c. morpha acuminatus*), melyek Magyarország természetes vizeiben előfordulnak (**2. táblázat**).

2. táblázat: A nyurga- és tőponty testalakjának és mutatóinak jellemzői
(SCHÄPERCLAUS, 1961; PINTÉR, 1989; PINTÉR, 2003)



	<i>nyurgaponty</i>	<i>tőponty</i>
Test	hengeres, nyújtott	oldalról nézve lapított, rövidebb testhossz, magasabb hát
Profilindex	3,5-4,5	2,8-3,5
Keresztmetszet index	1,4-1,8	1,5-2,0
Fejindex	3,8-4,3	3,6-4,1
Faroknyél index	1,4-2,0	1,6-2,2

Szája harmonikaszzerűen kitolható, csúcsba nyíló. Az ajak felső részén két rövidebb, a száj szegletében egy-egy hosszabb bajuszszál található. Testéhez képest szeme kicsi (NELSON, 1984). Jól fejlett farokúszója van, mely mélyen



2. ábra: Hortobágyi pikkelyes magyar pontytájfajta *Forrás: saját fotó.*

kivágott (**2. ábra**). A pikkelyes vad- és tógazdasági pontyoknál 5-6 pikkelysor található az oldalvonal alatt és fölött valamint 33-40 között változik az oldalvonal pikkelyeinek száma. Fenotípusos megjelenésük alapján számos variációja létezik a pontyoknak. Változatosságuk elsősorban a pikkelyezettségükben rejlik. A tógazdasági nemes ponty esetén négy típust különböztetünk meg pikkelyezettség alapján pikkelyes, tükrös, oldalvonalsoros és bőrponty (BAKOS, 1968; MCCRIMMON, 1968; NELSON, 1984). Hiányos pikkelyzet jellemzi a tükrös fenotípusú pontyot. Küllemük alapján is rendkívül fontos a pontyok pontos megkülönböztetése, bár az esetek többségében ez nehéz feladatnak bizonyul, hiszen nem lelhető fel pontos és egyértelmű szakirodalmi leírás az egyes tájfajták fenotípusos megjelenéséről. Ráadásul a pikkelymintázat kialakulását szabályozó genetikai mechanizmusokról szóló kutatások is kevés számban fordulnak elő. A ponty házasítása során alakultak ki különböző tájfajták és ezek között változatos pikkelymintázatok jellemzők. Kirpichnikov modellje szerint a ponty főbb típusai pikkelyezettség alapján: pikkelyes, oldalvonalsoros, tükrös és bőrponty (KIRPICHNIKOV, 1999). Ezen fenotípusokon kívül számos további tájfajtát is megkülönböztettek, azonban nem volt egyértelmű, hogy valóban külön tájfajták-e, így legtöbb esetben a megjelölt fenotípusok eltéréseinek tekintették azokat, ezért nem kerültek bele a genetikai modellbe. KIRPICHNIKOV és mtsai. (1999) felállított modellje szerint két gén négy allélja (S és s illetve N és n) felelős a pikkelyezettség kialakulásáért. Modelljük szerint a pikkelyes halak SS/nn vagy Ss/nn genotípusúak, az oldalvonalsoros egyedek SS/Nn vagy Ss/Nn, a tükrösök ss/nn, a bőrpontyok ss/Nn genotípusúak. A kutatók akkoriban azt állították, hogy az NN genotípus letalitást eredményez. Ez a modell a halgenetika alapmodellje lett, mely alapján azt a megállapítást tették, hogy az oldalvonalsoros és bőrpontyok (azaz az NN genotípusúak) kevésbé termékenyek, növekedésükben gátoltak és kevésbé életképesek, mindezek alapján továbbtenyésztésre nem alkalmasak (PINTÉR, 1989). A közelmúltban azonban megjelentek már olyan tanulmányok, amelyek a modell újragondolásával foglalkoznak, nagyobb adathalmazt elemezve. Ezen tanulmányok eredményei nem mutatták a keresztezések során a 25%-os

letalitást, ahogy az várható lett volna a Kirpichnikov modell szerint (ROHNER és mtsai., 2009; CASAS és mtsai., 2013; CSERVENI-SZÜCS, 2013), ezen felül eredményeik alapján megállapították, hogy az európai bőrponty tógazdasági haltenyésztésre alkalmas (CSERVENI-SZÜCS, 2013). Jelenleg úgy tűnik, hogy a pikkelymintázat öröklődése sokkal bonyolultabb mechanizmus, mint ahogyan az a Kirpichnikov modellben szerepel (BERCSÉNYI és mtsai., 2011). A pontyok színezetét tekintve változatosan alakul a származásuktól és élőhelyüktől függően. Hátának színezete leggyakrabban olajzöld vagy olajbarna, zöldessárga színű a testének oldala, sárgásfehér vagy teljesen fehér színű a hasa. Szürke színű úszók jellemzik, ezek közül a páros és farok alatti úszók vörösek (PINTÉR, 1989). Rendkívül jó az alkalmazkodó képessége a víz hőmérsékletéhez és kémiai viszonyaihoz, a magas sótartalmú vizet is tolerálja. Ivarérettségüket tekintve hazánk vizeiben a tejesek 2-3, az ikrások 3-4 év alatt érik el ivarérettségüket (MCCRIMMON, 1968; PINTÉR, 1989). Természetes ívóhelyük a dús növényzetű területek, melyeknek nagyrészt a folyószabályozások felszámolták. Mindenevő halfaj, üledékben élő gerinctelenekkel, szúnyoglárvákkal táplálkozik (LAMMENS és HOOGENBOEZEM, 1991).

2.3. A ponty (*Cyprinus carpio* L.) származása és elterjedésének története

A ponty természetes elterjedési területének Euráziát tekintik (**3. ábra**), azonban ezen belül a faj eredete vitatott. Kezdetben azt feltételezték, hogy Közép-Ázsiából származik és onnan terjedt el természetes módon kelet (Kínáig), illetve nyugat felé a Duna vízrendszeréig (FROUFE és mtsai., 2002; CSORBAI és URBÁNYI, 2018). Megjelent néhány olyan közlemény is, ahol a Japán Biwa-tavat jelölték meg a faj kialakulási helyének. A legújabb genetikai kutatásokról szóló közlemények azonban azt tartják valószínűnek, hogy a faj Észak-Ázsiából ered és elterjedése során kialakultak a ma ismert alfajok (MABUCHI és mtsai., 2006; CSORBAI és URBÁNYI, 2018). Morfológiai bélyegek alapján két alfajt különítenek el: ázsiai és európai. A közelmúltban négy-öt alfaj megkülönböztetését javasolták (KIRPICHNIKOV, 1967; PINTÉR, 1989). A jelenleg létező pontyformákat a további genetikai vizsgálatok szerint azonban három alfajba csoportosítják: európai-transzkaukázusi ponty (*C.c.carpio*), távol-keleti (amuri) ponty (*C.c.haematopterus*) délkelet-ázsiai (észak-vietnámi) ponty

(*C.c.viridiviolaceus*/*C.c.rubrofusus*) (CHISTIAKOV és VORONOVA, 2009; CSORBAI és URBÁNYI, 2018).



3. ábra: A vadon élő pontypopulációk elterjedési területei Euráziában
(CHISTIAKOV és VORONOVA, 2009)

A ponty egységes előfordulási területe a jégkorszak hatására keleti és nyugati részre tagolódott (KIRPICHNIKOV, 1967). Feltehetően a vad ős a pleisztocén végén a Kaszpi-tenger térségében alakult ki. Egyes ponty fajták a jégkorszak után az Aral-tó vízrendszerébe, Kelet-Ázsia illetve a Fekete-tenger környékére jutottak el, melyet az akkori hőmérsékleti optimum tett lehetővé (BALON, 1974). A Duna vízrendszerében 8-10 ezer évvel ezelőtt jelent meg. Tömeges termelésének megindulása a VII-XIII. századra tehető az erre a célra épített halastavakban. Albertus Magnus a XIII. században utalt arra, hogy a kolostorok tavaiban szaporítják is a fajt, azonban a pontytenyésztés hosszú időn keresztül a kolostorok titka volt. A kolostorok pontytenyésztése olyan színvonalat ért el, hogy a XIV-XVI. században megindult a pontyok tudatos szelektálása. A hosszú időn keresztüli beltenyésztés valamint a rögzült mutációk következményeként megjelentek a tükrös változatok kitenyésztésének alapjául szolgáló hiányos pikkelyzetű pontyok. Ebben az időszakban jelentek meg az első leírások a pontytenyésztésről. A középkori

pontytenyésztés elsősorban Csehországban és Lengyelországban fejlődött. Nagy tógazdaságok alakultak ki Sziléziában, Krakkó és Lublin környékén valamint megjelentek az első tógazdaságok Németország területén is.

Magyarországon a rómaiak háziasították a fajt (LAJKÓ és TASNÁDI, 2001; CSORBAI és URBÁNYI, 2018). Hazánkban Simontornyán épült meg 1894-ben az első pontyos tógazdaság, mely Hermann Ottó és Corchus Béla nevéhez fűződik. Ezt követően a XIX. században Dubics Tamás érdeméért gyors iramban fejlődésnek indult a haltenyésztés az általa kidolgozott technológia miatt, mely 2-3 évvel rövidítette a tartásidőt. Ennek köszönhetően folyamatosan bővültek a halastóterületek. A két Világháború között már nemzetközileg elismert pontytájfajtákkal rendelkezett Magyarország. A II. Világháború után fejlődési folyamat indult el, amely hozzájárult a pontytermelés növekedéséhez. A tógazdaságokra jellemző pontytájfajták az 1950-es évek végén alakultak ki, melyeket Bakos János gyűjtött össze az 1960-as években. Létrehozta Szarvason az élő ponty génbankot, amely a későbbiekben a pontyhibridek előállításának alapját is képezte (BAKOS, 1968). A ponty keltetőházi szaporítása ebben az időszakban került kidolgozásra, mely Woynárovich Elek nevéhez fűződik, aki az ikra ragadósságának megszüntetésére alakított ki egy technológiát lehetővé téve a pontyszaporítást keltetőházi körülmények között. A módszer elterjedésével megindult a populációk keveredése. A különböző genetikai háttérrel rendelkező tájfajták keresztezése 1965-ben indult. Az 1980-as években hozták létre a három szarvasi hibrid fajtát: a szarvasi 215 tükröst, a szarvasi P31 heterozigóta pikkelyest és a szarvasi P34 pikkelyest. Ebben az időszakban párhuzamosan megindult a németországi aischgründi pikkelyes, a csehországi galíciai tükrös, a horvátországi nasici és poljánai tükrös, a Lengyelországból származó oldalpikkelysoros pontyfajták importálása, melyekre jellemző volt már, hogy magasabb termelési tulajdonságokkal bírtak, eltérő testformával, színezettel és pikkelyezettel rendelkeztek (PINTÉR, 1989). Nagy előrelépés volt, amikor megkezdődött a ponty fajtafenntartása, amikor 1993-ban a faj bekerült a tenyésztett állatfajok közé (az állattenyésztésről szóló 1993. évi CXIV. törvény). Ettől az évtől megkezdődött a hazai pontytájfajták teljesítményvizsgálata, mely kapcsán az Országos Mezőgazdasági Minősítő Intézet (OMMI) koordinálásával 1996-ban elkészült a „Ponty teljesítményvizsgálati kódex”, amely az egyes tájfajták elismerési eljárásának vizsgálati protokollját tartalmazza (LAJKÓ és TASNÁDI, 2001; HORVÁTH és URBÁNYI, 2004; CSORBAI és URBÁNYI, 2018). Jelenleg a magyar állam anyagi támogatást nyújt

azoknak a termelőknek, akik elismert tájfajtákat tenyésztenek valamint a fajtahasználati jog megvehető a fajtagazdáktól (BERCSÉNYI, 2018). Ez a megközelítés adta meg az 1996-ban készült „Ponty teljesítményvizsgálati kódex” alapját, melyben több hibára is rávilágítottak azóta. Ilyen hiányosságok például, hogy a teljesítményvizsgálat nem eltérő helyen folyik, hanem abban a halgazdaságban, ahol egyébként is fellelhető a vizsgált tájfajta, nem különíti el egymástól a környezeti és genetikai hatásokat, nem hasonlítja a tesztelt tájfajtát más tájfajtákhoz, nem alkalmaz genetikai szűrést (LEHOCZKY és mtsai., 2005b; BERCSÉNYI, 2018). Magyarországon jelenleg a ponty faj halastavakban, horgásztavakban, víztározókban, holtágakban, nagyobb csatornáknak valamint a természetes vizekben (folyókban, tavakban) egyaránt fellelhető. A magyar halgazdaságok külön tájfajtának tekintik ponty állományait (LEHOCZKY, 2006; GORDA, 2012), ennek következtében jelentős géntartalékkal rendelkezhetünk, melynek feltárása elengedhetetlen a megőrzésre és fejlődésre. Magyarországon kizárólag az eredetükről szóló fajtaelismerésre bejelentett vagy fajtaelismeréssel rendelkező fajták, vagy hibridek tenyésztethetők tovább és hozhatóak kereskedelmi forgalomba (LEHOCZKY, 2006; GORDA és BORBÉLY, 2014), ezenfelül a halgazdaságok szaporíthatják az állományait. Hazánkban jelenleg hivatalosan 21 tenyésztőszervezet összesen 33 tájfajtát (UDVARI, 2017), keresztezési változatot és hibridet tart fenn.

2.4. A vizsgálatba vont magyar pontytájfajták rövid jellemzése

A rendszerváltást követően hazánk pontytenyésztésének színvonala, a tájfajták teljesítménye és küllemi megjelenése néhány év alatt jelentős mértékben leromlott. Akkoriban a gazdálkodás inkább profitorientált volt, mint szakmai ismeretekre alapozott. A magyar pontytájfajták állományainak további leromlása akkor állt meg, amikor a ponty bekerült a tenyésztett állatfajok közé az állattenyésztésről szóló törvénybe (1993. évi CXIV. törvény az állattenyésztésről). Ennek hatására kezdték meg a hazai pontytájfajták teljesítményvizsgálatát (GORDA, 2003). A teljesítményértékelésnek az elsődleges célja akkoriban a tájfajták javítása, kedvezőbb tulajdonságú tájfajták kialakítása, valamint a tájfajtáktól termelékenyebb hibridek nemesítése volt (CSORBAI és URBÁNYI, 2018). Bakos János kezdeményezésére kezdték el összegyűjteni a pontytájfajtákat és létrehozták a szarvasi génbankot (MATE Szent István Campus Halászati Kutatóközpont). A génbank folyamatosan bővült külföldről származó és hazai pontyfajtákkal és tájfajtákkal. Jelenleg a szarvasi Halászati Kutatóközpont az élő génbank mellett fenntart egy mélyhűtött génbankot, melyet a fagyasztott sperma tárolására hoztak létre. Összesen 18 hazai és 8

külföldi ponty fajtaival rendelkezik, melyből az élő génbankban 14 ponty fajta (11 hazai és 3 külföldi), a mélyhűtött génbankban 25 ponty fajta (17 hazai és 8 külföldi) található (**3. táblázat**) (CSORBAI és URBÁNYI, 2018). Hazánkban fajtaelismeréssel rendelkező tájfajtákon, változatokon és hibrideken kívül a magyar halgazdaságok, szakértők külön tájfajtaként tartják számon a ponty állományait, melyek esetében a fenotípusos különbség elenyésző (LEHOCZKY és mtsai., 2005a).

3. táblázat: A szarvasi élő és mélyhűtött génbankban jelenleg fellelhető pontytájfajták (CSORBAI és URBÁNYI, 2018)

PONTYFAJTÁK	HAZAI	KÜLFÖLDI	PONTYFAJTÁK	HAZAI	KÜLFÖLDI
ÉLŐ GÉN BANK	dunai vadponty	amuri vadponty	MÉLYHÜTÖTT GÉN BANK	bikali tükrös	amuri vadponty
	felsősomogyi tükrös	ropsai pikkelyes		dinnyési tükrös	fresinet pikkelyes
	palkonyai tükrös	vietnámi pikkelyes		dunai vadponty	lengyel oldalsoros
	sumonyi tükrös			felsősomogyi tükrös	lengyel tükrös
	szarvasi 2 tükrös			hortobágyi tükrös	nasici tükrös
	szarvasi 5			nagyatádi tükrös	poljanai pikkelyes
	szarvasi 15 tükrös			palkonyai tükrös	ropsai pikkelyes
	szarvasi piros			sumonyi tükrös	vietnámi pikkelyes
	szarvasi P3 pikkelyes			szarvasi 2 tükrös	
	tatai pikkelyes			szarvasi 215 tükrös	
	tiszai vadponty			szarvasi 15 tükrös	
				szarvasi piros	
				szarvasi P3 pikkelyes	
				szegedi tükrös	
				tatai pikkelyes	
				tiszai vadponty	
				varászlói tükrös	

amuri pikkelyes vadponty:

Az amuri pikkelyes vadponty Ázsiából származó ősi pontyforma, melyet 1982-ben telepítettek Oroszországból a Halászati, Akvakultúra- és Öntözési Kutatóintézetbe. A fajta nem rendelkezik tenyésztési múlttal. Küllemét tekintve megnyúlt testforma jellemzi, elágazódás nélküli, szabályos oldalvonal lefutással. Testének teljes felülete szabályos pikkelyekkel borított. Színezete ezüstfehér, mely színezet kialakulását a tavi tartás körülményei jelentősen befolyásolták. Profilindexe: 2,9 (BAKOS és GORDA, 2001; LEHOCZKY, 2006).

biharugrai tükrös és pikkelyes tájfajták:

Biharugrán a Chorcus család halastavat épített az 1930-as években, melyen tógazdasági haltenyésztést folytattak. A halgazdaságban akkoriban külföldről hoztak be anyahalakat, melyek közül a jó teljesítőképességűeket tartották meg. A biharugrai tükrös tájfajta közel száz éves szaporítói munka eredménye. Színezettségét tekintve háta zöldesbarna szürkés árnyalattal, oldala sárga vagy narancssárga, hasa sárga vagy sárgásfehér. Gyakran élénk narancssárga Beksits-folt található rajta, mely a régi tenyésztési vonal nyomait feltételezi.

A biharugrai tükrös tájfajta az Országos Mezőgazdasági Minősítő Intézet által hivatalosan nyilvántartott tájfajta (CSORBAI és URBÁNYI, 2018), továbbá nemzeti kincse nyilvántartott a Magyar Országgyűlés által (SZABÓ, 1967; BÉKÉS MEGYEI ÉRTÉKTÁR, 2016). Pikkelyes formájának jellemzése tekintetében nem áll rendelkezésre írott anyag. A biharugrai pikkelyes tájfajta az Országos Mezőgazdasági Minősítő Intézet által hivatalosan nem nyilvántartott tájfajta, tehát nem rendelkezik állami elismeréssel (CSORBAI és URBÁNYI, 2018).

hajdúböszörményi tükrös tájfajta:

A hajdúböszörményi tükrös tájfajtát fajtajavítási céllal használták a hajdúszoboszlói tükrös tájfajta esetén. Jellemzően magas hátívelésű, szabályos oldalvonal lefutású. Tudatos szelekció következményeként a hajdúböszörményi tükrös tájfajtánál gyakran fordul elő a bőrponty, melynek egyetlen pikkelye sincs. Nem szabad összekeverni a hajdúszoboszlói tükrös tájfajtaival, melynél ritkábban fordul elő az említett forma. Küllemét tekintve jellemző rá az olajzöld szín, a hasa felé pedig fokozatosan kifehéredő színeket mutat. A farokúszó felé a zöld szín sárgásba megy át, az úszók vége vöröses. Hasonlóan a biharugrai tájfajtához néhány egyeden itt is megtalálható a Beksits-folt, amely a régi tenyésztési vonal nyomait feltételezi. A hajdúböszörményi tükrös tájfajta az Országos Mezőgazdasági Minősítő Intézet által hivatalosan nem nyilvántartott tájfajta, tehát nem rendelkezik állami elismeréssel (CSORBAI és URBÁNYI, 2018; I4).

hajdúszoboszlói tükrös és pikkelyes tájfajta:

A hajdúszoboszlói tükrös tájfajta háta közepesen magas. Pikkelyezettségét tekintve hátsoros pikkelyzet jellemzi. Háta olajzöld színű, a hasa pedig aranysárga. A hajdúszoboszlói pikkelyes tájfajtáról nem állt rendelkezésemre írásos dokumentum fenotípusos megjelenését tekintve. Mindkét tájfajta az Országos Mezőgazdasági Minősítő Intézet által hivatalosan nem nyilvántartott tájfajta, tehát nem rendelkezik állami elismeréssel (CSORBAI és URBÁNYI, 2018).

hortobágyi tükrös, pikkelyes és nyurga tájfajták:

A Hortobágyi Halgazdaság Magyarország legnagyobb halgazdasága, ahol számos helyi pontypopulációt fejlesztettek ki haltermelő gazdaságai révén, mint például Borsós, Fényes, Gyökérkút, Halastó, Kondás. A MATE Szent István Campus Halászati Kutatóközpontja által fenntartott Szarvason található génbank 1968-ban a Hortobágyi

Halgazdaság felkérésére több helyi vonal beltenyésztésével és keresztezésével genetikai javító munkát végzett. Ennek eredményeként kerültek a halastói és a kondási vonalak tenyésztési vonalakként a kereskedelmi haltenyésztésbe. A hortobágyi tükrös tájfajta alapító populációja a Hortobágy közelében található halgazdaságok helyi változataiból jött létre. A tájfajtát állományjavítás céljából a varászlói halgazdaságból származó magas hátú vonallal keresztezték (BAKOS és GORDA, 2001). Küllemét tekintve hirtelen ívelésű, közepesen széles hát jellemzi. Pikkelyezettségére jellemző hátpikkelysoros tükrös megjelenés. Olajzöld vagy olajbarna színezetű valamint az oldala sárga, a hasa sárgásfehér színű. Profilindexe: 2,2-2,5. A tájfajta egyéb jellemzőjét tekintve kiemelendő, hogy jól fejhető keltetőházi körülmények között, ellenállóképessége jó és kevésbé zsírosodik (BAKOS és GORDA, 2001). A hortobágyi pikkelyes tájfajta háta széles és közepesen magas. Teljes pikkelyzetű 5-6 pikkelysor található az oldalvonal alatt és fölött. Színezete palaszürke és aransárga. Profilindexe: 2,3-2,6. A tájfajta hasonlóan a tükrös formához jól fejhető keltetőházi körülmények között, jó ellenállóképességű, kevésbé zsírosodik (BAKOS és GORDA, 2001). A hortobágyi nyurga ponty a tiszai nyurga ponty és a hortobágyi pikkelyes tájfajta keresztezésének eredménye. Ebből kifolyólag is jellemző küllemére a hengeresen megnyúlt testforma. Teljes pikkelyzetű, az oldalvonalon 33-40 pikkely jellemző valamint az oldalvonal alatt és felett 5-6 pikkelysor található. Színezetét tekintve az olajbarna a sárgásfehér színbe megy át a háttól haladva a has felé. Profilindex: 3,5-4,5. Hasonlóan a tükrös és pikkelyes formákhoz a tájfajta keltetőházi körülmények között jól szaporítható (BAKOS és GORDA, 2001). Mindhárom tájfajta az Országos Mezőgazdasági Minősítő Intézet által hivatalosan nyilvántartott tájfajta (CSORBAI és URBÁNYI, 2018).

szarvasi 15 tükrös tájfajta:

A szarvasi 15 tükrös hibrid tájfajta kialakítása 1972-ben történt, a szarvasi tükrös vonal és a hortobágyi tükrös vonal keresztezéséből állították elő, melyet apai vonalként a szarvasi 215-ös tükrös hibrid tájfajta és a szarvasi P31 pikkelyes hibrid tájfajta előállításánál alkalmaznak. Kerek testforma jellemzi, pikkelyek kizárólag a hátúszó mentén és a faroknyélen találhatóak rajta. Sárgásszürke, sárgásfehér szín jellemzi. Profilindexe: 2,38 (BAKOS és GORDA, 2001; GORDA, 2004; LEHOCZKY, 2006). Az Országos Mezőgazdasági Minősítő Intézet által hivatalosan nem nyilvántartott tájfajta, tehát nem rendelkezik állami elismeréssel (CSORBAI és URBÁNYI, 2018).

szarvasi P3 pikkelyes tájfajta:

A szarvasi P3 pikkelyes hibrid tájfajta anyai vonalú, melyet Szarvason a tatai pikkelyes tájfajta egyedi szelekciójával fejlesztettek ki. Kialakítása során három nemzedéken keresztül fenotípusos szelekció mellett beltenyésztetten tartották. A tájfajtát kerek testforma jellemzi, testének teljes felülete szabályos pikkelytakaróval borított. Színezete aransárga, szabályos oldalvonal lefutással (GORDA, 2004). Az Országos Mezőgazdasági Minősítő Intézet által hivatalosan nem nyilvántartott tájfajta, tehát nem rendelkezik állami elismeréssel (CSORBAI és URBÁNYI, 2018).

szegedi tükrös és pikkelyes tájfajták:

A szegedi tükrös tájfajta alapállománya ismeretlen eredetű. Elsőként 1949-ben vérfrissítést végeztek a tájfajtán a biharugrai halgazdaság pontyállományával, majd 1950-ben a varászlói tükrös tájfajtaival gazdagították a szegedi pontyállomány génállományát. A tudatos szelekció célja az új vonalak szikes típusú haltermesztési körülményekhez való alkalmazkodóképességének javítása volt. Színezetére jellemző a zöldessárgával tarkított szürke szín. Profilindexe: 2,35 (BAKOS és GORDA, 2001; LEHOCZKY, 2006). A szegedi tükrös tájfajta sikeres tenyésztését követően 1968-ban felkérték a szarvasi génbankot, hogy genetikai szelekciós program indításával javítsa a tájfajta testalkatát és pikkelyezettségét, melynek következtében jött létre a szegedi pikkelyes tájfajta (BAKOS és GORDA, 2001). A szegedi tükrös tájfajta az Országos Mezőgazdasági Minősítő Intézet által hivatalosan nyilvántartott tájfajta, a szegedi pikkelyes azonban ezzel ellentétben hivatalosan nem nyilvántartott tájfajta, tehát nem rendelkezik állami elismeréssel (CSORBAI és URBÁNYI, 2018).

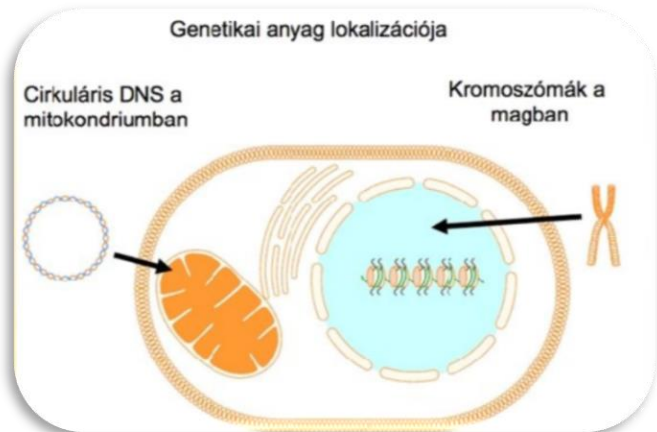
tatai pikkelyes tájfajta:

A tatai pikkelyes tájfajta a ponty tenyésztéstörténetét tekintve Magyarországon az egyik legrégebben tenyésztett tájfajta. Írásos emlékek szerint Németországból telepítették be hazánkba az 1860-as években. A pikkelyes forma Csehországból történő behozataláról pedig 1890-től vannak írásos dokumentumok (ANTALFI, 1971). A tudatos tenyésztői munka során a nemesítők előnyben részesítették a nagy növekedési erélye és a kerek testformája miatt, így több pikkelyes magyar tájfajta kialakulásához járult hozzá. Színezetét tekintve ezüstös-szürkés fehér szín jellemzi, profilindexe: 2,8 (BAKOS és GORDA, 2001; LEHOCZKY, 2006). Az Országos Mezőgazdasági Minősítő Intézet által hivatalosan nyilvántartott tájfajta (CSORBAI és URBÁNYI, 2018).

2.5. A ponty genetikai jellemzői

A legtöbb élőlényhez hasonlóan a ponty örökítő anyagának legnagyobb része a sejtmagban, kisebb része a sejt energiatermeléséért felelős mitokondriumokban helyezkedik el (CSORBAI és URBÁNYI, 2018) (**4. ábra**). A mitokondriális DNS (mtDNS) egy viszonylag kicsi ~16 kilobázispár hosszúságú kör alakú DNS molekula, melyen 37 gén található összesen.

Jellemzője, hogy a mitokondriumban lévő DNS kizárólag az anyától származik, vagyis a spermiummal nem kerül mitokondrium az utódokba. A mtDNS géneket kódoló régiói azonosak egy fajon belül, azonban az összekötő régiók különbséget



4. ábra: Az örökítőanyag sematikus ábrája (BÁLINT és mtsai., 2011)

mutatnak populáción belül, mint például a citokróm *b* (cyt *b*) régió. A nukleáris DNS fajonként eltérő méretű és szerkezetű. A haploid ivarsejtek DNS tartalma ~1,8 pikogramm, ami körülbelül egyharmada az ember haploid ivarsejtek DNS tartalmához viszonyítva. Ezzel ellentétben a diploid kromoszómák száma 100 és 104 között mozog (MÁRIÁN, 1978), mely megközelítőleg kétszer nagyobb, mint a legtöbb pontyfélékhez tartozó halfajoké. A kromatidák a kromoszóma közepe táján fűződnek össze, mely alapján a kromoszómapárok fele meta- vagy szubmetacentrikus, a másik fél esetében a kromoszóma egyik végén, vagy ahhoz közel van a centroméra, azaz telo- vagy szubtelocentrikusak. Nem található közöttük morfológiailag elkülönülő, ivari kromoszómapár (KIRPICHNIKOV, 1999). MÁRIÁN (1978) tanulmányában a ponty fajt a genomduplikáción átesett fajok közé sorolja a nagyszámú kromoszóma számuk miatt. Azonban a kromoszómák kariotípusát vizsgálva OHNO és mtsai. (1967) azt feltételezték, hogy a ponty ősi genomja két faj hibridizációja (allotetraploidizáció) során alakult ki. Mára már tudományosan alátámasztott, hogy a ponty genomja négy szett kromoszómát tartalmaz, mely azt jelenti, hogy tetraploid kromoszómakészlettel rendelkezik (KIRPICHNIKOV, 1999). Ennek következtében nagyfokú változatosság jellemezheti mind fenotípusos (BAKOS, 1975), mind genotípusos megjelenését tekintve. A ponty teljes genomjának első változatát XU és mtsai. (2014) írták le elsőként, mely a teljes genom kb. 92,3%-áról nyújt információt.

2.6. A ponty molekuláris genetikai vizsgálatai

Jelen fejezetben az akvakultúrában eddig alkalmazott molekuláris genetikai technikákat (5. ábra) foglalom össze. Kitérek a molekuláris markerek alapjaira, bemutatom lehetőségeiket és korlátaikat, valamint példákat hozok a különféle alkalmazásukra és az interakciókra ponty fajban. A dolgozat fő markertípusai a mitokondriális DNS, valamint mikroszatellit markerek, melyeket ezen okból kifolyólag részletesebben mutatok be.



5. ábra: A ponty faj esetén leggyakrabban alkalmazott molekuláris genetikai markerek bemutatása *Forrás: saját szerkesztés*

2.6.1. Transzferrin-polimorfizmus

A ponty faj genetikai variabilitásának vizsgálatára Magyarországon elsőként transzferrin (fehérje) polimorfizmus módszert alkalmaztak (RAJKI, 1977; NAGY és mtsai., 1979; MÁRIÁN és mtsai., 1984; SZERENCSE és mtsai., 1990, VÁRADI és mtsai., 1993; CSIZMADIA és mtsai., 1995). Akkoriban a transzferrin kodomináns öröklődése valamint a transzferrin fenotípusok variabilitása miatt gyakran alkalmazott módszer volt genetikai vizsgálatok során (MÁRIÁN és mtsai., 1984). Korunk szemszögéből tekintve a módszer igen munkaigényes és nehezen értékelhető volt. A vizsgálatra kevés fehérje volt alkalmas, valamint azok variabilitása alacsony volt a jelenlegi technikához képest. Hazánkban több vizsgálat készült transzferrin-polimorfizmus módszerrel. A legtöbb vizsgálat a Magyarországon napjainkban is egyedülként Szarvason működő ponty génbankból (MATE Szent István Campus Halászati Kutatóközpont) származik. A szelekciós munkába bevont ponty tájfajtákat és hibrideket (BAKOS, 1975; GORDA és

mtsai., 1995; CSIZMADIA, 1995), továbbá anyákat és anyajelölteket (SZERENCSE és mtsai., 1990) vizsgáltak transzferrin-polimorfizmus módszerrel, ahol négy (MÁRIÁN és mtsai., 1984) és hét (SZERENCSE és mtsai., 1990) allél valamint 20 különböző transzferrin-genotípus (CSIZMADIA és mtsai., 1995) jelenlétét mutatták ki a vizsgált populációkban.

A transzferrin-polimorfizmus módszerét a teljes mitokondriális DNS (mtDNS) valamint a riboszomális RNS (rRNS) vizsgálatok követték elsőként restrikciós fragment-hossz polimorfizmus (RFLP) módszerrel, majd elkezdtek a genomiális DNS (gDNS) vizsgálatát RAPD (véletlenszerűen amplifikált polimorf DNS) és RFLP módszerekkel (DONG és ZHOU, 1998; GROSS és mtsai., 2002).

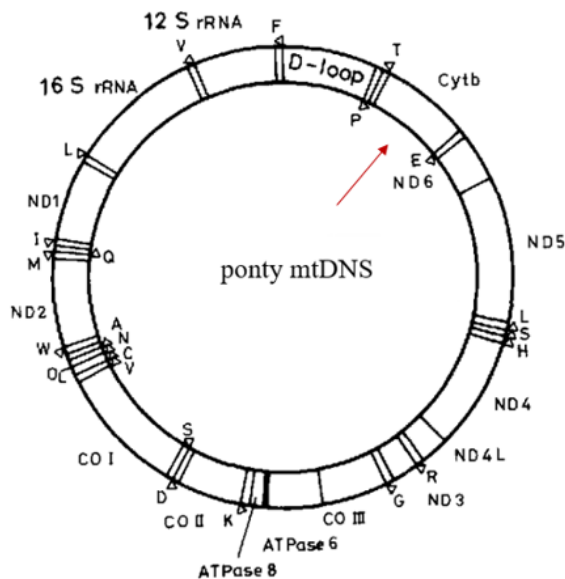
2.6.2. Mitokondriális DNS (mtDNS)

A DNS-nek két típusát különböztetjük meg: mitokondriális DNS (mtDNS) és nukleáris DNS (nuDNS), melyek számos tulajdonságban különböznek egymástól. A mtDNS evolúciója 2 milliárd évre tekint vissza, mely a nuDNS-hez képest egy rendkívül változó genom (LANG és mtsai., 1999; LANE és mtsai., 2010), a sejt citoplazmájában elhelyezkedő mitokondriumok saját örökítő anyaga (BROWN, 1979). A legtöbb állatban egy rövid, kör alakú molekula, mely az aerob légzésben vesz részt (LADOUKAKIS és ZOUROS, 2017). A ponty faj esetén a mtDNS molekula körülbelül 16 kilobázispár és összesen 37 gén található rajta. A nuDNS-sel ellentétben a haploid mtDNS anyai úton öröklődik, vagyis a mitokondriumok a petesejtből kerülnek be az utódokba (AVISE, 1994). Továbbá jellemző rá, hogy nem rekombinálódik és megemelkedett mutációs rátával bír, ezáltal megkülönböztethetőek az ősi vonalak a domesztikált vagy betelepített vonalaktól (ALLIO és mtsai., 2017; LADOUKAKIS és ZOUROS, 2017). A leírásban szereplő genetikai marker azonosítása és kimutatása a polimeráz láncreakción alapul. A mitokondriális genom körülbelül 93%-a kódoló (exon) szekvencia valamint a nem kódoló (intron) szekvenciái nagyon rövidek. Nem kötődnek hozzá fehérjék, ebből kifolyólag a mutagén hatásokkal szemben kevésbé védett, ráadásul nem kerül sor a kialakult mutációk javítására, mert hiányzik belőle a kialakult mutációkat javító excíziós rendszer (LI, 1997). Ebben a nagy mutációs gyakoriságban, a javítás hiányában és ennek következtében a nagy nukleotid sokféleségben rejlik a mtDNS szekvenciák elemzésének jelentősége (BROWN, 1981). Ezen tulajdonságából kifolyólag levezethetőek egymásból a mtDNS szekvencia változatok (haplotípusok), vagyis meg tudjuk közvetlenül határozni a

származási kapcsolatát azon egyedeknek, melyek hordozzák az adott szekvenciát. Továbbá a populációk közötti leszármazási kapcsolatok is vizsgálhatók, ha a szekvencia változatok leszármazási kapcsolatait és ezeket a szekvencia változatokat hordozó egyedek földrajzi elhelyezkedését egymással szemben állítva vizsgáljuk. A genetikai következmények feltárják az adott faj elterjedési területének változásait, továbbá képet mutat ugyancsak az adott faj földrajzi területének beszűküléséről vagy éppen terjeszkedéséről (expanzió), például egy adott környezeti változásból kifolyólag (pl: klímaváltozás: eljegesedés vagy felmelegedés) (PECSENYE, 2017). Mindezek alapján hatékony eszköznek vélik a mtDNS-t a közelmúlt és az ősi biogeográfiai események becslésére, valamint a múlt eseményeinek nyomon követésére a fajok között és a fajokon belül. Rendkívül népszerű markernek tekintett az evolúciós vizsgálatokban, fajok azonosításában, a populációk megkülönböztetésében, a biodiverzitás monitorozásában, filogenetikai elemzésekben (ALLIO és mtsai., 2017). A mtDNS markeren alapuló vizsgálatokat jellemzően alkalmazzák a vízi fajok evolúciójának tanulmányozására különféle taxonómiai szinteken, ideértve a különféle vonalak érvényességére és kölcsönhatásainak megállapítására vonatkozó kutatásokat. Azonban a maternális öröklődéséből kifolyólag fontos megjegyezni, hogy mivel a nuDNS-ről nem nyújt információt, ebből kifolyólag alkalmazásával nem állapíthatóak meg pontosan az alfajok, vonalak közötti hibridizációk, valamint nem nyújt információt az introgresszióról. Így több esetben a sejtmagi DNS vizsgálatával (pl.: mikroszatellit markeren alapuló vizsgálatokkal) együttesen alkalmazzák a pontosabb következtetések meghatározása érdekében.

2.6.2.1. A citokróm b (cyt b) gén, mint mitokondriális DNS marker

A citokróm *b* (cyt *b*) gén az oxidatív foszforiláció révén (elektronok révén irányítja az ATP termelést) a sejt fő energiatermelője (**6. ábra**). Lassan és gyorsan fejlődő kodon pozíciókat is tartalmaz, ezáltal a mtDNS régiói között konzervatívabb és variabilisabb régióknak tekintett (FARIAS és mtsai., 2001). Széles körben alkalmazzák taxonómiai szinten jelentkező eltérések valamint történelmi változások feltérképezésére (MEYER, 1993; FARIAS és mtsai., 2001; XIAO és mtsai., 2001). A halak eloszlását korlátozza a



6. ábra: A citokrom *b* régió elhelyezkedése a ponty mitokondriális DNS genomjában (CHANG és mtsai., 1994)

víz, a különböző folyórendszerek között általában akadályozott a faunacsere, így a történelmi változások eredményezhetnek mélyebb differenciálódást (XIAO és mtsai., 2001), ennek feltérképezéséhez több tanulmányban is alkalmazták a *cyt b* régiót tanulmányukban (FARIAS és mtsai., 2001; XIAO és mtsai., 2001; TANG és mtsai., 2016). A mtDNS-en belül megkülönböztetünk kódoló és nem kódoló régiókat. A gerincesek teljes mtDNS-e egyetlen nem kódoló régiót tartalmaz, a D-loop vagy kontroll régiót.

Az emlősökben nagyon változó a D-loop régió így több tanulmányban vizsgálták, azonban számos halfajon végzett tanulmányban (*Salmo trutta*, HALL és NAWROCKI, 1995; *Salmo salar*, MCCONNELL és mtsai., 1995; *Anguilla anguilla*, DAEMEN és mtsai., 1996) kisebb polimorfizmus volt kimutatható a nem kódoló régióban a kódoló régiókhoz képest. Ezzel ellentétben a *cyt b* régió hatékonyabban vizsgálható (OKUMUS és CIFTCI, 2003).

A világban (ZHOU és mtsai., 2004; ZHANG és mtsai., 2008; KONGCHUM és mtsai., 2010) folyamatosan készülnek genetikai tanulmányok a ponty faj gazdasági és ökológiai jelentősége miatt, melyek a kutatók szerint elengedhetetlenek a halak kezeléséhez, a halgazdaságok által kiváltott lehetséges genetikai hatások ellensúlyozására, a fajok, fajták genetikai javítása érdekében (VANDEPUTTE, 2003; MABUCHI és mtsai., 2006; MONDOL és mtsai., 2006; CHISTIAKOV és VORONOVA, 2009). Több tanulmány foglalkozik mtDNS markeren alapuló (különböző régiók, leggyakrabban D-loop, *cyt b*, COII) vizsgálatokkal a halászati és akvakultúra kutatásokban.

Mivel dolgozatomban mtDNS markeren alapuló vizsgálatot is végeztem a *cyt b* régióra vonatkozóan, emiatt a módszeren alapuló vizsgálatokra nem csak Magyarországra vonatkozóan hozok példákat, hanem a világból valamint Közép- és Kelet-Európából is.

A mitokondriális citokróm b markerrel történt vizsgálatok a világon

XIAO és mtsai. (2001) tanulmányukban Kínából származó *Xenocyprinae* alcsaládba tartozó egyedek elemzésénél mtDNS *cyt b* markert használtak. Az eredményeket felhasználták arra, hogy intraspecifikus, interspecifikus és az intergenerikus filogenitást megállapítsák, valamint értékeljék biogeográfiai vonatkozásban az alcsaládba tartozó egyedeket. Összesen harminc *Xenocyprinae* alcsaládba tartozó egyed elemeztek. Vizsgálatukban azt az eredményt kapták, hogy magas szintű a nukleotid variáció a fajok és nemzetségek populációi között. A Biwa-tóban (Japán) található vadponty teljes mtDNS szekvenciáját határozták meg MABUCHI és mtsai. (2006). A filogenetikai analízis elemzéshez 39 fajból COII génszekvenciákat ((690 bp) 9 fajból) és 44 fajta kontroll régiójának egy szakaszát (kb. 760 bp) (ATPase 6 és 8 génszekvencia (826 bp) vizsgálták, valamint kontroll csoportként az aranyhalat (*Carassius auratus auratus*) alkalmazták a kutatásban. A *cyt b* gén és a D-loop régió szekvenciák alapján filogenetikai tagolódást figyeltek meg a Biwa-tavi ponty és az eurázsiai fajták között. Azonban nem bizonyították megbízhatóan az eurázsiai (ideértve a japán koi pontyot is) fajták filogenetikai kapcsolatait. A teljes mtDNS adatok összehasonlítása során jellemzően kis nukleotid eltérést tapasztaltak a Biwa-tavi ponty és a feltételezett tajvani fajta között. Ez alapján azt feltételezték, hogy az eurázsiai faj fejlődése kapcsán akár egyetlen intron vagy exon régió képes elég információval szolgálni. A legnagyobb édesvízi halcsaládot a *Cyprinidae* elemezték Vietnámban THAI és mtsai. (2007). Vietnámban a *Cyprinidae* halcsaládban több mint 220 elismert fajt számlálnak, melyek esetében a pontyfélék közötti kapcsolatok nem egyértelműek illetve számos fajta taxonómiai besorolásáról vita folyik, hasonlóan a magyar tájfajták létezésének bizonytalanságairól fennálló kérdéskörhöz. THAI és mtsai. (2007) tanulmányukban 25 vietnámi ponty vonalat vizsgáltak. A mtDNS szekvencia 16S rRNS, a D-loop, valamint a *cyt b* régióit elemezték. A molekuláris vizsgálataik alátámasztották a *Cyprinidae* család két felosztását: *Cyprinines* és *Leuciscines*. Azonban nem bizonyították a *Danioninae* vonalhoz való besorolást. Eredményeik alapján sok alcsalád elkülönülésének határait megkérdőjelezték, valamint néhány általános érvényű besorolást illetően is kétségek merültek fel. A Songhua folyóban megjelenő és 2014 óta egyre gyakrabban előforduló hibrid tükrös pontyokat vizsgáltak TANG és mtsai. (2016), ahol a mtDNS *cyt b* régióját elemezték. Arra a kérdésre keresték a választ, hogy a tükrös pontyok genetikailag milyen mértékben jelennek meg a tenyésztett állományok között, illetve milyen hatással vannak a tenyésztett és a vad populációk állományaira a természetes vizekben. Eredményeik alapján

kismértékben, de megjelentek a hibrid tükrös pontyok a Songhua folyóban a vad populációk génállományában. Megjegyezték, hogy a tenyésztett populációk következményeként megjelenő génáramlás negatív következményekkel is járhat a vad populációk esetén. Az Amur-folyó medencéjében tenyésztett tükrös pontyok alkalmazkodtak a hideg időjáráshoz, és más előnyökkel is rendelkeznek a vad populációkhoz képest, mint például a betegségekkel szembeni ellenállóképesség és a magas növekedési ráta. Mivel azonos fajok, könnyen hibridizálódhatnak, akár vad populációkkal is, ezért felhívták a figyelmet a vad populáció állományainak védelmére.

A mitokondriális citokróm b markerrel történt vizsgálatok Közép- és Kelet-Európában

ZHOU és mtsai. (2003) tanulmányukban két európai német tükrös ponty vonalat, az orosz szórt pikkelyes tükrösponty és a *Cyprinus carpio carpio* alfaj egyik vadon élő ponty vonalát (Volga River wild common carp), két ázsiai ponty vonalat a Jangce folyó vadponty (*Cyprinus carpio haematopterus*) és a Xingguo vörös ponty vonalat (*Cyprinus carpio haematopterus*) vizsgálták annak érdekében, hogy tisztázzák az európai domesztikált ponty genetikai létezését. A filogenetikai elemzés során azt az eredményt kapták, hogy a német tükrösponty és az orosz szórt pikkelyes tükrösponty két külön vonal. Eredményeik alapján megállapították, hogy a *C. carpio carpio* és *C. carpio haematopterus* illetve az európai pontyoknak különböző ősei voltak: a német tükröspontyokat a *C. carpio carpio* európai alfajból domesztikálták. Az orosz szórt pikkelyes tükröspontyok és a *C. carpio haematopterus* az ázsiai alfajból származnak. KOHLMANN és mtsai. (2003) Európából, Közép-Ázsiából illetve Kelet- és Délkelet-Ázsiából származó háziasított és fogságban tartott ponty állományok genetikai sokféleségét és populáció szerkezetét vizsgálták allozim és mikroszatellit markerek mellett mtDNS (21 populáció) markerrel is. A 21 populáció mtDNS markerrel történő vizsgálat eredménye azt mutatta, hogy az összes európai populáció (egy kivételével) egy haplotípusba tömörült, amely Közép-Ázsiában dominált, azonban Kelet- és Délkelet-Ázsiában teljesen hiányzott, így az mtDNS markerrel kapott eredmény is alátámasztotta, hogy az európai ponty Közép-Ázsiából származik. *Carassius gibelio* and *Cyprinus carpio carpio* populációinak genetikai struktúráját vizsgálták TSIPAS és mtsai. (2009) Nyugat-Görögországban RFLP és mtDNS markerek használatával cyt b és D-loop régiókat elemezve. Eredményeik két haplotípust mutattak ki a *C. c. carpio* populációkban és két haplotípust a *C. gibelio* populációkban. Mindkét faj esetén magas nukleotid diverzitást

állapítottak meg, ráadásul leírtak két genetikailag elkülönülő *C. gibelio* populációt, melyek két különböző élőhelyen találhatók.

A mitokondriális citokróm b markerrel történt vizsgálatok Magyarországon

Jelenleg nem áll rendelkezésre szakirodalom a mtDNS cyt *b* régiójának vizsgálatára magyar tájfajták tekintetében. Azonban a mtDNS egyéb régióit elemezték, mint például a D-loop, COII és a tRNS régiókat, melyek vizsgálatait alább mutatom be.

Kínai és magyar vadon élő és tenyésztett ponty vonalait vizsgálták a mtDNS D-loop, COII és tRNS_{Lys} régiók szenvenciáinak elemzésével. Vizsgálatukban mindkét ország esetén a vadon élő és domesztikált ponty vonalak genetikai diverzitását, szerkezetét és kapcsolataikat elemezték. Eredményeik alapján a kínai pontyok genetikailag diverzebbek a magyar ponty vonalakénál, valamint a változatosság magasabb a vadon élő pontyok esetén a domesztikált pontyokhoz képest mindkét országban. A molekuláris varianciaanalízis (AMOVA), valamint a páronkénti F_{st} értékek azt mutatták, hogy a magyar és kínai pontyok genetikai szinten szignifikánsan eltérnek egymástól. A Bayes-féle filogenetikai elemzések is alátámasztották ezt a megállapítást. A kínai vadpontyok néhány egyede valamint haplotípusa megjelent a magyar vadpontyok néhány egyedében és néhány esetben közös haplotípust alkotnak, mely azt jelenti, hogy genetikailag nem teljesen izoláltak egymástól a két országból származó vonalak, lehetséges genetikai kapcsolatot jelezve ezzel (WANG és mtsai., 2010). Két vadon élő vadponty vonalat (tiszai és dunai vadponty) elemezték magyar kutatók, melyek a MATE Szent István Campus Halászati Kutatóközpont génbankjából (Szarvas) származnak. Eredeti származási helyüket tekintve pedig Magyarország két nagy folyójából valók: a Tiszából és a Dunából. Az egyedek genetikai tisztaságát és sokféleségét elemezték, valamint céljuk volt feltérképezni, hogy a szarvasi génbankból származó egyedek között vannak-e ázsiai eredetűek. A mikroszatellit markereken kívül mtDNS markereket (NADH-3,4 dehidrogenáz (ND-3/4) és NADH-5,6 dehidrogenáz (ND-5/6) géneket) is használtak vizsgálatukban. A mtDNS markeren alapuló vizsgálatok eredményei azt mutatták, hogy az európai és az ázsiai ponty egyedek nem keverednek egymással. Minden egyed tipikus európai haplotípust mutatott, amely bizonyítja a tiszai és dunai vadponty vonalak maternális eredetű tisztaságát (LEHOCZKY és mtsai., 2005b).

2.6.3. Restriktációs fragment-hossz polimorfizmus (RFLP)

Restriktációs endonukleázok használatával a teljes mitokondriális genom emésztését követően RFLP variációk jelennek meg a mitokondriális genomban. A DNS emésztése körülbelül 4-8 bp hosszán egy specifikusan meghatározott pozícióban történik (BOTSTEIN és mtsai., 1980). A keletkezett különböző hosszúságú fragmentumok elkülöníthetők valamint a restriktációs enzimek meghatározott pozíciójában mutáció (inszerció, delécio, szubsztitúció) mehet végbe, mely a DNS szakaszok méretét és számát megváltoztathatja a hasítás során. Ennek következtében megnő a fragmentek mérete és párhuzamosan ezzel csökken a fragmentek száma. A fragmentek száma és mérete egyedenként, populációnként és fajonként változhat. A PCR módszer megjelenését követően PCR reakcióban optimális primerek alkalmazásával a restriktációs helyet hordozó DNS szakasz felsokszorozítása történik, gélelektroforézis során UV fény alatt látható, mely alapján azonosíthatóvá válik egy adott faj a kapott, fajra jellemző restriktációs fragmenthossz mintázata alapján (KOCHER és mtsai., 1989; LIU és CORDES, 2004). A módszer előnye, hogy alkalmazásával kodomináns öröklődés mutatható ki, azonban hátránya, hogy nem nyújt elég információt a polimorficitást illetően valamint nehéz pontosan azonosítani az allélek méretét, így a sokféleség becslésére kevésbé bizonyult alkalmasnak (O'CONNELL és WRIGHT, 1997; LIU és CORDES, 2004). Továbbá korlátot jelethet abból kifolyólag, hogy nagy mennyiségű DNS-t igényel a technika, mely a kisebb méretű vízi szervezetek pusztulásával járhat, ráadásul nagy mennyiségű minta esetén időigényes és költséges technikának bizonyul, ezen felül pedig nagyon munkaigényes tisztítást igényel (OKUMUS és CIFTCI, 2003). LEHOCZKY és mtsai. (2005b) tanulmányukban dunai (n=35) és tiszai (n=25) vadponty egyedeket vizsgáltak, melyek a szarvasi génbankból származtak. Tanulmányuk célja volt az egyedek genetikai variabilitásának és genetikai tisztaságának bizonyítása mikroszatellit markerek használata mellett PCR-RFLP technika alkalmazásával. A vizsgálatukban alkalmazott Eco47I az ND-5/6 mitokondriális gének azt mutatták, hogy a két vizsgált vadponty fajták európai és ázsiai alfajhoz tartozó leszármazásukat tekintve nem keverednek egymással. A vártakkal összhangban minden egyed az európai haplotípusba sorolt, amely bizonyítja a dunai és tiszai vadponty fajták európai eredetét és genetikai tisztaságát (LEHOCZKY és mtsai., 2005b).

2.6.4. Véletlenszerűen amplifikált polimorf DNS (RAPD)

A RAPD technikát 1990-ben fejlesztették ki (WELSH és MCCLELLAND, 1990; WILLIAMS és mtsai., 1990), melynek során a vizsgált faj genomjának ismeretlen szegmenseit 8-10 bp hosszúságú primerpár segítségével PCR alkalmazása mellett felsokszorozítják. Az amplifikálás általában alacsony hőmérsékleten (36-40 °C) történik, a keletkezett termékek különböző lókuszt mutatnak. A vizsgálat elve, hogy az ismert szekvenciájú primerek megtalálják a számukra komplementer helyeket a nukleáris DNS-ben. A technika alkalmazásával 2-10 random fragmentum szaporítható fel, melyek mérettartománya 200 és 2000 bp közé esik (ZSOLNAI és ORBÁN, 1999). A számos különböző méretű keletkezett fragment alapján egyszerre több lókuszt vizsgálható a szekvencia ismerete nélkül (PÉREZ és mtsai., 1998). A módszer előnye, hogy kevés mennyiségű DNS elegendő, költséghatékonynak mondható, valamint a szekvenciáról nincs szükség információra, továbbá egyszerűen és gyorsan kivitelezhető. A módszer hátránya, hogy nehéz a sok fragment kiértékelése, ugyanakkor laborérzékenysége miatt nehezen reprodukálható (PÉREZ és mtsai., 1998). Ezeken felül nem különböztethetőek meg a heterozigóta és homozigóta állapotok (OKUMUS és CIFTCI, 2003). A RAPD technika alkalmazható többek között a fajok és alfajok azonosítására, a közöttük lévő kapcsolatok feltárására, filogenetikai vizsgálatokhoz, kromoszóma- és genomterképezéshez valamint az interspecifikus génáramlás és a hibrid speciációk elemzéséhez. Hazánkban BÁRTFAI és mtsai. (2003) alkalmazták RAPD technikát mikroszatellit analízis mellett, amikor két magyar halgazdaság (Dinnyés és Attala) teljes populációját elemezték. Mindkét állományból tíz polimorf RAPD markert választottak ki. Vizsgálatukban a RAPD markereket a mikroszatellit markerekkel hasonlították össze. Megállapították, hogy a mikroszatellit alapú vizsgálat részletesebb információt nyújt, mint a RAPD vizsgálat. Fontos azonban megjegyezni, hogy tanulmányukban a RAPD eredmények alátámasztották a mikroszatellit eredményeket, melyek szerint nem volt jelentős különbség a két populáció genetikai struktúrája között.

2.6.5. Miniszatellit (Változó Számú Tandem Ismétlődés – VNTR)

A miniszatellit vagy változó számú tandem ismétlődés (VNTR) egy 9-65 bp hosszúságú rövid ismétlődő szekvencia a DNS-ben, melynek teljes hossza 0,1-7 kb között van valamint G és C bázisban gazdag (OKUMUS és CIFTCI, 2003; HANEEF, 2017). Eleinte a vizsgálatok során a multilókuszt miniszatellit DNS-ujjlenyomatot (fingerprint) alkalmazták, melyre jellemző a magas szintű polimorfizmus és a reprodukálhatóság.

Azonban a módszer elemzése nehéz volt az összetett mintázatok és az összetett mutációs folyamatok miatt, az erősen változó lókuszok kevésbé hasznosak a populációk megkülönböztetésére (OKUMUS és CIFTCI, 2003). A multilókusz miniszatellit fingerprint módszerét az egylókuszos miniszatellit DNS próbák követték, melyeket először TAGGART és FERGUSON (1990) és BENTZEN és mtsai. (1991) fejlesztettek ki a halak (atlanti lazac és tilápia fajok) elemzésére. A módszer megfelelő mennyiségű és kiváló minőségű DNS-t igényel. Az elemzés során nehezen lehet pontosan azonosítani az allélek méretét (O'CONNEL és WRIGHT, 1997), ennek ellenére a populációkon belüli és közötti genetikai eltérések kimutatására alkalmasnak bizonyult. A módszereket alkalmazták többek között a genetikai identitás, a származás valamint a fajták azonosítása érdekében (OKUMUS és CIFTCI, 2003). Az említett két módszer hátrányai miatt a kutatók hamar kifejlesztettek egy hasznos technikát a genetikai változatosság detektálására, mely a VNTR-ek másik osztálya, a mikroszatellit markerek (CROOIJMANS és mtsai., 1997; BÁRTFAI és mtsai., 2003; KOHLMANN és mtsai., 2003; LEHOCZKY és mtsai., 2005a,b).

2.6.6. Mikroszatellitek (Egyszerű Szekvencia Ismétlődések – SSR; Rövid Tandem Ismétlődések – STR)

A mikroszatellitek 2-8 bp hosszúságú ismétlődések a DNS-ben (OKUMUS és CIFTCI, 2003). Az ismétlődések lehetővé teszik a polimorf lókusz megjelölését és markerként való használatát, több információval rendelkeznek, mint az allozimek és a mtDNS-ek (OKUMUS és CIFTCI, 2003). Leggyakrabban A és T bázisokat tartalmaznak (HANEED, 2017). A mikroszatellitek kodominánsan öröklődnek, gyakoriak, egyenletesen oszlanak el és a teljes genomban megtalálhatóak, mind a kódoló (exon), mind a nem kódoló régiókban (intron). Nagyobb mennyiségben fordulnak elő a nem kódoló régiókban (LIU és CORDES, 2004). Ezen marker vizsgálata is, hasonlóan az általam ugyancsak alkalmazott mtDNS markerhez, a polimeráz láncreakción alapul. Lókusz méretük kicsi, mely segíti az amplifikálást és megkönnyíti a genotipizálást. A mikroszatellit markerek kimutatását a határoló szekvenciákra tervezett PCR primerek teszik lehetővé (BRUFORD és WAYNE, 1993). Ezen kívül rendkívül polimorfak és semlegesen reagálnak a szelekciós nyomásra. A világon eddig vizsgált összes fajban bőségesen előfordulnak, a becslések szerint halakban 10 kb páronként jellemző egy mikroszatellit lókusz (WRIGHT, 1993), ezzel szemben a miniszatellit lókuszok 1500 kb páronként fordulnak elő a halfajokban (OKUMUS és CIFTCI, 2003). A mikroszatellitek könnyen és gyorsan

izolálhatóak a miniszatellitekhez képest, viszonylag kis mennyiségű minta (pl.: uszony vagy pikkely) elegendő a mikroszatellitek genotipizálásához, mely mintavételezés nem jár az állat pusztulásával (OKUMUS és CIFTCI, 2003). A mikroszatellit lókuszok polimorficitása a változó számú ismétlődő egységek miatti méretbeli különbségeken alapul (LIU és CORDES, 2004). Általánosan elmondható, hogy minél nagyobb számú ismétlést tartalmaz a mikroszatellit, annál polimorfabb (LIU és CORDES, 2004). A mutációs rátája adott lókuszon generációnként 10^{-3} - 10^{-4} és az ismétlődő egységek különböző számát a DNS replikáció során a polimeráz enzim megcsúszása okozza (CRAWFORD és CUTHBERTSON, 1996). A polimeráz enzim megcsúszása genotipizálási hibát okozhat valamint a primer kötőhelyen létrejövő mutáció nullallélek jelenlétét idézheti elő, mely befolyásolhatja az eredményt (BRUFORD és WAYNE, 1993). A mikroszatellit markerek a közeli rokon populációk közötti genetikai különbségek kimutatására különösen alkalmasak, mely köszönhető a magas mutációs rátájuknak (AVISE, 2000) valamint kodomináns öröklődésüknek (FÉSÜS és mtsai., 2000), a mai napig egy népszerű marker. A halászati és akvakultúra kutatásokban széleskörűen alkalmazzák kismértékű változások kimutatására populációkon belül és a populációk között.

A dolgozat fő markertípusai, a mtDNS marker cyt *b* régiója mellett a mikroszatellit markerek voltak. Ebből kifolyólag a módszeren alapuló vizsgálatokra nem csak Magyarországra vonatkozóan, hanem a világból valamint Közép- és Kelet-Európából is hozok példákat.

Mikroszatellit markerek alkalmazásával történt vizsgálatok a világon

YUE és mtsai. (2007) tanulmányukban 55 ponty egyedet genotipizáltak 49 mikroszatellit markerrel (beleértve az általunk is vizsgált Cca24, Cca67, MFW4, MFW7, MFW13, MFW31 markereket), melyben az egyedek mintázatát és mutációs rátáját vizsgálták. Megállapították, hogy a 49 mikroszatellit lókusz mutációs rátája $5,56 \times 10^{-4}$ /lókuszt/generáció (95% konfidencia intervallum $1,52 \times 10^{-4}$ és $1,63 \times 10^{-3}$). Az allélméret változása +2 - -5 ismétlődő egységek között volt. Mindezek alapján azt feltételezték, hogy a mutációs allél a méretében leginkább hasonló szülői allélból származik. Közép-, Kelet- és Délkelet Ázsiából valamint Európából származó domesztikált és vad pontypopulációkat hasonlítottak össze allozim (23 populáció), mtDNS (21 populáció) és mikroszatellit (11 populáció) markerek elemzésével

KOHLMANN és mtsai. (2003). Az allozim változatossága jóval kisebb volt, mint a mikroszatellit variabilitás. A domesztikált és a vad állományok közötti különbségek erőteljesebben nyilvánultak meg a mikroszatellit lókuszokban, szemben az allozim markerrel. Eredményeik alapján arra következtettek, hogy a mikroszatellit markerek alkalmasabbak a populációk erőteljesebb változásainak és a beltenyésztési leromlás pontosabb megállapításához. Továbbá az európai populációk egy haplotípusba csoportosultak, mely alapján azt a megállapítást tették, hogy Közép-Ázsiából származik az európai ponty. Mindhárom genetikai marker két divergens csoportba csoportosította a vizsgált populációkat: Európa/Közép-Ázsia és Kelet/Délkelet-Ázsia. A genetikai sokféleség a mikroszatellit lókuszok esetén a populációkon belül volt jelentős, a mtDNS és az allozim varianciája a földrajzi régiók közötti különbségekre mutatott rá. A tanulmányban azt az eredményt kapták, hogy a *C. carpio* az európai pontyhoz, a *C. c. haematopterus* pedig a kelet/délkelet-ázsiai pontyhoz tartozik. Vizsgálatukban nem tudták bizonyítani a közép-ázsiai ponty külön alfajba való csoportosulását (*C. c. aralensis*). A vizsgálatból kiderült, hogy a fajon belüli populációk keveredésének és introgressiójának kimutatására többek között a mikroszatellit marker is különösen alkalmas. Ahogyan az előbbieken már említettem, a ponty teljes genomszerkezetét elsőként kínai kutatók (XU és mtsai., 2014) írták le. Tanulmányukban a domesztikált *C. carpio* (Songpu változat) genomszerkezetét ismertették, amely jelenleg 52 610 fehérjét kódoló génből áll és genomjának ($2n=100$) körülbelül 92,3%-os lefedettségét tartalmazza. Megállapították, hogy körülbelül 8,2 millió évvel ezelőtt történt a teljes genom duplikáció. Továbbá rávilágítottak arra, hogy a *C. carpio* 2 alfajtól származik (*C. carpio haematopterus* és *C. carpio carpio*), melyet a harminchárom reprezentatív egyed genom szekvenciája bizonyít. A tulajdonságok és a bőr mintázatokra vonatkozóan különböző lókuszok azonosítását célozták meg, melyek kapcsán genomi és transzkriptom elemzést végeztek. Vizsgálatukban összesen 773 mikroszatellit markert használtak fel a genotipizáláshoz és a kapcsolódási térkép felépítéséhez. A kutatók azt a megállapítást tették, hogy a genomszerkezet ismerete új utakat nyit meg a molekuláris munkák során és hozzájárul a pontytenyésztés minőségének javulásához. MONDOL és mtsai. (2006) öt mikroszatellit lókuszt (MFW1, MFW2, MFW11, MFW15, MFW20) használtak négy bangladeshi ponty fajta (pikkelyes, tükrös, vörös és koi ponty) molekuláris jellemzéséhez. Meghatározták a fajták közötti átlagos heterozigotizációs értékeket és az átlagos allélek számát. A heterozigotizációs érték tekintetében a koi ponty esetén állapították meg a legnagyobb variabilitást. A fajták között kis géntartalmat jeleztek az N_m (génáramlási

érték) értékek és nagy differenciálódást mutattak az F_{st} (populáció differenciáltsága) értékek. A legnagyobb genetikai távolságot a ponty és a koi ponty között figyelték meg, a legkisebb genetikai eltérés a vörös és koi ponty között volt. A páronkénti csoportosítás alapján (UPGMA) két csoportba csoportosultak az egyedek, amelyek közül az egyik csoportba a pikkelyes fenotípusú pontyok, a másik csoportba a fennmaradó három fajta (tükrös, vörös és koi ponty) csoportosult. Ebben a tanulmányban is bizonyították a mikroszatellit markerek alkalmasságát a ponty különböző fajtáinak jellemzésére. Törökországban három tóból származó vadponty jelenlétét határozták meg MEMIS és KOHLMANN (2006) genetikailag mtDNS ND-3/4 és ND-5/6 gén régiók, négy mikroszatellit marker (MFW1, MFW6, MFW7, MFW28) és RFLP elemzéssel. A mikroszatellit markeren alapuló variabilitás a három populáció között nem különbözött szignifikánsan, más vadon élő populációkhoz képest kismértékű volt, azonban a háziasított populációkhoz képest jelentősen eltért. A tóból származó három populációt összehasonlították török vadpontytól származó egyedekkel, ahol azt az eredményt kapták, hogy szignifikáns és nagy a genetikai eltérés közöttük (F_{st} : 0,21-0,27). A vizsgált egyedek összesen öt haplotípusba tömörültek a PCR-RFLP analízis során. A H1 haplotípusba tömörültek a Sapanca- és az Iznik-tavakból származó két török populáció egyedei. A fennmaradó négy haplotípus csupán egy, vagy két restriktív enzim fragment mintázatában különbözött, nagyon hasonlítottak a H1 haplotípusra. Ezen eredmények is alátámasztották azt a hipotézist, hogy a jelenlegi európai domesztikált és vadpontyok a közép-ázsiai pontytól, azaz egy közös őstől származnak. THAI és mtsai. (2007) négy variabilis mikroszatellit lokuszt (MFW1, MFW6, MFW7, MFW9) használtak a vietnámi ponty populációjának és genetikai sokféleségének vizsgálatára. Összesen 968 (magyar ponty, vietnámi fehér ponty, indonéziai sárga ponty, vietnámi Bac Ninh) pontyot genotipizáltak. Az egyedek tizenegy haltenyészetből, hat vad populációból, tározókból és folyókból voltak begyűjtve valamint három kísérleti vonal elemzésére is sor került az Akvakultúra Kutatóintézetből. Az allélek átlagos száma, populációnként és lokuszonként, 4,25 és 11,00 között volt, a megfigyelt átlagos heterozigotitás értéke a 0,40-0,83. A populáción belüli variabilitás érték nagy (90,6%), míg a populáción belüli csoport és a csoportok között kis (5,0% és 4,5%) értéket mutatott. Eredményeik alapján a Hardy-Weinberg egyensúlytól való nagymértékű eltérések leginkább a heterozigóta hiány miatt voltak, mind a vad populációkban, mind a halgazdaságokban, azonban megállapításuk szerint akár közelmúltban történt populációkeveredés is okozhatta az eltérést. Az allélgazdagság és a heterozigotitás eredményei nagyobb genetikai diverzitást mutattak a

vadon élő ponty populációkban, mint a tenyésztett populációkban. Az eredmények bizonyították, hogy a kísérleti vonalból származó egyedek egymástól különböznek, azonban keverednek a haltenyészetekből származó egyedekkel, továbbá előfordulnak a vadon élő populációkban is. A többdimenziós mérés (MDS) és az UPGMA elemzések azt mutatták, hogy a kísérletbe vont vietnámi fehér ponty vonal szoros kapcsolatban áll a vadon élő ponty populációkkal, a haltenyészetből származó állományok egyedei szorosan kapcsolódnak a kísérletbe vont indonéziai sárga pontyhoz és ugyancsak bizonyítják a populációk keveredését. A magyar ponty populáció teljesen különbözött a vizsgált populációktól, nem volt szoros kapcsolat közöttük. A Kaszpi-tengeren főként az emberi tevékenységek miatt csökkent a ponty populáció (GHELICHPOUR és mtsai., 2013). A vizsgálatban nyolc mikroszatellit markert (CypG24, MFW2, MFW7, MFW13, MFW16, MFW17, MFW20, MFW26) használtak fel a ponty genetikai diverzitásának és populációjának elemzésére a Gomishan-öbölben (GB) és a Gorganroud folyón (GR). Mindkét mintavételi hely (GB és GR) esetén 15,12 és 11,35 volt az átlagos (N_a) és a várható (N_e) allélszám. A valós (H_o) és a várt (H_e) heterozigotizáció értéke GB esetében 0,99, GR esetében 0,90 volt és minden vizsgált lókusznak polimorfnek bizonyult. Tizenkettő szignifikáns eltérés volt a Hardy-Weinberg egyensúlyban a tizenhat tesztelt kombinációban (lókuszt x régió), melyet a H_e érték növekedése magyaráz, az F_{st} érték 0,011 volt. Az AMOVA analízis azt mutatta, hogy a populációkon belül jelentős a változatosság (99%), ezzel szemben a populációk között 1% volt. Az eredmények szerint a vizsgált populációk nagy allélgazdagsággal rendelkeznek és jellemző rájuk a génáramlás.

Mikroszatellit markerek alkalmazásával történt vizsgálatok Közép- és Kelet-Európában

CHISTIAKOV és VORONOVA (2009) is tanulmányukban rávilágítottak arra, hogy jó néhány molekuláris markert analizáltak már a ponty populációk genetikai diverzitásának értékelésére. Megállapították, hogy a ponty genetikai sokféleségét leggyakrabban mikroszatellitek és mtDNS markerekre alapozva elemezték. Összefoglalták, hogy a ponty genetikai evolúciójában jelenleg két átrendeződési hullám látható: a teljes genom duplikáció (12-16 millió évvel ezelőtt) és a részleges duplikáció (2,3 és 6,8 millió évvel ezelőtt). A genom duplikáció következménye a tetraploidizálódott genom lett. Jelenleg a ponty genomjában a lókusztok jelentős része duplikált és a legtöbb egyéb pontyféléhez képest kétszeres kromoszómakészlettel ($n=100-104$) rendelkezik. A háziasított ponty populációk kisebb genetikai változatossággal jellemezhetők a vad ponty populációkhoz

képest, ami valószínűleg a genetikailag változatos alapító egyedek „eltűnéséből”, és a genetikai sodródásból ered. Az európai *C. c. carpa carpio* és az ázsiai *C. c. haematopterus carpa* között egyértelmű a genetikai differenciálódás. Ázsiában két ponty alfaj, a *C. c. haematopterus* és a *C. c. varidivlaceus* genetikailag is különböznek egymástól. A Csehországban nevelt pontyok importált változatainak molekuláris genetikai jellemzőit foglalták össze egy tanulmányban HULAK és mtsai. (2010). Vizsgálatukba tizenegy pontyváltozatot (két-két tenyésztett változat Németországból (Scheuerman, Glinzig tükrös ponty), Franciaországból (Forez, Dombey pikelyes ponty), egy tenyésztett populáció az Amur-medencéből (Spanyolország) és egy vad populáció az Ebro-folyóból (Spanyolország) vontak be és tíz mikroszatellit markert (Cca24, Cca67, Koi29-30, MFW1, MFW6, MFW7, MFW13, MFW16, MFW20, MFW26) használtak. A populációk átlagos heterozigotitási értéke 0,584 és 0,700 között változott, és az allélek átlagos száma az egy populációra vonatkoztatva 5,0 és 9,8 között volt. A 130 elemzett lókuszból 92 szignifikánsan eltért ($p < 0,05$), majd Bonferroni-korrektúra után szignifikánsan homozigóta többletet mutatott. A molekuláris varianciaanalízis (AMOVA) a populációkon belül magasabb százalékos értéket (79%) mutatott a populációk közötti értékhez viszonyítva (21%). A Nei-féle genetikai távolságon alapuló rokonsági fa és az UPGMA algoritmus alapján a vizsgált változatok és populációk két fő klaszterbe csoportosultak, ami a ponty európai/közép-ázsiai vagy kelet-ázsiai alfajához való tartozását tükrözte, ellenben a származási országgal. Ezen kívül eredményeik bizonyították a megőrzési program hatékonyságát, és hangsúlyozták a ponty változatok genetikai sokféleségének jövőbeni monitorozásának szükségességét. A horvát akvakultúrában is nagy szerepe van a pontytermelésnek. A nyílt vizeken történő ponty sporthorgászat nagyon népszerű, de gyakran a halgazdaságok állományán alapul. Tizenöt mikroszatellit marker (MFW1, MFW4, MFW7, MFW9, MFW12, MFW31, MFW16, MFW20, MFW23, MFW29, MFW3, MFW13, MFW17, MFW26, MFW28) használatával 243 egyedet elemeztek, melyek öt halkeltetőből és öt vad populációból származtak. Összesen 148 allélt írtak le, azonban a lókuszonkénti átlagos allélszám nagyon kicsi volt. A páronkénti szignifikáns F_{st} értékek (0,026-0,130) a populációk elkülönülését és a Hardy-Weinberg egyensúlytól ($p < 0,05$) való eltérést mutatták. Mindez magyarázhatja a megfigyelt kis heterozigotitási értéket és a kis genetikai különbséget. A tíz populációból származó AMOVA eredmények azt mutatták, hogy a populációk közötti genetikai variancia százalékos értéke kisebb (6,26%), mint a populációkon belüli genetikai variancia százalékos értéke (91,04%) (TOMLJANOVIC és mtsai., 2013).

NAPORA-RUTKOWSKI és mtsai. (2017) húsz pontyfajtát jellemeztek Lengyelországban. Három különböző típusú genetikai markert alkalmaztak, 963 AFLP markert, tizenegy mikroszatellit lókuszt (Cca67, Cca72, Koi29-30, MFW1, MFW6, MFW7, MFW13, MFW16, MFW20, MFW26, MFW28) és a mtDNS D-loop régiójának egy szakaszát. Eredményeik szerint a vizsgált tájfajták 17 csoportba csoportosulnak a Bayes-féle elemzés alapján. Az elemzés bizonyította, hogy a ponty egyedek származásuknak megfelelően helyesen voltak sorolva egymáshoz (92,4%). A mikroszatellit és az AFLP analízis szignifikánsan kimutatta a fajták kismértékű genetikai változatosságát (AMOVA 23% és 18,2% között). Az AFLP és a mikroszatellit analízist használva a genetikai távolságok vonatkozásában azonos értékeket kaptak, mely értékek korrelációban vannak a Mantel teszt nagy értékeivel ($r=0,553$, $n=20$, $p=0,001$). Csupán két haplotípust (H2 és H5) találtak a vizsgált ponty fajtákban, melyek közül a H2 volt a leggyakoribb haplotípus.

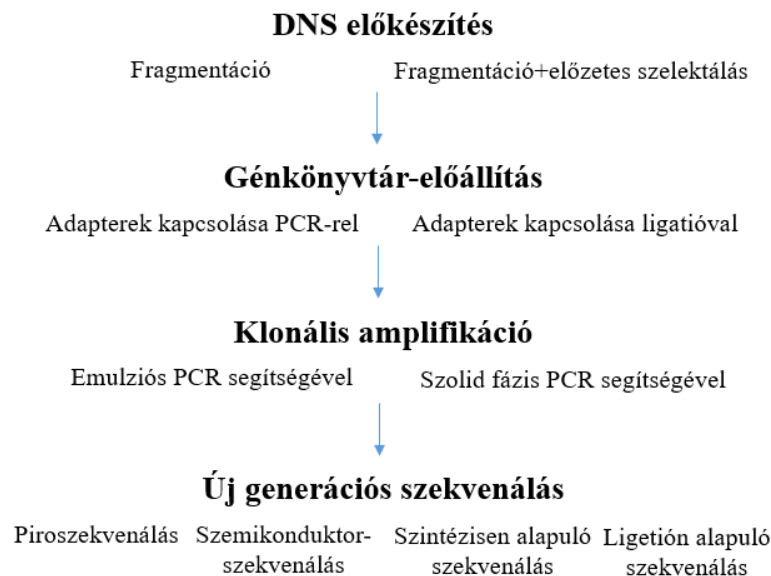
Mikroszatellit markerek alkalmazásával történt vizsgálatok Magyarországon

Két magyar halgazdaság (Attala $n=80$ és Dinnyés $n=196$) populációját elemezték RAPD és mikroszatellit módszerek alkalmazásával BÁRTFAI és mtsai. (2003). A két gazdaság halállományát az 1984-es évtől „zárt tenyésztésben” tartják. Tíz polimorf RAPD markerrel és négy mikroszatellit markerrel (MFW4, MFW7, MFW9, MFW31) jellemezték mindkét állomány genotípusát. Vizsgálatuk során a mikroszatellit elemzés részletesebb információval szolgált a genetikai különbségekről a RAPD vizsgálatnál szemben. A két populáció genetikai struktúrája között nem volt jelentős különbség egyik marker esetében sem, hasonlóak voltak a heterozigotizációs értékek és az allélfrekvenciák. A populációk egymáshoz való hasonlításakor nem különültek el két csoportba az egyedek. A két populációból származó genotípusokat egyéb halkeltetőből Böszörmény ($n=50$), Tata ($n=35$), Bikal ($n=6$), Szajol ($n=5$) és két folyóból (Duna ($n=4$) és Tisza ($n=4$)) gyűjtött egyedekkel hasonlították össze. A vadponty fajták kivételével, az allélfrekvenciák értéke nagyon hasonló volt a tanulmányban elemzett tájfajták esetén.

2.6.7. Újgenerációs szekvenálás ponty fajban

A ponty genetikai erőforrásainak vizsgálatára az újgenerációs szekvenálások lehetőségei a közeljövőben jelentős hatást gyakorolhatnak. Az új generációs szekvenálás lényege, hogy már rendelkezésre álló DNS szakaszokat izolált klonális felsokszorozítást

(amplifikációt) követően párhuzamosan szekvenálnak. Ezt követően a DNS nukleotid-sorrendjét analizálják a rendelkezésre álló óriási mennyiségű adathalmazból. Az új generációs szekvenálás eljárásai (7. ábra) az alkalmazott módszerekben térnek el egymástól, vagyis a minta előkészítésben, a génkönyvtár előállításban, klonális amplifikációban, szekvenálásban és az adat analízisében (BABAY és mtsai., 2015).



7. ábra: Főbb lépései az új generációs szekvenálási technikáknak (BABAY és mtsai., 2015 nyomán)

CARRERAS és mtsai. (2017) tanulmányukban megjegyezték, hogy a populáció méretű fajok esetében a teljes genom szekvenálás (WGS) részletesebb képet mutathat a populációk szerkezetének vonatkozásában, szemben a kisebb számú markerek alkalmazásával. A WGS lehetővé teszi több ezer marker genotípus szerinti elkülönítését, miközben megkönnyíti a szelekció által létrehozott genetikai struktúrák kimutatását. Eredményeik tükrözik a populációk genetikai szerkezetének összetettségét és bizonyítják, hogy a különböző taxonok biológiai diverzitásának értékelése egy komplex folyamat (CARRERAS és mtsai., 2017). A ponty teljes genom szekvenálást elsőként, és tudomásunk szerint jelenleg is ez az egyetlen, XU és mtsai. (2014) végeztek. A domesztikált *Cyprinus carpio* songpu vonal genomtervezete 52 610 fehérjét kódoló gént tartalmaz és paleotetraploidizált genomjának kb. 92,3%-át fedi le. Összesen 33 reprezentatív egyed teljes genomját szekvenálták a világ különböző régióiból, melyek között dunai vadponty és szarvasi 22-es vonalba tartozó egyedek is voltak. Igazolták az allotetraploidizációt és azonosítottak 3740 SNP és 773 mikroszatellit markert a

genomban. Tanulmányukban a változatok összehasonlítása során igazolták az ázsiai és európai változatok elkülönülését. Eredményeik rávilágítottak arra, hogy az európai változatnak nagy szerepe volt a faj világszintű elterjedésében. Eredményeik szerint az észak-amerikai pontyok a szarvasi 22-es vonalba tartozó egyedekkel szoros rokonsági kapcsolatot mutattak (XU és mtsai., 2014). Újgenerációs technikák használatát jelenleg leginkább ázsiai kutatócsoportok alkalmazzák, mely vizsgálatok takarmányértékesítéssel, sztenderd testhosszal, testtömeggel, növekedési rátával és testalakokkal kapcsolatos QTL-ek azonosítására fókuszálnak (ZHANG és mtsai., 2008; LI és mtsai., 2009; WHANG és mtsai., 2012, ZHANG és mtsai., 2013). Egy ilyen QTL azonosításra koncentráló vizsgálatot végeztek a közelmúltban ázsiai kutatók a ponty fajra vonatkozóan, melyben készítettek egy genetikai kapcsolódási térképet és ehhez összesen 268 markert használtak fel (ezen belül 110 mikroszatellit marker volt). Egy olyan panelen vizsgálták elkülönülésüket, amelyben 46 haploid embrió volt, melyek egy hibrid nőivarú (ikrás) egyedtől származtak. A térkép a faj 50 kromoszómáját fedi le, valamint sikerült feltérképezniük a hidegtűrési tulajdonsághoz kapcsolódó lókuszt. A térkép kiinduló pontot jelent a ponty faj gazdasági jellemzőihez kapcsolódó kvantitatív lókuszok további feltérképezéséhez (SUN és LIANG, 2004). Ezek a vizsgálatok a markerekkel támogatott szelekció (MAS) során felhasználhatóak a jövőben többek között a ponty tenyésztési programok hatékonyságának növelésére is.

2.7. Markertípusok kiválasztásának lehetőségei

Az egyre inkább növekvő mennyiségű és elérhető molekuláris genetikai markerek univerzálisan alkalmazhatóak és objektív megközelítést biztosítanak a fajok, populációk, állományok és egyedidentitást összehasonlító elemzésekhez. A markerek megválasztása azonban szubjektív, kiválasztásuk jelentős hatással lehet a kapott eltérési becslésekre (PARK és MORAN, 1995; CARVALHO és HAUSER, 1999). Egy adott vizsgálathoz össze kell hangolni a genetikai markert és az elemzési módszert (PARKER és mtsai., 1998; SUNNUCKS, 2000). A genetikai markerek kiválasztásánál figyelembe kell venni: az evolúciós időintervallumot, a genetikai marker evolúciós sebességét és módját, az öröklődés módját (pl.: maternális vagy biparentális), az öröklődés menetét (domináns vagy kodomináns). A közelmúltbeli események megválasztására egy nagyon változó, gyors evolúciós sebességgel rendelkező marker használata javasolt, mely jelentősen növelheti a felbontást (PEACOCK és mtsai., 2001). A molekuláris genetikai markerek segítségével feltárható információk a mai napig kiaknázatlanok az akvakultúra

állományokban. Mindegyik technikának vannak erősségei és korlátai, amelyek általában az ismételhetőség, a költségek, az optimalizálási idő, valamint a genetikai polimorfizmus kimutatása közötti egyensúlyon alapulnak (**4. táblázat**).

4. táblázat: A genetikai markerek jellemzőinek összehasonlítása (OKUMUS és CIFTCI, 2003nyomán)

Marker típusa	Általános jellemzők	PCR	Öröklődés	Lókuszt	Jellege	A variabilitás mértéke	Egyedek felaldozása a mintavételezés során	Minták követelményei
Transzferrin-polimorfizmus	elektroforézis, nehezen analízálható	nem, fehérje	kodomináns	egy	sejtmagi	alacsony	gyakori	szigorú
mtDNS	extrakció, PCR, DNS templát készítése, elektroforézis, egyértelműen analízálható	igen	kodomináns	egy	mitokondriális	változó (alacsonytól a magasig)	nem	rugalmas
RFLP	extrakció, emésztés, elektroforézis, blotolás, egyértelműen analízálható	nem	kodomináns	egy	mitokondriális	változó (alacsonytól a közepesig)	gyakori	mérsékelt
RAPD	extrakció, PCR, problémás az elemzés, de fejleszhető marker	igen	domináns	több	sejtmagi	magas	nem	rugalmas
miniszatellit	extrakció, emésztés, elektroforézis, blotolás, problémás elemzés	nem vagy csak néhány esetben	kodomináns	egy vagy több	sejtmagi	magas	nem	rugalmas
mikroszatellit	a primer tervezése sok időt vehet igénybe, extrakció, PCR, elektroforézis, egyértelműen elemezhető	igen	kodomináns	egy	sejtmagi	magas	nem	rugalmas
SNP	PCR, microchip array, fluoreszcens technológia	igen	kodomináns	egy	sejtmagi	magas	nem	rugalmas

Egy vizsgálathoz szükséges megfelelő marker kiválasztásának főbb szempontjai az alábbi módon foglalhatóak össze (OKUMUS és CIFTCI, 2003):

- *minőségében és mennyiségében megfelelő minta:* Az analízishez friss vagy fagyaszttva tárolt szövetminták szükségesek. A legtöbb szövetből nyerhetőek ki DNS-ek. Kevésbé szigorú követelmények vonatkoznak a minta minőségére vonatkozóan PCR esetében. A PCR elvégezhető alkoholban tárolt minták vagy akár szárított minták (pl.: pikkelyek) esetében is.
- *a marker érzékenysége:* A kiválasztott markernek a vizsgálathoz mértén megfelelő érzékenységűnek kell lennie, hogy elemzésünk során a kérdéseinkre megkapjuk a választ.
- *markerek alkalmazása:* A kiválasztandó markerek esetén figyelembe kell venni, hogy lehetséges-e az alkalmazása a kívánt laboratóriumban.

- *gyors fejlesztés és reprodukálhatóság*: Korábbi munkákban már kifejlesztett genetikai markerek alkalmazhatóak-e vizsgálatunkban. A gyors reprodukálhatóságuk lehetősége jelentős erőforrás-megtakarítást eredményezhet.
- *többlókusz vagy egylókusz*: A genetikai markerek praktikussága és pontossága között általában kompromisszumot kell tenni. Ennek megnyilvánulása a többlókuszos DNS technikák (pl.: RAPD) és az egylókuszos technikák (pl.: mikroszatellit) közötti kettősség. A többlókuszos megközelítések technikailag kényelmesebbek, azonban van néhány jelentős korlátjuk, például a legtöbb észlelt eltérés nem öröklődik. Alapvető korlátnak tekinthető például a domináns öröklődés. Ennek következtében az egylókuszos markerek sokkal rugalmasabbak és informatívabbak. Az akvakultúra kutatásokban gyakran nagyfelbontású genetikai markerekre van szükség, ezáltal azok a leghasznosabb technikák, amelyek egyetlen lókuszban nagyszámú allélt és/vagy több lókuszban kettő vagy gyakran előforduló allélokat tudnak produkálni (SUNNUCKS, 2000).
- *költségek*: Figyelembe kell venni a különböző markerek fejlesztésének és használatának költségeit. Több tanulmányban rámutatnak arra, hogy az egylókuszos markerek a többlókuszos markerekkel szemben gazdaságosabbak, mely állítás igaz lehet, amennyiben az adatkészletek összehasonlításának költségértékét vesszük figyelembe.
- *mtDNS és nuDNS*: A mtDNS anyai ágon öröklődik, ezáltal kisebb populációméret érhető el vele, mint a nuDNS esetén, amely biparentális öröklődésű. A nukleáris és mitokondriális genotípusok összehasonlítása segíthet a hibrid egyedek, az asszimmetrikus párosítások és a köztük lévő kölcsönhatások felismerésében azokon a változatokon, amelyeknél az ősi taxonok polimorfak voltak.

Egy adott technika kiválasztása általában sok kompromisszummal jár. Egyes technikák előzetes információk nélkül könnyen megvalósíthatóak, azonban általában ezeket a módszereket nehezebb értelmezni a többi módszerhez képest. A mtDNS alapú módszereket viszonylag könnyű kifejleszteni és értelmezni, azonban figyelembe kell venni, hogy a kapott információk csak egy lókuszt jellemeznek. A markerek egyéb osztályai több lókuszról nyújtanak információt, azonban a szekvenálás miatt lényegesen több időt igényelnek. Vannak olyan vizsgálatok, melyekhez a korai stádiumú egyedekből történik a mintavételezés. A veszélyeztetett vagy fokozottan veszélyeztetett fajok

esetében az egyed pusztulásával járó mintavételezés nem lehetséges. Az ilyen fajok kutatásánál szükség van olyan PCR alapú módszerre, amely nem jár az egyed pusztulásával, amely lehetővé teszi a pikkely vagy uszonyrész mintavételét, azonban ehhez több szekvencia információra és több fejlesztési időre van szükség. Korlátozott finanszírozás esetén gondosan kell a döntést meghozni, minden esetben az alkalmazásától függően kell egy adott technika költségértékét meghatározni (MORAN, 1994). A mtDNS markertípus hasznosnak bizonyult a fő evolúciós vonalak azonosításában (BERNATCHEZ és mtsai., 1992). Ezen kívül használhatóak demográfiai vonalak nyomonkövetésére kizárólag a populáció nőivarú egyedeire vonatkozóan (LAIKRE és mtsai., 1998). A mikroszatellit markerek ismerete lehetővé tette a genetikai változatok értékelését (SUNNUCKS, 2000). A mikroszatellit lókuszokon található genetikai variációk mennyisége lehetővé teszi az egyedek, a populációk és a közeli rokon fajok közötti kapcsolatok feltárását. Optimálisak lehetnek egy vagy több tulajdonságért felelős génnek (QTL-ek) feltérképezéséhez. A mikroszatellit markerek bizonyulnak a legjobb markernek a szülői hovatartozás meghatározására a tömeges ívás és/vagy felnevelés esetén (THOMPSON és mtsai., 1998), a populációkon belüli és azok közötti rokonsági kapcsolatok becslésére (HANSEN és mtsai., 2001a,b). Jelenleg a halgenetika területén nagy lehetőség rejlik a DNS szekvencia adatokat tartalmazó koordinált adatbázisok létrehozásában. Egyes genetikai markerek nem alkalmasak erre a célra. Általánosságban elmondható, hogy a RAPD és a többlókuszos miniszatellit fingerprint által kapott mintázatok túl bonyolultak ahhoz, hogy lehetővé tegyék az eredmények összehasonlítását laboratóriumi körülmények között. Jelenleg a genetikai adatbázisok megfelelő és releváns genetikai markerei a mikroszatellitok, a DNS szekvenciák (nukleáris és mtDNS egyaránt), RFLP és SNP-k (OKUMUS és CIFTCI, 2003). Lókuszonként több allél használata nem minden esetben növeli szignifikánsan a különbségek kimutatásának valószínűségét. Emiatt is javasolt legalább két marker - mitokondriális és nukleáris markerek - használata az akvakultúra vizsgálatokban is. Egy adott helyzetben a legmegfelelőbb technika kiválasztása függ a genetikai polimorfizmus mértékétől, amely feltételezi a lehetséges technikákhoz rendelkezésre álló analitikai vagy statisztikai megközelítéseket, valamint függ az idő és anyagi költségektől. Érdekes a tudományos közösség által széleskörűen alkalmazott markerekre összpontosítani az új markerek kifejlesztése helyett, melynek előnye, hogy a széles körben elterjedt markerek módszertanát már optimalizálták (OKUMUS és CIFTCI, 2003), így szerencsés esetben kevesebb időráfordítással tudjuk saját vizsgálatunkhoz is optimalizálni azokat.

2.8. A magyar pontytájfajták természetvédelmi vonatkozásai

A populációkon belüli és a populációk közötti eltérések, valamint a fajokon belüli állományok megkülönböztetése nemcsak a halgazdálkodásban, hanem a természetvédelmi programokban is fontos kérdés. A fő cél a fajon belüli olyan csoportok felismerése, amelyek szaporodási szempontból nagyrészt elszigeteltek egymástól. A kutatóknak azonosítaniuk kell a nem keresztezett populációkat, fel kell mérniük a különböző genetikai állományok közötti génáramlást, és nyomon kell követniük a génkészletek időbeli változásait (CARVALHO és HAUSER, 1995). A morfológiai bélyegeknél van örökölhető (genetikai) és nem örökölhető (környezet által befolyásolt) összetevője. A természetes szelekció és az evolúciótörténet alakíthatja a morfológiai bélyegeket, de a fajok, alfajok és populációk közötti különbségeket vagy azok hiányát a környezet is befolyásolhatja vagy meghatározhatja. A genetikai módszerek megjelenésével a kizárólag morfológiai bélyegek különbségein alapuló állományazonosítás megritkult. Manapság ezeket az adatokat a genetikai adatokkal együtt használják fel. A környezet befolyásolhatja a morfológiai megjelenéseket, előfordulhat, hogy ezen bélyegeknél nincs genetikai alapjuk és nem feltétlenül adnak információt a genetikai és evolúciós kapcsolatokról (GALL és LOUDENSLAGER, 1981). Ebből kifolyólag a genetikai módszereknek ezen a területen kell a leghatékonyabbnak lenniük (CROSS és mtsai., 2004). A halgazdaságok gyakran próbálnak állományjavítást végezni betelepítések, keresztezések révén. Az állományjavítás érdekében végzett esetleges felügyelet nélküli betelepítések és keresztezések az őshonos halpopulációk állományát negatívan befolyásolhatják. Ennek az az oka, hogy a fogságban tartott állományokban a tenyésztési időszakban számos módon előfordulhatnak genetikai változások: a populációkon belüli genetikai variációk elvesztése, a populációk közötti eltérések elvesztése, vagy az esetleges kihalások alkalmával. A molekuláris technikák lehetővé teszik a halgazdaságokban tartott állományok közötti és azokon belüli genetikai eltérések nyomonkövetését, ezáltal kimutathatóak az egyes populációkra gyakorolt különböző (akár pozitív, akár negatív) hatások is (OKUMUS és CIFTCI, 2003).

Hazánk akvakultúra termelésében a ponty a fő halfaj (PINTÉR, 2003). A fajnak 33 fajtaelismeréssel rendelkező tájfajtája kerülhet továbbtenyésztésre, hozható kereskedelmi forgalomba hivatalosan (LENGYEL és UDVARI, 2017; CSORBAI és URBÁNYI, 2018). Ezen kívül szinte minden halgazdaság megkülönböztet további, fajtaelismeréssel nem rendelkező tájfajtákat. Néhány kivételtől eltekintve azonban a fenotípusos

különbségek elhanyagolhatóak a tájfajták között (LEHOCZKY és mtsai., 2005a). Figyelembe kell venni, hogy az intenzív tenyésztési és szelekciós programok ronthatják a faj genetikai alapjait, a tájfajták kihalásához és a populációk uniformizálódásához vezethetnek (HULAK és mtsai., 2010; KÁNAINÉ SIPOS és mtsai. 2019).

3. ANYAG ÉS MÓDSZER

3.1. Mintagyűjtés

2017 tavaszán és telén tizenkettő magyar pontytájfajtatól (biharugrai tükrös és pikkelyes: Biharugrai Halgazdaság Kft. – Biharugra; hajdúszoboszlói tükrös: Bocskai Halászati Kft. – Hajdúszoboszló; hajdúszoboszlói pikkelyes és szegedi pikkelyes: Debreceni Egyetem Mezőgazdaság-, Élelmiszertudományi és Környezetgazdálkodási Kar Állattenyésztési Tanszék Halbiológiai laboratórium – Debrecen; hortobágyi tükrös, pikkelyes és nyurga: Hortobágyi Halgazdasági Zrt. – Hortobágy; szarvasi 15 tükrös, szarvasi P3 pikkelyes, szegedi tükrös, tatai pikkelyes: MATE Szent István Campus Halászati Kutatóközpont – Szarvas), valamint 2019 tavaszán további egy magyar pontytájfajtatól (hajdúböszörményi tükrös: CLARIAS Mezőgazdasági, Termeltető és Kereskedelmi Bt. – Tiszaszentimre) gyűjtöttük be egyedeinket vizsgálatunkhoz. További egyedeket gyűjtöttünk az amuri pikkelyes vadpontyból (MATE Szent István Campus Halászati Kutatóközpont – Szarvas), melyet a statisztikai értékelések során külső kontrollként alkalmaztunk (8. ábra).



8. ábra: A vizsgált tájfajták mintagyűjtési helyei

Magyarázat: A különböző színek a halgazdaságokat, ahol a mintázások történtek valamint a mintázott tájfajtákat jelölik. Citromsárga színnel: Biharugrai Halgazdaság Kft.; lila színnel: CLARIAS Mezőgazdasági, Termeltető és Kereskedelmi Bt.; zöld színnel: Hortobágyi Halgazdasági Zrt., narancssárga színnel: Bocskai Halászati Kft.; kék színnel: Debreceni Egyetem Mezőgazdaság-, Élelmiszertudományi és Környezetgazdálkodási Kar Állattenyésztési Tanszék Halbiológiai laboratórium; szürke színnel: MATE Szent István Campus Halászati Kutatóközpont.

A mintavételezéskor az egyedeket 1 csepp tömény olaj és 1 liter víz arányban szegfűszeg olajjal bódítottuk el. Az egyedek farokúszójából egyedenként 0,5-3 cm-es darabokat metszve gyűjtöttünk szövetmintákat, melyeket 96%-os etanolban -20 °C-on tároltunk a genomiális DNS kivonásáig.

A mikroszatellit markeren alapuló vizsgálatunkhoz minden tájfajtatól 45-45 egyed mintáztunk, összesen 630 egyedet használtunk fel kutatási célkitűzéseink megválaszolására.

A mitokondriális DNS vizsgálathoz minden tájfajtatól 10-10 egyedet használtunk fel a vizsgálatunkhoz (n=140). Ezen kívül az NCBI adatbankból 114 referencia szekvenciát tudtunk alkalmazni (**2. melléklet**).

3.2. Genomiális DNS izolálása

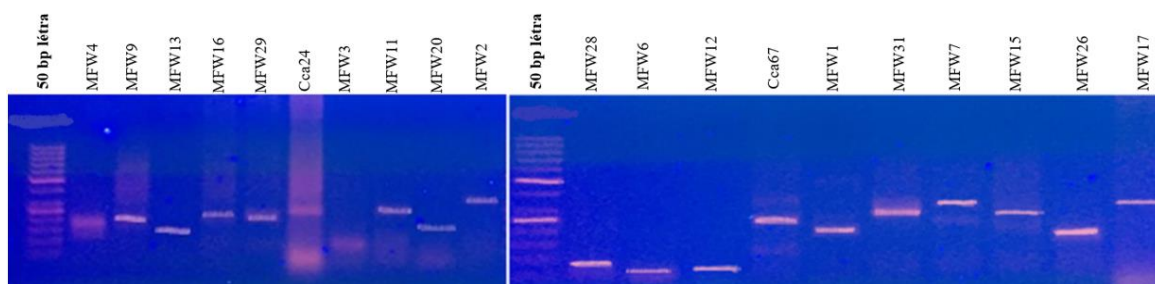
A genomiális DNS (gDNS) izolálása a tájfajta szövetmintáiból (farokúszó) történt E.Z.N.A. Tissue DNA Kit (Omega Bio-Tek, Norcross, GA, USA) segítségével. Az izolálás során a gyártó utasításait követtük.

Az izolált genomiális DNS-eket mindkét eljárás esetében -20 °C-on tároltuk a további felhasználásig.

3.3. Mikroszatellit markeren alapuló vizsgálat

Polimeráz láncreakció (PCR):

Irodalmi adatok alapján huszonkettő leggyakrabban alkalmazott mikroszatellit marker került kiválasztásra tervezett vizsgálatunkhoz. Két mikroszatellit marker (CYPG24, MFW3) esetén nem tudtuk az ideális reakciókörülményeket megteremteni a PCR optimalizálása során. A protokoll többszöri változtatásával, mint például feltapadási hőmérséklet, ciklusszám, MgCl₂ mennyiségének módosítása, sem sikerült terméket felszaporítani. Végül húsz mikroszatellit markert (Cca24, Cca67 (YUE és mtsai., 2004) és MFW1, MFW2, MFW3, MFW4, MFW6, MFW7, MFW9, MFW11, MFW12, MFW13, MFW15, MFW16, MFW17, MFW20, MFW26, MFW28, MFW29, MFW31 (CROOIJMANS és mtsai., 1997)) használtunk a PCR reakcióhoz (**9. ábra**).



9. ábra: A mikroszatellit markerek optimalizálásának bemutatása a hortobágyi pikkelyes tájfajta egy egyedén

A primerpárok felpadási hőmérsékletét gradiens PCR segítségével határoztuk meg. A módszer segítségével több hőfokot tudunk egy időben tesztelni. A primerpárok közül a forward primer esetén fluoreszcens jelölést alkalmaztunk, melyre a fragmentek multiplexbe sorolásához és leolvasásukhoz volt szükség (**1. melléklet**).

A PCR amplitifikációhoz szükséges 25 µl térfogatú reakcióelegy összetevői a következők voltak:

- 1,25 µl dNTP (2 mM; Fermentas, Litvánia)
- 2,5 µl 10x puffer (Promega, Madison, USA)
- 2,5 µl MgCl₂ (25 mM; Promega, Madison, USA)
- 1 µl - 1 µl reverz és fluoreszcens forward primer (100 pmol/µl, Biomi, Magyarország)
- 0,2 µl TopTaq DNS polimeráz (5 U, Qiagen, USA)
- 14,55 µl steril H₂O
- 2 µl (100 pmol/µl) genomiális DNS

A PCR amplitifikáció során használt reakciókörülmények az alábbiak voltak:

Lépések	Hőfok	Időtartam	
	94 °C	4:00 perc	
<i>denaturáció</i>	94 °C	0:30 másodperc	} 35 ciklus
<i>primerek felpadása</i>	X °C	0:30 másodperc	
<i>elongáció</i>	72 °C	0:45 másodperc	
	72 °C	10:00 perc	
	10 °C	∞	

Megjegyzés: „X” jelöli a felpadási hőmérsékleteket a különböző mikroszatellit markerek esetén (5. táblázat).

Az amplifikáció a Biometra TOne 96 PCR készülékkel történt.

Gélelektroforézissel ellenőriztük az amplifikációt: 2% Seakem agaróz (Lonza, USA) gél, 1 x TAE puffer (Termo Fisher Scientific, Waltham, USA), 0,5 mg/ml Gelred (Biotium, Hayward, CA, USA), majd az eredményünket UV fény alatt ellenőriztük.

Fragment analízis:

A fragment analízist a BIOMI Kft. (Gödöllő, Magyarország) cég végezte. A hús mikroszatellit marker négy multiplexben került futtatásra (**5. táblázat**). Az allélek leolvasása a PeakScanner v.1.0 program (Applied Biosystem, Foster City, CA, USA) használatával történt. Három mikroszatellit marker (MFW9, MFW12, MFW28) a fragmentanalízis során nem vagy hiányos eredményt nyújtott így kizártuk azokat a statisztikai értékelésekből (**1. melléklet**).

Statisztikai elemzés:

Az adatainkban szereplő allélkieséseket és hibákat a MICRO-CHECKER program (VAN OOSTERHOUT és mtsai., 2004) segítségével teszteltük. A program a diploid populációkból származó mikroszatellitek genotipizálását teszteli. Továbbá segít a genotipizálási és tipográfiai hibák azonosításában, mely hibákat okozhatják a nem amplifikált allélek (nullallélek), a nagy allélkiesések (alléldominancia), valamint a nem megfelelően „rajzolt” frangmentcsúcsok (VAN OOSTERHOUT és mtsai., 2004). A nullallélek gyakoriságát minden lókuszban a FreeNA-t program (CHAPUIS és ESTOUP, 2006) segítségével becsültük meg. Fontos megjegyezni, hogy a fragmentanalízis alapján tizenhét mikroszatellit marker bizonyult eredményesnek, melyek a vizsgálatunk kiinduló pontjai voltak. Ezek közül azonban a szignifikánsan magas nullallélszámot ($>0,2$) és a nem informatív alléleket mutató mikroszatellit lókuszokat kizártuk a további elemzésekből (MFW1, MFW2, MFW16, MFW20, MFW29).

A Hardy-Weinberg egyensúlytól (HWE) való eltérést minden tájfajta lókuszának esetében a GENEPOP v.4.3. program segítségével számítottuk ki (RAYMOND és ROUSET, 1995; ROUSSET, 2008).

A várt és megfigyelt heterozigotizációs értékeket, az átlagos allélszámot, az allélgazdagságot, az egyedi allélek számát, az effektív allélszámot és a tájfajtakon belüli beltenyészési együtthatót a GenAEx 6.41 (PEAKALL és SMOUSE, 2006), az FSTAT v.2.9.3.2 (GOUDET és mtsai., 2002) és a POPGENE 1.32 (YEH és BERKOWITZ, 1999) programok használatával értékeltük. A többszörös összehasonlításból adódó hibalehetőségek kiküszöbölésére Bonferroni-korrekciót alkalmaztunk 1000 lépésenként (RICE, 1989). A heterozigotizációs értékek megmutatják, hogy az allélgyakoriságból számolva mennyi a heterozigóták aránya a Hardy-Weinberg szabály figyelembevételével. A várt heterozigotizációs érték (H_e) arra utal, hogy az allélgyakoriság alapján számított érték nem szükségszerűen azonos a populációban ténylegesen megállapított heterozigotizációs értékkel (H_o). A beltenyészési együttható valószínűsége, hogy egy adott lókuszt két allélja származásilag azonos (WRIGHT, 1922). A heterozigotizációs értékek felhasználásával kiszámítható a fixációs index. A fajon belül megnyilvánuló genetikai változatosság szintjét a populáción belül (egyedek között) a F_{is} hányadossal adhatjuk meg, mely érték beltenyészési együtthatóként is felfogható (PECSENYE, 2017). Amennyiben az érték negatív az heterozigóta többletre, a pozitív érték homozigóta többletre utal. Mindezek alapján pozitív érték esetén beltenyészési leromlásra számíthatunk.

A tájfajtak közötti páronkénti F_{st} értékeket, valamint a genetikai távolságot (D) a Wright fixációs index valamint a Cavalli-Sforza és Edwards genetikai távolság segítségével számítottuk ki (CHAPUIS és ESTOUP, 2006). Egy populáció genetikai varianciája jellemezhető a Wright fixációs indexszel, ahol az F_{st} érték a populációk közötti variancia komponenst jellemzi (WRIGHT, 1978). Ez alapján az F_{st} érték alkalmas a populációk közötti genetikai differenciálódás jellemzésére. Az egyes populáció párok között különböző geometriai és genetikai távolságokat lehet számolni az allélgyakoriságok alapján. Az általunk is használt Cavalli-Sforza és Edwards genetikai távolság a geometriai távolságok egyik típusa, ahol az allélgyakoriságok négyzetgyökei alkotják a koordinátákat. Ez alapján a populációk egy gömbfelületen helyezkednek el, ahol az őket összekötő húrtávolságok a megfelelő algoritmus segítségével meghatározhatók (ARI, 2012). A tájfajtak közötti kapcsolatok feltárására filogenetikai fát hoztunk létre a POPULATION v. 1.2.28 (https://bioinformatics.org/groups/?group_id=84) program segítségével a Neighbor-joining módszerrel alapuló (SAITOU és NEI, 1987) genetikai távolságra alapozva 1000 bootstrap ismétléssel, a filogenetikai fát TreeView program (PAGE, 1996) segítségével vizualizáltuk.

A hozzárendelési tesztek a GENECLASS v.2.0 (PIRY és mtsai., 2004) program segítségével végeztük el, ahol az egyedeket a program származásuknak megfelelő tájfajtához és a tájfajták közötti transzlokációs eseményekhez rendeli többlókuszos genotípusok valószínűsége alapján, vagyis a populációk közötti genetikai differenciálódás mértékét számszerűsíti (RANNALA és MOUNTAIN, 1997; OKUMUS és CIFTCI, 2003), valamint Monte Carlo (PAETKAU és mtsai., 2003) újramintavételezést alkalmaz, ahol 1000 szimulált egyeddel és 0,05 szignifikancia szinttel számol.

A tájfajták közötti genetikai szerkezetet az allélgyakoriság alapján (AMOVA) az Arlequin 3.5.2.2. program (EXCOFFIER és LISCHER, 2010) segítségével végzett elemzéssel értékeltük, melyhez 1000 véletlenszerű permutációt végeztünk, hogy minden páronkénti összehasonlítás jelentőségét felmérjük. A molekuláris varianciaanalízis (AMOVA) segítségével genetikai varianciaelemzés végezhető egy populációrendszerben. Amennyiben a populációk között elkülöníthetők csoportok (pl.: tájfajták vagy földrajzi régiók), akkor a populációrendszer genetikai varianciája három komponensre bontható: populációkon belüli, a csoporton belüli populációk közötti, valamint a populációk közötti komponensek. Mindezek alapján az analízissel a populációk közötti differenciálódás homogenitása tanulmányozható (PECSENYE, 2017). A tájfajtákat kétféleképpen csoportosítottuk. Egyik csoportosítás esetén minden tájfajtát és minden lókuszt figyelembe vettünk. A második csoportosításban hat csoportot hoztunk létre, a csoportokat mintavételezési helyük szerint alakítottuk ki (négy halgazdaság, szarvasi génbank és DE MÉK ÁT Halbiológiai laboratórium).

A vizsgált tájfajták populációinak klaszteranalízisét a STRUCTURE 2.3.4. programban határoztuk meg (PRITCHARD és mtsai., 2000). A Bayes-féle klaszteranalízis segítségével a genetikailag differenciálódott klaszterek legvalószínűbb számát lehet megállapítani, melyeket az általunk vizsgált egyedek alkotnak. Az analízis genotípus alapján sorolja az egyedeket azonos illetve külön csoportokba, minden előfeltételezés nélkül (PECSENYE, 2017). A vizsgálatba 100 000 burn-in fázist valamint 1 000 000 MCMC lépést állítottunk be. A különböző futtatások közötti konzisztencia biztosítása és az alstruktúrák azonosítása érdekében 10 különálló ismétlést futtattunk minden egyes feltételezett genetikai klaszterre vonatkozóan (LIU és mtsai., 2017). Az eredmények az

elemzett tájfajtákra vonatkozó vizsgált K értékek valószínűségét valamint az egyedek különböző klaszterekbe való tartozásának valószínűségét adják meg. A legvalószínűbb K értéket a STRUCTURE HARVESTER (EARL és VON HOLDT, 2012) program segítségével a ΔK (EVANNO és mtsai., 2005) érték számításával határoztuk meg. A ΔK értékek az egymást követő K értékek valószínűségének logaritmusai közötti különbségeket mutatja meg (EVANNO és mtsai., 2005).

A CLUMPP v.1.1.2.-t (JAKOBSSON és ROSENBERG, 2007) programot használtuk fel arra vonatkozóan, hogy az egyedek K értékeinek esetében átlagoljuk az egyedek tagoltságát az összes ismétlést figyelembe véve és meghatározzuk a legvalószínűbb K értéket. Végül a CLUMPP eredményeinek ábrázolásához a DISTRUCT v.1.1. programot alkalmaztuk (ROSENBERG, 2004).

A vizsgált egyedek elkülönülését főkomponens-analízissel (PcoA) is szemléltettük a GenAlEx 6.41. program (PEAKALL és SMOUSE, 2006) segítségével. A PcoA egy olyan ordinációs elemzési módszer, amely azokat a koordináta tengelyeket adja meg, melyek mentén leghatékonyabban ábrázolhatóak adataink, metrikus jellegét tekintve pedig megőrzi az objektumok közötti távolságviszonyokat. Mindezek által vizsgálhatóvá válnak a földrajzi és genetikai adatok közötti kapcsolatok (ARI, 2012).

3.4. Mitokondriális DNS vizsgálat

Polimeráz láncreakció (PCR):

A mitokondriális DNS citokróm *b* régió egy szakaszát amplifikáltuk PCR segítségével a MABUCHI és mtsai. (2005) által alkalmazott összesen 742 bp hosszú szakaszt lefedő primerpárral:

- forward primer: 5' TGAGGACAAATATCCTTTTGAGG 3' (L15172-Cytb)
- reverse primer: 5' CCGATCTTCGGATTACAAGACCG 3' (H15913-Thr)

TTTTCCTTGAAATAATCAACTATAATTTTATTCAAACATATTAATGTAGGTAAGAGACCACCAACCAGTTTATATAAA
GGCATATCATGAATGATAGAATCAAGGACAATAATTGTGGGGGTACACAATATGAACATTTACTGGCATCTGGTTCCT
CATTTTCAGGTACATAACTGTAATATTCCACCTCTTATAATTATCTAGGCATCTGATTAATGGTGTAGTACATACGTT

15 236 bp



GCTATGTTCTTCCA **TGAGGACAAATATCCTTTTGAGG**CGCCACAGTAATCACAAACCTCCTATCTGCCGT
ACCATACATGGGAGACATGTTAGTCCAATGAATCTGAGGTGGGTCTCAGTAGACAATGCAACACTAACA
CGATTCTTCGCATTCCACTTCCTACTACCATTTGTTATTGCCGCCGCAACCATCATCCACCTGCTGTTCC
TCCACGAAACAGGATCAAACAACCCGATCGGACTAAACTCAGACGCAGACAAAGTCTCTTTCCACCCGTA
CTTCTCATACAAAGACCTCCTTGGGTTCGTAATTATACTCCTAGCTCTTACACTACTAGCACTATTCTCC
CCTAACTTACTAGGAGACCCAGAAAACCTTCAACCCCGCAAACCTCTAGTTACACCACCCACATCAAAC
CAGAATGATACTTCCTATTTGCCTACGCCATCCTACGATCAATTCCAAACAAACTCGGAGGTGTCCTTGC
ACTCCTATTCTCCATTCTGGTATTAATAGTAGTACCCTACTACACACCTCAAAACAACGAGGACTAACA
TTCCGCCCCATCACCCAATTCCCTATTCTGAACCCTAGTAGCGGACATAATTATCCTAACATGAATTGGAG
GCATACCAGTAGAGCATCCCTTCATCATTATTGGACAAATTGCATCCGTCCTATACTTCGCACTATTCTCT
CATTTTTATGCCACTAGCAGGATGGTTAGAAAATAAAGCACTAAAATGAGCTTGCCCTAGTAGCTTAGCC
TAAAAGCAT **CGGTCTTGTAATCCGAAGATCGG**AGGTTAAATTCCCTCCCTAGCGCCCGAGAAAAGAGAGATT
TAACTCTCACCCCTGGCTACCAAAGCCAGAATTCTAACTAACTATTTTCTCG

10. ábra: *Cyprinus carpio* teljes mitokondriális genom szekvencián (X61010.1)

általunk használt primerpár elhelyezkedése

Megjegyzés: Az 10. ábrán a teljes mitokondriális genom kezdő szekvenciájának néhány bázispárja került feltüntetésre, ezt összesen 15 236 bp követi, majd a teljes mitokondriális szekvencia végén helyezkedik el az általunk vizsgált szekvencia szakasz (félkövérrel szedve) valamint az általunk alkalmazott primerpár (kék színnel jelezve).

A PCR amplitifikációhoz szükséges 10 µl térfogatú reakcióelegy összetevői a következők voltak:

- 1 µl dNTP (2 mM; Fermentas, Litvánia)
- 1 µl 10x puffer (Promega, Madison, USA)
- 0,7 µl MgCl₂ (25 mM; Promega, Madison, USA)
- 0,1 µl - 0,1 µl reverz és forward primer (100 pmol/µl, Bio-Science, Magyarország)
- 0,05 µl TopTaq DNS polimeráz (5 U, Qiagen, USA)
- 5,15 µl steril H₂O
- 2 µl (100 pmol/µl) genomiális DNS

A PCR amplifikáció során használt reakciókörülmények az alábbiak voltak:

Lépések	Hőfok	Időtartam	} 35 ciklus
	94 °C	4:00 perc	
<i>denaturáció</i>	94 °C	0:30 másodperc	
<i>primerek feltapadása</i>	50 °C	0:30 másodperc	
<i>elongáció</i>	72 °C	0:45 másodperc	
	72 °C	10:00 perc	
	10 °C	∞	

Az amplifikáció a Biometra TOne 96 PCR készülékkel történt.

Gélelektroforézissel választottuk el a nukleinsavakat: 2% Seakem agaróz (Lonza, USA) gél, 1 x TAE puffer (Termo Fisher Scientific, Waltham, USA), 0,5 mg/ml Gelred (Biotium, Hayward, CA, USA), majd az eredményünket UV fény alatt ellenőriztük.

DNS szekvenálás:

A minták szekvenálását a Macrogen Europe (Amszterdam, Hollandia) cég végezte, szekvenáló primerként a PCR amplifikáláshoz felhasznált forward primer alkalmazásával.

Statisztikai elemzés:

A leolvasott nukleotidok helyességét a MEGA6 (TAMURA és mtsai., 2013) programmal ellenőriztük és az előforduló hibákat manuálisan javítottuk. A kapott szekvenciákat, valamint az NCBI adatbázisban elérhető 114 szekvenciát (**2. melléklet**) a ClustalW programmal illesztettük valamint hasonlítottuk össze. Szintén a MEGA6 programot használva egyenlő hosszúságúra (687 bp) vágtuk a szekvenciákat.

A haplotípusok számát, a haplotípus-diverzitás (H_d) és a nukleotid diverzitás (π) értékeket, a polimorf helyek számát (P) és a nukleotid különbségek átlagos számát (k) a DnaSP 5.10 program segítségével számoltuk ki (LIBRADO és mtsai., 2009). A variabilis pozíciók meghatározásához az NCBI génbankból letöltött teljes mitokondriális *Cyprinus carpio* genomot használtuk (X61010.1).

A Bayes-féle következtetéshez a legjobban illeszkedő felosztási sémákat és az optimális nukleotidszubsztitúciós modelleket a PartitionFinder 2.1.1. programmal (LANFEAR és mtsai., 2017) határoztuk meg. A Bayes-féle algoritmust a BEAST v.2.3. (BOUCKAERT

és mtsai., 2014) segítségével végeztük el, összesen 100 000 000 MCMC (Markov Chain-Monte Carlo) lépésben 1000 generációnkénti mintavétellel.

A haplotípusok közötti kapcsolatokat a Median-Joining Network analízissel ábrázoltuk a Network 10.2. program segítségével (BANDELT és mtsai., 1999).

A Fu *FS* (FU, 1997) és a Tajima *D* (TAJIMA, 1989) értékeket az Arlequin 3.5.2.2. program segítségével becsültük a demográfiai értékelés és a szelektív semlegesség hipotézis tesztelése (RAMÍREZ-SORIANO és mtsai., 2008) céljából. Ezen semlegességi tesztek szignifikanciáját 10 000 permutációban értékeltük. A Fu *FS* a populáció növekedés kimutatására alkalmazható teszt, amely a haplotípusok eloszlását veszi figyelembe (FU, 1997). A Tajima *D* nullhipotézise azt mutatja meg, hogy neutrális mutáció következménye-e a DNS polimorfizmus. A modell a különböző mintaelemszámokhoz különböző konfidencia intervallumokat rendel, ha a *D* szignifikánsan eltér nullától, akkor nem neutrális mutáció okozza a polimorfizmust. Ekkor az előjeltől függően, amennyiben negatív értéket mutat az eredmény a populáció növekszik, mivel alacsonyabb frekvencián több polimorfizmus hely lesz jelen, amely következménye lehet az alapító hatásnak vagy egy múltbeli palacknyakhatásnak. Amennyiben az eredmény pozitív értéket mutat, ekkor a kis és nagy frekvenciával rendelkező polimorfizmusok aránya alacsony. Ez a pozitív érték utalhat természetes szelekcióra vagy csökkenő populáció méretre (TAJIMA, 1989).

A populációszerkezet felmérése céljából molekuláris varianciaanalízist (AMOVA; WEIR és COCKERHAM, 1984) alkalmaztunk, melyet az Arlequin 3.5.2.2. program segítségével hajtottunk végre, 10 000 permutációt alkalmazva.

A vizsgált tájfajták populációinak klaszteranalízisét a STRUCTURE 2.3.4. programmal határoztuk meg (PRITCHARD és mtsai., 2000). A program az egyedek allél mintázatait hasonlítja össze az osztályozás során több egymást követő ismétlésben. Előfeltételezés nélkül azonos, illetve különböző csoportokba sorolja a genotípusokat. Az egyedek földrajzi elhelyezkedésére vonatkozó előzetes információk alapján Admixtures modellel egyed alapú elemzést végeztünk. A vizsgálatba 100 000 burn-in fázist valamint 1 000 000 MCMC lépést állítottunk be. A különböző futtatások közötti konzisztencia biztosítása és az alstruktúrák azonosítása érdekében 10 különálló ismétlést futtattunk minden egyes

feltételezett genetikai klaszterre vonatkozóan (LIU és mtsai., 2017). A legvalószínűbb K értéket a STRUCTURE HARVESTER (EARL és VON HOLDT, 2012) program segítségével a ΔK (EVANNO és mtsai., 2005) érték számításával határoztuk meg.

A CLUMPP v.1.1.2. (JAKOBSSON és ROSENBERG, 2007) programot használtuk fel arra vonatkozóan, hogy az egyedek K értékeinek esetében átlagoljuk az egyedek tagoltságát az összes ismétlést figyelembe véve és meghatározzuk a legvalószínűbb K értéket. Végül a CLUMPP eredményeinek ábrázolásához a DISTRUCT v.1.1. programot alkalmaztuk (ROSENBERG, 2004).

4. EREDMÉNYEK

4.1. Mikroszatellit markeren alapuló vizsgálat eredményei

A genetikai diverzitás és a populációk közötti genetikai távolságok elemzéséhez a magyar ponty tizennégy tájfajtáján belül, összesen 630 egyedet vizsgáltunk tizenkettő mikroszatellit marker bevonásával.

A MICRO-CHECKER programmal végzett elemzés nem mutatott allélkiesést valamint további hibákat. A nullallélek gyakorisága általában kicsi volt, 0,000 és 0,317 tartományon belül változott. A nullallélek elemzését tekintve a tizenkettő mikroszatellit markeren belül az MFW6, MFW11, MFW13, MFW26 markerek esetén potenciálisan vitatható küszöbértéket ($r > 0,2$) detektáltunk egyes tájfajtáknál. Azonban az összes tájfajtában figyelembe véve a null allélek kis gyakoriságát és a program nem szignifikáns eredményeit, nem hagytunk el lókuszt a további elemzések során (**3. melléklet**).

4.1.1. Genetikai sokféleség paraméterei

A vizsgált magyar pontytájfajták genetikai sokféleségének paramétereire vonatkozó adatokat az **5. táblázat**ban mutatjuk be. Fontos megjegyezni, hogy az általunk vizsgált mikroszatellit markerek némelyikét már elemezték európai pontypopulációk jellemzésére, többek között Magyarországon is (BÁRTFAI és mtsai., 2003 (MFW4, MFW7, MFW9, MFW31); LEHOCZKY és mtsai., 2005a (MFW1, MFW6, MFW7, MFW28); LEHOCZKY és mtsai., 2005b (MFW3, MFW6, MFW7, MFW9, MFW10, MFW12, MFW13, MFW14, MFW16, MFW23, MFW29); HULAK és mtsai., 2010 (Cca24, Cca67, MFW1, MFW6, MFW7, MFW13, MFW16, MFW20, MFW26); TOMLJANOVIC és mtsai., 2013 (MFW1, MFW3, MFW4, MFW7, MFW9, MFW12, MFW13, MFW16, MFW17, MFW20, MFW23, MFW26, MFW28, MFW29, MFW31); NAPORA-RUTKOWSKI és mtsai., 2017 (Cca67, MFW1, MFW6, MFW7, MFW13, MFW16, MFW20, MFW26, MFW28)). Az összehasonlítások során figyelembe kell venni, hogy a pontos összehasonlítás kissé nehézkes, mivel a különböző tanulmányokban különböző markerkészleteket használtak.

5. táblázat: A vizsgált tájfajták genetikai diverzitásának paraméterei vonatkozó adatok

Tájfajta	MNA	Apr	Ar	N_e	dHW
hajdúszoboszlói pikkelyes	6,500	9	1,670	5,290	1
hajdúszoboszlói tükrös	8,450	2	1,820	5,670	2
szegedi pikkelyes	8,180	4	1,680	4,270	3
szegedi tükrös	9,630	0	1,770	4,210	1
hortobágyi pikkelyes	11,080	11	1,860	7,810	1
hortobágyi tükrös	14,000	4	1,830	6,470	2
hortobágyi nyurga	12,250	24	1,890	9,710	1
biharugrai pikkelyes	11,500	8	1,830	7,090	3
biharugrai tükrös	17,580	1	1,800	5,240	2
szarvasi P3 pikkelyes	11,580	3	1,790	4,960	4
szarvasi 15 tükrös	13,000	1	1,740	4,640	3
tatai pikkelyes	7,900	11	1,820	5,910	3
hajdúböszörményi tükrös	13,080	22	1,800	5,360	5
amuri pikkelyes vadponty	8,500	17	1,800	5,870	1

MNA: tájfajtánkénti átlagos allélszám; **Apr:** egyedi allélek száma; **Ar:** átlagos allélgazdagság; **N_e:** effektív allélek átlagos száma; **dHW:** a HWE-től eltérő lókuszok száma

Eredményeink alapján az összes tájfajta legalább egy lókuszon Hardy-Weinberg egyensúlytól (HWE) való eltérést mutatott ($p < 0,01$). Tájfajtánként a mikroszatellit allélek átlagos száma 11 volt. A legkisebb és a legnagyobb átlagos allélszám a hajdúszoboszlói pikkelyesnél (6,500) és a biharugrai tükrösnél (17,580) volt megfigyelhető. Összesen 117 egyedi allélt detektáltunk a tizenkettő polimorf markeren a 630 egyednél. A legkisebb és legnagyobb egyedi allélek számát a szegedi tükrös ($Apr=0$) és a hortobágyi nyurga ($Apr=24$) tájfajtáknál figyeltük meg. Az összes tájfajta közül kiemelkedik a hortobágyi nyurga tájfajta, mely esetében figyeltük meg a legnagyobb egyedi allélszámot, valamint a legnagyobb átlagos allélgazdagságot ($Ar=1,890$). A hortobágyi nyurga egyedülálló allélgazdagsága, valamint a vizsgált tájfajták közül legnagyobb egyedi allélszáma arra enged következtetni, hogy különálló tájfajtának tekinthető, amely lehet a mesterséges szelekció eredménye. Számos tanulmány arra utal, hogy a pontytájfajtákban a HWE-től való eltérést okozhatja a homozigóta többlet (DESVIGNES és mtsai., 2001; HULAK és mtsai., 2010; NAPORA-RUTKOWSKI és mtsai., 2017), azonban egyes tájfajtáknál a heterozigóta többlet okozza az eltérést (NAPORA-RUTKOWSKI és mtsai., 2017). Az európai ponty populációkat általában homozigóta többlet jellemzi (LEHOCZKY és mtsai., 2005a; HULAK és mtsai., 2010), ezért az eltérő megállapításokat valószínűleg befolyásolják az egyes halgazdaságok eltérő gyakorlatai. TOMLJANOVIC és mtsai. (2013) horvát pontytájfajtákat vizsgáltak, tanulmányukban 148 allélt detektáltak tizenöt

mikroszatellit markeren. HULAK és mtsai. (2010) tanulmányukban különböző európai pontytájfajtákat vizsgáltak (cseh, német, magyar, francia, spanyol, orosz pontytájfajtákat) és 33 allélt detektáltak tíz mikroszatellit markeren, NAPORA-RUTKOWSKI és mtsai. (2017) lengyel pontytájfajtában 45 allélt detektáltak tizenöt mikroszatellit markeren. LEHOCZKY és mtsai. (2005a) magyar tájfajtákat vizsgálva, 80 allélt határoztak meg négy mikroszatellit markeren. A különböző tanulmányokban alkalmazott markereken lévő, az allélek számában eltérő eredmények azt sugallhatják, hogy egyes mikroszatellit markerek polimorfabbak. Ez okozhatja például LEHOCZKY és mtsai. (2005a) és jelen dolgozatban kapott a tájfajtákra jellemző átlagos allélszámok nagy különbségét is az említett tanulmányokban kapott eredményekhez képest.

Az átlagosan várt heterozigotizációs érték a tizennégy tájfajta esetén 0,800 volt, mely érték 0,710 (szarvasi 15 tükrös) és 0,890 (hortobágyi nyurga) tartományon belül változott (**6. táblázat**).

6. táblázat: A vizsgált tájfajták heterozigotizására, beltenyésztettségére és a populáció-hozzárendelésére vonatkozó adatok

Tájfajta	H _o	H _e	F _{is}	Populáció-hozzárendelési teszt (%)
hajdúszoboszlói pikkelyes	0,790	0,730	-0,080	100
hajdúszoboszlói tükrös	0,920	0,820	-0,118	97
szegedi pikkelyes	0,770	0,750	-0,027	88
szegedi tükrös	0,730	0,750	0,034	97
hortobágyi pikkelyes	0,860	0,860	0,002	89
hortobágyi tükrös	0,900	0,830	-0,083	93
hortobágyi nyurga	0,900	0,890	-0,007	83
biharugrai pikkelyes	0,810	0,840	0,026	91
biharugrai tükrös	0,840	0,800	-0,051	97
szarvasi P3 pikkelyes	0,900	0,790	-0,140	88
szarvasi 15 tükrös	0,720	0,710	-0,004	95
tatai pikkelyes	0,930	0,820	-0,134	93
hajdúböszörményi tükrös	0,990	0,800	-0,250	100
amuri pikkelyes vadponty	0,740	0,810	0,083	100

H_o: valós heterozigotizációs érték; **H_e:** várt heterozigotizációs érték; **F_{is}:** beltenyésztési együttható; **Populáció-hozzárendelési teszt:** a származásuknak megfelelő tájfajtákhoz helyesen besorolt egyedek százalékos aránya (%)

Hasonlóan nagy várt heterozigotizációs értéket kaptak LEHOCZKY és mtsai. (2005b) tanulmányukban 0,557 és 0,764 között változott, valamint HULAK és mtsai. (2010), akik

0,605 és 0,794 között tapasztalták ezt az értéket. Ezzel szemben NAPORA-RUTKOWSKI és mtsai. (2017) kisebb várt heterozigotizációs értékeket detektáltak, amik 0,418 és 0,781 között változtak. Eredményeink alapján az átlagos várt heterozigotizációs érték szemben az átlagos valós heterozigotizációs értékkel a tizennégy tájfajtánál 0,840 volt, mely érték 0,720 (ugyancsak a szarvasi 15 tükrös) és 0,990 (hajdúböszörményi tükrös) tartományon belül változott. Hasonló eredményt kaptak NAPORA-RUTKOWSKI és mtsai. (2017) a valós heterozigotizációs értékeire vonatkozóan (0,420-0,801). Szemben azonban LEHOCZKY és mtsai. (2005b) (0,642-0,737), valamint HULAK és mtsai. (2010) (0,489-0,691) eredményeivel, ahol a valós heterozigotizációs értékek kisebbek voltak a várt heterozigotizációs értékektől. Ismeretes, hogy a stabil polimorfizmus megmaradhat, ha a heterozigóta többlet hatása fennáll. Azt is sugallja, hogy az alkalmazott halgazdálkodási gyakorlat képes megőrizni a genetikai sokféleség bizonyos szintjét a nemzedékek esetén, esetlegesen javíthatja is azt, mely megállapítást az eredményeink alapján a csekély mértékű, azonban nagyobb valós heterozigotizációs átlagos érték is alátámaszt.

Eredményeink alapján a beltenyésztési együtttható értéke -0,250 (hajdúböszörményi tükrös) és 0,083 (amuri pikkelyes vadponty) között változott. A legtöbb általunk vizsgált tájfajta esetén (hajdúszoboszlói pikkelyes, hajdúszoboszlói tükrös, szegedi pikkelyes, hortobágyi tükrös, hortobágyi nyurga, biharugrai tükrös, szarvasi 15 tükrös, tatai pikkelyes, hajdúböszörményi tükrös) heterozigóta többlet jellemző, mely azt mutatja, hogy a beltenyésztési leromlás lehetősége viszonylag alacsony az említett tájfajtákban. Azonban néhány tájfajtában (hortobágyi pikkelyes, biharugrai pikkelyes, a szegedi tükrös és az amuri pikkelyes vadponty) kisebb heterozigóta gyakoriság állapítható meg. Az eredmények alapján úgy gondoljuk, hogy az említett tájfajták a beltenyésztési együtttható értékek szerint kitettek a beltenyésztési leromlás veszélyének, ezért nagyobb odafigyelést igényelnek a tenyésztőktől. Hasonló eredményt értek el NAPORA-RUTKOWSKI és mtsai. (2017), akik tanulmányukban többek között magyar, lengyel és horvát pontytájfajtákat is elemeztek. Azt az eredményt kapták, hogy az előbbiekhöz hasonlóan egyes vizsgált tájfajták esetén heterozigóta többlet jellemző, főként a lengyel és a horvát tájfajtákban. Azt tapasztalták, hogy a magyar tájfajtákra is jellemző a heterozigóta többlet, azonban a F_{is} értékek nullához közelítenek, mely alapján számítani lehet a beltenyésztési leromlásra. Eredményeik szerint már megjelentek homozigóta többletet mutató magyar tájfajták is, melyek jelenleg a ZIGR Golysz halgazdaságban vannak jelen.

Összességében a kapott heterozigóták nagy száma az allélek nagy számával is magyarázható, amelyet befolyásolhat a viszonylag kis mintaszám.

A populáció-hozzárendelési teszt eredménye azt mutatta, hogy az egyedek 93,64%-ban a származásuknak megfelelő tájfajtához vannak sorolva. Hasonló eredményt kaptak LEHOCZKY és mtsai. (2005a) (93,4%) tanulmányukban. Hasonlóan nagy százalékos értéket és származásuknak megfelelő besorolást kaptak NAPORA-RUTKOWSKI és mtsai. (2017) 92,40%, HULAK és mtsai. (2010) 89,6%, KOHLMANN és mtsai. (2005) 90,29%. Azt is sugallja, hogy az alkalmazott halgazdálkodási gyakorlat képes megőrizni a genetikai sokféleség bizonyos szintjét a nemzedékek esetén, esetlegesen javíthatja is, mint ahogy azt a kissé nagyobb értéket mutató eredményünk is alátámaszt.

A genetikai differenciálódás mértéke (F_{st}) 0,028 (biharugrai tükrös és hortobágyi tükrös között) 0,231 (szarvasi 15 tükrös és hajdúszoboszlói pikkelyes között) tartományon belül változott (**7. táblázat**).

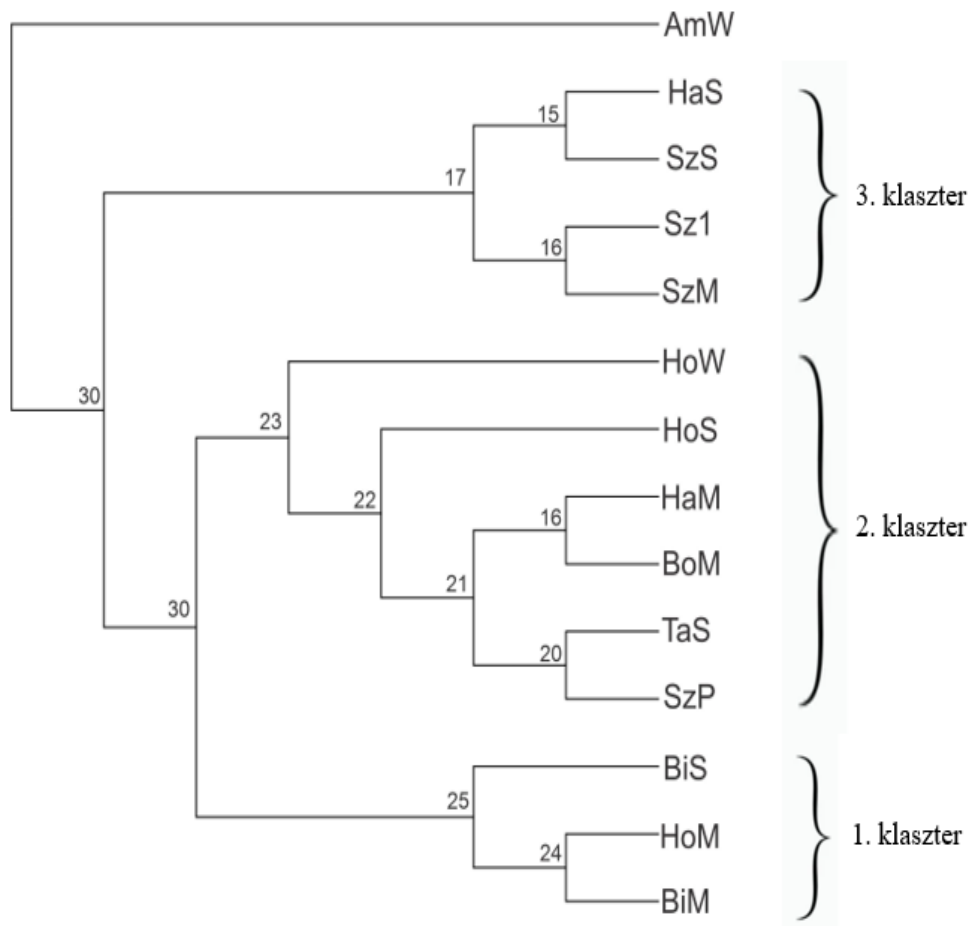
7. táblázat: Páronkénti F_{st} értékek (átló felett) és D_c távolság (átló alatt) a 13 magyar pontytájfajta és az amuri pikkelyes vadponty között a tizenkettő mikroszatellit lókuszt alapján

Tájfajta	HaS	SzS	HaM	HoS	HoM	HoW	BiM	BiS	SZ1	SzM	TaS	SzP	AmW	BoM
HaS	0,000	0,164	0,173	0,158	0,134	0,131	0,155	0,152	0,231	0,188	0,176	0,181	0,147	0,174
SzS	0,565	0,000	0,146	0,137	0,122	0,116	0,135	0,116	0,204	0,114	0,146	0,149	0,131	0,140
HaM	0,702	0,647	0,000	0,041	0,056	0,036	0,066	0,077	0,176	0,096	0,080	0,074	0,112	0,066
HoS	0,702	0,649	0,454	0,000	0,051	0,035	0,071	0,076	0,155	0,106	0,071	0,072	0,102	0,090
HoM	0,601	0,570	0,497	0,479	0,000	0,043	0,028	0,040	0,136	0,067	0,079	0,074	0,089	0,111
HoW	0,652	0,624	0,491	0,476	0,446	0,000	0,053	0,054	0,127	0,085	0,054	0,057	0,078	0,063
BiM	0,605	0,561	0,476	0,518	0,347	0,479	0,000	0,040	0,131	0,047	0,101	0,098	0,084	0,121
BiS	0,651	0,559	0,555	0,548	0,405	0,490	0,400	0,000	0,110	0,067	0,103	0,105	0,077	0,113
SZ1	0,683	0,605	0,652	0,615	0,555	0,595	0,530	0,523	0,000	0,099	0,181	0,196	0,133	0,194
SzM	0,630	0,465	0,547	0,615	0,498	0,585	0,429	0,493	0,437	0,000	0,113	0,131	0,112	0,139
TaS	0,723	0,660	0,513	0,519	0,559	0,527	0,585	0,607	0,666	0,606	0,000	0,039	0,120	0,106
SzP	0,714	0,652	0,496	0,532	0,521	0,539	0,559	0,580	0,683	0,592	0,389	0,000	0,126	0,124
AmW	0,618	0,581	0,622	0,615	0,536	0,564	0,500	0,512	0,563	0,584	0,625	0,612	0,000	0,149
BoM	0,687	0,632	0,498	0,561	0,633	0,538	0,632	0,660	0,700	0,665	0,560	0,600	0,684	0,000

Az F_{st} átlag értékét tekintve (0,13) ez azt jelenti, hogy HART és CLARK (1997) kategorizálása szerint kismértékű a genetikai különbség az általunk vizsgált tájfajták között. Az értékek összehasonlíthatók a cseh tájfajták F_{st} értékeivel ($F_{st}=0,209$) (HULAK és mtsai., 2010) és a francia tájfajták F_{st} értékeivel ($F_{st}=0,25$) (DESVIGNES és mtsai., 2001). Ezek az értékek is kismértékű genetikai különbséget mutatnak, azonban jelen dolgozatban az F_{st} átlagértéke kisebb volt a felsoroltakhoz képest, melynek oka lehet az általunk vizsgált tájfajták viszonylag kis elemszáma, valamint ezen mutatót befolyásolhatják a különböző mintavételi helyekről származó tájfajtákra jellemző sajátosságok is. A genetikai differenciálódás megfigyelt mértéke és a tájfajták közötti páronkénti F_{st} becslések viszonylag alacsony génáramlási hatásra utalnak.

A Cavalli-Sforza és Edwards-féle genetikai távolság viszonylag nagy érzékenységgel kimutatja a genetikailag hasonló populációkat (LIBIGER és mtsai., 2009), mely alapján a vizsgált magyar pontytájfajták között kismértékű a genetikai különbség. Eredményeink alapján a genetikai távolság (D_c) 0,347 és 0,723 között változott (**9. táblázat**). A legkisebb genetikai távolságot a biharugrai tükrös (BiM) és a hortobágyi tükrös (HoM) tájfajták között, míg a legnagyobb genetikai különbséget a hajdúszoboszlói pikkelyes (HaS) és a tatai pikkelyes (TaS) tájfajták között találtuk. Ez a különbség a tájfajták közötti földrajzi távolsággal magyarázható (BiM-HoM: földrajzi távolság ~110 km; HaS-TaS: földrajzi távolság: ~300 km).

A genetikai távolságok (D_c) alapján filogenetikai fát készítettünk (**11. ábra**), melyen látható, hogy a vizsgált tájfajták populációi három klasztert alkottak. A biharugrai tükrös, a hortobágyi tükrös, a biharugrai pikkelyes egy klaszterbe (1. klaszter) csoportosultak a szarvasi P3 pikkelyes, a tatai pikkelyes, a hajdúböszörményi tükrös, a hajdúszoboszlói tükrös, a hortobágyi pikkelyes és a hortobágyi nyurga tájfajtákkal (2. klaszter). Ez a két klaszter kapcsolódik a 3. klaszterhez (hajdúszoboszlói pikkelyes, szegedi pikkelyes, szarvasi 15 tükrös, szegedi tükrös). Az amuri pikkelyes vadponty tájfajta különálló csoportot alkotott, amely a három előbbieken említett klaszterhez kapcsolódik.



11. ábra: Neighbor-joining filogenetikai fa, mely a vizsgált tizennégy magyar pontytájfajta kapcsolatát mutatja tizenkettő mikroszatellit marker alapján. Bootstrap érték: 1000

Jelmagyarázat: AmW: amuri pikkelyes vadponta, HaS: hajdúszoboszlói pikkelyes, SzS: szegedi pikkelyes, Sz1: szarvasi 15 tükrös, SzM: szegedi tükrös, HoW: hortobágyi nyurga, HoS: hortobágyi pikkelyes, HaM: hajdúszoboszlói tükrös, BoM: hajdúböszörményi tükrös, TaS: tatai pikkelyes, SzP: szarvasi P3 pikkelyes, BiS: biharugrai pikkelyes, HoM: hortobágyi tükrös, BiM: biharugrai tükrös

Mindezek alapján megállapítható, hogy a megfigyelt klaszterezési minta nem volt összhangban a földrajzi származással és a vizsgált tájfajták fenotípusos (pikkelyes, tükrös, nyurga) megjelenésüket tekintve is keveredést mutattak. Az első klaszterbe csoportosított tájfajták a MATE Szent István Campus Halászati Kutatóközpont génbankjából (Szarvas) és a Debreceni Egyetem Mezőgazdaság-, Élelmiszertudományi és Környezetgazdálkodási Kar Állattenyésztési Tanszék (DE MÉK ÁT) Halbiológiai laboratóriumából származtak. Ez az eredmény azt mutatja, hogy a DE MÉK ÁT Halbiológiai laboratóriumában található tájfajták (szegedi pikkelyes és hajdúszoboszlói pikkelyes) a génbankból származó alapító egyedekre (szarvasi 15 tükrös és szarvasi P3 pikkelyes) vezethetők vissza. A másik négy halgazdaságból származó tájfajta egyedei

keveredést mutatnak, kivéve a biharugrai halgazdaságból származó tájfajtákat, amelyek külön klaszterbe csoportosultak (1. klaszter). A földrajzilag közeli halgazdaságokból származó tájfajták csoportosulása a halkeltetők közötti tenyészállatok esetenkénti cseréjére utal. A génbankból származó tájfajták két klaszterbe csoportosultak, azonban a tájfajták genotípus és fenotípus szerint keveredtek egymással (1. klaszter: szarvasi 15 tükrös és a szegedi tükrös, 2. klaszter: tatai pikkelyes és a szarvasi P3 pikkelyes). Ez az eredmény arra utalhat, hogy a génbankból származó tájfajták genotípusosan közelebb állnak egymáshoz, a köztük lévő genetikai távolság kisebb, melyet alátámaszt LEHOCZKY és mtsai. (2005a) megfigyelése is. A szarvasi tájfajták egy klaszterbe való csoportosulásának egy másik oka lehet, hogy a termelési igényeknek megfelelően Magyarország különböző halgazdaságaiból gyűjtöttek tájfajtákat, melyből kifejlesztették ezeket a tájfajtákat. Ezek alapján mutathatnak szorosabb rokonsági kapcsolatot. Továbbá a 2. klaszterben található tatai pikkelyes és szarvasi P3 pikkelyes tömörülésének egyik lehetséges oka, hogy a szarvasi P33 pikkelyes pontyot a tatai homozigóta pikkelyes (SSnn) pontytájfajtától egyedi szelekcióval (szóbeli közlés) izolálták. Ezt követően az új vonal genetikai szerkezetének és külső jellemzőinek stabilizálása érdekében négy egymást követő generáción keresztül beltenyésztést alkalmaztak, nagyon szigorú fenotípusos szelekcióval kombinálva. A P33 beltenyésztett vonal a szarvasi P31 és P34 hibridek anyai vonalai, amelyek a P3 és a P33 alapító egyedek, amelyet beltenyésztéssel P3-ból állítanak elő. A hajdúszoboszlói tükrös és a hajdúböszörményi tükrös tájfajták egy klaszterben jelennek meg, mert a hajdúszoboszlói tükrös tájfajta esetében a hajdúböszörményi tükrös tájfajtát alkalmazták fajtajavítási célokra. A hortobágyi tükrös és a hortobágyi pikkelyes tájfajták két külön klaszterbe csoportosulnak, amiből arra következtethetünk, hogy genotípusosan két különálló tájfajtaról lehet szó. A MATE Szent István Campus Halászati Kutatóközpont által vezetett első országos pontytenyésztési program az 1950-es években a hortobágyi pontytájfajtákra fókuszált. Kétségtelen az is, hogy a Hortobágyi Halgazdaság Magyarország legnagyobb halgazdasága, folyamatos szelekcióval és genetikai fejlesztéssel foglalkozik, ahol a tájfajtákat ellenőrzött körülmények között tartják. A genetikai fejlesztés során a hajdúszoboszlói tükrös esetében a hajdúböszörményi tükrös tájfajtákat fajtajavítási céllal alkalmazták.

4.1.2. Genetikai szerkezetre vonatkozó adatok

A molekuláris variancia analízis (AMOVA) eredmények azt mutatták, hogy a valós heterozigotizációs érték 3,79% a tájfajták között és 96,03% a tájfajtákon belül (**8. táblázat**). A mintavételezési helyek alapján hat csoportba rendezett tájfajták szerinti csoportosítást követő eredmények azt mutatták, hogy az eltérés százalékos aránya kicsi és nem szignifikáns (0,42%, $p=0,270$) sem a csoportok között, sem a csoportokon belül. Nagyobb és szignifikáns értéket mutatott az eredmény a tájfajtákon belül (3,62%, $p<0,001$). Az eredmények a tájfajtákon belül nagyfokú varianciaszintet mutatnak, ami arra utal, hogy az egyedek között nagy a genetikai változatosság, azonban nem támasztja alá a tájfajták hagyományos megkülönböztetését.

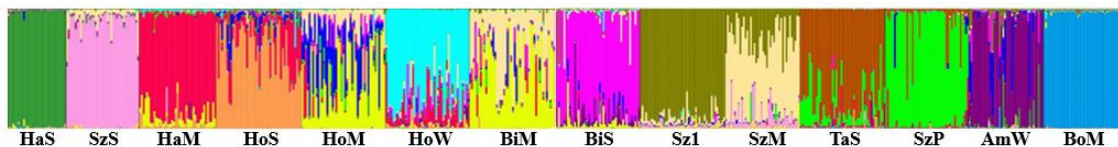
8. táblázat: Molekuláris variancia analízis (AMOVA) a vizsgált tizenhárom magyar ponty és az amuri pikkelyes vadponty tájfajtákon belül

Csoportok száma	Variancia forrás	d.f	Négyzet összeg	Variancia elemek	Variancia (%)	p
Egy csoport	Tájfajták között	13	25,270	0,017	3,790	0,000
	Tájfajtákon belül	1264	513,670	0,412	96,030	
	Összesen	1259	538,940	0,429		
Hat (származás alapján) csoport	Tájfajták között	5	10,590	0,001	0,420	0,270
	Tájfajtákon belül csoportok között	8	14,680	0,015	3,620	0,000
	Tájfajtákon belül	1246	513,67	0,412	95,960	0,000
	Összesen	1259	538,94	0,429		

d.f.: szabadságfok; $p<0,001$

A vizsgált magyar pontytájfajták klaszteranalízisét a STRUCTURE program segítségével végeztük 630 egyedre vonatkozóan, ahol a legnagyobb értéket $K=14$ -nél kaptuk ezt követően $K=2$ -nél (**12. ábra**). A különböző halgazdaságokból származó egyedek szignifikánsan különböztek egymástól $K=14$ értéknél. Ez az eredmény bizonyítéku szolgálhat a magyar pontytájfajták viszonylag nagy genetikai diverzitására. Nyolc elemzett tájfajtát (amuri pikkelyes vadponty, biharugrai pikkelyes, hajdúböszörményi tükrös, hajdúszoboszlói pikkelyes, hajdúszoboszlói tükrös, szegedi pikkelyes, szarvasi 15 tükrös, szarvasi P3 pikkelyes) nagy rokonsági együttartó jellemez, és ez alapján feltételezhető, hogy mindegyik különböző génkészlettel rendelkezik. A másik hat tájfajta (biharugrai tükrös, hortobágyi nyurga, hortobágyi pikkelyes, hortobágyi tükrös, szegedi tükrös, tatai pikkelyes) esetében már megfigyelhetjük a keveredés genetikai bizonyítékait. A jól megtervezett tenyésztési programok javíthatnak ezen, de alapos

odafigyelést igényelnek, mivel az ellenőrizetlen keveredés akár a tájfajták elvesztését is eredményezheti (TREER és mtsai., 2000).



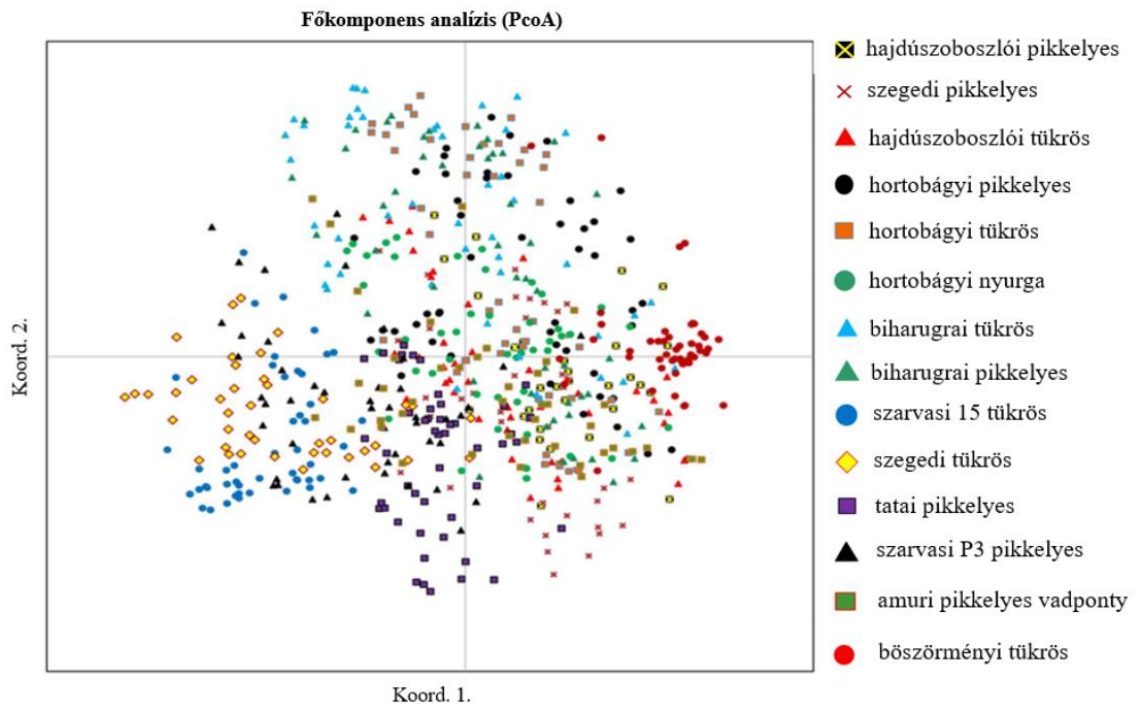
12. ábra: Egyedek klaszteranalízise Bayes-féle algoritmussal és 12 mikroszatellit markerrel elemezve K=14 esetén

Megjegyzés: Mindegyik klasztert egyedi szín jelöl. Minden függőleges oszlop egy egyedet jelent, és az oszlop 14 színre bontása az egyes tájfajták becsült tagsági együtthatóját jelenti.

Jelmagyarázat: **HaS:** hajdúszoboszlói pikkelyes, **SzS:** szegedi pikkelyes, **HaM:** hajdúszoboszlói tükrös, **HoS:** hortobágyi pikkelyes, **HoM:** hortobágyi tükrös, **HoW:** hortobágyi nyurga, **BiM:** biharugrai tükrös, **BiS:** biharugrai pikkelyes, **Sz1:** szarvasi 15 tükrös, **SzM:** szegedi tükrös, **TaS:** tatái pikkelyes, **SzP:** szarvasi P3 pikkelyes, **AmW:** amuri pikkelyes vadponta, **BoM:** hajdúböszörményi tükrös

Az előzőekben bemutatott eredményeinket főkomponens-analízissel is szemléltettük, mely a vizsgált magyar pontytájfajták egyedeinek elkülönüléséről nyújt információt (**13. ábra**).

Az egyedi szinten készített analízis is alátámasztja azt az eredményünket, hogy az általunk vizsgált magyar pontytájfajták mennyire keverednek egymással, szinte egymásba olvadnak a **13. ábrán** is. Látható, hogy a vizsgált egyedek nem különülnek el egyértelműen genetikai vagy földrajzi távolságaik szerint. Korábbi eredményeinkkel összhangban a főkomponens-analízis eredményei is közeli rokonsági kapcsolatot mutatnak a vizsgált magyar pontytájfajták között.



13. ábra: Az egyedi szinten készített főkomponens-analízis (PcoA) a tizenkettő mikroszatellit marker alapján

4.2. A mitokondriális citokróm *b* markeren alapuló vizsgálat eredményei

4.2.1. Genetikai sokféleség paraméterei

A mitokondriális DNS citokróm *b* markeren alapuló vizsgálatunkhoz összesen 138 magyar pontytájfajta-tól származó egyedet és további 112 szekvenciát (egyesült államokbeli, görög, japán, kínai, német és orosz ponty vonalakhoz tartozókat - **2. melléklet**) vontunk be vizsgáltunkba, melyeket az NCBI génbankból töltöttünk le. A citokróm *b* 687 bp hosszúságú szakaszán az összesen 250 szekvenciában 83 haplotípust azonosítottunk. A magyar pontytájfajtáktól származó 138 szekvencián belül 43 haplotípust detektáltunk, melyből 40 új, eddig még nem közölt haplotípus volt (**9. táblázat**).

9. táblázat: A vizsgált pontytájfajták szekvenciái alapján detektált haplotípusok alakulása

Tájfajták	AmW	BiS	BiM	BoM	HoW	HoS	HoM	Sz1	SzP	SzS	SzM	HoS	HoM	TaS	Összesen
<i>h</i>	10	2	3	4	8	1	2	2	4	3	3	2	10	5	43

Jelmagyarázat: HaS: hajdúszoboszlói pikkelyes, SzS: szegedi pikkelyes, HaM: hajdúszoboszlói tükrös, HoS: hortobágyi pikkelyes, HoM: hortobágyi tükrös, HoW: hortobágyi nyurga, BiM: biharugrai tükrös, BiS: biharugrai pikkelyes, Sz1: szarvasi 15 tükrös, SzM: szegedi tükrös, TaS: tatái pikkelyes, SzP: szarvasi P3 pikkelyes, AmW: amuri pikkelyes vadponty, BoM: hajdúböszörményi tükrös

A magyar pontytájfajták szekvenciáinak átlagos haplotípus diverzitás értéke $0,566 \pm 0,052$, nukleotid diverzitás értéke pedig $0,00474 \pm 0,00083$ volt. A legnagyobb haplotípus diverzitás értéket (H_d) az amuri pikkelyes vadponty ($H_d = 1,000 \pm 0,045$) és a hajdúszoboszlói tükrös ($1,000 \pm 0,045$) tájfajtákban, a legnagyobb nukleotid diverzitás értéket ($\pi = 0,02054 \pm 0,00442$) pedig ugyancsak az amuri pikkelyes vadpontyban találtuk. A legkisebb H_d és π értékeket a hortobágyi pikkelyes tájfajtában tapasztaltuk ($H_d = 0,000 \pm 0,000$ és $\pi = 0,00000 \pm 0,00000$). A haplotípus és a nukleotid diverzitás értékek tág határok között (magas, közepes, alacsony) mozogtak (**10. táblázat**).

10. táblázat: A tizenhárom magyar pontytájfajta és az amuri pikkelyes vadponty genetikai paraméterei a 687 bp hosszúságú cyt *b* szekvenciák alapján

Tájfajták	<i>H_d</i> ± <i>SD</i>	π ± <i>SD</i>	<i>P</i>	<i>k</i>
biharugrai pikkelyes	0,433±0,180	0,00088±0,00035	3	0,600
biharugrai tükrös	0,511±0,113	0,00269±0,00153	10	2,017
hajdúböszörményi tükrös	0,607±0,163	0,00313±0,00146	10	2,322
hajdúszoboszlói pikkelyes	0,222±0,166	0,00032±0,00024	1	0,222
hajdúszoboszlói tükrös	1,000±0,045	0,01513±0,00288	37	10,378
hortobágyi pikkelyes	0,000±0,000	0,00000±0,00000	0	0,000
hortobágyi tükrös	0,278±0,162	0,00061±0,00041	2	0,516
hortobágyi nyurga	0,972±0,064	0,00515±0,00124	11	3,528
szarvasi 15 tükrös	0,200±0,154	0,00175±0,00135	6	1,200
szarvasi P3 pikkelyes	0,533±0,180	0,00227±0,00128	7	1,556
szegedi pikkelyes	0,511±0,164	0,00081±0,00030	2	0,556
szegedi tükrös	0,378±0,181	0,00117±0,00060	4	0,800
tatái pikkelyes	0,648±0,125	0,00559±0,00190	17	3,756
amuri pikkelyes vadponty	1,000±0,045	0,02054±0,00442	51	14,067
ÖSSZESEN	0,566±0,052	0,00474±0,00083	85	3,226

H_d: haplotípus diverzitás; π : nukleotid diverzitás; *P*: polimorf helyek száma, *k*: nukleotid különbségek átlagos értéke; *SD*: szórás. $p < 0,05$.

Ismeretes, hogy egy halgazdaságon belül egy tájfajta kialakításához illetve tenyésztésére több „ősi” anyaállatot használnak, melyek a tájfajta alapító egyedei. Feltételezzük, hogy ez a tenyésztési technológia okozhat nagy haplotípus diverzitás értéket, mivel több különböző génkészlettel rendelkező nőivarú egyed alkalmazása nagyobb haplotípus diverzitásértéket eredményezhet. Azonban ugyanez a megállapítás fordítva is igaz, hiszen amennyiben alacsony számú szülőgenerációtól származik az adott populáció, vagyis kevés az alapító egyedek száma, az okozhat kis haplotípus diverzitás értéket, mint ahogy azt eredményeink alapján a hortobágyi pikkelyes és a hajdúszoboszlói pikkelyes tájfajták esetén tapasztaltunk. Eredményeink azt mutatták, hogy a polimorfizmus helyek száma kicsi volt a biharugrai pikkelyes, a hajdúszoboszlói pikkelyes, a hortobágyi pikkelyes, a hortobágyi nyurga, a szarvasi 15 tükrös, a szarvasi P3 pikkelyes, a tatai pikkelyes tájfajtákban.

A tizennégy tájfajta Tajima *D* értéke (**11. táblázat**), a hortobágyi pikkelyes tájfajtát kivéve (0,0000), negatív volt. Fontos azonban megjegyezni, hogy csupán öt tájfajta (hortobágyi tükrös, szarvasi 15 tükrös, szarvasi P3 pikkelyes, szegedi tükrös, tatai pikkelyes) értéke volt szignifikáns ($p < 0,05$).

11. táblázat: A Tajima *D* és Fu *FS* genetikai sokféleségre vonatkozó paraméterei a tizenhárom magyar pontytájfajta és az amuri pikkelyes vadponty 687 bp hosszúságú cyt *b* szekvenciák alapján

Tájfajták	Tajima <i>D</i>	Fu <i>FS</i>
biharugrai pikkelyes	-1,1117	-0,3393
biharugrai tükrös	-1,4731	2,3554
hajdúböszörményi tükrös	-1,5345	0,9197
hajdúszoboszlói pikkelyes	-1,0882	-0,2635
hajdúszoboszlói tükrös	-1,0082	-3,3275*
hortobágyi pikkelyes	0,0000	0,0000
hortobágyi tükrös	-1,4008*	0,5862
hortobágyi nyurga	-0,6355	-3,4267*
szarvasi P3 pikkelyes	-1,5728*	0,0477
szarvasi 15 tükrös	-1,7963*	2,6067
szegedi pikkelyes	-0,1297	0,5197
szegedi tükrös	-1,6671*	0,4773
tatai pikkelyes	-1,7439*	0,9773
amuri pikkelyes vadponty	-1,0597	-2,4354

* $p < 0,05$

A negatív értékek múltbeli eseményre utalnak, azonban figyelembe kell vennünk, hogy az értékek az előbb említett kizárólag öt tájfajta esetén voltak szignifikánsak. Továbbá ez az eredmény arra is utalhat, hogy a különböző halgazdaságokban az eltérő génkészleteket a szelekció következtében az alapító hatás eredményezi. Öt populáció *F_s* értéke (**11. táblázat**) ugyancsak negatív volt, azonban ezen értékek közül csupán kettő tájfajta (hajdúszoboszlói tükrös és hortobágyi nyurga) mutatott szignifikáns értéket ($p < 0,05$). Összességében a Tajima *D* és a *F_s* értékek múltbeli palacknyak hatást követő jelenkori expanzióra utalhatnak, melyet alátámaszt az a történelmi tény is, hogy Magyarországon a tógazdasági haltenyésztés a közelmúltban, a XIX. század végén kezdődött el gyors iramban fejlődni (LAJKÓ és TASNÁDI, 2001; CSORBAI és URBÁNYI, 2018).

4.2.2. Genetikai szerkezetre vonatkozó adatok

Az AMOVA eredményei azt mutatták, hogy a tájfajtákon belüli genetikai variancia (86,22%) magasabb volt, mint a tájfajták közötti eltérés (13,78%) (**12. táblázat**).

12. táblázat: A tizenhárom magyar pontytájfajta és az amuri pikkelyes vadponty AMOVA eredményei a 687 bp *cyt b* szekvenciák alapján

Variancia forrás	<i>d.f.</i>	Négyzetösszeg	Variancia elemek	Variancia (%)
Tájfajták között	13	52,443	0,250	13,78***
Tájfajtákon belül	124	194,267	1,566	86,22***
Összesen	137	246,710	1,817	

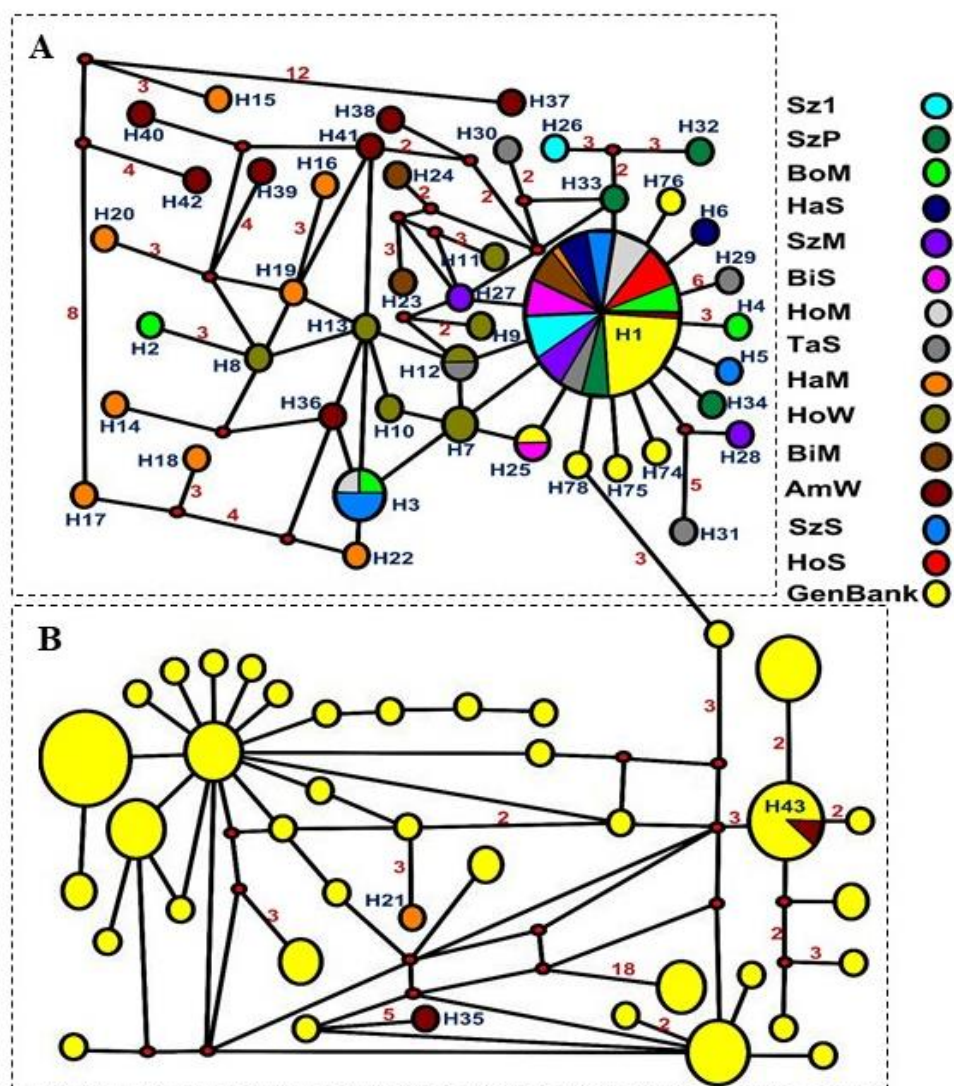
d.f.: szabadságfok; *** $p < 0,001$

A mesterséges szelekció a természetes szelekcióval ellentétben jelentősen csökkenti a háziasított tájfajták közötti genetikai variációt és növeli a tájfajtákon belüli genetikai diverzitást (WANG és mtsai., 2010). Eredményeink alapján megállapítható, hogy a vizsgált halgazdaságokban a pontytenyésztéssel foglalkozó szakemberek tenyésztési munkája és a mesterséges szelekció során befolyásolhatják a beltenyésztési leromlást és elősegíthetik tenyészállományuk genetikai sokféleségének megőrzését. A haplotípus és nukleotid diverzitás kisebb értékei alapján úgy gondoljuk, hogy a hortobágyi pikkelyes ($H_d = 0,000 \pm 0,000$ és $\pi = 0,00000 \pm 0,00000$) és a hajdúszoboszlói pikkelyes

($H_d=0,222\pm0,166$ és $\pi=0,00032\pm0,00024$) tájfajták több odafigyelést igényelnek a tenyésztőktől (**10. táblázat**).

A haplotípusok közötti kapcsolatokat a Median-Joining Network (MJ) ábrán vizualizáltuk (**14. ábra; 2. melléklet**). Az MJ hálózat két fő haplocsoportot hozott létre a vizsgálatunkban azonosított összes haplotípusban. A magyar pontytájfajták szekvenciái ugyanabba a két haplocsoportba kerültek, ahol az „A” haplocsoport volt a domináns. Csupán három egyed (hajdúszoboszlói tükrös 8.: H21, amuri vadponty 1.: H35 és amuri vadponty 10.: H43) jelent meg a „B” haplocsoportban az általunk mintázott Magyarországról származó szekvenciákból. A H1, H3, H12, H25 és H43 kivételével a magyar ponty egyetlen populációjában 38 haplotípust találtunk. A tizennégy magyar ponty populációból valamint az NCBI génbankban elérhető ponty populációk a H1 leggyakoribb haplotípusba csoportosultak. Az általunk vizsgált magyar ponty populációkon kívül az NCBI génbankból származó magyar ponttyal (KJ511883), német tükröpponttyal (KP993139: *C. c. carpio*), amerikai Erie-tavi ponttyal (MG570427 és MG570435), Volga folyóból származó vadponttyal (AY347295: *C. c. carpio*), görög vadponttyal (EU689059-EU689072 és DQ868871-DQ868875: *C. c. carpio*) és Oregon ponttyal (EU676848) alkottak közös haplotípust (H1). Egy másik közös haplotípust (H43) észleltünk, melybe kilenc egyed csoportosult, köztük a magyar amuri pikkelyes vadponty egy egyede (AmW10), az Oujiang színes ponty (JX188253 és NC_018366: *C. c. color*), a japán koi ponty (KJ511882 és AB158806: *C. c. koi*), a zujiangi vadponty (KP993137), a KP013086, a KU159761 és a KY949559.

A vizsgált magyar ponty populációkban az 1-es volt a leggyakoribb haplotípus. A magyar pontytájfajtaikat elemezve látható (**14. ábra**), hogy minden magyar pontytájfajta egyedeinek egy része, kivéve a hortobágyi nyurga pontytájfajta egyedeit, megjelentek ebben a haplotípusban, ami azt sugallja, hogy az 1-es haplotípus a legvalószínűbb közös ős az általunk vizsgált ponty populációkban. Továbbá látható a haplotípus központi elhelyezkedése, mely a legősibb haplotípusra utalhat Magyarországon.



14. ábra: A tizenhárom magyar pontytájfajta és az amuri vadponta valamint egyéb ponty vonalak haplotípusainak kapcsolata a citokróm *b* régió 687 bp hosszúságú szakaszainak szekvenciái alapján

A központi haplotípushoz kapcsolódó csillagszerű topográfia gyors expanzióra utal. Érdekes eredményt mutat a hortobágyi nyurga tájfajta elhelyezkedése, mely arra enged következtetni, hogy a tudatos szelekció eredményeként a leggyakoribb (H1) haplotípusból alakult ki és genetikailag külön tájfajtnak tekinthető. A hortobágyi nyurga tájfajta Magyarország egyik legnagyobb halgazdaságából, a Hortobágyi Halgazdaságból származik. A halgazdaságban a szakemberek genetikai fejlesztést végeztek 1986-ban, több helyi tájfajta keresztezésével (BAKOS és GORDA, 2001), azonban az nem ismert, hogy mely tájfajtákkal történt a keresztezés a hortobágyi nyurga tájfajta létrehozása esetén. A tájfajta földrajzi elhelyezkedéséből következtethetünk arra, hogy a hortobágyi

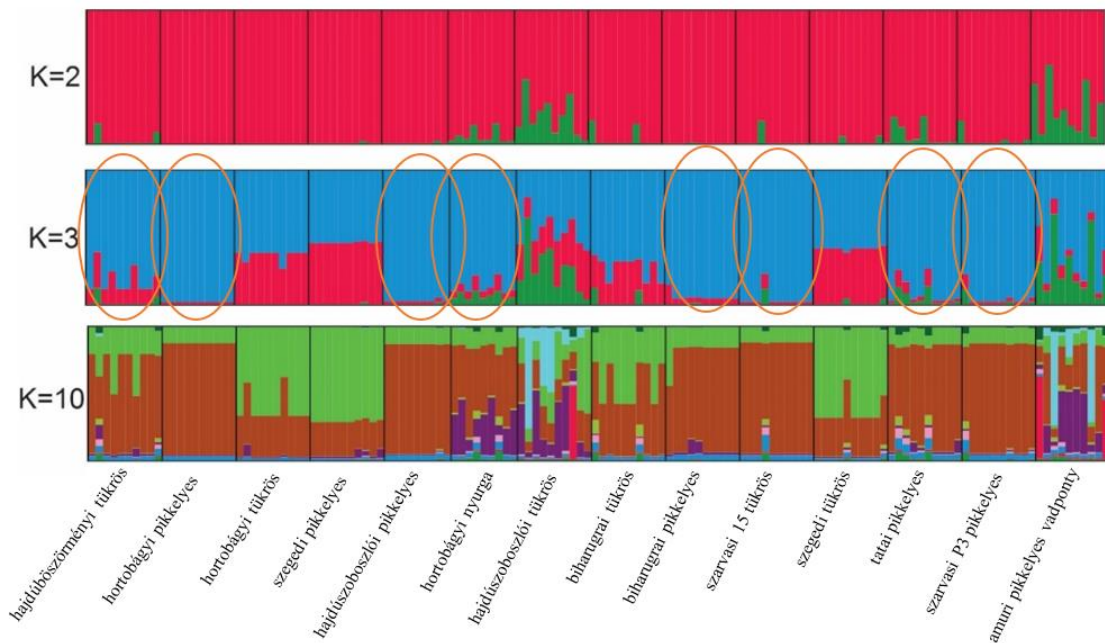
pikkelyes és a hortobágyi tükrös tájfajtából tenyésztették. A **14. ábrán** kiemelendő, hogy a magyar ponty populációk közös haplotípussal rendelkeznek Németországból, az Egyesült Államokból, Oroszországból és Görögországból származó vonalakkal, illetve egy, a génbankból származó magyar ponty populáció ugyancsak a leggyakoribb haplotípusban jelent meg (**2. melléklet**). A magyar ponty populációkban tapasztalható különböző országokból származó populációk megjelenése, melyek között egy ázsiai alfajhoz tartozó is látható. A közös haplotípus tényéből azt feltételezzük, hogy vérfrissítés vagy a beltenyésztettség leromlás megakadályozása miatt jelenhettek meg az említett tájfajták a tenyésztői munka következtében a szelekciós haladás biztosítása érdekében. Azonban az is lehet, hogy ezzel az állításunkkal ellentétben a ponty faj természetes elterjedéséből adódik az ázsiai és az európai alfajhoz tartozó populációk megjelenése az 1-es haplotípusban (**14. ábra**). Hiszen feltételezések szerint a ponty vad őse a Kaszpi-tenger térségében alakult ki a pleisztocén idején. A jégkorszak utáni hőmérsékleti optimum tette lehetővé, hogy egyes ponty vonalak eljutottak az Aral-tó vízrendszerébe, Kelet-Ázsia illetve a Fekete-tenger környékére (BALON, 1995). A XIX. század végén indult meg a magasabb termelési tulajdonságokkal bíró, eltérő testformájú, színezetű és pikkelyzetű, tenyésztett pontyfajták behozatala Magyarországra, amikor több országból importáltak pontyot, többek között Németországból aischgründi pikkelyest (BERCSÉNYI, 1997; PINTÉR, 1989; LAJKÓ és TASNÁDI, 2001), így feltételezzük, hogy a németországi egyed megjelenése a közös haplotípusban ezen történelmi tényen alapszik.

Az amuri vadponty az NCBI adatokkal összevetve a H43-as haplotípusban is megjelenik, mely haplotípusba Kínából és Japánból származó egyedek csoportosulnak. Hasonló eredményt számos tanulmányban kaptak (FROUFE és mtsai., 2002; THAI és mtsai., 2004, 2006; MABUCHI és mtsai., 2005, 2006). Úgy véljük, ez a megjelenés a ponty faj fejlődésére vezethető vissza. Egyes tanulmányok szerint több, mint 2000 évvel ezelőtt Kínában kezdődött el a távol-keleti alfaj (*Cyprinus carpio haematopterus*) mesterséges körülmények közötti nevelése, majd ennek következtében az ázsiai tógazdaság fejlődésnek indult (FROUFE és mtsai., 2002). A ponty faj természetes elterjedési területe Eurázsia, eredete mindmáig nem tisztázott, ami a különböző vad állományok, változatok és ökotípusok mesterséges összekeveredéséből adódik. Kezdetben azt feltételezték, hogy a faj Közép-Ázsiából származik és onnan természetes módon terjedt el egészen Kínáig, és nyugat felé a Duna vízrendszeréig (BALON, 1974,

1995; KIRPICHNIKOV, 1999; FROUFE és mtsai., 2002). Majd megjelentek közlemények, amelyek a Japán Biwa-tavat jelölték meg a faj kialakulási helyeként (CSORBAI és URBÁNYI, 2018).

Megfigyelve a magyarországi és más országokból származó haplotípusok elkülönítését, a tájfajták genetikai izolációját is feltételezhetjük. Hiszen a **14. ábra** azt támasztja alá, hogy a magyarországi pontytájfajták genetikailag elkülönülnek az egyéb országokból származó ponty populációktól, tehát ez esetben nem beszélhetünk génáramlásról. Kizárólag a magyar pontytájfajtákat elemezve nem beszélhetünk genetikai izolációról, hiszen itt már a tájfajták közötti keveredés látszódik, miután nincsenek adott származási helyhez illetve tájfajtához köthető haplotípusok vagy haplotípus csoportok. Ennek oka lehet, hogy a vizsgált tájfajták földrajzilag egymáshoz közeli halgazdaságokból származnak és esetenként előfordulhatott tenyészállatok cseréje a halgazdaságok között (LEHOCZKY, 2006; BOHLING és mtsai., 2016).

A klaszteranalízisben (STRUCTURE) az adatok logaritmus valószínűsége (LnPD) legnagyobb értéket $K=3$, majd $K=10$ esetén mutatta (**15. ábra**). A $K=2$ érték alapján az összes egyedet kettő kivételével (hajdúszoboszlói tükrös és amuri pikkelyes vadponty), ugyanabba a klaszterbe csoportosította. Ezért úgy tűnt, hogy nincs bizonyíték a populációk $K=2$ -es felosztására. A $K=3$ csoportosítás alapján a vizsgált tájfajták közül nyolc (biharugrai pikkelyes, hajdúböszörményi tükrös, hajdúszoboszlói pikkelyes, hortobágyi nyurga, hortobágyi pikkelyek, szarvasi 15 tükrös, szarvasi P3 pikkelyes, tatai pikkelyes) nagyon magas tagsági együtthatókkal egy klaszterbe csoportosult. A többi tájfajta a három kikövetkeztetett klaszterhez csoportosult és bizonyos szintű keveredési arányt mutattak. A $K=10$ értéket figyelembe véve az említett tájfajták (a hortobágyi nyurga kivételével) eredményei megegyeztek a $K=3$ értékeivel.



15. ábra: Bayes-féle klaszteranalízis a STRUCTURE-ben K=2, 3 és 10 esetén

Megjegyzés: Minden függőleges sáv egy egyedet jelöl, az oszlopok különböző színekre való szétválasztása pedig az egyes klaszterekhez való egyéni tagságot jelenti. Narancssárga színnel az ugyanabba a klaszterbe csoportosult egyedek vannak jelölve.

A klaszteranalízis (STRUCTURE) eredmények (15. ábra) alapján a K=3 értéknél magas tagsági együtthatókkal ugyanabba a klaszterbe csoportosult nyolc vizsgált tájfajta (biharugrai pikkelyes, hajdúszörményi tükrös, hajdúszoboszlói pikkelyes, hortobágyi nyurga, hortobágyi pikkelyes, szarvasi 15 tükrös, szarvasi P3 pikkelyes, tatai pikkelyes) a tizennégy tájfajtából, amely bizonyítja a pontytájfajták nagy genetikai diverzitását Magyarországon. A többi tájfajta esetén bizonyos mértékű keveredést figyeltünk meg, ami azt sugallja, hogy a további hat tájfajta között jelentős genetikai különbségek nincsenek. A keveredést okozhatja a tájfajták nem túl nagy genetikai távolsága és a reprodukív fenológiájuk hasonlósága, mely az introgresszió előfeltétele. Továbbá ez az eredmény, hogy a további tájfajták genetikai variabilitása viszont nagyon kicsi volt a tájfajták eltűnésének veszélyére hívhatja fel a figyelmet.

5. KÖVETKEZTETÉSEK ÉS JAVASLATOK

A magyar pontytájfajtákat és az amuri pikkelyes vadponty populációk genetikai diverzitását és szerkezetét mikroszatellit valamint mitokondriális DNS markerek segítségével elemeztük, továbbá a mitokondriális DNS markeren alapuló szekvenciáinkat NCBI génbankban elérhető szekvencia adatokkal hasonlítottuk össze, melyek között külföldi valamint magyar egyedek is voltak.

A mikroszatellit markeren alapuló vizsgálat alapján tizenkettő polimorf marker felhasználásával megállapítottuk, hogy az általunk vizsgált tizenhárom magyar ponty tájfajta és az amuri pikkelyes vadponty keverednek egymással. A 630 egyednél összesen 117 egyedi allélt mutattunk ki a tizenkettő polimorf markeren. A legnagyobb egyedi allélszámot és a legnagyobb átlagos allélgazdagságot a hortobágyi nyurga tájfajtánál figyeltük meg, mely arra enged következtetni, hogy a hortobágyi nyurga tájfajta tekinthető a leginkább genetikailag különálló tájfajtának.

A valós heterozigotizációs érték, néhány tájfajta kivételével magasabb volt a várt heterozigotizációs értéktől. A beltenyésztési együttható értéke tág határok között változott. A legtöbb általunk vizsgált tájfajta esetén heterozigóta többlet jellemző, mely arra utalhat, hogy általánosságban a magyar pontytájfajták esetén nem kell tartani a beltenyésztési leromlástól, azonban az általunk vizsgált négy tájfajta esetén rámutattunk arra, hogy a nullához közelítő F_{is} érték mutathatja a beltenyésztési leromlás esélyét.

A mikroszatellit vizsgálatok során tizenkettő polimorf marker felhasználásával a populáció-hozzárendelési teszt eredménye azt mutatta, hogy az egyedek a származásuknak megfelelő tájfajtához tartoznak.

Megállapítottuk, hogy a genetikai differenciálódás megfigyelt mértéke és a tájfajták közötti páronkénti F_{st} becslések viszonylag alacsony génáramlási hatásra utalnak.

Megfigyeltük a tizenkettő mikroszatellit marker alapján szerkesztett Median-Joining filogenetikai fán, hogy a klaszterezési minta nincs összhangban a földrajzi származással valamint az általunk vizsgált magyar pontytájfajták fenotípusos megjelenésüket tekintve is keveredést mutatnak.

A mitokondriális DNS marker citokróm *b* régió egy meghatározott szakasza által összesen 83 haplotípust detektáltunk, melyekben a magyar ponty populációkon kívül egyesült államokbeli, görög, japán, kínai, német és orosz ponty állományokból származó haplotípusok jelentek meg. A magyar ponty populációk esetén 43 haplotípust határoztunk meg, melyből 40 haplotípust újként írtunk le. A legnagyobb haplotípus és nukleotid diverzitás értéket az amuri pikkelyes vadpontyban és a hajdúszoboszlói tükrös tájfajtában, a legkisebb haplotípus és nukleotid diverzitás értéket pedig a hortobágyi pikkelyes tájfajtában találtuk. Megállapítottuk, hogy a haplotípus és nukleotid diverzitás értékek tág határok között változtak. Eredményeink azt mutatták, hogy az általunk vizsgált tájfajták felénél kevés volt a polimorfizmus helyek száma. A sokféleségre vonatkozó Tajima *D* értékek egy kivételével negatív értékeket mutattak, mely öt tájfajta esetén volt szignifikáns. Ugyancsak a sokféleségre vonatkozó Fu *FS* értékek öt tájfajta esetén voltak negatívak, melyek közül két tájfajta esetén kaptunk szignifikáns értéket. Megállapítottuk, hogy ezen eredmények alapján múltbeli palacknyak hatást követő jelenkori expanzióról lehet szó.

A molekuláris variancia analízis (AMOVA) módszere alapján kimutattuk, hogy a genetikai sokféleség nem a tájfajták között, hanem a tájfajtákon belül az egyedek között jelentős.

A Median-Joining Network (MJ) analízis felhasználásával igazoltuk, hogy három egyed kivételével egy haplocsoportba csoportosulnak a magyar ponty populációk valamint a leggyakoribb haplotípusban (H1) a hortobágyi nyurga tájfajta egyedein kívül minden tájfajta egyedeinek egy része megjelent. Mindezek alapján arra a következtetésre jutottunk, hogy a legvalószínűbb közös ős az általunk vizsgált magyar ponty populációkban az 1-es haplotípus. Az analízis alátámasztotta, hogy a hortobágyi nyurga tájfajta genetikailag különálló tájfajta. A Median-Joining Network analízis eredményeivel is bizonyítottuk az általunk vizsgált magyar pontytájfajták jelenkori expanzióját, hasonlóan az AMOVA eredményeihez. Eredményeink alapján feltételezzük az általunk vizsgált magyar tájfajták genetikai izolációját az egyéb országból származó állományoktól.

A klaszteranalízis (STRUCTURE) eredmények összhangban voltak az előzőekben leírt eredményeinkkel.

A mikroszatellit és a mitokondriális DNS markereken alapuló vizsgálataink eredményei nagymértékű egyezést mutatnak, leginkább azt bizonyítják, hogy a vizsgált tájfajták keverednek egymással. Az AMOVA eredmények mindkét marker esetében megegyeztek és azt az eredményt mutatták, hogy a genetikai variancia nem a tájfajták között, hanem a tájfajtákon belül, az egyedek között jelentős. Mindkét marker esetében a klaszteranalízis (STRUCTURE) eredményei alapján öt tájfajta (biharugrai pikkelyes, hajdúböszörményi tükrös, hajdúszoboszlói pikkelyes, szarvasi 15 tükrös, szarvasi P3 pikkelyes) nagyon magas tagsági együtthatóval ugyanabba a klaszterbe csoportosult, mely eredmény alátámasztja ezen tájfajták hagyományos megkülönböztetését. Azonban a kilenc tájfajta esetén bizonyos mértékű keveredést figyeltünk meg, melyet a mitokondriális DNS markeren alapuló polimorfizmus helyek kevés száma is alátámasztott.

A mikroszatellit és a mitokondriális DNS markereken alapuló eredményeink alapján összességében elmondható, hogy a magyar tájfajták keverednek egymással, az eredmények nem minden esetben támasztják alá a tájfajták hagyományos megkülönböztetését. Kivételt képez azonban a hortobágyi nyurga tájfajta, mely tájfajta esetén mindkét marker eredménye azt bizonyította, hogy valóban különálló tájfajtának tekinthető. Továbbá a klaszteranalízis eredményei mindkét marker esetében bizonyították további öt tájfajta valódi létezését (biharugrai pikkelyes, hajdúböszörményi tükrös, hajdúszoboszlói pikkelyes, szarvasi 15 tükrös, szarvasi P3 pikkelyes).

Molekuláris genetikai vizsgálatokkal megállapítottuk, hogy az általunk vizsgált tizennégy pontytájfajta keveredik egymással, csupán néhány analízis (STRUCTURE, MJ) bizonyította hat tájfajtában a valódi elkülönülést, azonban megjegyzésre méltó, hogy az összes vizsgálatot figyelembe véve egyértelmű elkülönülést nem tudtunk bizonyítani a tájfajták között.

Az általunk vizsgált tájfajtákat valamint az általunk alkalmazott markereket elsőként elemeztük egy vizsgálaton belül a magyar pontytájfajták genetikai változatosságának megbízható értékelésére.

Véleményünk szerint az általunk vizsgált tájfajták közötti keveredés antropogén hatásból adódhat, amelyet a piac határoz meg. Javasoljuk a magyar pontytájfajták folyamatos monitorozását a jövőben, hiszen a munkánk során kimutatott egyedi allélek, a tájfajták

egyedek közötti jelentős genetikai sokféleség, valamint a beltenyésztettségére vonatkozó paraméterek hozzájárulnak a megfelelő tenyésztési és szelekciós stratégiák kialakításához. A vizsgált tájfajták genetikai sokféleségére és a köztük lévő kapcsolatokra vonatkozó eredményeink új háttérrel jelenthetnek a populációmegőrzési programokban és a klasszikus tenyésztési eljárások kialakítása során.

6. ÚJ TUDOMÁNYOS EREDMÉNYEK

Mikroszatellit markeren alapuló új tudományos eredmények:

1. Tizenkettő polimorf mikroszatellit marker alkalmazásával bizonyítottam, hogy az általam vizsgált tizenhárom magyar pontytájfajta és az amuri vadponty egyedei 93,64%-ban a származásuknak megfelelő tájfajtához csoportosulnak.
2. Megállapítottam, hogy az általam vizsgált magyar pontytájfajtákban belül nagy a heterozigotizáció, mely arra utal, hogy hazánkban beltenyésztési leromlástól jelenleg nem kell tartanunk.
3. Kimutattam, hogy az általam vizsgált magyar pontytájfajták, néhány kivételtől eltekintve, elkülönülnek egyéb országból származó ponty populációktól.

Mitokondriális DNS markeren alapuló új tudományos eredmények:

4. A citokróm *b* mitokondriális régió 687 bp hosszú szakaszának szekvenciái alapján az általam vizsgált magyar pontytájfajtákban 43 haplotípust mutattam ki, melyek közül 40 új haplotípusként jelent meg. Bizonyítottam, hogy az általam vizsgált magyar pontytájfajták egy közös haplotípusba csoportosulnak, kivételt jelentett ez alól a hortobágyi nyurga tájfajta.

Együttesen, a két markeren alapuló új tudományos eredmények:

5. A tizenkettő polimorf mikroszatellit marker és a citokróm *b* mitokondriális marker segítségével bizonyítottam, hogy a magyar pontytájfajták keverednek egymással, genetikai variációjuk az egyedek között jelentős.
6. A klaszteranalízis eredményei alapján ugyanazon öt tájfajta (biharugrai pikkelyes, hajdúböszörményi tükrös, hajdúszoboszlói pikkelyes, szarvasi 15 tükrös, szarvasi P3 pikkelyes) egyedei hasonlóan ugyanabban a klaszterben nagyon magas tagsági együtthatókkal csoportosultak, mely bizonyítja ezen tájfajták valódi létezését.
7. A mikroszatellit módszeren alapuló Median-Joining Network analízis valamint a genetikai diverzitás paramétereire vonatkozó adatok (egyedi allélek száma és allélgazdagság), továbbá a mitokondriális DNS markeren alapuló klaszteranalízis igazolta, hogy a hortobágyi nyurga tájfajta tekinthető leginkább genetikailag különálló tájfajtnak.

7. AZ EREDMÉNYEK GYAKORLATI HASZNOSÍTHATÓSÁGA

1. A halgazdaságok világszerte javítani próbálják ponty állományukat betelepítések, keresztezések révén. A különálló génkészlettel rendelkező tájfajták értékes genetikai állományát veszélyeztethetik az eltérő génkészlettel valamint eltérő fenotípusos megjelenésű tájfajtákkal való keresztezések. Ezáltal úgy véljük, hogy a magyar pontytájfajták megőrzése érdekében elengedhetetlen a tájfajták genetikai diverzitásának és szerkezetének ismerete, a tenyésztett halak genetikailag különálló tájfajtáinak azonosítása, jellemzése valamint fenntartásuk és megőrzésük.
2. A ponty faj genetikai háttérét veszélyezteti a homogenizálódott génkészlet. A homogenizálódott génkészlet kialakulását eredményezheti a fogvatartás valamint, hogy a szaporítók ugyanazt a genetikai erőforrást használják fel a tenyésztés során. A génkészlet feltárása fontos a termelési tulajdonságok, a heterózishatás javítása és a beltenyésztettségi leromlás meggátolása érdekében. Ezek alapján úgy véljük, hogy eredményeink felhasználhatóak az általunk vizsgált halgazdaságok állományainak javítására.
3. Az egyre intenzívebb haltenyésztés, a szelekciós tenyésztési programok és a visszatelepítések az adott tájfajták genetikai bázisának jelentős degradációjához, a genetikailag is bizonyítottan elkülönült tájfajták eltűnéséhez valamint az egyes tájfajtákra jellemző genetikai háttér felhígulásához, uniformizálódáshoz vezethet. Mindezek alapján eredményeink felhasználhatóak a hagyományos tenyésztési gyakorlatok felülvizsgálatára, illetve javítására is.
4. Feltártuk az általunk vizsgált tájfajtákon belüli illetve a tájfajták közötti összefüggéseket valamint többféle megközelítésben jellemeztük génkészletüket. Eredményeink hasznos információval szolgálhatnak a tájfajták tenyésztésében illetve a folyamatos monitorozásuk során.
5. Véleményünk szerint a molekuláris genetikai vizsgálatunk eredményei hiánypótlóak, ezáltal további vizsgálatok alapját képezhetik. Továbbá segíthetnek kitölteni a ponty genetikai sokféleségével és populáció szerkezetével kapcsolatos tudományos ismeretek hiányát.

8. ÖSSZEFOGLALÁS

A tenyésztett pontyoknak Magyarországon helyi populációi alakultak ki, melyek az eltérő környezeti feltételekből, a haltenyésztők egyéni módszereiből és a zárt tenyésztési rendszerekből adódhatnak. A ponty hatalmas piaci kereslete ellenére a különböző tájfajták eredetét, valamint rokonsági viszonyaikat illetően hiányos genetikai adatokkal rendelkezünk. A hatékonyabb és biztonságosabb pontytermelés feltételeinek megteremtésében kiemelten fontos az őshonos magyar pontytájfajták szélesebb körben való megismerése, a bennük rejlő genetikai tartalékok feltérképezése.

Az őshonos magyar pontytájfajták genetikai rokonsági fokának meghatározására, a tájfajták közötti genetikai különbségek felmérésére, továbbá annak érdekében, hogy a molekuláris genetikai hiányosságok pótlásához további információval szolgálhassunk mikroszatellit és mitokondriális DNS markereken alapuló módszerekkel végeztünk vizsgálatot. Az anyai ágon való öröklődésen alapuló vizsgálatunkhoz bevontuk az NCBI génbankban fellelhető szekvenciákat is.

Kutatásunkhoz az őshonos magyar pontytájfajtáktól származó mintákat 2017 tavaszán és telén valamint 2019 tavaszán lehalászás alkalmával különböző halgazdaságokból, a DE MÉK ÁT Halbiológiai laboratóriumából valamint a MATE Szent István Campus Halászati Kutatóközpont génbankjából gyűjtöttük be összesen tizennégy tájfajtatól.

Mikroszatellit markeren alapuló vizsgálattal elemeztük a populációk közötti genetikai távolságokat valamint a genetikai diverzitást a tizennégy magyar pontytájfajta 630 egyede esetén tizenkettő polimorf mikroszatellit marker alkalmazásával, melyek négy multiplexben voltak futtatva.

Összesen 117 egyedi allélt detektáltunk a tizenkettő polimorf markeren a 630 egyednél. A legnagyobb egyedi allélszám valamint a legnagyobb átlagos allélgazdagság alapján megállapítottuk, hogy a hortobágyi nyurga tájfajta valóban külön tájfajtnak tekinthető. Elemzésünk során magas valós és várt heterozigotizációs értékeket kaptunk valamint a beltenyésztési együtttható értékei szerint a legtöbb általunk vizsgált tájfajta esetén heterozigóta többlet volt jellemző, mely alapján megállapítottuk, hogy a vizsgált tájfajták beltenyésztési leromlásának esélye viszonylag alacsony. A populáció-hozzárendelési

teszt igen nagy százalékos aránya azt mutatta, hogy a vizsgált tájfajták származásuknak megfelelő tájfajtához vannak sorolva. A genetikai differenciálódás mértéke (F_{st}) valamint a Cavalli-Sforza és Edwards-féle genetikai távolság alapján azt tapasztaltuk, hogy kismértékű a genetikai különbség az általunk vizsgált tájfajták között. A Neighbour-Joining filogenetikai fa alapján megfigyelhető klaszterezési minta azonban nem volt összhangban a földrajzi származással, továbbá a vizsgált tájfajták fenotípusos megjelenésüket tekintve is keveredést mutattak. A molekuláris variancia elemzés eredményei azt mutatták, hogy az egyedek között nagy a genetikai változatosság, azonban nem támasztja alá a tájfajták hagyományos megkülönböztetését. A klaszteranalízis alapján azt az eredményt kaptuk, hogy nyolc elemzett tájfajtát nagyon magas rokonsági együttható jellemez, hat tájfajta esetén ugyancsak a tájfajták közötti genetikai keveredés bizonyítékait figyeltük meg. Eredményeinket a főkomponens-analízis is alátámasztotta, mely ugyancsak közeli rokonsági kapcsolatot mutatott az általunk vizsgált pontytájfajták között.

A mitokondriális DNS citokróm *b* markeren alapuló vizsgálatunk esetén összesen 138 magyar pontytájfajtától származó egyed és további 112 NCBI adatbázisában elérhető szekvenciát elemeztünk. A citokróm *b* régió 687 bp hosszúságú szakaszát elemeztük, melyet PCR segítségével amplifikáltunk.

Az összesen 250 szekvenciában 83 haplotípust azonosítottunk. A magyar pontytájfajtáktól származó 138 szekvencián belül 43 haplotípust detektáltunk, melyből 40 haplotípust elsőként írtunk le. A vizsgált magyar pontytájfajtákban a haplotípus és a nukleotid diverzitás értékek tág határok között (magas, közeps, alacsony) mozogtak. A Tajima *D* értéke egy vizsgált tájfajtát kivéve negatív volt, azonban ez az érték csak öt tájfajta esetén volt szignifikáns. Eredményeink szerint öt populáció *F_s* értéke ugyancsak negatív volt, azonban ezek közül csupán két tájfajta mutatott szignifikáns értéket. A Tajima *D* és a *F_s* értékek alapján megállapítottuk, hogy a kapott eredmények múltbeli palacknyak hatást követő jelenkori expanzióra utalnak. A mitokondriális DNS citokróm *b* régió egy szakaszát vizsgálva az AMOVA analízise alátámasztotta a mikroszatellit markeren alapuló AMOVA analízissel kapott eredményeinket, mely szerint a genetikai variancia a tájfajtákon belül nagyobb, mint a tájfajták között. A Median-Joining Network analízissel végzett haplotípusok közötti kapcsolatok azt mutatták, hogy a tizennégy magyar pontytájfajta valamint az NCBI

génbankban elérhető ponty populációk a H1 leggyakoribb haplotípusba csoportosulnak. Az 1-es haplotípusban minden általunk vizsgált magyar pontytájfajta egyedeinek egy része megjelent, kivéve a hortobágyi nyurga pontytájfajta egyedeit. Rávilágítottunk arra, hogy az 1-es haplotípus a legvalószínűbb közös ős az általunk vizsgált ponty populációkban, továbbá a haplotípus központi elhelyezkedése a legősibb haplotípusra utal Magyarországon. A magyarországi és más országokból származó haplotípusok elkülönülését figyeltük meg, mely alapján a tájfajták genetikai izolációját feltételezzük. Kiemelendő, hogy a magyar ponty populációk közös haplotípussal rendelkeznek Németországból, az Egyesült Államokból, Oroszországból és Görögországból származó vonalakkal illetve egy a génbankból származó magyar ponty populáció ugyancsak a leggyakoribb haplotípusban jelent meg.

A mitokondriális markeren alapuló eredményeink alátámasztották a mikroszatellit markeren alapuló eredményeinket. Mindkét marker esetében a klaszteranalízis alapján öt tájfajta (biharugrai pikkelyes, hajdúböszörményi tükrös, hajdúszoboszlói pikkelyes, szarvasi 15 tükrös, szarvasi P3 pikkelyes) magas tagsági együtthatóval ugyanabba a klaszterbe csoportosult, mely eredmény alátámasztja a vizsgált pontytájfajták hagyományos megkülönböztetését, azonban a kilenc tájfajta esetén bizonyos mértékű keveredést figyeltünk meg.

A biparentális és maternális markeren alapuló eredményeink alapján összességében elmondható, hogy a magyar tájfajták keverednek egymással, az eredmények nem minden esetben támasztják alá a tájfajták hagyományos megkülönböztetését. Kivételt képez azonban a hortobágyi nyurga tájfajta, mely tájfajta esetén mindkét marker eredménye azt bizonyította, hogy a hortobágyi nyurga tájfajta tekinthető leginkább genetikailag különálló tájfajtának. Továbbá a klaszteranalízis eredményei mindkét marker esetében bizonyították további öt tájfajta valódi létezését (biharugrai pikkelyes, hajdúböszörményi tükrös, hajdúszoboszlói pikkelyes, szarvasi 15 tükrös, szarvasi P3 pikkelyes).

Véleményünk szerint az általunk vizsgált tájfajták közötti keveredés antropogén hatásból adódhat, amelyet a piac határoz meg. Javaslatot tettünk a magyar pontytájfajták folyamatos monitorozására a jövőben.

9. SUMMARY

Local populations of bred common carp have developed in Hungary, which may result from different environmental conditions, individual methods of fish farmers and closed breeding systems. Despite the huge market demand for common carp, we have incomplete genetic data regarding the origin of the various strains and their relationships. In order to create the conditions for more efficient and safer common carp production, it is extremely important to get to know the native Hungarian common carp strains on a wider scale, and to map the genetic reserves inherent in them.

In order to determine the degree of genetic relatedness of the native Hungarian common carp strains, to assess the genetic differences between the strains, and to provide additional information to fill molecular genetic gaps, we conducted a study using methods based on microsatellite and mitochondrial DNA markers. We also included the sequences found in the NCBI gene bank for our study based on inheritance on the maternal side.

For our research, samples from the native Hungarian common carp strains were collected during fishing in the spring and winter of 2017 and in the spring of 2019 from different fish hatcheries, from the Fish Biology Laboratory, Faculty of Agricultural and Food Sciences and Environmental Management, University of Debrecen and from the gene bank of Hungarian University of Agriculture and Life Sciences, Institute of Aquaculture and Environmental Safety, Research Center of Fisheries and Aquaculture, from a total of fourteen strains.

By conducting a microsatellite marker-based study, we analyzed the genetic distances and the genetic diversity between populations in the case of 630 individuals of the fourteen Hungarian common carp strains using twelve polymorphic microsatellite markers, which were run in four multiplexes.

A total of 117 unique alleles were detected on the twelve polymorphic markers in the 630 individuals. Based on the highest number of unique alleles and the highest average allelic richness, we established that the Hortobágy wild can truly be regarded a separate strains. In the course of our analysis, we obtained high real and expected heterozygous values, and according to the values of the inbreeding coefficient, a heterozygous excess was

typical for most of the strains we examined, on the basis of which we found that the chance of inbreeding degradation of the studied strains is relatively low.

A very high percentage of the population assignment test showed that the examined strains are classified to the strain type corresponding to their origin. Based on the degree of genetic differentiation (F_{st}) and the genetic distance of Cavalli-Sforza and Edwards, we found that the genetic difference between the strains we examined is small. However, the clustering pattern observed on the basis of the Neighbor-Joining phylogenetic tree was not consistent with the geographical origin, and the examined strains also showed admixture in terms of their phenotypic appearance. The results of the molecular variance analysis showed that there is a large genetic diversity between individuals, but it does not support the traditional distinction of strains. Based on the cluster analysis, we obtained the result that eight analyzed strains are characterized by a very high kinship coefficient, and in the case of six strains, we also observed evidence of genetic mixing between the strains. Our results were also supported by the principal component analysis, which also showed a close relationship between the common carp strains we examined.

In the case of our study based on the mitochondrial DNA cytochrome *b* marker, we analyzed a total of 138 individuals from the Hungarian common carp strains and another 112 sequences available in the NCBI database. We analyzed a 687 bp section of the cytochrome *b* region, which was amplified using PCR.

We identified 83 haplotypes in the total of 250 sequences. We detected 43 haplotypes within 138 sequences from Hungarian common carp strains, of which 40 haplotypes were described for the first time. The haplotype and nucleotide diversity values were ranged between wide ranges (high, medium, low) in the studied Hungarian common carp strains. Tajima *D* value was negative except for one strain, but this value was only significant for five strains. According to our results, the F_u *FS* value of five populations was also negative, but only two of these strains showed a significant value. Based on the Tajima *D* and F_u *FS* values, we determined that the obtained results indicate a present-day expansion following a past bottleneck effect. Examining a section of the mitochondrial DNA cytochrome *b* region, the AMOVA analysis supported our results obtained with the AMOVA analysis based on microsatellite markers, according to which the genetic variance within the strains is greater than between the strains.

The relationships between the haplotypes performed with the Median-Joining Network analysis showed that the fourteen Hungarian common carp strains and the common carp populations available in the NCBI gene bank cluster in the most common haplotype H1. In haplotype 1, all the Hungarian common carp strains that we investigated appeared, except for the Hortobágy wild common carp. We highlighted that haplotype 1 is the most probable common ancestor in the common carp populations we examined, and that the central location of the haplotype indicates the most ancient haplotype in Hungary. We observed the separation of haplotypes from Hungary and other countries, on the basis of which we assume the genetic isolation of the strains. It should be emphasized that the Hungarian common carp populations have a common haplotype with lines from Germany, the United States, Russia and Greece, and a Hungarian common carp population from the gene bank also appeared in the most common haplotype.

Our results based on the mitochondrial marker supported our results based on the microsatellite marker. In the case of both markers, based on the cluster analysis, five strains (Biharugra scaly, Hajdúböszörmény mirror, Hajdúszoboszló scaly, Szarvas 15 mirror, Szarvas P3 scaly) were grouped into the same cluster with a high membership coefficient, which result supports the traditional distinction of the examined common carp strains, however, in the case of the nine strains, certain degree of mixing was observed.

Based on our results based on biparental and maternal markers, it can be generally stated that Hungarian strains are mixed with each other, consequently the results do not support the traditional distinction of strains in all cases. However, the Hortobágy wild common carp is an exception, in the case of which strains, the results of both markers proved that it can truly be considered a separate strains. Furthermore, the results of the cluster analysis for both markers proved the real existence of five other strains (Biharugra scaly, Hajdúböszörmény scaly, Hajdúszoboszló scaly, Szarvas 15 mirror, Szarvas P3 scaly).

In our opinion, the mixing between the strains we are examining may result from an anthropogenic effect, which is determined by the market. We have made a proposal for continuous monitoring of Hungarian common carp strains in the future.

10. IRODALOMJEGYZÉK

1. ALLIO, R. – DONEGA, S. – GALTIER, N. – NABHOLZ, B. (2017): Large variation in the ratio of mitochondrial to nuclear mutation rate across animals: Implications for genetic diversity and the use of mitochondrial DNA as a molecular marker. ISEM. Univ. Montpellier. CNRS. IRD. EPHE. France. *Molecular Biology and Evolution*. 34. 11. 2762-2772.
2. ANTALFI, A. – TŐIG, L. (1971): Halgazdasági ABC. Mezőgazdasági Kiadó. Budapest. 217.
3. APALIKOVA, O.V. – PODLESNYKH, A.V. – KUKHLEVSKY, A.D. – GUOHUA, S. – BRYKOV, V.A. (2011): Phylogenetic relationships of silver crucian carp *Carassius auratus gibelio*, *C. auratus cuvieri*, crucian carp *Carassius carassius*, and common carp *Cyprinus carpio* as inferred from mitochondrial DNA variation. *Russian Journal of Genetics*. 47. 3. 322-331.
4. ARI, E. (2012): Molekuláris filogenetikai elemzések egy diszkrét matematikai módszer, a Boole analízis segítségével. Doktori értekezés. Eötvös Lóránd Tudományegyetem. 1-111.
5. AVISE, J.C. (1994): Molecular markers, natural history and evolution. Chapman and Hall. New York.
6. AVISE, J.C. (2000): Phylogeography - The history and formation of species. Harvard University Press. USA. 447.
7. BABAY, L.É. – HORÁNYI, D. – RIGÓ, J. – NAGY, Gy.R. (2015): Új generációs szekvenálás és használata az aneuploidiák nem invazív praenatalis vizsgálatában. Összefoglaló közlemény. Orvosi Hetilap. 156. 26. 1041-1048. DOI: 10.1556/650.2015.30200
8. BAKOS, J. – GORDA, S. (2001): Genetic resources of common carp at the Fish Culture Research Institute. Szarvas. Hungary. FAO. 417. Rome. ISBN 92-5-104658-1.
9. BAKOS, J. (1968): A ponty pikkelyzetének értékelése és bírálata a tenyészkiválasztás során. Halászat. 67. 84-85.
10. BAKOS, J. (1975): Halgenetikai kutatások fejlődése és eredményei Magyarországon 1975-ig. HAKI. Szarvas. Halhústermelés fejlesztése. 4. 61.
11. BÁLINT, B.L. – MESKÓ, B. – NAGY, L. – LÁNYI, Á. – SCHOLTZ, B. – SZÉLES, L. – VARGA, T. – NAGY, L. – BÁLINT, L. (2011): Molekuláris medicina alapjai. 1-57.

12. BALON, E.K. (1974): Domestication of the carp *Cyprinus carpio* L. Royal Ontario Museum. Life Science Miscellaneous Publication. Toronto. 37.
13. BALON, E.K. (2004): About the oldest domesticates among fishes. *Journal of Fish Biology*. 65. 1. 1-27.
14. BALON, E.K. (1995): Origin and domestication of the wild carp, *Cyprinus carpio*: from Roman gourmets to the swimming flowers. *Aquaculture*. 129. 3-48.
15. BANDELT, H.J. – FORSTER, P. – RÖHL, A. (1999): Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. *Molecular Biology and Evolution*. 16. 1. 37-48.
16. BÁRTFAI, R. – EGEDI, S. – YUE, G.H. – KOVÁCS, B. – URBÁNYI, B. – TAMÁS, G. – HORVÁTH, L. – ORBÁN, L. (2003): Genetic analysis of two common carp broodstocks by RAPD and microsatellite markers. *Aquaculture*. 219. 157-167.
17. BÉKÉS MEGYEI ÉRTÉKTÁR (2016): Megyei értékeink. Békés Megyei Önkormányzat. 1-19.
18. BENTZEN, P. – HARRIS, A.S. – WRIGHT, J.M. (1991): Cloning of hypervariable minisatellite and simple sequence microsatellite repeats for DNA fingerprinting of important aquacultural species of salmonids and tilapia. In: Burke, T. - Dolf, G. - Jeffreys, A.J. - Wolff R.: *DNA Fingerprinting: Approaches and Applications*. Birkhauser Verlag. Basel. Switzerland: 243-262.
19. BERCSÉNYI, M. – SZŰCS, R. – ORBÁN, L. – LEHOCZKY, I. – JENEY, Zs. (2011): Halgenetikai kutatások fajtajavítási és állomány-megőrzési céllal. *Állattenyésztés és Takarmányozás*. 60. 3. 267-269.
20. BERCSÉNYI, M. (1997): A tulajdonságok öröklődése. In: *Halgazdálkodás II. gyakorlati kérdések*. MOHOSZ. Budapest. 53-69.
21. BERCSÉNYI, M. (2018): Gondolatok az államilag elismert pontyfajták kapcsán. *Halászat*. 111. 2. 60-61.
22. BERNATCHEZ, L. – GUYOMARD, R. – BONHOMME, F. (1992): DNA sequence variation of the mitochondrial control region among geographically and morphologically remote European brown trout *Salmo trutta* populations. *Molecular Ecology*. 1. 73-161.
23. BOHLING, J. – HAFFRAY, P. – BERREBI, P. (2016): Genetic diversity and population structure of domestic brown trout (*Salmo trutta*) in France. *Aquaculture*. 462. 1-9.

24. BOTSTEIN, D. – WHITE, R.L. – SKOLNICK, M. – DAVIS, R.W. (1980): Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *The American Journal of Human Genetics*. 32. 314-331.
25. BOUCKAERT, R. – HELED, J. – KÜHNERT, D. – VAUGHAN, T. – WU, C.H. – XIE, D. – SUCHARD, M.A. – RAMBAUT, A. – DRUMMOND, A.J. (2014): BEAST 2: a software platform for Bayesian evolutionary analysis. *PLOS Computational Biology*. 10. 4.
26. BROWN, W.M. – GEORGE, M. – WILSON, A.C. (1979): Rapid evolution of animal mitochondrial DNA. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*. 76. 1967-1971.
27. BROWN, W.M. (1981): Mechanisms of evolution in animal mitochondrial DNA. *Annals of the New York Academy of Sciences*. 361. 34-119.
28. BRUFORD, M.W. – WAYNE, R.K. (1993): Microsatellites and their application to population genetic studies. *Current Opinion in Genetics and Development*. 3. 6. 939-943.
29. CARRERAS, C. – ORDÓÑEZ, V. – ZANE, L. – KRUSCHEL, C. – NASTO, I. – MACPHERSON, E. – PASCUAL, M. (2017): Population genomics of an endemic Mediterranean fish: differentiation by fine scale dispersal and adaptation. *Scientific Reports*. 7. 43417. 1- 12.
30. CARVALHO, G.R. – HAUSER, L. (1995): Molecular genetics and the stock concept in fisheries. *Molecular Genetics in Fisheries*. Chapman and Hall. London. 55-80.
31. CARVALHO, G.R. – HAUSER, L. (1999): Molecular markers and the species concept: new techniques to resolve old disputes? *Reviews in Fish Biology and Fisheries*. 9. 379-382.
32. CASAS, L. – SZŰCS, R. – VIJ, C. – GOH, H. – KATHIRESAN, P. – NÉMETH, S. – Jeney, Z. – BERCSÉNYI, M. – ORBÁN, L. (2013): Disappearing scales in carps: re-visiting Kirpichnikov's model on the genetics of scale pattern formation. *Plos One*. 8. 12. e83327.
33. CHANG, Y. – HUANG, F. – LO, T. (1994): The complete nucleotide sequence and gene organization of carp (*Cyprinus carpio*) mitochondrial genome. *Journal of Molecular Evolution*. 38. 138-155.
34. CHAPUIS, M.P. – ESTOUP, A. (2006): Microsatellite null alleles and estimation of population differentiation. *Molecular Biology and Evolution*. 24. 621-631.

35. CHISTIAKOV, D.A. – VORONOVA, N.V. (2009): Genetic evolution and diversity of common carp *Cyprinus carpio* L. Central European Journal of Biology. 4. 304-312.
36. CRAWFORD, A.M. – CUTHBERTSON, R.P. (1996): Mutations in sheep microsatellites. Genome Research. 6. 876-879.
37. CROOIJMANS, R.P. – BIERBOOMS, M.A. – KOMEN, V.A.F. – VAN DER POEL, J., – GROENEN, M.A.M. (1997): Microsatellite markers in common carp (*Cyprinus carpio* L.). Animal Genetics. 28. 129-134.
38. CROSS, T. – DILLANE, E. – GALVIN, P. (2004): Which molecular markers should be chosen for different specific applications in fisheries and aquaculture? <http://www.ucc.ie/ucc/research/adc/molmark/index.html>.
39. CSERVENI-SZÜCS R. (2013): A ponty (*Cyprinus carpio* L.) pikkelymintázat öröklődési modelljének revíziója. Doktori értekezés. Keszthely.
40. CSIZMADIA, Cs. – JENEY, Zs. – SZERENCSE, I. – GORDA, S. (1995): Transferrin polymorfism of some races in a live gene bank of common carp. Aquaculture. 129. 193-198.
41. CSORBAI, B. – URBÁNYI, B. (2018): A ponty (*Cyprinus carpio* L.) biológiája és tenyésztése. Vármédia-Print Kft. Gödöllő.
42. DAEMEN, E. – VOLCKART, F. – HELLEMANS, B. – OLLEVIER, F. (1996): The genetic differentiation of the European eel (*Anguilla anguilla* L.) on the European continental shelf. Royal Belgium Academy of Sciences. 65. 1. 39-42.
43. DESVIGNES, J.F. – LAROCHE, J. – DURAND, J.D. – BOUVET, Y. (2001): Genetic variability in reared stocks of common carp (*Cyprinus carpio* L.) based on allozymes and microsatellites. Aquaculture. 194. 291-301.
44. DONG, Z. – ZHOU, E. (1998): Application of the random amplified polymorphic DNA technique in a study of heterosis in common carp, *Cyprinus carpio* L. Aquaculture Research. 29. 595-600.
45. EARL, D.A. – HOLDT, B.M. (2012): Structure Harvester: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method. Conservation Genetics Resources. 4. 359-361.
46. EUROPEAN COMMISSION (2020): Facts and Figures on the common Fisheries policy. Basic Statistical data – edition. ISSN 1977-3609. 1-48.

47. EVANNO, G. – REGNAUT, S. – GOUDET, J. (2005): Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: A simulation study. *Molecular Ecology*. 14. 2611-2620.
48. EXCOFFIER, L. – LISCHER, H.E.L. (2010): Arlequin suite ver 3.5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Molecular Ecology Resources*. 10. 3. 564-567.
49. FARIAS, P.I. – ORTÍ, G. – SAMPAIO, I. – SCHNEIDER, H. – MEYER, A. (2001): The Cytochrome *b* Gene as a Phylogenetic Marker: The Limits of Resolution for Analyzing Relationships Among Cichlid Fishes. *Journal of Molecular Evolution*. 53. 89-103.
50. FÉSÜS, L. – KOMLÓSI, I. – VARGA, L. – ZSOLNAI, A. (2000): Molekuláris genetikai módszerek alkalmazása az állattenyésztésben. Agroiinform kiadó és nyomda Kft. Budapest.
51. FOCARDI, S. – CORSI, I. – FRANCHI, E. (2005): Safety issues and sustainable development of European aquaculture: new tools for environmentally sound aquaculture. *Aquaculture International*. 13. 3-17.
52. FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS (FAO) (2021): The state of food and agriculture. Making agrifood systems more resilient to shocks and stresses. In brief. Rome. 1-28.
53. FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS (FAO) (2020): World Aquaculture. A brief overview. NFIAP/C1233. ISSN 2070-6065.
54. FROUFE, E. – MAGYARY, I. – LEHOCZKY, I. – WEISS, S. (2002): mtDNA sequence data supports an Asian ancestry and single introduction of the common carp into the Danube Basin. *Fish Biology*. 61. 301-304.
55. FU, Y.X. (1997): Statistical tests of neutrality of mutations against population growth, hitchhiking and background selection. *Genetics*. 147. 2. 915-925.
56. GALL, G.A.E. – LOUDENSLAGER, E.J. (1981): Biochemical genetics and systematics of Nevada trout populations. Final Report to Nevada Department of Wildlife. 53.
57. GHELICHPOUR, M. – SHABANI, A. – SHABANPOUR, B. (2013): Microsatellite variations and genetic structure of common carp (*Cyprinus carpio*) populations in Gomishan bay and Gorganroud River (Southeast of the Caspian Sea). *International Journal of Aquatic Biology*. 1. 22-27.

58. GORDA, S. – BORBÉLY, A. (2014): Ponty teljesítményvizsgálat eredménye. 1-27.
59. GORDA, S. (2003): Pontyhibridek és az országos ponty teljesítményvizsgálatok tájfajtáinak valamint rendszerének értékelése. Doktori értekezés. Debreceni Egyetem, Agrártudományi Centrum, Mezőgazdaságtudományi Kar, Állattenyésztési- és Takarmányozástani Tanszék, Állattenyésztési Tudományok Doktori Iskola. 7-137.
60. GORDA, S. (2004): Pontyfajták, tájfajták és hibridek összehasonlító teljesítményvizsgálata. Doktori disszertáció. Debreceni Egyetem, Agrártudományi Centrum, Mezőgazdaságtudományi Kar, Állattenyésztés és Takarmányozástani Tanszék. 150.
61. GORDA, S. (2012): Vízi genetikai erőforrások - a magyar pontytenyésztési program. NACEE Workshop. 2012. május 4. Sáregres-Rétimajor.
62. GOUDET, J. – PERRIN, N. – WASER, P. (2002): Tests for sex-biased dispersal using bi-parentally inherited genetic markers. *Molecular Ecology*.
63. GROSS, R. – KOHLMANN, K. – KERSTEN, P. (2002): PCR-RFLP analysis of the mitochondrial DNA ND- 3/4 and ND5/6 gene polymorphisms in the European and East Asian subspecies of common carp (*Cyprinus carpio* L.). *Aquaculture*. 204. 7-516.
64. HALL, H.J. – NAWROCKI, L.W. (1995): A rapid method for detecting mitochondrial DNA variation in the brown trout, *Salmo trutta*. *Journal of Fish Biology*. 46. 2. 360-364.
65. HANEEF, D.T. – KOCHUNNI, J. (2017): "Major Differences." Difference Between Minisatellite and Microsatellite.
66. HANSEN, M.M. – KENCHINGTON, E. – NIELSEN, E.E. (2001a): Assigning individual fish to populations using microsatellite DNA markers. *Fish and Fisheries*. 2. 93-112.
67. HANSEN, M.M. – RUZZANTE, D.E. – NIELSEN, E.E. – MENSBERG, K.L.D. (2001b): Brown trout (*Salmo trutta*) stocking impact assessment using microsatellite DNA markers. *Ecological Applications*. 11. 148-160.
68. HART, D.L. – CLARK, A.G. (1997): Principles of population genetics. 3rd edn. Sinauer Associates. Inc. Sunderland. MA.
69. HORVÁTH, L. – URBÁNYI, B. (2004): Tógazdálkodás. SZIE Szakmérnöki jegyzet. Gödöllő. 1-104.

70. HULAK, M. – KASPAR, V. – KOHLMANN, K. – COWARD, K. – TEŠITEL, J. – RODINA, M. – GELA, D. – KOCOUR, M. – LINHART, O. (2010): Microsatellite-based genetic diversity and differentiation of foreign common carp (*Cyprinus carpio*) strains farmed in the Czech Republic. *Aquaculture*. 298. 194-201.
71. IMSIRIDOU, A. – TRIANTAFYLLIDIS, A. – BAXEVANIS, A. – TRIANTAPHYLLIDIS, C. (2009): Genetic characterization of common carp (*Cyprinus carpio*) populations from Greece using mitochondrial DNA sequences. *Biologia*. 64. 4. 781-785.
72. JAKOBSSON, M. – ROSENBERG, A.N. (2007): CLUMPP a cluster matching and permutation program for dealing with label switching and multimodality in analysis of population structure. *Bioinformatics*. 23. 1801-1806.
73. KALOUS, L. – BOHLEN, J. – RYLKOVA, K. – PETR TYL, M. (2012): Hidden diversity within the Prussian carp and designation of a neotype for *Carassius gibelio* (Teleostei: *Cyprinidae*). *Ichthyological Exploration of Freshwaters*. 23. 1. 11-18.
74. KÁNAINÉ SIPOS, D. – BAKOS, K. – ÖSZ, Á. – HEGYI, Á. – MÜLLER, T. – URBÁNYI, B. – KOVÁCS, B. (2019): Development and characterization of 49 novel microsatellite markers in the African catfish, *Clarias gariepinus* (Burchell, 1822). *Molecular Biology Reports*. 46. 6599-6608.
75. KIRPICHNIKOV, S. (1967): Homologous hereditary variation and evolution of wild common carp *Cyprinus carpio* (in Russian). *Genetika*. Moscow. 8. 65-72.
76. KIRPICHNIKOV, V.S. (1999): Genetics and breeding of common carp. INRA. Paris. 1-97.
77. KOCHER, T.D. – THOMAS, W.K. – MEYER, A. és mtsai. (1989): Dynamics of mitochondrial DNA evolution in animals. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. USA. 86. 6196-6200.
78. KOHLMANN, K. – GROSS, R. – MURAKAEVA, A. – KERSTEN, P. (2003): Genetic variation and structure of common carp populations throughout the distribution range inferred from allozyme, microsatellite and mtDNA marker. *Aquatic Living Resources*. 16. 421-431.
79. KOHLMANN, K. – KERSTEN, P. – FLAJSHANS, M. (2005): Microsatellite-based genetic variability and differentiation of domesticated, wild and feral common carp (*Cyprinus carpio* L.) populations. *Aquaculture*. 247. 253-266.

80. KOMEN, J. (1990): Clones of common carp, *Cyprinus carpio*. New perspectives in fish research. PhD thesis, Wageningen Agricultural University, Wageningen. The Netherlands.
81. KONGCHUM, P. – PALTÍ, Y. – HALLERMAN, E.M. – HULATA, G. – DAVID, L. (2010): SNP discovery and development of genetic markers for mapping innate immune response genes in common carp (*Cyprinus carpio*). *Fish and Shellfish Immunology*. 29. 356-361.
82. LADOUKAKIS, E.D. – ZOUROS, E. (2017): Evolution and inheritance of animal mitochondrial DNA: rules and exceptions. *Biological Research*. Thessaloniki. 24. 2.
83. LAIKRE, L. – JORDE, P.E. – RYMAN, N. (1998): Temporal change of mitochondrial DNA haplotype frequencies and female effective size in a brown trout (*Salmo trutta*) population. *Evolution*. 52. 910-915.
84. LAJKÓ, I. – TASNÁDI, R. (2001): A tógazdasági haltenyésztés alapjai. Agroiinform Kiadó. Budapest.
85. LAMMENS, E. – HOOGENBOEZEM, W. (1991): Diets and Feeding Behavior. 353-376.
86. LANE, N. – MARTIN, W. (2010): The energetics of genome complexity. *Nature*. 467. 929-934.
87. LANFEAR, R. – FRANDSEN, P.B. – WRIGHT, A.M. – SENFELD, T. – CALCOTT, B. (2017): PartitionFinder 2: new methods for selecting partitioned models of evolution for molecular and morphological phylogenetic analyses. *Molecular Biology and Evolution*. 34. 3. 772-773.
88. LANG, B.F. – GRAY, M.W. – BURGER, G. (1999): Mitochondrial genome evolution and the origin of eukaryotes. *Annual Review of Genetics*. 33. 351-397.
89. LEHOCZKY, I. – JENEY, Zs. – MAGYARY, I. – HANCZ, Cs. – KOHLMANN, K. (2005a): Preliminary data on genetic variability and purity of common carp (*Cyprinus carpio* L.) strains kept at the live gene bank at Research Institute for Fisheries. Aquaculture and Irrigation (HAKI) Szarvas. Hungary. *Aquaculture*. 247. 45-49.
90. LEHOCZKY, I. – MAGYARY, I. – HANCZ, Cs. – WEISS, S. (2005b): Preliminary studies on the genetic variability of six Hungarian common carp strains using microsatellite DNA markers. *Hydrobiologia*. 533. 223-228.

91. LEHOCZKY, I. – PATAKINÉ, V.E. – GÁL, D. – JÓZSA, V. – KOVÁCS, Gy. – MÜLLER, T. – HEGYI, Á. – URBÁNYI, B. (2015): A kétpólusú halgénmegőrzés feltételeinek megteremtése Magyarországon. XXXIX. Halászati Tudományos Tanácskozás. 2015. május 20-21.
92. LEHOCZKY, I. (2006): A HAKI ponty élő génbankjának populációgenetikai vizsgálata mikroszatellit DNS markerekkel és PCR-RFLP módszerrel. Doktori Értekezés. Kaposvár.
93. LENGYEL, P. – UDVARI, Zs. (2017): A haltenyésztés hatósági feladatainak átszervezése. Földművelésügyi Minisztérium, Horgászati és Halgazdálkodási Főosztály. Halászat. 110. 12-16.
94. LI, O. – CAO, D. – ZHANG, Y. – GU, Y. – ZHANG, X. – LU, C. – SUN, X. (2009): Studies on feed conversion ratio trait of common carp (*Cyprinus carpio* L.) using EST-SSR marker. J. Fisheries China. 33. 624-631.
95. LI, W.H. (1997): Molecular Evolution. Sinauer Associates. Sunderland.
96. LIBIGER, O. – NIEVERGELT, C.M. – SCHORK, N.J. (2009): Comparison of genetic distance measures using human SNP genotype data. Human biology. 81. 4. 389-406.
97. LIBRADO, P. – ROZAS, J. (2009): DnaSP v5: a software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. Bioinform. 25. 11. 1451-1452.
98. LIN, M. – ZOU, J. – WANG, Ch. (2014): Complete mitochondrial genomes of domesticated and wild common carp (*Cyprinus carpio* L.) Mitochondrial DNA. Early Online. 1-2.
99. LIU, X. – CAO, Y. – XUE, T. – WU, R. – ZHOU, Y.U. – ZHOU, C. – ZANATTA, D.T. – OUYANG, S. – WU, X. (2017): Genetic structure and diversity of *Nodularia douglasiae* (Bivalvia: *Unionida*) from the middle and lower Yangtze River drainage. PloS One. 12. e0189737.
100. LIU, Z.J. – CORDES, J.F. (2004): DNA marker technologies and their applications in aquaculture genetics. Aquaculture. 238. 1-37.
101. MA, D.M. – FAN, J.J. – ZHU, H.P. – HUANG, Z.H. (2019): The complete mitochondrial genome of *Cyprinus Carpio* Var. Guilin rice flower carp and its phylogeny in *Cyprinidae*. Mitochondrial DNA Part B. 4. 1. 1253-1254.

102. MABUCHI, K. – MIYA, M. – SENOU, H. – SUZUKI, T. – NISHIDA, M. (2006): Complete mitochondrial DNA sequence of the Lake Biwa wild strain of common carp (*Cyprinus carpio* L.): further evidence for an ancient origin. *Aquaculture*. 257. 68-77.
103. MABUCHI, K. – SENOU, H. – SUZUKI, T. – NISHIDA, M. (2005): Discovery of an ancient lineage of *Cyprinus carpio* from Lake Biwa, central Japan, based on mtDNA sequence data, with reference to possible multiple origins of koi. *Fish Biology*. 66. 1516-1528.
104. MABUCHI, K. (2016): Complete mitochondrial genomes of five introduced strains of common carp (*Cyprinus carpio*) in Japan with 29 diagnostic SNPs distinguishable by restriction enzyme analysis. *Mitochondrial DNA Part B*. 1. 1. 261-263.
105. MAGYAR AKVAKULTÚRA ÉS HALÁSZATI SZAKMAKÖZI SZERVEZET (MA-HAL) (2021): Jelentés a Szervezet működésének 2020. évi eredményeiről. Agrárminisztérium. Budapest. 1-60.
106. MAGYAR AKVAKULTÚRA ÉS HALÁSZATI SZAKMAKÖZI SZERVEZET (MA-HAL) (2020): Jelentés a Szervezet működésének 2019. évi eredményeiről. Agrárminisztérium. Budapest. 1-49.
107. MAGYAR HALTERMELŐK ÉS HALÁSZATI VÍZTERÜLET-HASZNOSÍTÓK SZÖVETSÉGE (MA-HAL) (2016): Jelentés a szövetség működésének 2015. évi eredményeiről. A kiadvány a Földművelésügyi Minisztérium támogatásával készült. PTKF/785/2/2016.
108. MÁRIÁN, T. – KRASZNAI, Z. – BAKOS, J. (1984): Transzferrin polimorfizmus vizsgálat eredménye magyarországi pontypopulációkban. *Halászat*. 30. 77. 4. 112-113.
109. MÁRIÁN, T. (1978): Halkariológiai vizsgálatok. A halhústermelés fejlesztése. 6. 1-88.
110. MCCONNELL, S.K. – O'REILLY, P. – HAMILTON, L. – WRIGHT, J.N. – BENTZEN, P. (1995): Polymorphic microsatellite loci from Atlantic salmon (*Salmo salar*) - genetic differentiation of North American and European populations. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*. 52. 1863-1872.
111. MCCRIMMON, H. (1968): Carp in Canada. Fisheries Research Board of Canada.
112. MEMIS, D. – KOHLMANN, K. (2006): Genetic characterization of wild common carp (*Cyprinus carpio* L.) from Turkey. *Aquaculture*. 258. 1-4. 257-262.

113. MEYER, A. (1993): Evolution of mitochondrial DNA in fish, in *Biochemistry and Molecular Biology of Fish*. Elsevier. 2.
114. MONDOL, R.K. – ISLAM, S. – ALAM, S. (2006): Characterization of different strains of common carp (*Cyprinus carpio* L.) (*Cyprinidae*, *Cypriniiformes*) in Bangladesh using microsatellite DNA markers. *Genetics and Molecular Biology*. 29. 626-633.
115. MORAN, P. (1994): Overview of commonly used DNA techniques. Park, K. – Moran, P.I. – Waples R.S. (Eds.). *Application of DNA Technology to the Management of Pacific Salmon*. U.S. Dep. Commer. NOAA Tech. Memo. NMFS-NWFSC TM-17. <http://www.nwfsc.noaa.gov/publications/techmemos/tm17/Papers/Intro.htm>.
116. NAGY, A. – RAJKI, K. – BAKOS, J. – CSÁNYI, V. (1979): Genetic analysis using gynogenesis in carp. *Heredity*. 43. 35-40.
117. NAPORA-RUTKOWSKI, L. – RAKUS, K. – NOWAK, Z. – SZCZYGIEL, J. – PILARCZYK, A. – OSTASZEWSKA, T. – IRNAZAROWA, I. (2017): Genetic diversity of common carp (*Cyprinus carpio* L.) strains breed in Poland based on microsatellite, AFLP, and mtDNA genotype data. *Aquaculture*. 473. 433-442.
118. NELSON, J. (1984): *Fishes of the World*. New York: John Wiley and Sons.
119. O'CONNELL, M. – WRIGHT, J.M. (1997): Microsatellite DNA in fishes. *Reviews in Fish Biology and Fisheries*. 7. 331-363.
120. OHNO, S. – MURAMOTO, J. – CHRISTIAN, L. – ATKIN, N.B. (1967): Diploid-tetraploid relationship among old-world members of the fish family *Cyprinidae*. *Chromosoma*. 23. 1-19.
121. OKUMUS, I. – CİFTÇİ, Y. (2003): Fish Population Genetics and Molecular Markers: II Molecular Markers and Their Applications in Fisheries and Aquaculture. *Turkish Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*. 3. 51-79.
122. ORSZÁGGYŰLÉS HIVATALA (2020): Halgazdálkodás és Akvakultúra. 71.
123. PAETKAU, D. – SLADE, R. – BURDEN, M. – ESTOUP, A. (2003): Genetic assignment methods for the direct, real-time estimation of migration rate: A simulation-based exploration of accuracy and power. *Molecular Ecology*. 13. 55-65.
124. PAGE, R.D.M. (1996): TreeView: An application to display phylogenetic trees on personal computers. *Computer Applications in the Biosciences*. 12. 357-358.

125. PARK, L.K. – MORAN, P. (1995): Developments in molecular genetic techniques in fisheries. Carvalho G.R. – Pitcher T.J. (Eds.) *Molecular Genetics in Fisheries*. Chapman and Hall. London. 1-28.
126. PARKER, P.G. – ALLISON, A. – SNOW, A.A. – SCHUG, M.D. – GREGORY, C. – Booton, G.C. – FUERST, P.A. (1998): What molecules can tell us about populations: choosing and using a molecular marker. *Ecology*. 79. 361-382.
127. PEACOCK, M.M. – DUNHAM, J.B. – RAY, C. (2001): Recovery and Implementation Plan for Lahontan Cutthroat Trout in the Pyramid Lake, Truckee River and Lake Tahoe Ecosystem Genetics Section. Draft Report. Biological Resources Research Center Department of Biology. University of Nevada. Reno. 83.
128. PEAKALL, R. – SMOUSE, P.E. (2006): GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular Ecology Notes*.
129. PECSENYE K. (2017): Védett lepkék populációinak genetikai diverzitása. Doktori értekezés. 1-160.
130. PÉREZ, T. – ALBORNOZ, J. – DOMINGUEZ, A. (1998): An evaluation of RAPD fragment reproducibility and nature. *Molecular Ecology*. 7. 1347-1357.
131. PINTÉR, K. (1989): Magyarország halai. Akadémiai Kiadó. Budapest. 109-116.
132. PINTÉR, K. (2003): A magyar halászat helye az Európai Unióban. *Halászat*. 96, 47-50.
133. PIRY, S. – ALAPETITE, A. – CORNUET, J.M. – PAETKAU, D. – BAUDOUIN, L. – ESTOUP, A. (2004): GENECLASS2: A Software for Genetic Assignment and First-Generation Migrant Detection. *Journal of Heredity*. 95. 536-539.
134. PRITCHARD, J.K. – STEPHENS, M. – DONNELLY, P. (2000): Association mapping in structured populations. *The American Journal of Human Genetics*. 67. 170-181.
135. RAJKI, K. (1977): Pontyok genetikai analízise. Doktori értekezés. ELTE. Budapest.
136. RAMÍREZ-SORIANO, A. – RAMOS-ONSINS, S.E. – ROZAS, J. – CALAFELL, F. – NAVARRO, A. (2008): Statistical power analysis of neutrality tests under demographic expansions, contractions and bottlenecks with recombination. *Genetics*. 179. 1. 555-567.
137. RANNALA, B. – MOUNTAIN, J.L. (1997): Detecting immigration by using multilocus genotypes. 94. 9197-9201.

138. RAYMOND, M. – ROUSSET, F. (1995): An Exact Test for Population Differentiation. *Journal Article Evolution*. 49. 1280-1283.
139. RICE, W.R. (1989): Analyzing Tables of Statistical Tests. *Journal Article*. 43. 223-225.
140. ROHNER, N. – BERCSÉNYI, M. – ORBÁN, L. – KOLANCZYK, M.E. – LINKE, D. – BRAND, M. – NÜSSLEIN-VOLHARD, C. – HARRIS, M.P. (2009): Duplication of *fgfr1* permits Fgf signaling to serve as a target for selection during domestication. *Current Biology*. 19. 1642-1647.
141. ROSENBERG, N.A. (2004): Distruct: A program for the graphical display of population structure. *Molecular Ecology Notes*. 4. 137-138.
142. ROUSSET, F. (2008): GENEPOP'007: a complete re-implementation of the GENEPOP software for Windows and Linux. *Molecular Ecology Resources*. 8. 6-103.
143. SAITOU, N. – NEI, M. (1987): The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Molecular Biology and Evolution*. 4. 406-425.
144. SCHÄPERCLAUS, W. (1961): *Lehrbuch der Teichwirtschaft*. 2. Paul Perey, Berlin/Hamburg. 170.
145. SCHROETER, J.C. – MALOY, A.P. – REES, C.B. – BARTRON, M.L. (2020): Fish mitochondrial genome sequencing: expanding genetic resources to support species detection and biodiversity monitoring using environmental DNA. *Conservation Genetics Resources*. 12. 3. 433-446.
146. SUN, X.W. – LIANG, L.Q. (2004): A genetic linkage map of common carp (*Cyprinus carpio* L.) and mapping of a locus associated with cold tolerance. *Aquaculture*. 238. 165-172.
147. SUNNUCKS, P. (2000): Efficient genetic markers of population biology. *Trends in Ecology and Evolution*. 15. 199-203.
148. SZABÓ, P. (1967): Szülőföldem, Biharország. Panoráma. Budapest. 1-116. https://bhgfish.com/?page_id=25
149. SZERENCSE, I. – BAKOS, J. – JENEY, Zs. (1990): Transzferrin (Tf) polimorfizmus vizsgálata a szarvasi ponty-fajtagyűjteményben. *Halászat*. 36. 83. 1. 2.
150. TAGGART, J.B. – FERGUSON, A. (1990): Hypervariable minisatellite DNA single locus probes for Atlantic salmon, *Salmo salar* L. *Journal of Fish Biology*. 37. 991-993.

151. TAJIMA, F. (1989): The effect of change in population size on DNA polymorphism. *Genetics*. 123. 3. 597-601.
152. TAMURA, K. – STECHER, G. – PETERSON, D. – FILIPSKI, A. – KUMAR, S. (2013): MEGA6: molecular evolutionary genetics analysis version 6.0. *Molecular Biology and Evolution*. 30. 12. 2725-2729.
153. TANG, F. – SANTOS, A. – BESSERT, M. – LU, C. – LIU, W. (2016): On the occurrence of mirror carp, an aquaculture breed of *Cyprinus carpio* Linnaeus, 1758, in the Songhua River, the largest tributary of the Amur River, Wiley. 1-2.
154. THAI, B.T. – BURRIDGE, C.P. – AUSTIN, C.M. (2007): Genetic diversity of common carp (*Cyprinus carpio* L.) in Vietnam using four microsatellite loci. *Aquaculture*. 269. 174-186.
155. THAI, B.T. – BURRIDGE, C.P. – PHAM, T.A. – AUSTIN, C.M. (2004): Using mitochondrial nucleotide sequence to investigate diversity and genealogical relationships within common carp (*Cyprinus carpio* L.). *Animal Genetics*. 36. 23-28.
156. THAI, B.T. – PHAM, T.A. – THAI, U.D. – AUSTIN, C.M. (2006): Progress toward a global genealogy of common carp (*Cyprinus carpio* L.) strains using mitochondrial nucleotide sequences data. *NAGA. Worldfish Center Quarterly*. 29. 55-61.
157. THOMPSON, C.E. – POOLE, W.R. – MATTHEWS, M.A. – FERGUSON, A. (1998): Comparison, using minisatellite DNA profiling, of secondary male contribution in the fertilisation of wild and ranched Atlantic salmon (*Salmo salar*) ova. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*. 55. 2011-2018.
158. TOMLIJANOVIC, T. – TREER, T. – CUBRIC, V.C. – SAFNER, T. – SPREM, N. – PIRIA, M. – MATULIC, D. – SAFNER, R. – ANICIC, I. (2013): Microsatellite-based genetic variability and differentiation of hatchery and feral common carp *Cyprinus carpio* L. (*Cyprinidae*, *Cyprinidae*) populations in Croatia. *Archives of Biological Sciences Belgrade*. 65. 577-584.
159. TREER, T. – SAFNER, R. ANIČIC, I. – KOLAK, A. – DRAŽIC, M. (2000): Morphological variation among four strains of common carp *Cyprinus carpio* in Croatia. *Folia Zoologica*. 49. 69-74.
160. TSIPAS, G. – TSIAMIS, G. – VIDALIS, K. – BOURTZIS, K. (2009): Genetic differentiation among Greek lake populations of *Carassius gibelio* and *Cyprinus carpio carpio*. *Genetica*. 136. 491-500.

161. UDVARI, Zs. (2017): Magyarországon elismert pontyfajták. Földművelésügyi Minisztérium. Horgászati és Halgazdálkodási Főosztály. iktatószám: HHgF/268/2017.
162. VAN OOSTERHOUT, C. – HUTCHINSON, W.F. – WILLS, D.P.M. – SHIPLEY, P. (2004): MICRO-CHECKER: software for identifying and correcting genotyping errors in microsatellite data.
163. VANDEPUTTE, M. (2003): Selective breeding of quantitative traits in the common carp (*Cyprinus carpio*): A review. Aquatic Living Resources. 16. 399-407.
164. VÁRADI, L. – SZILÁGYI, G. – HORVÁTH, L. (1993): Egynyaras pontyállomány genetikai és morfológiai elemzése a Dinnyési Ivadéknevelő Gazdaságban. Halászat. 86. 46-48.
165. WANG, B. – JI, P. – WANG, J. – SUN, J. – WANG, C. – XU, P. – SUN, X. (2013): The complete mitochondrial genome of the Oujiang color carp, *Cyprinus carpio* var. color (*Cypriniformes*, *Cyprinidae*). Mitochondrial DNA. 24. 1. 19-21.
166. WANG, Ch. – LI, S. – NAGY, Z.T. – LEHOCZKY, I. – HUANG, L. – ZHAO, Y. – SONG, X. – JENEY, Z. (2010): Molecular genetic structure and relationship of Chinese and Hungarian common carp (*Cyprinus carpio* L.) strains based on mitochondrial sequence. Aquaculture Research. 41. 1339-1347.
167. WEIR, B.S. – COCKERHAM, C.C. (1984): Estimating F-statistics for the analysis of population structure. Evolution. 1358-1370.
168. WELSH, J. – MCCLELLAND, M. (1990): Polymorphisms generated by arbitrarily primed PCR in the mouse: application with arbitrary primers. Nucleic Acids Research. 18. 7123-18.
169. WHANG, J. – HE, A. – MA, Y. – WANG, C. (2012): Genetic map construction and quantitative trait locus (QTL) analysis on growth-related traits in common carp (*Cyprinus carpio* L.). African Journal of Biotechnology. 11. 7874-7884.
170. WILLIAMS, J.G.K. – KUBELIK, A.R. – LIVAK, K.J. és mtsai. (1990): DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. Nucleic Acids Research. 18. 6531-6535.
171. WRIGHT, J.M. (1993): DNA fingerprinting of fishes. Hochachka, P.W. – Mommsen T. (Ed.), Biochemistry and molecular biology of fishes. Elsevier Press. New York. 2. 57-91.

172. WRIGHT, S. (1922): Coefficients of inbreeding and relationship. The American Naturalist. 56. 330-338.
173. WRIGHT, S. (1978): Variability within and among natural populations. Chicago. The University of Chicago Press.
174. XIAO, W. – ZHANG, Y. – LIU, H. (2001): Molecular Systematics of *Xenocyprinae* (Teleostei: *Cyprinidae*): Taxonomy, biogeography, and coevolution of a special group restricted in East Asia. 18. 2. 163-173.
175. XU, P. – ZHANG, X. – WANG, X. – LI, J. – LIU, G. – KUANG, Y. – XU, J. – ZHENG, X. – REN, L. – WANG, G. – ZHANG, Y. – HUO, L. – ZHAO, Z. – CAO, D. – LU, C. – LI, Ch. – ZHOU, Y. – LIU, Z. – FAN, Z. – SHAN, G. – LI, X. – WU, S. – SONG, L. – HOU, G. – JIANG, Y. – JENEY, Zs. – YUE, D. – WANG, L. – SHAO, Ch. – SONG, L. – SUN, J. – JI, P. – WANG, J. – LI, Q. – XU, L. – SUN, F. – FENG, J. – WANG, Ch. – WANG, S. – WANG, B. – LI, Y. – ZHU, Y. – XUE, W. – ZHAO, L. – WANG, J. – GU, Y. – LV, W. – WU, K. – XIAO, J. – WU, J. – ZHANG, Z. – YU, J. – SUN, X. (2014): Genome sequence and genetic diversity of the common carp, *Cyprinus carpio*. Nature genetics. 46. 1212-1219.
176. YE, X. – LV, Y. – WEI, L. – HUANG, J. – WEN, Y. – ZHANG, G. – ZHANG, S. – YANG, Z. – LIU, K. (2018): The complete mitochondrial genome of Jinbian carp *Cyprinus carpio* (Cypriniformes: Cyprinidae). Mitochondrial DNA Part B. 3.2. 1096-1097.
177. YEH, I.Ch. – BERKOWITZ, M.L. (1999): Ewald summation for systems with slab geometry. The Journal of Chemical Physics. 111. 3155.
178. YUE, G.H. – DAVID, L. – ORBAN, L. (2007): Mutation rate and pattern of microsatellites in common carp (*Cyprinus carpio* L.). Genetica. 129. 3. 329-331.
179. YUE, G.H. – HO, M.Y. – ORBAN, L. – KOMEN, J. (2004): Microsatellites within genes and ESTs of common carp and their applicability in silver crucian carp. Aquaculture. 234. 85-98.
180. ZHANG, Y. – LIANG, L. – JIANG, P. – LI, D. – LU, C. – SUN, X. (2008): Genome evolution trend of common carp (*Cyprinus carpio* L.) as revealed by the analysis of microsatellite loci in a gynogenetic family. Journal Genetics and Genomics. 35. 97-103.

181. ZHANG, Y. – WANG, S. – LI, J. – ZHANG, X. – JUANG, L. – XU, P. – LU, C. – WAN, Y. – SUN, X. (2013): Primary genome scan for complex body shape-related traits in the common carp *Cyprinus carpio*. *Journal of Fish Biology*. 82. 125-140.
182. ZHOU, J. – WU, Q. – WANG, Z. – YE, Y. (2004): Genetic variation analysis within and among six varieties of common carp (*Cyprinus carpio* L.) in China using microsatellite markers. *Genomics*. 40. 1389-1393.
183. ZHOU, J.F. – WU, Q.J. – YE, J.Z. – TONG, J.G. (2003): Genetic divergence between *Cyprinus carpio carpio* and *Cyprinus carpiohaematopterus* as assessed by mitochondrial DNA analysis, with emphasis on origin of European domestic carp. *Genetica*. 119. 93-97.
184. ZSOLNAI, A. – ORBÁN, L. (1999): Accelerated separation of random complex DNA patterns in gels: comparing the performance of discontinuous and continuous buffers. *Electrophoresis*. 7. 1462-1468.

Internetes hivatkozások:

185. I1: <https://embassies.gov.il/budapest/AboutIsrael/nation/Pages/europaeurazsia.aspx#p> utolsó hozzáférés: 2022.06.16.
186. I2: Vadponty. Kislexikon. *Link:* <http://www.kislexikon.hu/vadponty.html> utolsó hozzáférés: 2022.06.16.
187. I3: Regionális állatföldrajz: Területegységek. 30. *Link:* http://ttk.nyme.hu/blgi/gyjozsi/Documents/Tananyagok/Biogeogr%C3%A1fia/regionalis_%C3%A1llatf%C3%B6ldrajz.pdf utolsó hozzáférés: 2022.06.16.
188. I4: KHESZ: Néhány gondolat a legnépszerűbb horgászhalunkról, a pontyról. *Link:* <https://www.khesz.hu/hirek/nehany-gondolat-legnepszerubb-horgaszhalunkrol-a-pontyrol> utolsó hozzáférés: 2022.06.16.

11. PUBLIKÁCIÓK AZ ÉRTEKEZÉS TÉMAKÖRÉBEN



**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/453/2022.PL
Tárgy: PhD Publikációs Lista

Jelölt: Véghné Tóth Bianka Mónika
Doktori Iskola: Állattenyésztési Tudományok Doktori Iskola
MTMT azonosító: 10074985

A PhD értekezés alapjául szolgáló közlemények

Magyar nyelvű könyvrészek (1)

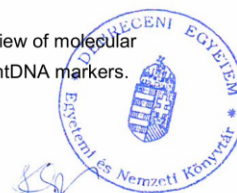
1. Balog, K., Bagi, Z., **Tóth, B.**, Bársony, P., Kusza, S.: Magyarországi ponty (*Cyprinus carpio* L.) tájfajták genetikai diverzitásának vizsgálata.
In: "Innovatív tudományos műhelyek a hazai agrár felsőoktatásban". Szerk.: Pepó Péter, Debreceni Egyetem, Debrecen, 9-16, 2022. ISBN: 9789634903871

Magyar nyelvű tudományos közlemények hazai folyóiratban (2)

2. **Tóth, B.**, Bagi, Z., Kézi, T., Kusza, S.: Mikroszatellit markerek optimalizálása magyarországi ponty (*Cyprinus carpio* L.) tájfajtákon: Előzetes közlemény.
Állatteny. takarm. 68 (4), 302-312, 2019. ISSN: 0230-1814.
3. **Tóth, B.**, Bagi, Z., Kusza, S.: Ponty (*Cyprinus carpio* L.) tájfajták különböző markerekkel végzett genetikai vizsgálatai a Világban és Magyarországon - összefoglaló tanulmány.
Acta Agron. Óvár. 58 (2), 16-35, 2017. ISSN: 1416-647X.

Idegen nyelvű tudományos közlemények külföldi folyóiratban (3)

4. **Tóth, B.**, Ashrafzadeh, M. R., Khosravi, R., Bagi, Z., Fehér, M., Bársony, P., Kovács, G., Kusza, S.: Insights into mitochondrial DNA variation of common carp *Cyprinus carpio* strains in the Centre of Carpathian Basin.
Aquaculture. 554, 1-9, 2022. ISSN: 0044-8486.
DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/j.aquaculture.2022.738116>
IF: 5.135 (2021)
5. **Tóth, B.**, Bagi, Z., Balog, K., Bársony, P., Jávors, B., Kusza, S.: A short review of molecular genetics studies on common carp (*Cyprinus carpio* L.) highlighted the mtDNA markers.
Nat. Res. Sustain. Develop. 11 (1), 51-65, 2021. ISSN: 2066-6276.
DOI: <http://dx.doi.org/10.31924/nrsd.v11i1.066>





6. **Tóth, B.**, Khosravi, R., Ashrafzadeh, M. R., Bagi, Z., Fehér, M., Bársony, P., Kovács, G., Kusza, S.: Genetic Diversity and Structure of Common Carp (*Cyprinus carpio* L.) in the Centre of Carpathian Basin: Implications for Conservation.
Genes. 11 (11), 1-16, 2020. ISSN: 2073-4425.
DOI: <http://dx.doi.org/10.3390/genes11111268>
IF: 4.096

Magyar nyelvű absztrakt kiadványok (1)

7. **Tóth, B.**, Bagi, Z., Bársony, P., Fehér, M., Kézi, T., Stündl, L., Kusza, S.: Magyar ponty tájfajták, különös tekintettel a Tiszántúli régió tájfajtainak genetikai jellemzésére.
In: Biotechnológia a Debreceni Egyetemen. Fókuszban az agrár- és élelmiszerbiotechnológia : Tudományos Szimpózium előadás összefoglalók, Debreceni Egyetem MÉK Agrár Genomikai és Biotechnológiai Központ, Debrecen, 43-45, 2021. ISBN: 9789634903512

Idegen nyelvű absztrakt kiadványok (4)

8. **Tóth, B.**, Bagi, Z., Bársony, P., Balog, K., Stündl, L., Kusza, S.: Genetic diversity of common carp strains on maternal line in Hungary: first step.
In: Multidisciplinary Conference on Sustainable Development Section: Animal Resources Bioengineering, Banat University of Agricultural Sciences and Veterinary Medicine, Temesvár, 19, 2021.
9. **Tóth, B.**, Bagi, Z., Bársony, P., Fehér, M., Kusza, S.: Low genetic diversity in hungarian common carp strains.
In: Multidisciplinary Conference on Sustainable Development Section: Animal Resources Bioengineering, Banat University of Agricultural Sciences and Veterinary Medicine, Temesvár, 18, 2021.
10. Balog, K., Bagi, Z., **Tóth, B.**, Kusza, S.: Genetic diversity of five Hungarian common carp (*Cyprinus carpio* L.) landraces based on mitochondrial DNA- initial results.
In: 4th National Conference of Young Biotechnologists : Abstract Book "FIBOK 2020" / publ. University of Debrecen, University of Debrecen, Debrecen, 93, 2020. ISBN: 9789634902720
11. **Tóth, B.**, Bagi, Z., Bársony, P., Fehér, M., Kusza, S.: Genetic diversity of Hungarian carp (*Cyprinus carpio* L.) strains: first step.
In: International scientific symposium bioengineering of animal resources, international conference on life sciences, section bioengineering of animal resources, Banat University of Agricultural Sciences and Veterinary Medicine "King Michael I of Romania", Timișoara, 1, 2018.





További közlemények

Idegen nyelvű tudományos közlemények külföldi folyóiratban (8)

12. Balog, K., Bagi, Z., **Tóth, B.**, Hegedűs, B., Fehér, M., Stündl, L., Kusza, S.: Association study between relative expression levels of eight genes and growth rate in Hungarian common carp (*Cyprinus carpio*).
Saudi Journal of Biological Sciences. 29 (1), 630-639, 2022. ISSN: 1319-562X.
DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/j.sjbs.2021.09.036>
IF: 4.052 (2021)
13. Bagi, Z., Balog, K., **Tóth, B.**, Fehér, M., Bárony, P., Baranyai, E., Harangi, S., Ashrafzadeh, M. R., Hegedűs, B., Stündl, L., Kusza, S.: Genes and elements involved in the regulation of the nervous system and growth affect the development of spinal deformity in *Cyprinus carpio*.
PLoS One. 17 (4), 1-21, 2022. ISSN: 1932-6203.
DOI: <http://dx.doi.org/10.1371/journal.pone.0266447>
IF: 3.752 (2021)
14. Dobránszki, J., Hidvégi, N., Gulyás, A., **Tóth, B.**, Teixeira da, S. J. A.: Transcription Profile of Potato (*Solanum tuberosum* L.) Growing In Vitro.
J. Plant Growth Regul. 40 (2), 749-760, 2021. ISSN: 0721-7595.
DOI: <http://dx.doi.org/10.1007/s00344-020-10133-0>
IF: 4.64
15. Dobránszki, J., Hidvégi, N., Gulyás, A., **Tóth, B.**, Teixeira da, S. J. A.: Abiotic stress elements in in vitro potato (*Solanum tuberosum* L.) exposed to air-based and liquid-based ultrasound: A comparative transcriptomic assessment.
Prog. Biophys. Mol. Biol. 158, 47-56, 2020. ISSN: 0079-6107.
DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/j.pbiomolbio.2020.09.001>
IF: 3.667
16. Teixeira da, S. J. A., Hidvégi, N., Gulyás, A., **Tóth, B.**, Dobránszki, J.: Transcriptomic Response of In Vitro Potato (*Solanum tuberosum* L.) to Piezoelectric Ultrasound.
Plant Mol. Biol. Rep. 38 (3), 404-418, 2020. ISSN: 0735-9640.
DOI: <http://dx.doi.org/10.1007/s11105-020-01204-3>
IF: 1.595
17. Kusza, S., Ashrafzadeh, M. R., **Tóth, B.**, Jávör, A.: Maternal genetic variation in the northeastern Hungarian fallow deer (*Dama dama*) population.
Mamm. Biol. 93, 21-28, 2018. ISSN: 1616-5047.
DOI: <https://doi.org/10.1016/j.mambio.2018.08.005>
IF: 1.638





18. Takács, E., Botó, P., Simó, E., Csuth, T. I., **Tóth, B.**, Raveh-Amit, H., Pap, A., Kovács, E. G., Kobolák, J., Benkő, S., Dinnyés, A., Szatmári, I.: Immunogenic Dendritic Cell Generation from Pluripotent Stem Cells by Ectopic Expression of Runx3.
J. Immunol. 198 (1), 239-248, 2017. ISSN: 0022-1767.
DOI: <http://dx.doi.org/10.4049/jimmunol.1600034>
IF: 4.539
19. Bencsik, R., Botó, P., Szabó, R. N., **Tóth, B.**, Simó, E., Bálint, B. L., Szatmári, I.: Improved transgene expression in doxycycline-inducible embryonic stem cells by repeated chemical selection or cell sorting.
Stem Cell Res. 17 (2), 228-234, 2016. ISSN: 1873-5061.
DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/j.scr.2016.08.014>
IF: 3.494

Magyar nyelvű absztrakt kiadványok (3)

20. Hidvégi, N., Gulyás, A., **Tóth, B.**, Dobránszki, J.: A burgonya (*Solanum tuberosum* L.) in vitro fejlődésének transzkriptomikai analízise.
In: Biotechnológia a Debreceni Egyetemen. Fókuszban az agrár- és élelmiszerbiotechnológia : Tudományos Szimpózium előadás összefoglalók, Debreceni Egyetem MÉK Agrár Genomikai és Biotechnológiai Központ, Debrecen, 32-34, 2021. ISBN: 9789634903512
21. Bagi, Z., Sípós, B., Posta, J., **Tóth, B.**, Kusza, S.: A magyar galambtenyésztés géntartalékainak felmérése modern, újszerű módszerekkel.
In: Biotechnológia a Debreceni Egyetemen. Fókuszban az agrár- és élelmiszerbiotechnológia : Tudományos Szimpózium előadás összefoglalók, Debreceni Egyetem MÉK Agrár Genomikai és Biotechnológiai Központ, Debrecen, 41-42, 2021. ISBN: 9789634903512
22. **Tóth, B.**: Magyarország területén található házi méh (*Apis mellifera*) populációk genetikai diverzitás vizsgálata mitokondriális DNS vizsgálattal.
In: Kari Tudományos Dikőri Konferencia. Kiadta: a Debreceni Egyetem Mezőgazdaság-Élelmiszertudományi És Környezetgazdálkodási Kar Tudományos Diákköri Tanács, Debreceni Egyetem Mezőgazdaság-Élelmiszertudományi És Környezetgazdálkodási Kar Tudományos Diákköri Tanács, Debrecen, 49, 2012.





Idegen nyelvű absztrakt kiadványok (1)

23. Sáros, B., Kusza, S., **Tóth, B.**, Posta, J., Gyüre, P., Bársony, P., Bagi, Z.: Assessment of the genetic diversity of squab pigeon breeds in the carpathian basin-preliminary study.
In: Multidisciplinary Conference on Sustainable Development Section: Animal Resources Bioengineering, Banat University of Agricultural Sciences and Veterinary Medicine, Temesvár, 20, 2021.

A közlő folyóiratok összesített impakt faktora: 36,608

**A közlő folyóiratok összesített impakt faktora (az értekezés alapjául szolgáló közleményekre):
9,231**

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, 2022.10.19.



12. MELLÉKLETEK

1. melléklet: Mikroszatellit primerek jellemzői

Mikroszatellit marker	Forward és reverse szekencia (5'-3')	Fluoreszcens jelölés	Feltapadási hőmérséklet (°C)	Fragment-hossz (bp)	Multiplex	Referencia
Cca24	AAATTTTCAAGACTGGGTGGTT ACAGCAAGATGACAAAATGAGTG	ATTO565	60	210-234	1.	YUE és mtsai., 2004
Cca67	GTAGCCCCAAAAGATGTAGCA TGGTCAAGTTCAGAGGCTGTAT	FAM	60	209-299	3.	YUE és mtsai., 2004
MFW1	GTCCAGACTGTCATCAGGAG GAGGTGTACTGAGTCACGC	FAM	60	173-267	4.	CROOIJMANS és mtsai., 1997
MFW2	CACACCGGGCTACTGCAGAG GTGCAGTGCAGGCAGTTTGC	ATTO565	63	144-220	4.	CROOIJMANS és mtsai., 1997
MFW3	GATCAGAAGGTACAGAGAAG CCTTACAGAAAACCTGTTTGC	ATTO565	58	134-240	1.	CROOIJMANS és mtsai., 1997
MFW4	TCCAAGTCAGTTTAATCACCG GGGAAGCGTTGACAACAAGC	HEX	59	138-253	1.	CROOIJMANS és mtsai., 1997
MFW6	ACCTGATCAATCCCTGGCTC TTGGGACTTTTAAATCACGTTG	FAM	60	158-212	2.	CROOIJMANS és mtsai., 1997
MFW7	GATCTGCAAGCATATCTGTCG ATCTGAACCTGCAGCTCCTC	ATTO550	59	132-152	2.	CROOIJMANS és mtsai., 1997
MFW9	GATCTGCAAGCATATCTGTCG ATCTGAACCTGCAGCTCCTC	HEX	59	nincs eredmény	2.	CROOIJMANS és mtsai., 1997
MFW11	GCATTTGCCTTGATGGTTGTG TCGTCTGGTTTAGAGTGCTGC	ATTO565	60	110-196	2.	CROOIJMANS és mtsai., 1997
MFW12	TTTATTAGAATAATTAATTAGCA GATAGAAGTCGATGGAAAGTCC	FAM	60	nincs eredmény	3.	CROOIJMANS és mtsai., 1997
MFW13	ATGATGAGAACATGTTTACAG TGAGAGAACAATGTGGATGAC	HEX	58	192-270	2.	CROOIJMANS és mtsai., 1997
MFW15	CTCCTGTTTTGTTTGTGAAA GTTTACAAGGTCATTTCCAGC	ATTO550	59	159-283	3.	CROOIJMANS és mtsai., 1997
MFW16	GTCCATTGTGTCAAGATAGAG TCTTCATTTCAGGCTGCAAAG	HEX	60	116-211	3.	CROOIJMANS és mtsai., 1997
MFW17	CAGTGAGACGATTACCTTGG GTGAGCAGCCACATTGAAC	HEX	60	254-312	1.	CROOIJMANS és mtsai., 1997
MFW20	CAGTGAGACGATTACCTTGG GTGAGCAGCCACATTGAAC	ATTO565	60	125-255	3.	CROOIJMANS és mtsai., 1997
MFW26	CCCTGAGATAGAAACCACTG CACCATGCTTGGATGCAAAAG	ATTO550	60	151-221	4.	CROOIJMANS és mtsai., 1997
MFW28	GATCCCTTTTGAATTTTCTAG ACAGTGAGGTCCAGAAGTCG	FAM	60	nincs eredmény	1.	CROOIJMANS és mtsai., 1997
MFW29	GTTGACCAAGAAACCAACATGC GAAGCTTTGCTCTAATCCACG	HEX	60	126-208	4.	CROOIJMANS és mtsai., 1997
MFW31	CCTTCCTCTGGCAATTCTCAC TACATCGCAGAGAATTCGTAAG	ATTO550	60	283-305	1.	CROOIJMANS és mtsai., 1997

Megjegyzés: szürke háttérrel a fragment analízist követően a vizsgálatból kizárt mikroszatellit markereket emeltük ki (MFW9, MFW12, MFW28).

2. melléklet: A mitokondriális DNS markeren alapuló vizsgálatba bevont citokróm *b* szekvenciák adatai

NCBI kód	Kódolás (jelen dolgozatban)	Faj	Domesztikált/vad vonal	Ország, származási hely	Haplotípus (jelen dolgozatban)	Referencia
-	BoM1	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Tiszaszentimre	H1	Jelen dolgozat
-	BoM2	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Tiszaszentimre	H2	Jelen dolgozat
-	BoM3	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Tiszaszentimre	H1	Jelen dolgozat
-	BoM4	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Tiszaszentimre	H1	Jelen dolgozat
-	BoM5	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Tiszaszentimre	H1	Jelen dolgozat
-	BoM6	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Tiszaszentimre	H1	Jelen dolgozat
-	BoM7	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Tiszaszentimre	H3	Jelen dolgozat
-	BoM8	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Tiszaszentimre	H1	Jelen dolgozat
-	BoM9	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Tiszaszentimre	H1	Jelen dolgozat
-	BoM10	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Tiszaszentimre	H4	Jelen dolgozat
-	HoS1	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Hortobágy	H1	Jelen dolgozat
-	HoS2	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Hortobágy	H1	Jelen dolgozat
-	HoS3	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Hortobágy	H1	Jelen dolgozat
-	HoS4	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Hortobágy	H1	Jelen dolgozat
-	HoS5	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Hortobágy	H1	Jelen dolgozat
-	HoS6	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Hortobágy	H1	Jelen dolgozat
-	HoS7	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Hortobágy	H1	Jelen dolgozat
-	HoS8	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Hortobágy	H1	Jelen dolgozat
-	HoS9	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Hortobágy	H1	Jelen dolgozat
-	HoS10	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Hortobágy	H1	Jelen dolgozat
-	HoM1	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Hortobágy	H1	Jelen dolgozat
-	HoM2	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Hortobágy	H3	Jelen dolgozat
-	HoM3	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Hortobágy	H1	Jelen dolgozat

-	HoM4	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Hortobágy	H1	Jelen dolgozat
-	HoM5	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Hortobágy	H1	Jelen dolgozat
-	HoM6	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Hortobágy	H1	Jelen dolgozat
-	HoM7	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Hortobágy	H1	Jelen dolgozat
-	HoM8	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Hortobágy	H1	Jelen dolgozat
-	HoM9	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Hortobágy	H1	Jelen dolgozat
-	HoM10	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Hortobágy	H1	Jelen dolgozat
-	SzS1	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Debrecen	H1	Jelen dolgozat
-	SzS2	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Debrecen	H1	Jelen dolgozat
-	SzS3	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Debrecen	H1	Jelen dolgozat
-	SzS4	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Debrecen	H1	Jelen dolgozat
-	SzS5	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Debrecen	H1	Jelen dolgozat
-	SzS6	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Debrecen	H1	Jelen dolgozat
-	SzS7	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Debrecen	H3	Jelen dolgozat
-	SzS8	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Debrecen	H5	Jelen dolgozat
-	SzS9	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Debrecen	H1	Jelen dolgozat
-	SzS10	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Debrecen	H3	Jelen dolgozat
-	HaS1	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Debrecen	H1	Jelen dolgozat
-	HaS2	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Debrecen	H1	Jelen dolgozat
-	HaS3	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Debrecen	H1	Jelen dolgozat
-	HaS4	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Debrecen	H1	Jelen dolgozat
-	HaS5	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Debrecen	H1	Jelen dolgozat
-	HaS6	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Debrecen	H1	Jelen dolgozat
-	HaS7	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Debrecen	H1	Jelen dolgozat
-	HaS8	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Debrecen	H6	Jelen dolgozat
-	HaS9	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Debrecen	H1	Jelen dolgozat

-	HaM1	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Hajdúszoboszló	H14	Jelen dolgozat
-	HaM2	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Hajdúszoboszló	H15	Jelen dolgozat
-	HaM3	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Hajdúszoboszló	H16	Jelen dolgozat
-	HaM4	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Hajdúszoboszló	H17	Jelen dolgozat
-	HaM5	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Hajdúszoboszló	H18	Jelen dolgozat
-	HaM6	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Hajdúszoboszló	H19	Jelen dolgozat
-	HaM7	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Hajdúszoboszló	H20	Jelen dolgozat
-	HaM8	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Hajdúszoboszló	H21	Jelen dolgozat
-	HaM9	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Hajdúszoboszló	H22	Jelen dolgozat
-	HaM10	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Hajdúszoboszló	H1	Jelen dolgozat
-	BiM1	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Biharugra	H23	Jelen dolgozat
-	BiM2	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Biharugra	H1	Jelen dolgozat
-	BiM3	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Biharugra	H1	Jelen dolgozat
-	BiM4	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Biharugra	H1	Jelen dolgozat
-	BiM5	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Biharugra	H1	Jelen dolgozat
-	BiM6	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Biharugra	H1	Jelen dolgozat
-	BiM7	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Biharugra	H24	Jelen dolgozat
-	BiM8	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Biharugra	H1	Jelen dolgozat
-	BiM9	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Biharugra	H1	Jelen dolgozat
-	BiM10	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Biharugra	H1	Jelen dolgozat
-	BiS1	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Biharugra	H1	Jelen dolgozat
-	BiS2	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Biharugra	H1	Jelen dolgozat
-	BiS3	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Biharugra	H1	Jelen dolgozat
-	BiS4	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Biharugra	H25	Jelen dolgozat
-	BiS5	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Biharugra	H1	Jelen dolgozat
-	BiS6	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Biharugra	H1	Jelen dolgozat

-	BiS7	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Biharugra	H1	Jelen dolgozat
-	BiS8	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Biharugra	H1	Jelen dolgozat
-	BiS9	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Biharugra	H1	Jelen dolgozat
-	BiS10	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Biharugra	H1	Jelen dolgozat
-	Sz1_1	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Szarvas	H1	Jelen dolgozat
-	Sz1_2	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Szarvas	H1	Jelen dolgozat
-	Sz1_3	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Szarvas	H1	Jelen dolgozat
-	Sz1_4	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Szarvas	H26	Jelen dolgozat
-	Sz1_5	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Szarvas	H1	Jelen dolgozat
-	Sz1_6	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Szarvas	H1	Jelen dolgozat
-	Sz1_7	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Szarvas	H1	Jelen dolgozat
-	Sz1_8	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Szarvas	H1	Jelen dolgozat
-	Sz1_9	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Szarvas	H1	Jelen dolgozat
-	Sz1_10	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Szarvas	H1	Jelen dolgozat
-	SzM1	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Szarvas	H1	Jelen dolgozat
-	SzM2	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Szarvas	H1	Jelen dolgozat
-	SzM3	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Szarvas	H1	Jelen dolgozat
-	SzM4	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Szarvas	H1	Jelen dolgozat
-	SzM5	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Szarvas	H27	Jelen dolgozat
-	SzM6	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Szarvas	H1	Jelen dolgozat
-	SzM7	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Szarvas	H1	Jelen dolgozat
-	SzM8	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Szarvas	H1	Jelen dolgozat
-	SzM9	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Szarvas	H1	Jelen dolgozat
-	SzM10	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Szarvas	H28	Jelen dolgozat
-	TaS1	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Szarvas	H1	Jelen dolgozat
-	TaS2	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Szarvas	H29	Jelen dolgozat

-	TaS3	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Szarvas	H30	Jelen dolgozat
-	TaS4	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Szarvas	H1	Jelen dolgozat
-	TaS5	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Szarvas	H1	Jelen dolgozat
-	TaS6	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Szarvas	H31	Jelen dolgozat
-	TaS7	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Szarvas	H1	Jelen dolgozat
-	TaS8	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Szarvas	H1	Jelen dolgozat
-	TaS9	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Szarvas	H1	Jelen dolgozat
-	TaS10	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Szarvas	H12	Jelen dolgozat
-	SzP1	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Szarvas	H32	Jelen dolgozat
-	SzP2	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Szarvas	H1	Jelen dolgozat
-	SzP3	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Szarvas	H1	Jelen dolgozat
-	SzP4	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Szarvas	H1	Jelen dolgozat
-	SzP5	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Szarvas	H1	Jelen dolgozat
-	SzP6	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Szarvas	H1	Jelen dolgozat
-	SzP7	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Szarvas	H33	Jelen dolgozat
-	SzP8	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Szarvas	H1	Jelen dolgozat
-	SzP9	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Szarvas	H1	Jelen dolgozat
-	SzP10	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Szarvas	H34	Jelen dolgozat
-	HoW1	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Hortobágy	H7	Jelen dolgozat
-	HoW2	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Hortobágy	H8	Jelen dolgozat
-	HoW3	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Hortobágy	H1	Jelen dolgozat
-	HoW4	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Hortobágy	H9	Jelen dolgozat
-	HoW5	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Hortobágy	H7	Jelen dolgozat
-	HoW6	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Hortobágy	H10	Jelen dolgozat
-	HoW7	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Hortobágy	H11	Jelen dolgozat
-	HoW8	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Hortobágy	H12	Jelen dolgozat

-	HoW9	<i>Cyprinus carpio</i>	domesztikált	Magyarország: Hortobágy	H13	Jelen dolgozat
-	AmW1	<i>Cyprinus carpio</i>	vad	Magyarország: Szarvas	H35	Jelen dolgozat
-	AmW2	<i>Cyprinus carpio</i>	vad	Magyarország: Szarvas	H36	Jelen dolgozat
-	AmW3	<i>Cyprinus carpio</i>	vad	Magyarország: Szarvas	H37	Jelen dolgozat
-	AmW4	<i>Cyprinus carpio</i>	vad	Magyarország: Szarvas	H38	Jelen dolgozat
-	AmW5	<i>Cyprinus carpio</i>	vad	Magyarország: Szarvas	H39	Jelen dolgozat
-	AmW6	<i>Cyprinus carpio</i>	vad	Magyarország: Szarvas	H40	Jelen dolgozat
-	AmW7	<i>Cyprinus carpio</i>	vad	Magyarország: Szarvas	H41	Jelen dolgozat
-	AmW8	<i>Cyprinus carpio</i>	vad	Magyarország: Szarvas	H42	Jelen dolgozat
-	AmW9	<i>Cyprinus carpio</i>	vad	Magyarország: Szarvas	H1	Jelen dolgozat
-	AmW10	<i>Cyprinus carpio</i>	vad	Magyarország: Szarvas	H43	Jelen dolgozat
AP009047	-	<i>Cyprinus carpio</i>	vad	Japán: Shiga Prefecture, Biwa-tó	H44	MABUCHI és mtsai., 2006
AP017363	-	<i>Cyprinus carpio</i>	betelepített vonal	Japán: Kasumigaura tó	H45	MABUCHI, 2016
AP017364	-	<i>Cyprinus carpio</i>	betelepített vonal	Japán: Kasumigaura tó	H46	MABUCHI, 2016
AP017365	-	<i>Cyprinus carpio</i>	betelepített vonal	Japán: Kasumigaura tó	H47	MABUCHI, 2016
JN105352	-	<i>Cyprinus carpio carpio</i> (orosz szórt pikkelyes tükrös ponty)	pontos státusza nem ismert	Oroszország	H48	HU és mtsai, nincs publikálva
JN105353	-	<i>Cyprinus carpio xingguonensis</i> (Xingguo vörös ponty)	pontos státusza nem ismert	nincs adat	H47	HU és mtsai, nincs publikálva
JN105354	-	<i>Cyprinus carpio haematopterus</i> (Jangce folyó vadponty)	pontos státusza nem ismert	nincs adat	H47	HU és mtsai, nincs publikálva
JN105357	-	<i>Cyprinus carpio wuyuanensis</i>	pontos státusza nem ismert	nincs adat	H49	HU és mtsai, nincs publikálva
JX188253	-	<i>Cyprinus carpio</i> var. color (Oujiang színes ponty)	pontos státusza nem ismert	Kína: Zhejiang tartomány	H43	WANG és mtsai., 2013
JX188254	-	<i>Cyprinus carpio haematopterus</i> (Huanghe ponty)	pontos státusza nem ismert	nincs adat	H50	WANG és mtsai., nincs publikálva

KF856964	-	<i>Cyprinus carpio wananensis</i>	domesztikált	Jiangxi tartomány	H49	LIN és mtsai., 2014
KF856965	-	<i>Cyprinus carpio longfin</i>	vad	Kína: Jangce folyó	H51	LIN és mtsai., nincs publikálva
KF932266	-	<i>Cyprinus carpio longfin</i>	pontos státusza nem ismert	nincs adat	H49	LIN és WANG, nincs publikálva
KJ511882	-	<i>Cyprinus carpio koi</i> (Japanese koi ponty)	pontos státusza nem ismert	no data	H43	LIN és WANG, nincs publikálva
KJ511883	-	<i>Cyprinus carpio</i> (magyar ponty)	pontos státusza nem ismert	no data	H1	LIN és WANG, nincs publikálva
KP013086	-	<i>Cyprinus carpio</i> (LodgeLab Ccarpio_1)	pontos státusza nem ismert	no data	H43	RENSHAW és mtsai., nincs publikálva
KP993136	-	<i>Cyprinus carpio</i> (Oujiang vadponty)	pontos státusza nem ismert	no data	H48	LIN és WANG, nincs publikálva
KP993137	-	<i>Cyprinus carpio</i> (Zujiang vadponty)	pontos státusza nem ismert	no data	H43	LIN és WANG, nincs publikálva
KP993138	-	<i>Cyprinus carpio haematopterus</i> (amur ponty)	vad	Amur folyó	H52	LIN és WANG, nincs publikálva
KP993139	-	<i>Cyprinus carpio carpio</i> (német tükrös ponty)	pontos státusza nem ismert	nincs adat	H1	LIN és WANG, nincs publikálva
KU146529	-	<i>Cyprinus carpio carpio</i>	pontos státusza nem ismert	nincs adat	H53	ZOU és mtsai., benyújtva
KU146530	-	<i>Cyprinus carpio xingguonensis</i> (Xinguo vörös ponty)	pontos státusza nem ismert	nincs adat	H48	ZOU és mtsai., nincs publikálva
KU159761	-	<i>Cyprinus carpio</i>	pontos státusza nem ismert	nincs adat	H43	LI és mtsai., nincs publikálva
KU301745	-	<i>Cyprinus carpio nudus</i>	pontos státusza nem ismert	nincs adat	H46	Park és mtsai., nincs publikálva
MG570426	-	<i>Cyprinus carpio</i>	pontos státusza nem ismert	USA: Pennsylvania	H25	SCHROETER és mtsai., 2020
MG570427	-	<i>Cyprinus carpio</i>	pontos státusza nem ismert	USA: Erie tó	H1	SCHROETER és mtsai., 2020
MG570435	-	<i>Cyprinus carpio</i>	pontos státusza nem ismert	USA: Dél-Karolina	H1	SCHROETER és mtsai., 2020
MH202953	-	<i>Cyprinus carpio</i> (Jinbian ponty)	pontos státusza nem ismert	Kína: Pearl folyó	H54	YE és mtsai., 2018
MK088487	-	<i>Cyprinus carpio</i>	pontos státusza nem ismert	Kína: rizsföld kultúra	H55	WEI és mtsai., nincs publikálva

MK291479	-	<i>Cyprinus carpio</i> (Guilin)	domesztikált	Kína: Quanzhou megye, Guilin város, Guangxi tartomány	H56	MA és mtsai., 2019
MT780875	-	<i>Cyprinus carpio</i> var. <i>baisensis</i>	pontos státusza nem ismert	nincs adat	H57	WANG és mtsai., benyújtva
NC_018035	-	<i>Cyprinus carpio carpio</i> (oroszló szírt pikkelyes tükrös ponty)	pontos státusza nem ismert	nincs adat	H48	HU, nincs publikálva
NC_018036	-	<i>Cyprinus carpio xingguonensis</i> (Xingguo vörös ponty)	pontos státusza nem ismert	nincs adat	H47	HU és mtsai., nincs publikálva
NC_018037	-	<i>Cyprinus carpio haematopterus</i> (Jangce folyó vadponty)	pontos státusza nem ismert	nincs adat	H47	HU és mtsai., nincs publikálva
NC_018039	-	<i>Cyprinus carpio wuyuanensis</i> (Wuyuan vörös ponty)	pontos státusza nem ismert	nincs adat	H49	HU és mtsai., nincs publikálva
NC_018366	-	<i>Cyprinus carpio color</i> (Oujang color ponty)	pontos státusza nem ismert	Kína: Zhejiang tartomány	H43	WANG és mtsai., 2013
MN544290	-	<i>Cyprinus carpio</i>	pontos státusza nem ismert	nincs adat	H45	XIONG és mtsai., nincs publikálva
NC_001606	-	<i>Cyprinus carpio</i>	pontos státusza nem ismert	nincs adat	H58	CHANG és mtsai., 1994
KU050703	-	<i>Cyprinus carpio</i>	pontos státusza nem ismert	nincs adat	H48	HUANG és WANG, nincs publikálva
AB158807	-	<i>Cyprinus carpio</i> (Japanese koi ponty)	domesztikált	Japán	H46	MABUCHI és mtsai., 2005
AB158806	-	<i>Cyprinus carpio</i> (Japanese koi ponty)	domesztikált	Japán	H43	MABUCHI és mtsai., 2006
AB158805	-	<i>Cyprinus carpio</i> (Biwa-tavi vadponty)	vad	Japán	H44	MABUCHI és mtsai., 2005
AB158804	-	<i>Cyprinus carpio</i> (Biwa-tavi vadponty)	vad	Japán	H44	MABUCHI és mtsai., 2005
AB158803	-	<i>Cyprinus carpio</i> (Biwa-tavi vadponty)	vad	Japán	H44	MABUCHI és mtsai., 2005
KY949549	-	<i>Cyprinus carpio</i>	pontos státusza nem ismert	Kína	H60	YUAN és DAI, nincs publikálva
KY949550	-	<i>Cyprinus carpio</i>	pontos státusza nem ismert	Kína	H61	YUAN és DAI, nincs publikálva
KY949551	-	<i>Cyprinus carpio</i>	pontos státusza nem ismert	Kína	H62	YUAN és DAI, nincs publikálva

KY949552	-	<i>Cyprinus carpio</i>	pontos státusza nem ismert	Kína	H63	YUAN és DAI, nincs publikálva
KY949553	-	<i>Cyprinus carpio</i>	pontos státusza nem ismert	Kína	H64	YUAN és DAI, nincs publikálva
KY949554	-	<i>Cyprinus carpio</i>	pontos státusza nem ismert	Kína	H46	YUAN és DAI, nincs publikálva
KY949555	-	<i>Cyprinus carpio</i>	pontos státusza nem ismert	Kína	H65	YUAN és DAI, nincs publikálva
KY949556	-	<i>Cyprinus carpio</i>	pontos státusza nem ismert	Kína	H48	YUAN és DAI, nincs publikálva
KY949557	-	<i>Cyprinus carpio</i>	pontos státusza nem ismert	Kína	H46	YUAN és DAI, nincs publikálva
KY949558	-	<i>Cyprinus carpio</i>	pontos státusza nem ismert	Kína	H49	YUAN és DAI, nincs publikálva
KY949559	-	<i>Cyprinus carpio</i>	pontos státusza nem ismert	Kína	H43	YUAN és DAI, nincs publikálva
KY949560	-	<i>Cyprinus carpio</i>	pontos státusza nem ismert	Kína	H66	YUAN és DAI, nincs publikálva
KY949561	-	<i>Cyprinus carpio</i>	pontos státusza nem ismert	Kína	H63	YUAN és DAI, nincs publikálva
KY949562	-	<i>Cyprinus carpio</i>	pontos státusza nem ismert	Kína	H67	YUAN és DAI, nincs publikálva
KY949563	-	<i>Cyprinus carpio</i>	pontos státusza nem ismert	Kína	H59	YUAN és DAI, nincs publikálva
AY347276	-	<i>Cyprinus rubrofuscus carpio</i> (Big-belly ponty)	domesztikált	Kína: Guangdong tartomány	H46	ZHOU és mtsai., 2004
AY347277	-	<i>Cyprinus rubrofuscus carpio</i> (Big-belly ponty)	domesztikált	Kína: Guangdong tartomány	H68	ZHOU és mtsai., 2004
AY347278	-	<i>Cyprinus rubrofuscus carpio</i> (Purse vörös ponty)	domesztikált	Kína: Jiangxi tartomány, Aboriginal stock conservation hatchery of Xingguo red carp	H69	ZHOU és mtsai., 2004
AY347279	-	<i>Cyprinus rubrofuscus carpio</i> (Purse vörös ponty)	domesztikált	Kína: Jiangxi tartomány, Aboriginal stock conservation hatchery of Xingguo red carp	H70	ZHOU és mtsai., 2004
AY347280	-	<i>Cyprinus rubrofuscus carpio</i> (Yuanjiang folyó vadponty)	vad	Kína Yunnan tartomány, Yuanjiang folyó	H71	ZHOU és mtsai., 2004

AY347281	-	<i>Cyprinus carpio</i> <i>haematopterus</i> (Jangce folyó vadponty)	vad	Kína: Hubei tartomány, Liangzi tó	H72	ZHOU és mtsai., 2004
AY347282	-	<i>Cyprinus carpio</i> <i>haematopterus</i> (Xingguo vörös ponty)	domesztikált	Kína: Jiangxi tartomány, Aboriginal stock conservation hatchery of Xingguo red carp	H48	ZHOU és mtsai., 2004
AY347283	-	<i>Cyprinus carpio</i> <i>haematopterus</i> (orosz szórt pikkelyes tükrös ponty)	domesztikált	Kína: Oroszországból betelepített és a Kínai Tudományos Akadémia Hidrobiológiai Intézetének Guanqiao kísérleti állomásán tartott	H48	ZHOU és mtsai., 2004
AY347284	-	<i>Cyprinus carpio</i> <i>haematopterus</i> (Xingguo vörös ponty)	domesztikált	Kína: Jiangxi tartomány, Aboriginal stock conservation hatchery of Xingguo red carp	H48	ZHOU és mtsai., 2004
AY347285	-	<i>Cyprinus carpio</i> <i>haematopterus</i> (japán koi ponty)	domesztikált	Kína: Japánból betelepített és a Kínai Tudományos Akadémia Hidrobiológiai Intézetének Guanqiao kísérleti állomásán tartott	H48	ZHOU és mtsai., 2004
AY347286	-	<i>Cyprinus carpio</i> <i>haematopterus</i> (Qingtian ponty)	domesztikált	Kína: Zhejiang tartomány, Qingtian megye	H48	ZHOU és mtsai., 2004
AY347287	-	<i>Cyprinus carpio</i> <i>haematopterus</i> (orosz szórt pikkelyes tükrös ponty)	domesztikált	Kína: Oroszországból betelepített és a Kínai Tudományos Akadémia Hidrobiológiai Intézetének Guanqiao kísérleti állomásán tartott	H48	ZHOU és mtsai., 2004
AY347288	-	<i>Cyprinus carpio</i> <i>haematopterus</i> (Qingtian ponty)	domesztikált	Kína: Zhejiang tartomány, Qingtian megye	H62	ZHOU és mtsai., 2004
AY347289	-	<i>Cyprinus carpio</i> <i>haematopterus</i> (japán koi ponty)	domesztikált	Kína: Japánból betelepített és a Kínai Tudományos Akadémia Hidrobiológiai Intézetének Guanqiao kísérleti állomásán tartott	H48	ZHOU és mtsai., 2004
AY347290	-	<i>Cyprinus carpio</i> <i>rubrofusus</i> (Yuanjiang folyó vadponty)	vad	Kína: Yunnan tartomány, Yuanjiang folyó	H73	ZHOU és mtsai., 2004
AY347291	-	<i>Cyprinus carpio</i> <i>haematopterus</i> (Jangce folyó vadponty)	vad	Kína: Hubei tartomány, Liangzi tó	H60	ZHOU és mtsai., 2004
AY347292	-	<i>Cyprinus carpio carpio</i> (német tükrös ponty)	domesztikált	Németország	H74	ZHOU és mtsai., 2004

AY347293	-	<i>Cyprinus carpio carpio</i> (német tükrös ponty)	domesztikált	Németország	H75	ZHOU és mtsai., 2004
AY347294	-	<i>Cyprinus carpio carpio</i> (Volga folyó vadponty)	vad	Oroszország: Volga folyó	H76	ZHOU és mtsai., 2004
AY347295	-	<i>Cyprinus carpio carpio</i> (Volga folyó vadponty)	vad	Oroszország: Volga folyó	H1	ZHOU és mtsai., 2004
EU689059	-	<i>Cyprinus carpio carpio</i> (görög vadponty)	vad	Görögország: Volvi tó	H1	IMSIRIDOU és mtsai., 2009
EU689060	-	<i>Cyprinus carpio carpio</i> (görög vadponty)	vad	Görögország: Volvi tó	H1	IMSIRIDOU és mtsai., 2009
EU689061	-	<i>Cyprinus carpio carpio</i> (görög vadponty)	vad	Görögország: Volvi tó	H1	IMSIRIDOU és mtsai., 2009
EU689062	-	<i>Cyprinus carpio carpio</i> (görög vadponty)	vad	Görögország: Volvi tó	H1	IMSIRIDOU és mtsai., 2009
EU689063	-	<i>Cyprinus carpio carpio</i> (görög vadponty)	vad	Görögország: Volvi tó	H1	IMSIRIDOU és mtsai., 2009
EU689064	-	<i>Cyprinus carpio carpio</i> (görög vadponty)	vad	Görögország: Doirani tó	H1	IMSIRIDOU és mtsai., 2009
EU689065	-	<i>Cyprinus carpio carpio</i> (görög vadponty)	vad	Görögország: Doirani tó	H1	IMSIRIDOU és mtsai., 2009
EU689066	-	<i>Cyprinus carpio carpio</i> (görög vadponty)	vad	Görögország: Doirani tó	H1	IMSIRIDOU és mtsai., 2009
EU689067	-	<i>Cyprinus carpio carpio</i> (görög vadponty)	vad	Görögország: Evros folyó	H1	IMSIRIDOU és mtsai., 2009
EU689068	-	<i>Cyprinus carpio carpio</i> (görög vadponty)	vad	Görögország: Evros folyó	H1	IMSIRIDOU és mtsai., 2009
EU689069	-	<i>Cyprinus carpio carpio</i> (görög vadponty)	vad	Görögország: Evros folyó	H1	IMSIRIDOU és mtsai., 2009
EU689070	-	<i>Cyprinus carpio carpio</i> (görög vadponty)	vad	Görögország: Aliakmonas folyó	H1	IMSIRIDOU és mtsai., 2009
EU689071	-	<i>Cyprinus carpio carpio</i> (görög vadponty)	vad	Görögország: Aliakmonas folyó	H1	IMSIRIDOU és mtsai., 2009
EU689072	-	<i>Cyprinus carpio carpio</i> (görög vadponty)	vad	Görögország: Aliakmonas folyó	H1	IMSIRIDOU és mtsai., 2009
KF574485	-	<i>Cyprinus carpio</i>	pontos státusza nem ismert	India	H77	DWIVEDI és mtsai., nincs publikálva
KF574486	-	<i>Cyprinus carpio</i>	pontos státusza nem ismert	India	H77	DWIVEDI és mtsai., nincs publikálva
KF574487	-	<i>Cyprinus carpio</i>	pontos státusza nem ismert	India	H77	DWIVEDI és mtsai., nincs publikálva

KF574488	-	<i>Cyprinus carpio</i>	pontos státusza nem ismert	India	H77	DWIVEDI és mtsai., nincs publikálva
KF574489	-	<i>Cyprinus carpio</i>	pontos státusza nem ismert	India	H77	DWIVEDI és mtsai., nincs publikálva
KF574490	-	<i>Cyprinus carpio</i>	pontos státusza nem ismert	India	H77	DWIVEDI és mtsai., nincs publikálva
FJ478020	-	<i>Cyprinus carpio</i>	pontos státusza nem ismert	Oroszország: Távol-Kelet, Amur folyó	H78	APALIKOVA és mtsai., 2011
FJ478021	-	<i>Cyprinus carpio</i>	pontos státusza nem ismert	Oroszország: Távol-Kelet, Amur folyó	H79	APALIKOVA és mtsai., 2011
HM008693	-	<i>Cyprinus carpio</i>	pontos státusza nem ismert	nincs adat	H80	RYLKOVA és KALOUS, nincs publikálva
HM008692	-	<i>Cyprinus carpio</i>	vad	Mekong folyó, Tájföld	H81	KALOUS és mtsai., 2012
DQ868871	-	<i>Cyprinus carpio carpio</i> (görög vadponty) (var. communis) (pikkelyes ponty)	vad	Görögország: Eatoloakarnanian tartomány, Trichonida tó	H1	TSIPAS és mtsai., 2009
DQ868872	-	<i>Cyprinus carpio carpio</i> (görög vadponty) (var. specularis)	vad	Görögország: Eatoloakarnanian tartomány, Lysimacheia tó	H1	TSIPAS és mtsai., 2009
DQ868873	-	<i>Cyprinus carpio carpio</i> (görög vadponty) (var. communis) (pikkelyes ponty)	vad	Görögország: Eatoloakarnanian tartomány, Lysimacheia tó	H1	TSIPAS és mtsai., 2009
DQ868874	-	<i>Cyprinus carpio carpio</i> (görög vadponty) (var. communis) (pikkelyes ponty)	vad	Görögország: Eatoloakarnanian tartomány, Ozeros tó	H1	TSIPAS és mtsai., 2009
DQ868875	-	<i>Cyprinus carpio carpio</i> (görög vadponty) (var. specularis)	vad	Görögország: Eatoloakarnanian tartomány, Amvrakia tó	H1	TSIPAS és mtsai., 2009
MH797143	-	<i>Cyprinus carpio</i>	pontos státusza nem ismert	nincs adat	H45	CHENG és mtsai., nincs publikálva
MH797144	-	<i>Cyprinus carpio</i>	pontos státusza nem ismert	nincs adat	H82	CHENG és mtsai., nincs publikálva
EU676848	-	<i>Cyprinus carpio</i>	pontos státusza nem ismert	nincs adat	H1	KETTRATAD, nincs publikálva

HQ443697	-	<i>Cyprinus carpio carpio</i>	pontos státusza nem ismert	Tajvan	H83	CHEN és HWANG, nincs publikálva
AB111951	-	<i>Carassius auratus auratus</i>	pontos státusza nem ismert	nincs adat		MURAKAMI és mtsai., kizárólag az NCBI adatbázisban publikált (2004)
AB045144	-	<i>Carassius cuvieri</i>	pontos státusza nem ismert	nincs adat		MURAKAMI, kizárólag az NCBI adatbázisban publikált (2001)

3. melléklet: Becsült nullallélek gyakorisága a vizsgált 14 magyar pontytájfajtaban 12 mikroszatellit marker felhasználásával

Tájfajta/ Lókus	hajdúszoboszlói pikkelyes	szegedi pikkelyes	hajdúszoboszlói tükrös	hortobágyi pikkelyes	hortobágyi tükrös	hortobágyi nyurga	bigarugrai tükrös	biharugrai pikkelyes	szarvasi 15 tükrös	szegedi tükrös	tatai pikkelyes	szarvasi P3 pikkelyes	amuri pikkelyes vadponty	hajdúböszörményi tükrös
Cca24	0.087	0.000	0.000	0.001	0.000	0.021	0.000	0.000	0.066	0.000	0.000	0.000	0.083	0.000
MFW3	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
MFW4	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.067	0.000	0.000	0.000
MFW17	0.000	0.023	0.000	0.000	0.006	0.037	0.000	0.020	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
MFW31	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.008	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
MFW6	0.001	0.192	0.041	0.048	0.069	0.000	0.033	0.085	0.064	0.173	0.040	0.202	0.189	0.000
MFW7	0.000	0.088	0.000	0.050	0.000	0.000	0.000	0.012	0.058	0.000	0.014	0.000	0.000	0.000
MFW11	0.000	0.160	0.000	0.000	0.133	0.237	0.262	0.164	0.000	0.305	0.000	0.000	0.317	0.000
MFW13	0.000	0.184	0.000	0.016	0.011	0.000	0.000	0.154	0.258	0.298	0.011	0.000	0.184	0.000
Cca67	0.000	0.000	0.000	0.044	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.051	0.000	0.000
MFW15	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
MFW26	0.000	0.000	0.234	0.212	0.000	0.086	0.206	0.192	0.063	0.000	0.007	0.000	0.095	0.000

13. RÖVIDÍTÉSEK JEGYZÉKE

AFLP	amplifikált fragment hossz polimorfizmus
AMOVA	molekuláris variancia
Apr	egyedi allélek száma
Ar	átlagos allélgazdagság
ATP	adenozin-trifoszfát
bp	bázispár
COII	citokróm-oxidáz II. alegység
cyt <i>b</i>	citokróm <i>b</i>
DE MÉK ÁT	Debreceni Egyetem Mezőgazdaság-, Élelmiszertudományi és Környezetgazdálkodási Kar Állattenyésztési Tanszék
d.f.	szabadságfok
Dc	Cavalli-Sforza és Edwards-féle genetikai távolság
dHW	a HWE-től eltérő lókuszok száma
D-loop	mitokondriális DNS kontroll régiója
dNTP	deoxiribonukleozid-trifoszfátok
exon	kódoló régió
FAO	Egyesült Nemzetek Szervezetének Élelmezésügyi és Mezőgazdasági Szervezete, <i>Food and Agriculture Organization of the United Nation</i>
F _{is}	beltenyésztési együtttható
F _{st}	genetikai differenciálódás mértéke
H	haplotípus
Hd	haplotípus-diverzitás
H _e	várt heterozigotitási érték
H _o	valós heterozigotitási érték
HWE	Hardy-Weinberg egyensúly
intron	nem-kódoló régió
K	csoportok száma
k	nukleotid különbségek átlagos száma
MAS	markerekkel támogatott szelekció
MCMC	Markov Chain-Monte Carlo

MJ	Median-Joining Network
MNA	tájfajtánkénti átlagos allélszám
n	elemszám
N _a	átlagos allélszám
NCBI	Nemzeti Biotechnológiai Információs Központ, <i>National Center for Biotechnology Information</i>
N _e	effektív allélek átlagos szám
N _m	génáramlási érték
P	polimorf helyek száma
p	szignifikancia
PCR	polimeráz láncreakció
QTL	mennyiségi tulajdonság lókusza
r	küszöbérték
RAPD	véletlenszerűen amplifikált polimorf DNS
RFLP	restrikciós fragment-hossz polimorfizmus
rRNS	riboszomális RNS
SD	szórás
SNP	egy nukleotidot érintő polimorfizmus, <i>Single Nucleotide Polimorphism</i>
SSR	egyszerű szekvencia ismétlődés
STR	rövid tandem ismétlődés
VNTR	változó számú tandem ismétlődés
WGS	teljes genom szekvenálás
π	nukleotid diverzitás

14. ÁBRÁK JEGYZÉKE

- 1. ábra:** Az étkezési haltermelés megoszlása fajonként Magyarországon 2020-ban.
- 2. ábra:** Hortobágyi pikkelyes magyar pontytájfajta.
- 3. ábra:** A vadon élő pontypopulációk elterjedési területei Euráziában.
- 4. ábra:** Az örökítőanyag sematikus ábrája.
- 5. ábra:** A ponty faj esetén leggyakrabban alkalmazott molekuláris genetikai markerek bemutatása.
- 6. ábra:** A citokróm *b* régió elhelyezkedése a ponty mitokondriális DNS genomjában.
- 7. ábra:** Főbb lépései az új generációs szekvenálási technikáknak.
- 8. ábra:** A vizsgált tájfajták mintagyűjtési helyei.
- 9. ábra:** A mikroszatellit markerek optimalizálásának bemutatása a hortobágyi pikkelyes tájfajta egy egyedén.
- 10. ábra:** *Cyprinus carpio* teljes mitokondriális genom szekvencián (X61010.1) általunk használt primerpár elhelyezkedése.
- 11. ábra:** Neighbor-joining filogenetikai fa, mely a vizsgált tizennégy magyar pontytájfajta kapcsolatát mutatja tizenkettő mikroszatellit marker alapján. Bootstrap érték: 1000.
- 12. ábra:** Egyedek klaszteranalízise Bayes-féle algoritmussal és 12 mikroszatellit markerrel elemezve K=14 esetén.
- 13. ábra:** Az egyedi szinten készített főkomponens-analízis (PcoA) a tizenkettő mikroszatellit marker alapján.
- 14. ábra:** A tizenhárom magyar pontytájfajta és az amuri vadponty valamint egyéb ponty vonalak haplotípusainak kapcsolata a citokróm *b* régió 687 bp hosszúságú szakaszainak szekvenciái alapján.
- 15. ábra:** Bayes-féle klaszteranalízis a STRUCTURE-ben K=2, 3 és 10 esetén.

15. TÁBLÁZATOK JEGYZÉKE

- 1. táblázat:** A 2018. évi halászati és akvakultúra termelés a világban.
- 2. táblázat:** A nyurga- és tőponty testalakjának és mutatóinak jellemzői.
- 3. táblázat:** A szarvasi élő és mélyhűtött génbankban jelenleg fellelhető pontytájfajták.
- 4. táblázat:** A genetikai markerek jellemzőinek összehasonlítása.
- 5. táblázat:** A vizsgált tájfajták genetikai diverzitásának paraméterei vonatkozó adatok.
- 6. táblázat:** A vizsgált tájfajták heterozigotizására, beltenyésztettségére és a populáció-hozzárendelésére vonatkozó adatok.
- 7. táblázat:** Páronkénti F_{st} értékek (átló felett) és D_c távolság (átló alatt) a 13 magyar pontytájfajta és az amuri pikkelyes vadponty között a tizenkettő mikroszatellit lókuszt alapján.
- 8. táblázat:** Molekuláris variancia analízis (AMOVA) a vizsgált tizenhárom magyar ponty és az amuri pikkelyes vadponty tájfajtákon belül.
- 9. táblázat:** A vizsgált pontytájfajták szekvenciái alapján detektált haplotípusok alakulása.
- 10. táblázat:** A tizenhárom magyar pontytájfajta és az amuri pikkelyes vadponty genetikai paraméterei a 687 bp hosszúságú *cyt b* szekvenciák alapján.
- 11. táblázat:** A Tajima D és Fu FS genetikai sokféleségre vonatkozó paraméterei a tizenhárom magyar pontytájfajta és az amuri pikkelyes vadponty 687 bp hosszúságú *cyt b* szekvenciák alapján.
- 12. táblázat:** A tizenhárom magyar pontytájfajta és az amuri pikkelyes vadponty AMOVA eredményei a 687 bp *cyt b* szekvenciák alapján.

16. MELLÉKLETEK JEGYZÉKE

- 1. melléklet:** Mikroszatellit primerek jellemzői.
- 2. melléklet:** A mitokondriális DNS markeren alapuló vizsgálatba bevont citokróm *b* szekvenciák adatai.
- 3. melléklet:** Becsült null allélek gyakorisága a vizsgált 14 magyar pontytájfajtában 12 mikroszatellit marker felhasználásával.

17. KÖSZÖNETNYILVÁNÍTÁS

Köszönetemet szeretném kifejezni témavezetőmnek **Prof. Dr. Kusza Szilviának** széleskörű segítségnyújtásáért, a kutatás elvégzéséhez szükséges feltételek megteremtéséért és folyamatos biztosításáért valamint a szakmai munkám lelkiismeretes irányításáért és mert hitt bennem.

Nagyon hálás vagyok **Dr. Bercsényi Miklós** professzor úrnak, hogy szakmailag lektorálta dolgozatomat. Az építő kritikái jelentős mértékben javítottak dolgozatom színvonalán.

Köszönettel tartozom **Dr. Jávor András** professzor úrnak támogatásáért, mely a szakmai előremeneteletemet segítette.

Köszönettel tartozom **Dr. Mohammad Reza Ashrafzadehnek** és **Dr. Rasoul Khosravinak** a bioinformatikai elemzésekhez nyújtott segítségükért.

Köszönöm **Dr. Bagi Zoltánnak** a kutatással kapcsolatos szakmai beszélgetéseket, melyek a dolgozat összeállításában pótolhatatlan segítséget jelentettek.

Köszönet illeti továbbá **Balog Katalint**, az Állatgenomikai kutatócsoport minden volt és jelenlegi munkatársát, akik segítettek a laboratóriumban végzett munkámat.

Szeretném megköszönni az Állattenyésztési Tanszék Halbiológiai laboratórium minden munkatársának, hogy hasznos tanácsaikkal és önzetlen segítségükkel támogatták munkámat valamint köszönöm a mintavételezésben nyújtott segítségüket: **Dr. Fehér Milán, Dr. Bársony Péter, Kertész Attila, Kovács László, Lelesz Judit, Minya Dániel.**

Hálásan köszönöm a halgazdaságok és a MATE Szent István Campus Halászati Kutatóközpont génbankban dolgozó munkatársainak, hogy a mintákat rendelkezésemre bocsájtották: **Dr. Kovács Gyula, Horváth Ferenc, Nagy Zoltán, Péntek Lajos, Puskás Nándor, Simonits Géza.**

Prof. Dr. Dobránszki Juditnak és Baginé Dr. Hunyadi Ágnesnek a lelki támogatásukért és a biztatásukért vagyok rendkívül hálás.

Végezetül szeretném köszönetemet kifejezni férjemnek **Végh Tamásnak**, **Szüleimnek**, **Testvéremnek**, **Sógoromnak**, **Családomnak** és **Barátaimnak**, akik az évek során lelki támogatással és végtelen türelemmel mindvégig mellettem álltak. Biztatásuk nélkül jelen dolgozat nem készülhetett volna el.

A munkát a következő projektek támogatták:

- A munka a **GINOP-2.3.2-15-2016-00025** projekt keretei között az Európai Regionális és Fejlesztési Alap és Magyarország Kormánya támogatásával valósult meg.
- A munkát az **EFOP-3.6.1-16-2016-00022** számú projekt támogatta. A projekt az Európai Unió támogatásával, az Európai Szociális Alap társfinanszírozásával valósult meg.
- A munka elkészítését az **EFOP-3.6.3-VEKOP-16-2017-00008** számú projekt támogatta. A projekt az Európai Unió támogatásával, az Európai Szociális Alap társfinanszírozásával valósult meg.

18. NYILATKOZATOK

NYILATKOZAT

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

Debrecen, 2022.10.25.

.....
Véghné Tóth Bianka Mónika
a jelölt aláírása

NYILATKOZAT

Tanúsítom, hogy Véghné Tóth Bianka Mónika doktorjelölt 2018-2022. között a fent megnevezett Doktori Iskola keretében irányításommal végezte munkáját. Az értekezésben foglalt eredményekhez a jelölt önálló alkotó tevékenységével meghatározóan hozzájárult, az értekezés a jelölt önálló munkája. Az értekezés elfogadását javaslom.

Debrecen, 2022.10.25.

.....
Prof. Dr. Kusza Szilvia
egyetemi tanár
a témavezető aláírása