

DEBRECENI EGYETEM  
AGRÁRTUDOMÁNYI CENTRUM  
MEZŐGAZDASÁGTUDOMÁNYI KAR  
ÁLLATTENYÉSZTÉSTUDOMÁNYI TANSZÉK

**ÁLLATTENYÉSZTÉSI TUDOMÁNYOK DOKTORI ISKOLA**

*Doktori Iskola vezető:* Dr. Kovács András MTA doktora

*Témavezetők:*

Dr. habil Mihók Sándor  
Mezőgazdasági tudományok kandidátusa

Dr. Hidas András  
Mezőgazdasági tudományok kandidátusa

**GENETIKAI VARIABILITÁS VIZSGÁLATA RÉGHONOSULT MAGYAR  
LÚDÁLLOMÁNYOKBAN MIKROSZATELLITEKKEL**

*Készítette:*

**Aliczki Katalin Kornélia**

Doktorjelölt

2007

Debrecen

# TARTALOMJEGYZÉK

Tartalomjegyzék .....	1
1. Bevezetés .....	4
2. Témafelvetés – célkitűzés .....	7
3. Irodalmi áttekintés .....	8
3.1. A lúdtenyésztés története hazánkban.....	8
3.2. A vizsgált fajták fajtajellemzői.....	10
3.2.1. Magyar lúd.....	10
3.2.2. Emdeni lúd.....	13
3.3. A magyar lúd, mint génrezerv fajta fenntartásának jelentősége.....	14
3.4. Populációgenetika.....	15
3.4.1. A genetikai variabilitást befolyásoló extern és intern hatások .....	16
3.4.1.1. Alapító hatás .....	17
3.4.1.2. Palacknyak jelenség.....	18
3.4.1.3. Wahlund-effektus.....	20
3.4.1.4. Beltenyésztés .....	20
3.4.1.5. Effektív populációméret .....	21
3.5. A genetikai variabilitás meghatározása .....	21
3.5.1. I. típusú markerek .....	23
3.5.2. II. típusú markerek.....	24
3.6. A különböző genetikai markerek összehasonlítása .....	27
3.7. Molekuláris genetikai markerek felhasználása a baromfitenyésztés területén .....	29
3.7.1. Egyedazonosítás és származásellenőrzés.....	30
3.7.2. Populációgenetikai tanulmányok.....	31
3.8. Mikroszatellitek a vízimadaraknál.....	32
4. Saját vizsgálat .....	33
4.1. Anyag.....	33
4.1.1. A vizsgált populációk .....	33
4.1.2. Felhasznált mikroszatellitek .....	38
4.1.3. Felhasznált vegyszerek, gépek, segédeszközök, enzimek és szoftverek .....	44
4.2. Módszer .....	46
4.2.1. Labortechnikai módszerek.....	46
4.2.1.1. Mintagyűjtés és tárolás .....	46

4.2.1.2. A DNS minták preparálása .....	47
4.2.1.3. Agarózgél-elektroforézis .....	47
4.2.1.4. Polimeráz láncreakció (Polymerase Chain Reaction-PCR).....	48
4.2.1.4.1. PCR-optimalizálás .....	49
4.2.1.4.2. PCR-szettek kialakítása .....	53
4.2.1.5. A PCR-amlifikáció eredményességének ellenőrzése .....	54
4.2.1.6. Kapilláris elektroforézis.....	54
4.2.1.7. Tipizálás kiértékelése.....	56
4.2.2. Statisztikai kiértékelés .....	58
4.2.2.1.Genetikai diverzitás .....	58
4.2.2.2. Mikroszatellit markerek információtartalmának (PIC-érték) kiszámítása .....	59
4.2.2.3. Hardy-Weinberg egyensúly .....	59
4.2.2.4. F-statisztika.....	60
4.2.2.5. Populációk közötti genetikai különbség meghatározása .....	62
4.2.2.5.1. Privát allélek .....	62
4.2.2.5.2. Genetikai különbség .....	62
5. Eredmények .....	63
5.1. DNS izolálás eredményei .....	63
5.2. Mikroszatellit adaptálás eredményei .....	63
5.3. Mikroszatellitek karakterizálása .....	63
5.4. A mikroszatellitek információtartalma (PIC).....	77
5.5. A populációk genetikai változatossága.....	78
5.6. Populációk közötti genetikai különbség meghatározása .....	85
5.6.1. Allélgyakoriság.....	85
5.6.2. Privát allélok.....	92
5.6.3. F-statisztika.....	92
5.6.4. Genetikai távolság (disztancia).....	95
6. Eredmények kiértékelése .....	100
6.1. Mikroszatellit adaptálás eredményeinek kiértékelése .....	100
6.2. Adaptált mikroszatellitek kiértékelése.....	101
6.3. A vizsgált populációk genetikai diverzitásának kiértékelése .....	105
6.4. Populációk közötti genetikai távolságok kiértékelése.....	108
7. Új tudományos eredmények .....	109

8. Összefoglalás .....	110
9. Summary .....	112
10. A szakirodalom jegyzéke .....	114
11. Melléklet .....	134
11.1. Rövidítések jegyzéke .....	134
11.2. Táblázatok jegyzéke .....	136
11.3. Ábrák jegyzéke .....	138
12. Függelék .....	139
Köszönetnyilvánítás .....	148
Nyilatkozat .....	150

## 1. Bevezetés

*“Csak ha az utolsó fát is kidöntitek,  
az utolsó halat is kifogjátok  
az utolsó folyót is megmérgezitek  
akkor veszitek majd észre,  
hogy a pénzt nem lehet megenni.”*  
(Cree-indián bölcsesség)

Földünk biológiai sokszínűsége - a több millió növény- és állatfaj - 3,7 milliárd évig tartó evolúciós folyamat eredménye. Mi emberek csak nagyon kis részét képezzük ennek az élő “hálózatnak”, amitől mi magunk is függünk. A rendelkezésre álló életformák diverzitása tette lehetővé, hogy azzá váljunk, azzá fejlődjünk, amik ma vagyunk. Mi választottuk ki azokat a fajokat, amelyek a domesztikációra leginkább alkalmasak voltak. Az 50 000 ismert madár és emlősfajból kevesebb, mint 30 fajt használunk a mezőgazdaságban, amiből világviszonylatban, mintegy 14 faj szolgáltatja a haszonállati termékek 90%-át (FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS, 1999). Az általuk nyert táplálékforrások tették lehetővé letelepedésünket, ami döntő lépés volt fejlődéstörténetünkben. Az első állatok domesztikációjával az ember önmaga is elkezdte formálni és alakítani a Föld sokszínűségét, mert a különböző fajokat saját haszonállataivá és haszonnövényeivé tette. Az eltérő klimatikus és földrajzi körülményeknek kitett állatokat, a feltételeknek megfelelően úgy kezdte szelektálni, hogy azokkal minél nagyobb termelési eredményeket érhesen el. Az emberiség túlélését megteremtő sokszínűségnek folyamatosan különböző (környezeti) feltételeknek kellett megfelelnie.

Az utolsó három évszázadban bekövetkezett, a világ képét tartósan megváltoztató ipari fejlődés, a mezőgazdaságot sem kerülte el. A mezőgazdasági termékek kereskedelmi méretű előállítására nagyobb termelési szükséghez vezetett. A szelekció kizárólag a nagy teljesítményű fajták kialakítására irányult. A specializált fajták megjelenése a régi, hagyományos fajták fennmaradását veszélyeztetni kezdte. Ez napjainkra oly mértékűvé nőtt, hogy a közel 5 000 háziállatfajta 30%-át *kihalás veszélye fenyegeti* és havonta közel 6 fajta tűnik el a Földről (FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS, 1999). Európában a XX. század elején még létező fajták fele, ma a kihalás küszöbén áll. *Különösen a haszonbaromfi-tenyésztés területén észlelhető ez a jelenség, ahol a nagyfokú specializáció miatt, egyre*

*homogénebb és szűkebb genetikai állomány áll rendelkezésre.* (SECRETARIAT OF THE CONVENTION ON BIOLOGICAL DIVERSITY, 2000). A probléma globális méretűvé vált, a folyamat megállítása összefogást és együttműködést igényelt. Ennek tudatában dolgozta ki a biológiai sokféleségről szóló egyezményt az ENSZ („Convention on Biological Diversity“), amit 1992-ben Rio de Janeiróban a Környezet és Fejlődés Konferencián hozott nyilvánosságra. Az egyezményt 168 állam, beleértve Magyarországot is, aláírt (ez azóta 175 állammá bővült). Az egyezményben többek között elfogadásra került az a tétel, hogy a háziállatok is hozzátartoznak a világ biológiai sokféleségéhez.

Magyarország a Riói Egyezmény aláírása előtt is élen járt az őshonos és réghonosult háziállatfajták fenntartásában. Erre irányuló törekvések már az 1960-as években megkezdődtek. Hazánk 1971-től kezdve több, géntartalékok fenntartásával foglalkozó, nemzetközi és világkonferenciának adott otthont. A magyarországi hivatalos génmegőrzési programok eleinte csupán a létszám fenntartására szorítkoztak. Napjainkban került sor a ritka értékes genotípusok elszaporítására, valamint a génváltozatok gyakoriságának, a genotípusok távolságbecslésének tudományos feltárására. A **Debreceni Egyetem Agrártudományi Centrum Mezőgazdaságtudományi Kar Állattenyésztés- és Takarmányozástani Tanszékének** koordinálásával, Széchenyi-kutatási program keretében, kutató konzorcium alakult (MIHÓK, 2006.a.). A Bodó Imre vezetésével elnyert pályázat többek között, molekuláris genetikai módszerekkel a régi háziállatfajtáinkban rejlő genetikai variancia felmérésére irányult. A program egyik célja **molekuláris genetikai markerek** segítségével, a még élő génrezerv állatok genetikai variabilitásának meghatározása volt.

Hazánkban a lúdárú-termelésnek és lúdtartásnak évszázados múltja és hagyománya van. Ennek következtében a lúdtartásban és lúdtermékek előállításában a világelsők közé tartozunk (BOGENFÜRST, 2000). Már a 19. században jelentős export került a környező országokba tollból és élőállatból. Ezt a hírnevet a parlagi lúdféleségek fehér tollú állományjaiból kialakult magyar lúd termékeivel alapoztuk meg. Két változata, a *sima* és a *fodrostollú magyar lúd*, az 1800-as évek elején jelent meg az Alföld vizenyős berkeiben (MIHÓK, 2000). A fodros- és simatollú magyar ludat a 32/2004 (IV.19.) OGY határozat nyilvánította nemzeti kincsé. Bár származásáról még mindig megoszlanak a vélemények legtöbbször „hazánk különlegességéeként“ tartják számon.

Ez a dolgozat – a Széchenyi-terv: „Hagyományos állatfajták genetikai és gazdasági értékeinek tudományos feltárása“ című pályázat részeként – az ország határain kívül és belül fellelhető sima és fodrostollú állományok felkutatására, a populációkon belüli genetikai variabilitás meghatározására és a populációk közötti genetikai távolság becslésére irányult molekuláris genetikai markerek segítségével.

## 2. Témafelvetés - célkitűzések

I. A lúdágazat, gazdasági okokra visszavezethető, világviszonylatban történő visszaszorulása, nem csak a lúd tartását és tenyésztését érintette. Sajnos, a lúddal kapcsolatos kutatások is háttérbe szorultak az utóbbi időben. Ezért, bár a legtöbb haszonállat (ló, sertés, szarvasmarha, juh, tyúk) számos karakterizált mikroszatellittel - sőt populációgenetikai vizsgálatnál alkalmazható, kidolgozott mikroszatellit-szettel - rendelkezik, a domesztikált lúd (*Anser anser domesticus*) esetében egyáltalán nem állnak rendelkezésre mikroszatellitek. Így elsődleges céloom volt, különböző fajokból (tőkés récéből (*Anas platyrhynchos*), pehely récéből (*Somateria mollissima*), kanadai lúdból (*Branta canadensis*)) kiválasztott,

- mikroszatellitek domesztikált lúdba történő **adaptálása**,
- a mikroszatellit primerek vizsgálatainkhoz történő **optimalizálása**,
- és a domesztikált lúdban detektálható mikroszatellitek **karakterizálása**.

II. Másik céloom volt, az adaptálható mikroszatellitekkel, a származási dokumentációval nem rendelkező, magyar lúd fajtának mondott sima és fodrostollú

- állományok **genetikai variabilitásának** a meghatározása és
- a csoportok között a **genetikai távolság** becslése.

Kontrollként egy vadon élő lúd fajt és egy domesztikált fajtát választottam. Az előbbi a házilúd őse, a nyári lúd (*Anser anser*) volt. Az utóbbi, az 1900-as években Magyarországra került, emdeni lúd volt. Mivel e német fajta, magyar lúddal történő keresztezését több, az előző századból származó írásos dokumentum is rögzítette (pl.: HANKÓ, 1940), vizsgáltam a **magyar lúd és az emdeni lúd közötti genetikai kapcsolatot** is.

### 3. Irodalmi áttekintés

#### 3.1. A lúdtenyésztés története hazánkban

A vadon élő vízimadarakra már az uráli korban élő őseink vadásztak. A finnugor népek őskori, sőt újkori művészetének is egyik jellegzetessége a vízimadarak gyakori ábrázolása volt. A *lúd*, *toll* szavaink az ősi finnugor örökségből valók (CSUKÁS, 1935.a.).

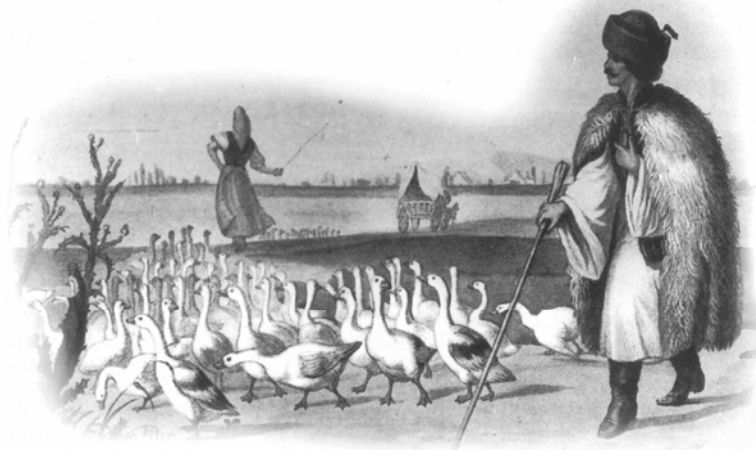
Népünk baromfitartása a *honfoglalást követő századokban* bővült a házilúd tenyésztésével. A *16–17. században* a majorsági gazdálkodás kifejlődésével a baromfitartás árutermelő ágazattá vált az országban (MATOLCSI, 1975).

Az 1730-as években a lúdtenyésztés fejlődéséről adott számot BÉL MÁTYÁS. SCHWARTNER (1809) statisztikája szerint a 18. század végén Magyarországon volt a legjelentősebb lúdtartás Európában. A 19. század folyamán az országunknak már igen tetemes toll- és élőbaromfi-kivitele volt. Ebben az időben a víziszárnyasok tenyészkörzetei hagyományosan a folyóvizekhez kapcsolódtak. Legtöbb ludat a Tisza mentén, a Bodrog és a Sajó mellékén, a Csallóközben, a Győr megyei Tóközben, az alsó Vág mellékén, a Sió, a Sárvíz és a Dráva mentén tenyésztettek. 1802-ben közel 1800 bécsi mázsa ágytollat vittek ki az országból. Ebben az időben a toll mintegy 90%-a az Alföldről származott. Minőségében ott is adódtak táji különbségek. Abból az időből származó irodalmi adatok szerint legfinomabb, első osztályú minőséget csak a *magyar parlagi ludak* adtak Szeged, Kistelek, Majsa környékén (SCHWARTNER, 1809).

A baromfitartás termékei közül a toll volt a legrégebb kiviteli cikkünk, s a 19. század derekán országosan ebből származott a baromfitartás legtöbb pénzbevétele is (MATOLCSI, 1975). A hagyományos lúdtartás az 1960-as évekig a *magyar parlagi lúddal* folyt, amit a nép *parasztliba*, *mezei lúd* néven ismert. Ez az apró termetű, helyenként vadlúdszürke tollazatú, de hamar tollasodó fajta, amelyet évente kétszer-háromszor lehetett tépni, melleszteni, a falusi gazdaságokban nagyon közkedvelt volt. Később a fehér tollú liba került túlsúlyba, ami itt-ott a nagyobb testű *emdeni* fajtaival is kereszteződött. (HANKÓ, 1940., MATOLCSI, 1975). Az *1. ábra* a 18.-19. századi lúdtartást ábrázolja.

1.ábra

**Lúdtartás a 18.-19. sz.-ban (Forrás: Bodó, 2000)**



Az 1800-as évek elején jelent meg az Alföld vizenyős berkeiben a parlagi lúd két változata a *simá* és a *fodrostollú magyar lúd* (MIHÓK, 2000). A fodrostollú magyar lúd eredetéről és származásáról a régi irodalmi adatokban nagyon megoszlanak a vélemények. Az első magyarországi írásos emlékek szerint 1840-ben Óbecse környékén már megtalálható volt (HREBLAY, 1907). HREBLAY (1909.b.) így írt a fajtáról: “...épp oly különlegessége ez hazánknak mint az erdélyi kopasznyakú tyúk. Sehol másutt elő nem fordul, csak nálunk” (HREBLAY, 1909.b.). HREBLAY (1909.a.) Lévát jelölte meg fontos tenyészterületének. Országos elterjedtségét több adat is bizonyítja, közte BAKOS (1925) munkája, amiben *balatoni fodroslúdként* emlegette. HANKÓ (1940) kizárólagos magyar eredete mellett foglalt állást, amikor azt írta, hogy az ősi származású, tiszta magyar eredetű, fehér tollú lúd mellett van a magyar lúdnak egy fodrostollú változata is. CSUKÁS (1935.b.) úgy vélekedett, hogy számbelileg a régi Magyarország területén volt a legjobban elterjedve, de a völgyében mindenütt felbukkant. Ő nem tekintette önálló fajtának, mert tollszerkezetétől eltekintve alig mutatott fel olyan különbséget, amely önálló fajtakénti elismerését indokolná. TÓTH (1956) kitűnő munkájában az olvasható, hogy az 1800-as évek első felében feltűnt egy fodrostollú lúdféleség, amelyről pontosan nem tudjuk, vajon a hazai parlagi állományok valamelyikéből mutációként jött-e létre, vagy keletről, illetve dél-kelet felől jutott-e el hozzánk. Utóbbi feltevést látszik igazolni a népies szóhasználat, mert a fodros ludat gyakran *török*, *asztraháni*, *szevasztopoli lúd* néven is emlegették. Egy magyar, baromfifajtaíróról írt monográfiájában MIHÓK (2000) a fodrostollú magyar ludat a fehér

parlagi lúd mutációjaként említi, amelyik a 19.sz. utolsó harmadában a Kárpát-medencében vált önálló fajtává. Kétségtelen, hogy eredeti előfordulása a Duna völgyére és a Fekete-tenger partvidékére szorítkozik, ezen belül legnagyobb létszámban Magyarország területén volt fellelhető, vélekedik SZALAY (2002).

### **3.2. A vizsgált fajták fajtajellemzői**

#### **3.2.1. Magyar lúd**

A simatollú magyar lúd változékonysági indexe nagyon kicsi. Fenotípusában a domesztikáció során alig változott. Jól érzékelhető változások mindössze, a tollazat színére korlátozódtak. Hajdanán tolltakarója a leginkább a vadludakra jellemző szürkés szín volt. Később a szürkés szín mellett megjelentek kékes-tarka, majd fehér változatai is. A fehérek értékes tollszínük miatt egyre jobban elszaporodtak és kizárólagossá váltak. A kereskedelem eredet szerint lévai, makói, szentesi, dunaszerdahelyi ludakról beszélt, mint kelendőbb háziállatokról. Ezek valamivel nagyobbak is voltak, mint a közönséges parlagi ludak. A simatollú lúd céltudatos tenyésztéséről a 18. század végétől beszélhetünk. Erre az időre tehető az Alföldön az emdeni lúdnak, a Dunántúlon pedig a pomeráni lúdnak nemesítő fajtaként való felhasználása. Mindkettő nyomot hagyott a magyar lúd fenotípusában, annak alföldi és dunántúli változatát létrehozva. Az *alföldi változatára* a közepes kifejllettkori testsúly (tojó: 5-5,6 kg; gúnár: 7 kg) és a jó hízékonyság volt a jellemző. Májtermelése 500 gramm körüli, aminek minősége jó. Ennek a változatnak a színe fehér, tolltermelése közepesnél jobb. Szaporasága a kevés termelt tojás miatt gyenge (évi: 25-30 db tojás). Tájfajtai kialakultak a Jászságban, Orosházán és Hódmezővásárhely térségében (BOGENFÜRST, 2000, SZALAY, 2004).

*Dunántúli változatához* tartozó ludak valamivel kisebbek (tojó: 4,5-5 kg; gúnár: 5,5-6 kg). Színük esetenként enyhén tarka. Kisebb testtömegük ellenére jobb májtermelők voltak, mint az alföldi változat egyedei. A Rábaközben és a Csalóközben őshonos (BOGENFÜRST, 2000). A 2. ábra a fehérszínű magyar ludat ábrázolja.

## 2. ábra

### Magyar ludak a babati tenyészetből (Fotó: *Aliczki K.*)



Az ősi származású magyar eredetű simatollú lúd mellett megkülönböztetjük a magyar lúdnak egy fodrostollú változatát is. A simatollú változattól csupán tollainak szerkezetével tér el, egyébként örzi annak tulajdonságait. Elsősorban szárnyfedő tollai, combtollai, kisebb mértékben fark tollai hosszúak, puhák és szalagszerűen, látványosan fodrozódnak. Ez a fodrostollúság egy gén által meghatározott domináns tulajdonság, ami heterozigóta állapotban részleges dominanciát eredményez. Ezen tulajdonság erősítésére kívánatos, a meglévő állományokból homozigóta fodrostollú állományokat létrehozni (SZALAY, 2002). A 3. ábra tarka színű, fodrostollú lúdcsapatot ábrázol.

A fodrostollú lúd edzett, ellenálló, igénytelen, viszonylag gyorsan fejlődő fajta. Alacsony lábállású, zömök testű, rövid nyakú, melle és háta széles. Csontozata vékony. Testtömegéhez képest sok húst termel, amely puha, finomrostú és ízletes. (MIHÓK, 1993). Érdeemes HREBLAY (1912) írását elolvasni a fajtáról: „*Tollai olyan fodrosak, hogy az éves fodros lúdnak a combján szinte párkányt alkot a fodros toll és van olyan is a többi között, amelynek még szárnya vége is fodros, sőt a farkáról is fodros tollak lógnak le. Felnevelése könnyebb, mint az emdenié, vagy pedig az olaszé és így sokkal*

*jobban megfelel a gazdaközösségnek, mint akármelyik más lúdfajta. Húsa hófehér, porhanyós. Hízás tekintetében első helyen áll, mert például egy emdenit nem lehet úgy kitömni, mint egy fodros ludat. Soha sem szolgáltat annyi zsírt egy emdeni, mint egy fodros lúd. Mája másfélszer akkora, mint akármelyik lúdé és mondhatom elsőrendű.”*

3.ábra

**A fodrostollú magyar lúd tarka színváltozata (Fotó: Aliczki K.)**



Az 1970-es években Papp György kezdett a fodrostollú lúd fellelhető egyedei után kutatni, aminek összegyűjtéséhez egy májlúd-vonal előállításának az igénye vezetett. Több helyről, főleg ősi székely falvakból sikerült tenyészegyedekhez, tenyésztőjásokhoz jutnia. Kiss István és munkatársai erre alapozva hozták létre a fodrostollú magyar lúd génbanki állományát a DE-ATC Állattenyésztési Tanszéke Kísérleti Telepén. A fehérszínű állományt tiszántúli háztáji gazdaságokban gyűjtötték össze. A gyarapodó állományból 1975-ben és 1976-ban, több száz fodrostollú magyar lúd töméses hizlalását végeztette a Tanszék Hajdúszoboszlón (MIHÓK, 2000). 1979-ben találtak néhány kisebb dunántúli tenyészetet is, ahonnan a fodrostollú magyar lúd tarka tollú, némileg nagyobb testű változatát is sikerült begyűjteniük (KISS és mtsai., 1982). A debreceni génbanki állomány fenntartása napjainkban is folyik Mihók Sándor vezetésével.

A fodrostollú magyar lúd elsősorban tarka, Erdélyből behozott, egyedeiből Fehér Sándor tápiógyörgyei tenyésztő alakított ki egy másik állományt. Erre alapozva hozta létre a KÁTKI a fodrostollú magyar lúd génbankját 1998-ban.

### 3.2.2. Emdeni lúd

Tömeg és elegancia - ezzel a két kifejezéssel írható le leginkább a fajta. A nagysága és a tömege ellenére (tojó: 9 kg; gúnár: 10 kg, de irodalmi adatok szerint 15 kg-os végtömegre is hizlalható) olyan elegáns hatást kelt, hogy sok helyen hattyúlúdnak is hívják. Kiváló hústermelő képességű, nagy testű, rendkívül tetszetős küllemű lúdfajta (BOGENFÜRST, 2000, MIHÓK, 2006 b.). Hosszú nyakát S-alakban tartja, amiért nagyon emlékeztet a hattyúra. A mellét enyhén megemelve hordja és inkább magasnak, mint szélesnek mondható. A lábak középhosszúak, de semmi esetre sem olyan rövidek, hogy a has tollazata a földet súrolja. Mindkét combja tollal jól borított. Szeme világoskék. Az emdeni lúd tipikus legelő állat. A legtöbb mai emdeni vonalra, már nem jellemző a kotlás. Éves szinten 40-50 db tojást ad. A 4. ábrán az emdeni lúd kerül bemutatásra.

4. ábra

**Emdeni ludak az istállóban (Fotó: Aliczki K.)**



Ez a világszerte legismertebb és legelterjedtebb lúdfajta, Európa szinte minden kultúrfajtájának nemesítésében szerepet játszott (BÖGENFÜRST, 2000). Magyarországra a XX. század fordulóján hozták be, a magyar parlagi lúdállományok nemesítésére (SZALAY, 2002). A magyar lúddal való keresztezését több, előző században készült írás is rögzítette (pl. HREBLAY, 1909 b.; TÓTH, 1956).

### **3.3. A magyar lúd, mint génrezerv fajta fenntartásának jelentősége**

A réghonosult magyar lúd tenyésztését nem csak egyes tenyésztők lelkesedése és fajtaszeretete indokolja, hanem genetikai, szocioökonómiai, kulturális és ökológiai szempontok is mellette szólnak.

Minden fajta véletlen és irányított *genetikai* hatások eredménye. Ilyenek a mutáció, genetikai drift, vagy éppen az alkalmazkodás a különböző befolyásoló tényezőkhöz, mint a klíma, paraziták, betegségek, rendelkezésre álló takarmányozás, illetve az ember által végzett szelekció, ami évszázadok óta hat és formáz. Így vált minden egyes fajta a gének egyedülálló kombinációjává (FAO, 1998). A fajták létszámbeli csökkenése értékes gének elvesztéséhez vezet, amelyekre a közeljövőben nagy szükség lehet. Az emberek behatárolt lehetőségei a változó piaci feltételekhez, környezethez, fogyasztói szükségletekhez igazodnak. Az őshonos fajták bármikor jelentőséget nyerhetnek, mivel a fogyasztók szükségletei kiszélesedtek. Egyre nő az igény a meghatározott fajtákból előállított termékek, illetve az ökológiai haszonállatok iránt. Az emberi táplálkozással foglalkozó ismeretek bővülése következtében, a különböző állati termékek értéke megváltozhat. Ezért a termék-előállításnak nagyon rugalmasnak és konkurenciaképesnek kell lennie. Azonkívül felléphetnek olyan betegségek, amelyekkel szemben a különböző fajták eltérően reagálhatnak. Molekuláris genetikusok a világ egész területén kutatnak a termelést, termék minőséget, egészséget és a szaporaságot befolyásoló gének után (OLDENBROEK, 1999). Ehhez a munkához elengedhetetlen, hogy a különböző fajták vizsgálati anyagként rendelkezésre álljanak. A magyar lúddal hasonló ritka fajtákat vizsgálják legkevésbé, pedig hordozói lehetnek olyan ismeretlen géneknek vagy génkombinációknak, amelyek egyszer még jelentőséget nyerhetnek. A világfajtáktól genetikailag távolálló őshonosokkal való keresztezés figyelemreméltó teljesítménynövekedéshez vagy betegségekkel szembeni rezisztenciához vezethet.

**Szocioökonómiai** szempönből nézve is számos előnye van a magyar lúd tartásának. Egy meghatározott területhez kapcsolódó fajta tenyésztése, a lakosságnak bevételi forrása lehet. Az állomány növelésével és megfelelő marketing megteremtésével a fodrostollú magyar lúd termékeit – elsőrendű máját, porhanyós húsát, tollát stb. - olyan specialitásként lehetne értékesíteni, mint pl. a mangalicasertésből vagy a szürkemarhából készült szárazáruféleségeket. Ezeknek a specialitásoknak a jóval magasabb áron való eladhatósága, az alacsonyabb termelésből fellépő veszteséget bőven kiegyenlítené. Nagyobb jelentőséget kaphatna a magyar eredetű *Márton-napi* (nov. 11.) ünnep, ami ma már sajnos ismertebb a környező országainkban, mint hazánkban. A magyar gyökerek hangsúlyozásával, az amerikai „pulykanap”-hoz hasonló ünneppé válhatna (BODÓ, 2003).

A gazdasági tényezők mellett a réghonosult fajtáknak **történelmi és kulturális** jelentősége is van. Ezeket az állatokat az évtizedek alatt, emberi generációk alakították, formázták az adott gazdaságföldrajzi területen, meghatározva ezzel a lakosság életét is. Ilyen szempönből nézve, éppen olyan értékesnek tekinthetők, mint egyes művészeti alkotások, szobrok vagy épületek (BODÓ, 1988; BODÓ, 1991). A magyar lúd a régi idökből származó, tradicionális tenyésztés-kultúrtörténeti emlék, amit sértetlenül kell továbbadjunk a jövő generációi számára.

**Globálisan** nézve értékes génrezerv állomány, amely Földünk biológiai sokszínűségének része és elvesztését mindenképpen meg kell akadályozni!

Végül, HREBLAY (1909 b.) - aki hazánk éppoly különlegességének tekintette e fajtát, mint amilyen az erdélyi kopasznyakú tyúk - idézetével fejezném be ezt a fejezetet: *”Magyar ez tetőtől talpig, s ha egyes családok ereiben folydogál is pár csöpp külföldi idegen vér, mégis magyar az is, mert hát ennek az áldott földnek, fűnek, víznek olyan a hatása, hogy még a legtelivérb emdeni lúd apák dédunokái is szépen észrevétlenül átalakulnak magyarrá, - ha békén hagyjuk őket s nem házasítjuk azokat minduntalan összeimportált gavallérokkal.”*

### **3.4. Populációgenetika**

A populációgenetika a mendeli törvények és más alapvető genetikai törvényszerűségek populációra való kihatásával foglalkozik (HARTL és CLARK, 1997). A populációgenetika alapja a *populációk közötti és populáción belüli variancia*. Ez a variancia a populációk különböző génjeinek eltérő számú alléljeiből ered, ami az

allélgyakorisággal mérhető. Ez az allélgyakoriság felhasználható a populációk közötti és populáción belüli genetikai kapcsolatok vizsgálatára, a populációk genetikai variabilitásának a meghatározására.

### 3.4.1. A genetikai variabilitását befolyásoló extern és intern hatások

A *genetikai variabilitás* képezi a természetes illetve mesterséges szelekció alapját, ezen keresztül lényeges feltétele egy populáció túlélésének és fennmaradásának. Az *ideális populációban*, a szülők és az utódok genotípus gyakorisága megegyezik (Hardy-Weinberg törvény – 4.2.2.3. fejezet). Egy ilyen ideális populációban az egyedek véletlenszerűen párosodnak (pánmixis). Szelekció, mutáció, migráció és genetikai drift hatása nem érvényesül. Az *ideálistól eltérő populációban*, a genetikai variabilitást különböző tényezők befolyásolják. Olyan faktorok, mint a szelekció (természetes, mesterséges), különböző párosítási rendszerek (pl. beltenyésztés), migráció vagy a genetikai drift módosítólag hatnak a variabilitásra. Egy populáció genetikai változatosságáért általában több mechanizmus együttes hatása felelős (SCHÖNMUTH és mtsai., 1986).

Kis populációkban jelentkező véletlen allélgyakoriság ingadozást *genetikai sodródásnak (genetikai drift)* nevezzük. Kevés utód esetén az utódok allélszáma nem reprezentálja a populáció eredeti genetikai összetételét. A genetikai drift során bekövetkező, véletlen allélgyakoriság ingadozás miatt, allélok veszhetnek ki a populációból, amik csak lassú mutációk révén pótlódnak. A különböző allélek eltűnésével, egy allél fixálódásával együtt jár a heterozigóták eltűnése. A genetikai sodródás erősségét legegyszerűbben a heterozigóták várható gyakoriságának csökkenésével lehet jellemezni.

A genetikai drift mellett, a populációkban folyamatosan *mutációk* lépnek fel. A mutáció a DNS nukleotid sorrendjének, vagy azok számának örökletes megváltozása. A mutáció gyakorisága (mutációs ráta)  $10^{-5} - 10^{-9}$ , ami azt jelenti, hogy százezer-egymilliárd gamétából egy tartalmaz mutáns gént az adott lokuszon. A mutációnak több típusát különböztetjük meg. Pontmutáció esetében a DNS nagyon kis szakaszának, egyetlen bázisának vagy bázispárjának megváltozásáról van szó. Szerkezeti mutáció esetében a gén nukleotid tartalmában következik be a változás, átrendező mutációnál pedig a gének rendeződnek át a genomon belül. A mutációk a populációkban egymástól

függetlenül és spontán jelentkeznek, növelve ezzel a populációk közötti genetikai differenciát (KOMLÓSI és VERES, 2001).

A populációk genetikai összetétele különbözhet azért, mert mutáció következtében megváltozik az örökletes anyag, vagy a sodródás folyamán máshogy változik bennük az allélgyakoriság. Ezzel szemben a **migráció** keveri a különböző populációkban található alléleket, így a populációk differenciálódása ellen hat. Ha a populációkban csak sodródás zajlik, már néhány egyed vándorlása megakadályozza a populációk genetikai differenciálódását. A sodródás szempontjából ezért egy-egy nagyobb tájegység összes egyede gyakorlatilag egy populációt alkot (<http://falco.elte.hu/popgen/>, 2006.07.25.). A migrációnak két típusa van. Az immigráció az allélok bevándorlása a populációba, az emigráció az allélok kivándorlása a populációból. A migráció az allélgyakoriságot legjelentősebb mértékben megváltoztató tényező. A migráció hatására, az allélgyakoriság megváltozásának mértéke, a migrációs rátától (migrált egyedek aránya a migrált egyedekkel növelt populáció viszonyában), illetve a helyi, valamint a bevándorló állomány allélgyakorisága közti különbségtől függ (KOMLÓSI és VERES, 2001).

**Szelekció** esetében természetes, illetve mesterséges szelekciót különböztetünk meg. Állattenyésztői értelemben a szelekció, az állatok célzott kiválasztását jelenti. A tenyésztői befolyás, azaz a *mesterséges szelekció* mellett, a populációra egy folyamatos természetes szelekció is hat. A természetes szelekció a nemzéstől (embrió beágyazódása a méhbe, vetélés) a különböző vitalitású állatok megszületésén át addig hat, amíg a tenyésztő meg nem határozza a különböző szelekciós kritériumokat. A szelekció az allélgyakoriságon keresztül a genotípusgyakoriság változásában nyilvánul meg. Szelekciónak kitett populációban az allélgyakoriságok a szelekciós kritériumoknak megfelelően alakulnak (EDING és LAVAL, 1999).

Egymástól izolált populációk között a genetikai különbség annál nagyobb, minél tovább maradnak egymástól izoláltan. A következő fejezetek a populáció variabilitását befolyásoló hatásokat mutatják be.

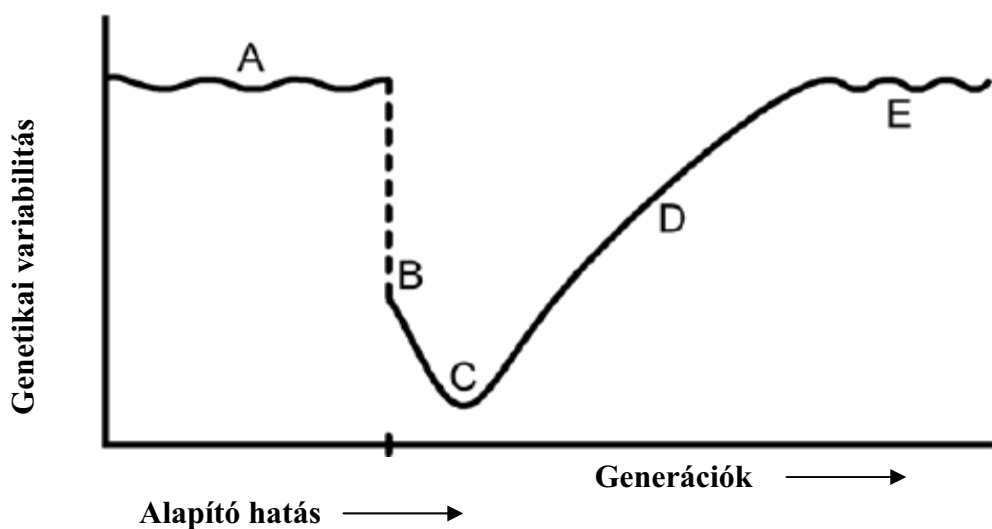
#### **3.4.1.1. Alapító hatás**

*Alapító hatásról* akkor beszélünk, ha egy faj egyedeinek kis csoportja kiválik a nagy populációból (ezek lesznek az alapító egyedek), és meghatározza a következő

generációk allélgyakoriságát. Abban az esetben, ha az alapító egyedek száma kevés, nem reprezentálják kellően az eredeti populáció genetikai szerkezetét. A legtöbb lokuszon ritka allélek vesznek ki az új populációból, aminek következtében genetikai variabilitása kisebb lesz. Az első néhány generáció alacsony létszáma miatt ki lesz téve a *genetikai drift* erős hatásának. Újabb mutációk révén keletkezett allélok a genetikai összetételt megváltoztatják, ami tovább növeli a genetikai különbséget és a *genetikai differenciálódást* (MAYR, 1967; SPERLICH, 1973). TEMPLETON (1980) megfogalmazása szerint csekély alapítólétszám miatt bekövetkező allélgyakoriság véletlen változásáról van szó, ami a *genetikai variabilitás csökkenését* eredményezi. A 5. ábra az alapító effektus populációra való hatását mutatja be.

5. ábra

Alapító hatás (SPERLICH, 1988)



A : kiinduló populáció normális genetikai variabilitással,

B-C : populációnagyság-redukció miatt bekövetkező variabilitás csökkenés,

D-E : új mutációk következtében a genetikai variabilitás újra növekszik, de már a megváltozott környezeti hatásoknak megfelelően

### 3.4.1.2. Palacknyak jelenség

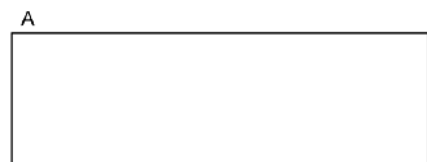
Palacknyak jelenségnek (bottleneck effektus) nevezzük, ha egy állat-populáció drasztikus csökkenés után létszámban ismét megnövekszik (BODÓ, 2002). A jelenség alatt, a populáció létszáma, ezzel együtt genetikai variabilitása, különböző külső, illetve belső tényezők hatására (pl. járvány) lecsökken. Bár a populációnagyság

növekedésével, a beszűkülés alatt elveszett alléleket ritka mutációk pótolhatják, a genetikai variabilitás hosszú ideig, vagy egyáltalán nem áll helyre. A véletlenszerűen megmaradt egyedek (ezek lesznek az alapítók) nem reprezentálják megfelelően az eredeti populáció génszerkezetét. A létszámcsökkenés következtében allélok vesznek el és *a variabilitás jelentősen lecsökken* az eredeti populációhoz képest. Mindemellett a kislétszámú populációban, erőteljesebben hat a genetikai drift, ami fokozza a *differentiálódást*

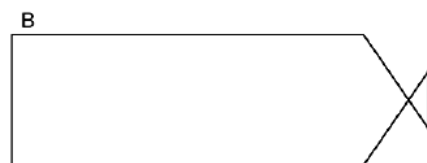
Önmagában nemcsak a palacknyak alatt lecsökkent létszám befolyásolja az átlagos heterozigotizást. A variabilitásra az is hat, hogy a palacknyak után milyen gyorsan növekszik a populáció egyedszáma. A palacknyakot követő gyors létszámnövekedés, a populáció alacsonyabb heterozigotizását eredményezi (NEI és mtsai, 1975). A lokuszonkénti átlagos allélszámot ezzel szemben inkább a palacknyak alatt lecsökkent populáció nagyság, mint a populáció növekedési rátája befolyásolja (NEI és mtsai, 1975). A palacknyak jelenség típusait a 6. ábra mutatja be.

6. ábra

**Palacknyak jelenség típusai (WILSON és mtsai, 1985)**



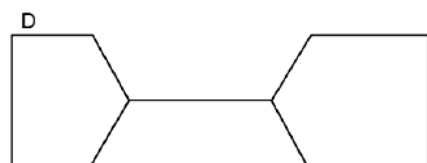
A = nincs palacknyak jelenség a populációban



B = átmeneti palacknyak jelenség, rövid ideig tartó létszámnövekedéssel



C = átmeneti palacknyak jelenség, hosszú ideig tartó létszámnövekedéssel



D = hosszú ideig tartó palacknyak jelenség

Idő →

### 3.4.1.3. Wahlund-effektus

Ha egy nagy populáció szubpopulációkra tagolódik, kevesebb lesz a heterozigóta egyed száma, mintha a párosodás az egész populációban véletlenszerű lenne. A tapasztalt jelenséget *Wahlund-effektus*nak nevezzük (WAHLUND, 1928). Ha egy populáció kis szubpopulációkra oszlik, amelyek térben elkülönülnek egymástól és létszámuk relatíve kicsi, egy bizonyos idő elteltével, homozigóta többlet fog jelentkezni, azaz az eredeti populáció *variabilitása csökken*. Mivel a szubpopulációkban eltérő eseménysorozatok zajlanak, a generációk számának növekedésével egyre jobban nőni fog a *genetikai differenciálódás*.

### 3.4.1.4. Beltenyésztés

Rokon egyedek párosítása beltenyésztésként definiálható (SCHÖNMUTH és mtsai, 1985). A beltenyésztést okozhatja rokon egyedek célpárosítása, de visszavezethető a populáción belüli korlátozott egyedszámból adódó rokonpárosodásra. Mindkettő a homozigóta egyedek növekedéséhez vezet. Ez a folyamat, szélsőséges esetben egy allél fixációját, illetve eliminációját is okozhatja (FALCONER és MACKAY, 1996). Növekvő beltenyésztéssel nő a valószínűsége annak, hogy az egyedek egyre több génhelye (lokusza) homozigótává válik, így növelve a populáción belül a hasonló egyedek számát. A populáció genetikai szerkezetére hatást gyakorló beltenyésztés tulajdonképpen, az allélvesztésen keresztül nyilvánul meg, ami a genotípusos *variabilitást csökkenti* (O'BRIEN, 1994).

Kis és zárt populációkban a rokonállatok közti párosodás valószínűsége nagy. Az egymással rokon állatok a genom bizonyos, megegyező részein keresztül karakterizálhatók. Egyes génhelyek (lokuszok) alléljeinek származási azonossága az oka, a rokonok közti hasonlóságnak. Ez a hasonlóság növekedik abban az esetben, ha az azonos génhelyek megegyező alléljeinek gyakorisága is növekszik. Beltenyésztésnél nagy a valószínűsége, hogy az apa és az anya is egy lokusz azonos alléljait örökíti tovább. Egyes populációkban, azok a génhelyek, amelyeken a beltenyésztésnek köszönhetően az allélek homozigótává váltak, a beltenyésztési koefficiensen (WRIGHT, 1921) keresztül megállapíthatók.

#### 3.4.1.5. Effektív populációméret

Egy természetes populáció minden korosztályban megfelelően magas egyedszám elérésére törekszik. Ezzel szemben nem minden egyed éri el az ivarérett kort, illetve képes szaporodni. Azok, amelyek nem szaporodnak sikeresen, természetesen nem jelennek meg a következő generáció genetikai felépítésében sem. A következő nemzedék genetikai szerkezetéért felelős, ténylegesen szaporodók száma („breeding size”), sokszor jóval kevesebb, mint egy meghatározott időben az adott populációt alkotóké. Az effektív populációméret definíciójához olyan „ideális” populációt kell feltételezni, amely kiegyenlített ivararányt mutat. Ez nevezhető a *tenyészcsoport effektív nagyságának*. EWENS (1972) meghatározása szerint az effektív populációméret, azoknak az egyedeknek az összessége, amelyek ténylegesen párosodnak és ezen keresztül hozzájárulnak a következő generáció genetikai szerkezetéhez. Az effektív populációméretet, az egyenetlen ivareloszlás és a beltenyésztettség csökkenti. Egy látszólag nagy populáció genetikai vonatkozásban alacsony effektív populációméretnél, egy jóval kisebb populáció átörökítő képességét, illetve variabilitását mutathatja fel (LI, 1962). A homogenitás növekedést, az effektív populációméret nagysága (ami a valós populációméretnél mindig kisebb) minden esetben befolyásolja.

A fent említett esetek (alapító hatás, palacknyak jelenség, Wahlund hatás, beltenyésztés, alacsony effektív populációméret) mindegyikében lecsökken az adott populáció, illetve szubpopuláció létszáma. A drift, azaz a sodródás genetikai kockázatot jelent, ugyanis a kis populációban az allélgyakoriságok nagymértékű ingadozása mellett, hamarabb bekövetkezik az allélfixálódás, illetve kiesés, ami *csökkent variabilitáshoz* vezet. Emellett, a genetikai sodródás, a szubpopulációkban tapasztalható allélfrekvencia ingadozás miatt, *genetikai differenciálódást* is okoz.

### 3.5. A genetikai változatosság meghatározása

A populációgenetikai vizsgálatok a genetikai variabilitás nagyságának meghatározására, illetve a további tenyésztés alapját képező variabilitás-megtartás mechanizmusának jellemzésére irányulnak.

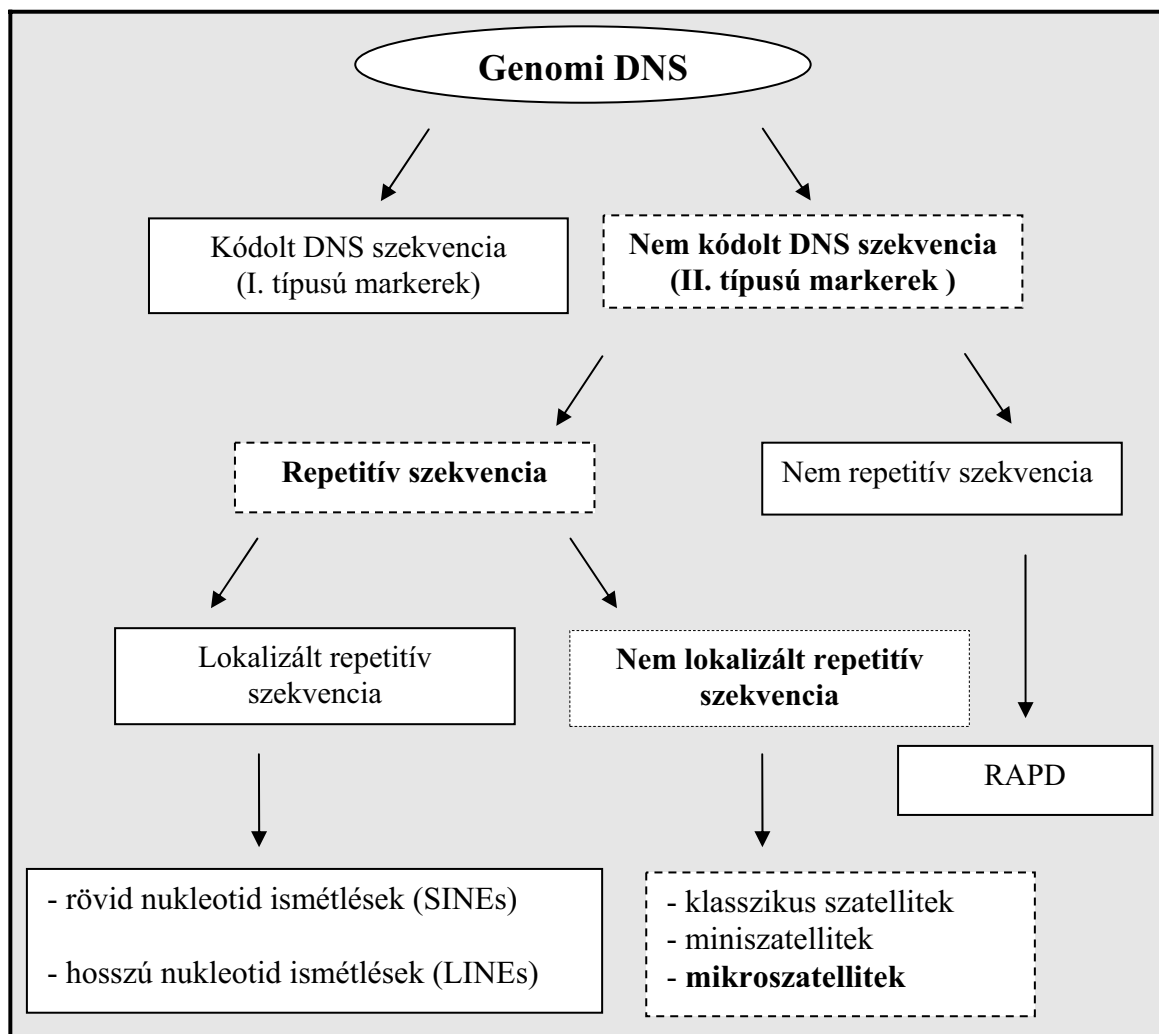
A genetikai variabilitás meghatározásának több lehetősége is van. Az eltérő morfológiai szerkezetek, mint amilyen a tolltípus, szín, testformák vagy a teljesítmény, a fenotípusos variabilitásban nyilvánulnak meg és különböző gének által irányítottak. Ezeknek az ismertetőjegyeknek a meghatározása, gyakran csak az egyed bizonyos fejlődési stádiumában lehetséges. A biokémiai és immunológiai elemzés megfelelő minőségű specifikus szövetanyagot követel meg, így a vizsgálat *in vivo* formában csak ritkán lehetséges. Ezek a korlátok áthidalhatók, ha a vizsgálatok közvetlenül a DNS-ből történnek (NEI, 1987). A molekuláris genetikai fejlődése lehetővé tette a genetikai változatosság vizsgálatát közvetlenül az örökítőanyagból. Ez azon alapszik, hogy minden egyes egyed genomja segítségével jellemezhető, ami a genom nagy variabilitásából ered. Nincs két olyan egyed (az egypetűjű ikreket kivéve) amelyeknek azonos lenne a genomja. A genomon belül kódolt és nem kódolt szakaszokat különböztetünk meg. A genom szekvencia szakaszainak csoportosítását a 7. ábra mutatja be.

A kódolt és nem kódolt genomi szakaszok variabilitásának a megismerésével létrejött a *genetikai markerek* fogalma, azaz a genomi DNS szakaszok „jelző” tulajdonságként való használata. (JEFFREYS és mtsai., 1985, WEBER és MAY, 1989).

Az ún. molekuláris genetikai markerek ismertetőjegye, hogy polimorfizmusuk molekuláris genetikai módszerekkel a DNS-ből közvetlenül vizsgálható (HARDGE, 1999). A biokémiai és immunológiai markerekkel szemben számos előnyük van. Elviekben minden szövetből, az egyed korától, nemétől, konzerválás módjától függetlenül mód van DNS izolálására. Genomon belüli eloszlásuknak, illetve a magasfokú polimorfizmusuknak köszönhetően (egy marker akkor számít polimorfznak, ha egy populáción belül minimum két allélje van, aminek a gyakorisága nincs 1% alatt (HARDGE, 1999)) egyre jobban előtérbe kerültek a populációgenetikai tanulmányokban (pl. HEDRICK és MILLER, 1992, RUSSEL és mtsai., 1993, VAN ZEVEREN és mtsai., 1995, MAGOULAS, 1998). A molekuláris genetikai markereket O'BRIEN (1991) két csoportra, I. és II. típusú markerekre osztotta (7. ábra). Az *I. típusú markerek*, maguk a gének, amik kódolt funkcióval rendelkeznek. A fehérjéket kódoló területeknek azonban alacsony a mutációs rátájuk, mert az életfontosságú fehérjék működésének a megőrzéséhez ez elengedhetetlen feltétel. Nagyobb variabilitása a *II. típusú markereknek* van (TAUTZ, 1989; LITT és LUTY, 1989; WEBER és MAY 1989), mivel ezek a nem kódolt részek az I. típusú markerekkel szemben magasfokú polimorfizmust mutatnak.

7. ábra

**Az eukarióta genom szekvencia szakaszainak csoportosítása, funkció, szerkezet és ismétlődési ráta alapján (WIMMERS, 1994)**



### 3.5.1. I. típusú markerek

Az I. típusú markereken belül az ún. **restrikciós hosszpolimorfizmusoknak** (Restriction Fragment Length Polymorphism - **RFLP**) - mint genetikai markereknek - van a legnagyobb jelentősége. Az 1980-as évek elején ezek voltak a leggyakrabban alkalmazott DNS markerek (BOTSTEIN, 1980). Az elemzés lényegében a következő lépésekből áll: meghatározott DNS szakaszok fragmentizálása specifikus, DNS-t bontó enzimek (*restrikciós endonukleáz*) segítségével, a létrejött fragmentek gél-elektroforetikus szétválasztása és hordozómembrán segítségével történő kimutatása. A

fragmentek optikailag egymástól nem eléggé differenciáltak, ezért radioaktív- vagy fluoreszcenz-festékekkel megjelölve UV-fény segítségével teszik őket láthatóvá. A markírozott fragmentek így hosszuknak megfelelően kiértékelhetők. Ezzel a technikával a *lokális DNS bázis szekvencia változások* (pl. deléción, duplikáción stb.) megállapíthatók. Ennek köszönhetően az RFLP-k, más módszerekkel kombinálva (pl. polimeráz láncreakción – PCR lásd 4.2.1.4. fejezet) öröklődési betegségek meghatározásánál használhatók. Gyakran a betegségért felelős mutálódott gén nem ismert. Ebben az esetben, az örökletes betegséget okozó génnel együtt öröklődő polimorfizmusok, mint indirekt markerek, kimutathatók (pl. ASMUSSEN és CLEGG, 1985). Erre az ismeretre alapozva kezdték el BOTSTEIN és mtsai (1980) a kapcsoltsági géntérképezést. BUMSTEAD és PALYGA (1992) 100 RFLP-ből álló kapcsoltsági térképet alakítottak ki a tyúknál előforduló Sallmonellózisra való fogékonyság és hajlam felismerésére.

### 3.5.2. II. típusú markerek

A molekuláris genetikai markerrendszer tulajdonképpen a nem kódolt DNS-szakaszok közötti különbségen alapszik. A II. típusú markerek közül **repetitív** (ismételt) és **nem repetitív** szekvenciájúakat különböztetünk meg.

A *nem repetitív szekvenciájú* genetikai markerek közül, a genetikai variabilitás vizsgálata szempontjából, a **RAPD** markereknek (Random Amplified Polymorphic DNA - **RAPD**) van jelentősége. A módszer WILLIAMS által 1990-ben került leírásra. A RAPD markerek amplifikálása PCR-rel (lásd 4.2.1.4. fejezet) történik. Primerként rövid oligonukleotidokat használnak (10-12 bp), amik a komplex genom egyes részein komplementer DNS szakaszokat képeznek (CHENG, 1997). A RAPD-PCR előnye az, hogy a polimorfizmusok akkor is kimutathatók, ha a szekvenciájuk nem ismert (HARDING és mtsai, 1997). Ezzel szemben nehéz az elemzés, automatizálás és ismétlés (MAGOULAS, 1998, WEIGEND, 1999).

Populációgenetikai vizsgálatok szempontjából több és megbízhatóbb információt szolgáltatnak a *repetitív szekvenciájú* DNS motívumok, amelyek genomon belüli eloszlásuk alapján lokalizáltak és nem lokalizáltak lehetnek.

A *lokalizált repetitív szekvencia motívumok* a nukleotid ismétlések alapján, a *rövid* (*SINEs* - short interspersed nucleotide elements - rövid nukleotid ismétlések) és *hosszú* (*LINEs* - long interspersed nucleotide elements - hosszú nukleotid ismétlések) *nukleotid ismétlésekre* oszthatók. A rövid nukleotid ismétlések (*SINEs*) néhány száz

bázispár megismételt egységei, míg a hosszú nukleotid ismétléseket (*LINEs*) több ezer bázispár alkotja (WIMMERS, 1994).

A genomi variabilitás vizsgálatában ***a nem lokalizált repetitív szekvencia motívumoknak*** van jelentősége, amelyeket szatellitként (LITT és LUTY, 1989) is emlegetnek. A motívumok hossza és száma alapján midi-, mini- és mikroszatelliteket különböztetünk meg (MARIAT és VERGNAUD, 1992).

A **midiszatellitek** 40 bázispárnyi, repetitív DNS-szakaszokból állnak, amelyek összhossza egymás után elhelyezkedve 250-500 bázispár hosszúságú lehet (GIACALONE és mtsai, 1992). Ezeknek a markereknek a használata populációgenetikai tanulmányokban nem jellemző.

A **miniszatellitek** ötnél több bázispárból álló repetitív DNS-szakaszok (BRUFORD és WAYNE, 1993). A különböző allél fragmenthosszúság alapján minden egyednek specifikus a mintája, emiatt ezt „**genetikai ujjlenyomat**”-nak is hívják (KNIPPEERS, 1992). Az eljárás során a genomi DNS-t restrikciós-enzim (restrikciós endonukleáz) segítségével feldarabolják. A hasítóenzim a DNS molekulát meghatározott bázisszekvenciáknál elvágja. A DNS töredékeket elektroforetikus elválasztják és a „Southern-blot” eljárással, egy megjelölt, kiegészítő (komplementer) miniszatellit DNS segítségével detektálják. (A Southern blot, olyan molekuláris genetikai módszer, amely az agaróz gél elektroforézis eredményességét specifikus DNS szakaszok megjelölésével növeli. Kitalálója, Edwin Southern után kapta nevét ([http://hu.wikipedia.org/w/index.php?title=Edwin\\_Southern&action=edit](http://hu.wikipedia.org/w/index.php?title=Edwin_Southern&action=edit) 2006.07.25.)). Az egyedek különböző fragmentmintázata adja az ún. DNS-ujjlenyomatot. Ennek megfelelően a miniszatellit vizsgálat lehetővé teszi két egyed között a rokonsági kapcsolat feltárását (KNIPPEERS, 1992). Ezek a szatellitek felhasználhatók a kriminalisztikában (GILL és VERETT, 1987), apasági teszteknel (JEFFREYS, 1987) rokonsági kapcsolatok vizsgálatánál (HILL és JEFFREYS, 1991) és populációgenetikai elemzéseknél (LEWONTIN, 1991, TAYLOR és mtsai, 1991 stb.).

A **mikroszatellitek** (MS), kettőtől ötig terjedő bázispárok (bp), megismételt egységeiből (repeats) állnak és a genomban elszórtan helyezkednek el (BUDURAM és mtsai., 2005, LITT és LUTY, 1989; TAUTZ és RENZ, 1984; WEBER és MAY 1989). Az alapmotívumok száma alapján megkülönböztetünk di-, tri-, tetra- és pentanukleotidokat. Az eddig vizsgált organizmusokban nagy számban fordulnak elő. Az *egész genomon belül szétoszlanak*, ezért a genom-karakterizálási vizsgálatokban nagyon hasznosak (SCHLÖTTERER, 1998). A mikroszatellitek *polimorfak*, ami azt

jelenti, hogy egy populációban, meghatározott génhelyen (lokusz) allélok egész sora azonosítható (DE WOODY és AVISE, 2000). A különböző allélok, a megismételt egységek eltérő számából jönnek létre (pl. (CA)<sub>15</sub>, (CA)<sub>17</sub>). A repetitív minta kedvez a mutációnak, ami az egyik oka a mikroszatellitek nagy polimorfizmusának. A mikroszatellitek mutációs rátáját  $10^{-4}$  és  $5 \times 10^{-6}$ -ra becsülik (EDWARDS és mtsai, 1992; DALLAS 1992, CRAIGHEAD és mtsai, 1995). A mutáció mechanizmusa régóta vitatott (LEVINSON és GUTMAN, 1987; RICHARDS és SUTHERLAND, 1994), csak a különböző hosszvarianciákat eredményező fő mechanizmus a biztos, ami a DNS replikáció során bekövetkező hiba eredménye. A mikrosatellit szekvenciában lokalizálódó specifikus primerekkel, a hosszpolimorfizmusok PCR (lásd 4.2.1.4. fejezet) segítségével amplifikálhatók. Az elektroforézist követően, a különböző hosszúságú DNS-fragmentek alapján, a különbség kimutatható. Több specifikus primerpárral egy PCR reakcióban (multiplex PCR) különböző mikrosatellit markerek amplifikálhatók. Ez a lokuszok elemzését munka-, idő- és költségtakarékosabbá teszi. A mikrosatellit markerek fluoreszcensz primerekkel történő amplifikációjánál a fragmentek lézertény segítségével meghatározhatók, pl. kapillaris elektroforézissel. Ezáltal a mikrosatellit elemzés automatizálható, magas próbaszám esetén is viszonylag gyorsan elvégezhető (ACHMANN és mtsai., 2000).

A mikrosatellitekkel történő vizsgálat hasonló adatokat eredményez, mint a miniszatellitekkel végezhető ujjlenyomat eljárás (BECKMANN és WEBER, 1992). Ezekkel az eredményekkel viszont sokkal könnyebben megbecsülhető a heterozigotitás és a lokuszonkénti allélszám. A miniszatelliteknél fellépő „multilokuszos” adatokkal ellentétben, a mikrosatelliteknél minden lokusz átlagos heterozigotitása relatíve egyszerű módszerrel megbecsülhető (STEPHENS és mtsai, 1992). A mikrosatellitek könnyen izolálhatók, ezért azonosításuk az eukarióta genomban viszonylag egyszerű (TAUTZ, 1989). A mikrosatellitek másik előnye a miniszatellitekkel szemben, a PCR (lásd 4.2.1.4. fejezet) alkalmazása, amivel a mikrosatellitek csekély allélhossza (kisebb, mint 1 kb) jobban kimutatható (BRUFORD és WAYNE 1993).

A mikrosatellit analízis tehát viszonylag könnyű molekuláris genetikai módszerek segítségével elvégezhető (WOODRUFF, 1993). Ehhez a vizsgálandó anyagnak csak minimális követelménynek kell eleget tennie. A vizsgálatokhoz kis mennyiségű vérből, szövetből, hajhagymából vagy nyálból izolált DNS szükséges (BRUFORD és WAYNE., 1993). Az egyszerű alkalmazásnak köszönhető, hogy a mikrosatellitek az utóbbi években a korábban használt genetikai módszerek szerepét

(pl. vércsoport- és biokémiai markerek) számos felhasználási területen átvették. Számptalan genetikai tanulmánynál felhasználásra kerülnek, a származásellenőrzéstől kezdve, a filogenetikai tanulmányok és genom térképezésen át a populációgenetikáig (BRUFORD és WAYNE, 1993; QUELLER és mtsai., 1993). A mikroszatellitek egyaránt alkalmasak fajták közötti rokonsági vizsgálatokra, mint a fajtán belüli genetikai sokszínűség meghatározására (BUCHANAN és mtsai., 1994; HAGELBERG és mtsai., 1991; MORIN és mtsai., 1993; MAC HUCK és mtsai., 1998; ARRANZ és mtsai., 1998; SAITBEKOVA és mtsai., 1999; DIEZ-TASCÓN és mtsai., 2000; CAÑON és mtsai., 2000; PETER, 2005; VÖLKER, 2005 stb.).

### **3.5. A különböző genetikai markerek összehasonlítása**

Az egyes molekuláris genetikai markerek adott vizsgálathoz történő kiválasztását a későbbi munkálatok tükrében és az adott genetikai marker tulajdonságainak ismeretében kell végrehajtani. A markerek tulajdonságainak összehasonlítását az *I. táblázat* mutatja be.

A PCR technika (lásd 4.2.1.4. fejezet) kifejlesztése előtt, a kiválasztott markerek közül az RFLP-k és a miniszatellitek álltak rendelkezésre a molekuláris genetikai vizsgálatokhoz a genomkarakterizálás, populációgenetika, származásellenőrzés területén. Mindkét módszerhez nagy mennyiségű DNS-re van szükség kiindulási anyagként, így munka-, idő-, és költségigényük a PCR technikára alapozott módszerekkel (mikroszatellitek, PCR-RFLP) szemben jóval nagyobb. (CRAWFORD és mtsai., 1991, WIMMERS, 1994).

Az RFLP-k és miniszatellitek között a lényeges különbség a vizsgált lokuszok számában, illetve az eredményektől elvárható információtartalomban van. Az RFLP markereknek alacsony a polimorfizmusa, így kevesebb információt szolgáltatnak, mint a miniszatellitek (CHENG, 1997). A genomon belüli eloszlásuknak köszönhetően mégis kedveltek (főleg baromfínál) a genomkarakterizálási vizsgálatokban (WEBER, 1990, TIXIER-BOICHARD, 1993).

Csekély labortechnikai munkával végezhető genetikai variancia vizsgálatára csak a PCR technika (lásd 4.2.1.4. fejezet) kifejlesztésével nyílt mód. A miniszatellitekkel szemben ezekhez a vizsgálatokhoz, a mintának jóval kevesebb követelménynek kellett eleget tennie.

*1. táblázat*

**A populációgenetikai elemzéseknél rendszerint használt  
molekuláris genetikai markerek tulajdonságainak összehasonlítása (baromfi)**

	<b>RFLP</b>	<b>Miniszatellit</b>	<b>Mikroszatellit</b>	<b>RAPD</b>
<b>Marker típusa<sup>1</sup></b>	I. és II.	II.	II.	II.
<b>Genomon belül becsült száma<sup>2</sup></b>	>100.000	ismeretlen	>10.000	>100.000
<b>Szekvencia elemzésnek van/nincs feltétele<sup>2</sup></b>	van	nincs	van	nincs
<b>Allélszám lokuszonként<sup>2</sup></b>	2	2	2-10 <sup>1(-50<sup>5</sup>)</sup>	2
<b>Információtartalom<sup>3</sup></b>	alacsony	magas	nagyon magas	alacsony
<b>Elemzés sebessége<sup>2</sup></b>	lassú	lassú	gyors	gyors
<b>Eredmények megismételhetősége<sup>4</sup></b>	egyszerű	nehézkés	egyszerű	nehézkés

<sup>1</sup> = O'BRIEN, 1991; <sup>2</sup> = DODGSON mtsai, 1997; <sup>3</sup> = WEBER, 1990, WIMMERS; 1994 <sup>4</sup> = MAGOULAS, 1998, WEIGEND, 1999

A PCR-en alapuló technikák (mikroszatellitek, RAPD, PCR-RFLP) között az információtartalomban, lokuszok allélszámának kimutathatóságában, az eredmények reprodukálhatóságában van különbség.

A mikroszatellitek magas variabilitást mutatnak, ezáltal nagy információ tartalmú markereknek számítanak. Emellett a vizsgálat kétszer gyorsabban elvégezhető mikroszatellitekkel, mint az RFLP-vel. A RAPD-markerek mellett szól, hogy a mikroszatellitekkel szemben nem szükséges a primerszekvencia ismerete, ami a mikroszatelliteknel nélkülözhetetlen az azonosításhoz, szekvenciáláshoz, illetve polimorfizmus detektáláshoz (CHENG, 1997). A RAPD-al végzett vizsgálatokkal szemben, a mikroszatellitekkel különbséget lehet tenni a heterozigóta és homozigóta egyedek között (WEBER, 1990; PLOTSKY mtsai, 1995; CHENG, 1997; MAGOULAS, 1998).

Nem lebecsülendő az sem, hogyha az adott fajban nem áll rendelkezésre mikroszatellit, akkor rokon fajok között a mikroszatellit markerek adaptálására is lehetőség nyílik (pl. tyúk → pulyka: LEVIN és mtsai, 1995; tyúk → fácán: PANG és mtsai, 1999; szarvasmarha → juh: CRAWFORD és mtsai, 1995; szarvasmarha és juh → kecske: YANG és mtsai, 1999; szarvasmarha → bölény: MOMMENS és mtsai, 1998; ló → szamár: JORDANA és mtsai, 1999), ami ismét a mikroszatellitek mellett szól.

A mikroszatellitek számos kedvező tulajdonságuknak köszönhetően (magas polimorfizmus, genomon belüli egyenletes eloszlás, csekély laborszükséglet) a genomkarakterizálásban, rokonsági és populáció vizsgálatokban, a mezőgazdasági háziállatoknál, főleg a baromfityenyésztés területen nagyon kedveltek (JARNE és LAGODA, 1996; CHENG, 1997; DODGSON és mtsai., 1997; PRIMMER, 1997).

### **3.7. Molekuláris genetikai markerek felhasználása a baromfityenyésztés területén**

A 2. táblázat a molekuláris genetikai markerek különböző felhasználását mutatja be a baromfityenyésztés területén.

## Molekuláris genetikai markerek a baromfitenyésztésben

	RFLP	Miniszatellitek	Mikroszatellitek	RAPD
<b>1. Genomkarakterizálás</b>	X	X	<b>X</b>	X
<b>2. Származásellenőrzés/ Genetikai variabilitás mérés</b>		X	<b>X</b>	
- populáción belül (beltenyésztettség mérése)	X	X	<b>X</b>	
- populációk között	X	X	<b>X</b>	X
<b>3. Genetikai távolságbecslés</b>			<b>X</b>	X

## 3.7.1. Egyedazonosítás és származásellenőrzés

Egy állat származásának az ismerete az állattenyésztésben alapvető fontosságú. A tenyésztéérték, ezáltal a forgalmi érték meghatározása nagyon lényeges. Abban az esetben, ha a származás nem ismeretes, nem állapítható meg az utódok öröklött tulajdonságaiban a szülők befolyása, s így a fajta genetikai előrehaladásának meghatározása is akadályokba ütközik. (GELDMANN és mtsai, 1986; ISRAEL és WELLER. 2000). A molekuláris genetikai származásellenőrzés eredményei alapján, tulajdonképpen lehetőség nyílik a beltenyésztés elkerülésére is, ezért ezzel kapcsolatos vizsgálat már számos állatfaj esetében készült (szarvasmarha: HUSSEIN és mtsai., 1996, ALHUSSEIN és MATTHES, 2000, juh: CRAWFORD és mtsai., 1991, ló: DUNNER és mtsai, 1998, CAÑON és mtsai., 2000, szamár: JORDANA és mtsai., 1999, mézelő méh: NEUMANN és mtsai., 1999, kutya: ZAJC és mtsai., 1994, KOSKINEN és BREDBACKA, 1999 stb.).

A baromfitenyésztés területén egy egyed származásának az azonosítása, származásának az ellenőrzése napjainkban mini- és mikroszatellitokkal történik. A markerek variabilitása alapján a valószínűsége, hogy két rokon egyednek azonos a genotípusa miniszatellitokkal  $10^{-9}$ - $10^{-17}$  vagy  $10^{-18}$  (HILLEL és mtsai, 1989; WIMMERS, 1994) mikroszatellitokkal (5 lokusz vizsgálata alapján)  $6 \times 10^{-7}$  (BRUFORD és mtsai 1993). A baromfinál mindkét módszer alkalmazása elterjedt az egyedazonosítási vizsgálatokban (miniszatellitek: HABERFELD és mtsai., 1991, HILLEL és mtsai., 1993, DUNNINGTON és mtsai., 1994, PONSUKSILI és mtsai.,

1996; mikroszatellitek: TAKAHASHI és mtsai., 1998, PONSUKSILI és mtsai., 1996, 1999, VANHALA és mtsai., 1998.).

### 3.7.2. Populációgenetikai tanulmányok

Különböző baromfivonalak és populációk jellemzésére (karakterizálására) az RFLP-k (SOURDIOUX és mtsai. 1996, ZHU és mtsai., 1996c), a miniszatellitek (KUHNLEIN és mtsai., 1989, WIMMERS, 1994, TIXIER-BOICHARD és mtsai, 1996, ZHU és mtsai., 1996b, PONSUKSILI és mtsai., 1998) és a mikroszatellitek (TAKAHASHI és mtsai., 1998, KAISER és mtsai., 2000, WIMMERS és mtsai., 2000) a legalkalmasabbak. Tyúk, kacs, pulyka fajok esetében, vonalon illetve populáción belül szoros rokonsági kapcsolatot RFLP-vel (BUMSTEAD és mtsai., 1987 stb.), miniszatellittel (HILLEL és mtsai., 1989, KUHNLEIN és mtsai., 1989, GRUNDER és mtsai., 1994, PLOTSKY és mtsai., 1995, ZHU és mtsai., 1996a, DUNNINGTON és mtsai., 1994, YE és mtsai, 1998, stb.), illetve mikroszatellittel (ZHOU és LAMONT, 1999, PONSUKSILI és mtsai (1999), VAN DUYSE és mtsai., 1999, TAKAHASHI és mtsai., 1998, VANHALA és mtsai., 1998, WIMMERS és mtsai., 2000) vizsgáltak.

RAPD markerekkel is végezhető populációgenetikai vizsgálat (pl. ZHANG és mtsai., 1995), bár a mikroszatellitekhez képest alacsony polimorfizmusuk miatt jóval kevesebb információt szolgáltatnak, ami az eredmények megbízhatóságát megkérdőjelezi. Ennek ellenére, a korlátozottan rendelkezésre álló baromfi-mikroszatellitek miatt, számos vizsgálat készül(t) RAPD markerekkel. A Kisállattenyésztési és Takarmányozási Kutatóintézet 1998-ban (2006-tól az Intézet integráltan működik) kezdte a réghonosult baromfiállományok DNS markereinek a felkutatását, illetve a génbanki állományok vizsgálatát az OMMI megbízásából. A programon belül több állományt (tyúk, pulyka, lúd, gyöngytyúk stb.) vizsgáltak RAPD-markerek segítségével. (HIDAS és mtsai., 1998, 2000, 2002 a., 2002 b.).

A mikroszatellitekkel végzett számos tanulmány közül csak néhányat ragadnék ki példának. Az egyik legátfogóbb, populációgenetikai vizsgálat 2000-ben, az AVIANDIV elnevezésű EU program keretén belül történt. 52 különböző tyúkpulációt 22 mikroszatellit segítségével vizsgáltak, a heterozigotitást 11-66% közöttinek találták (HILLEL és mtsai., 2003).

A DE-ATC Állattenyésztés- és Takarmányozástani Tanszéken, a Biotechnológiai Kutató Intézettel együttműködve, is készült hasonló tanulmány 2002-

ben. A vizsgálat során a Tanszék tulajdonában lévő bronz- és vadpulyka populációkat vizsgálták tyúkból adaptált, nyolc mikroszatellit segítségével. 16,5% volt a bronzpulyka, 40% a vadpulyka populáció heterozigotitása (NAGY, 2002).

### **3.8. Mikroszatellitek a vízimadaraknál**

Vízimadarakkal kapcsolatos tanulmányok más állatfajokhoz képest korlátozott számban készültek. MAAK és mtsai (2003) pekingi kacsá populációt vizsgáltak, **18 általuk izolált mikroszatellittel**. Ugyanebben az évben PAULUS és TIEDEMANN (2003) **10 mikroszatellittel** végeztek populációgenetikai elemzést a pehely récén, amelyet TIEDEMANN és mtsai (2004) is tanulmányoztak adaptált mikroszatellitekkel. DENK és mtsai (2004) mulard kacsá populációt vizsgáltak **hét** saját maguk által meghatározott mikroszatellittel.

Lúdmikroszatellitek azonosításával legelőször BUCHHOLZ és mtsai foglalkoztak 1998-ban. Tizenegy kanadai lúd mikroszatellitét sikerült jellemezniük a vizsgálat során, amiből hét bizonyult polimorfnek.

Lúdpopulációk genetikai szerkezetét 1998-ban CATHEY és munkatársai is tanulmányozták. Egy kanadai lúdcsapat 460 egyedének genetikai variabilitását öt mikroszatellit segítségével jellemezték. Az öt felhasznált polimorf mikroszatellit (a mikroszatellitek allélszáma 7-24 között alakult) ők maguk izolálták és karakterizálták a vizsgált fajtaból. A heterozigotitás 34 – 78% között alakult.

A BUCHHOLZ és CATHEY munkacsoportjai (1998) által leírt mikroszatellitek felhasználásával KIM és mtsai 2003-ban átfogó populációgenetikai elemzést végeztek kanadai lúdon.

A Bécsi Állatorvosi Egyetem munkatársai évek óta foglalkoznak nyári lúd mikroszatellitek azonosításával (saját forrás).

A rendelkezésre álló korlátozott mikrosatelliteszámnak köszönhetően több mikroszatellit adaptálással kapcsolatos tanulmány készült. GUAY és MULDER (2005), sikeresen adaptáltak pézsma kacsá mikroszatelliteket többek között a nyári lúdba. Ugyanebben az évben tizenhatból tizennégy tőkés réce mikroszatellitét azonosítottak HUANG és mtsai (2005) a nyári lúdban.

**Mikroszatellitekkel végzett populációgenetikai vizsgálatot domesztikált lúdon eddig sehol nem készítettek, ez az első ilyen jellegű tanulmány.**

## 4. Saját vizsgálatok
















### 4.1. Anyag

#### 4.1.1. A vizsgált populációk

A vizsgálathoz összesen tizennégy, különböző helyről származó, egymással genetikai kapcsolatban nem álló lúdcsoport, 329 lúdjából vettünk vérmintát. A 3. táblázat a populációk nevét, fenotípusos jellegét (tolltípus, szín), mintaszámát és származását tartalmazza. A 8. ábra egy térképet mutat be a populációk származási helyéről.

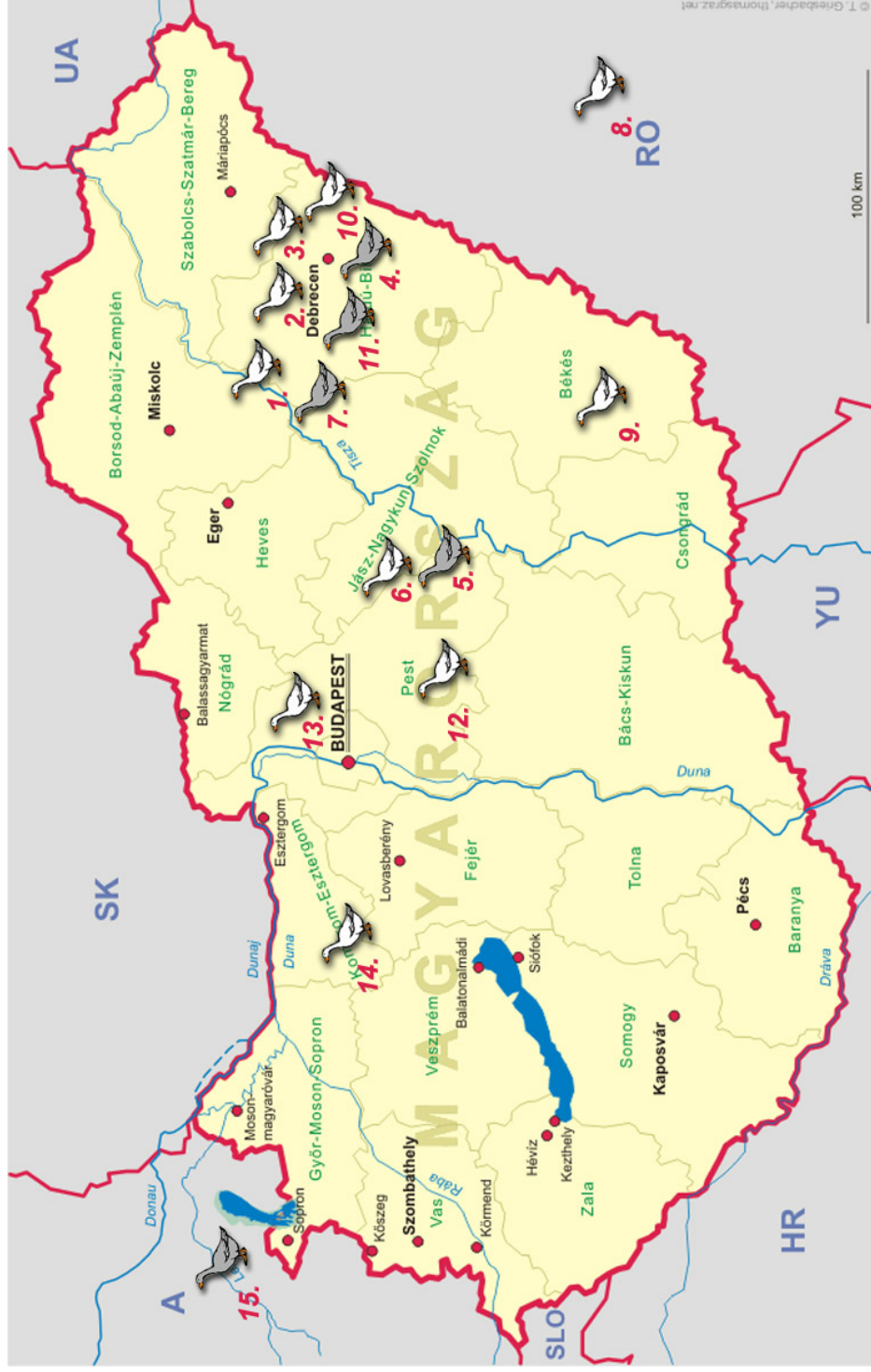
3. táblázat

A vizsgált populációk

	Állomány	Tolltípus	Szín		n	Származás
1.	Fodros1	fodros	Fehér		64	Hortobágy
2.	Fodros2	fodros	Fehér		24	Debrecen-Kismacs
3.	Fodros3	fodros	Fehér		7	Debrecen-Kismacs
4.	Fodros4	fodros	Tarka		10	Debrecen-Kismacs
5.	Fodros5	fodros	Szürke		12	Tápiógyörgye
6.	Fodros6	fodros	Fehér		11	Tápiógyörgye
7.	Fodros7	fodros	Szürke		6	Hortobágy
8.	Fodros8	fodros	Fehér		7	Erdély (Románia)
9.	Orosházi	sima	Fehér		8	Orosháza
10.	Orosházi x fodros	sima	Fehér		21	Debrecen-Kismacs
11.	Parlagi	sima	Tarka		9	Debrecen-Józsa
12.	Babati1	sima	Fehér		64	Nyáregyháza
13.	Babati2	sima	Fehér		23	Gödöllő
14.	Emdeni	sima	Fehér		63	Kisbér
15.	Nyári lúd	sima	Szürke		21	Bécs (Ausztria)

8. ábra

### Az állományok származási helyei



1.= fodros1, 2. = fodros2, 3. = fodros3, 4. = fodros4, 5. = fodros5, 6. = fodros6, 7. = fodros7, 8. = fodros8, 9. = orosházi, 10. = orosházi x fodros, 11. = parlagi, 12. = babati1, 13. = babati2, 14. = emdeni, 15. = nyári lúd

A vérvétel a Debreceni Egyetem ATC MTK Állattenyésztés- és Takarmányozástani Tanszékének az irányításával történt. Az állományok Magyarország és Erdély (Románia) területéről származtak. Kontrollként, egy emdeni lúd illetve egy nyári lúd populációt használtunk. Az utóbbi megtisztított DNS mintáit a Bécsi Állatorvosi Egyetem bocsátotta rendelkezésre.

### **Fodros1**

Az állomány a Debreceni Egyetem ATC-MTK Állattenyésztés- és Takarmányozástani Tanszékének tulajdonában van. Az állatok 2004-ben Hortobágyra kerültek magántenyésztő gondozásába. A ludak színe fehér, a fodrosság gyakran nem kifejezett. Rendelkezésre álló mintaszám: 64, a vérvétel időpontja: 2005 nyara.

### **Fodros2**

A fodros2 állomány a Debreceni Egyetem ATC-MTK Állattenyésztés- és Takarmányozástani Tanszékének Kísérleti Telepéről származott. Az előbbivel rokoni kapcsolatban nem állt, legalábbis nem volt ismert. Színe fehér, tolltípusa fodros. A rendelkezésre álló mintaszám: 24, vérvétel időpontja: 2002.

### **Fodros3**

Fehér színű, fodrostollú lúdcsoport. Az előzőekkel azonos tulajdonosú, de azokkal rokonságban nem álló, külön tenyésztett mikropopuláció. A rendelkezésre álló mintaszám 7, a vérvétel időpontja: 2002.

### **Fodros4**

Tarka színű, fodros tollazatú állomány. Az előzőekhez hasonlóan tanszéki tulajdon, a felsorolt három minta egyedeivel nem áll rokonságban. Rendelkezésre álló mintaszám: 10, a vérvétel időpontja: 2002.

### **Fodros5**

A lúdcsapat tápiógyörgyei magántenyésztő tulajdona. Az állományt a tenyésztő Erdélyből szerezte be. Közelebbi származási helye nem ismert, legalábbis a Tanszék számára nem volt publikus. Színe szürke, tolltípusa fodros. A rendelkezésre álló mintaszám: 12, a vérvétel időpontja 2002 ősz.

### **Fodros6**

A fodros6 állomány ugyancsak a tápiógyörgyei tenyésztő tulajdona. Színe fehér, tolltípusa fodros. A fehér tollszínű (fodros6) és a szürke tollszínű (fodros5) libákat a tenyésztő külön telepen tartotta. A rendelkezésre álló mintaszám: 11, a vérvétel időpontja: 2002 ősz.

### **Fodros7**

A szürke, fodrostollú ludakból álló csapatot Hortobágyon a fehér fodros1 populáció mellett, elzárta tartották. Ez a csapat korábban a KÁTKI tulajdonában volt. Vásárlás útján került akkori tartójához. Rendelkezésre álló mintaszám: 6, a vérvétel időpontja: 2005 nyara.

### **Fodros8**

Fehér színű, fodrostollú lúdcsoport. Erdély területéről Dunka Béla gyűjtötte az 1990-es évek második felében. Közelebbi származási helye nem ismert. A rendelkezésre álló próbaszám: 7, a vérvétel időpontja: 2002.

### **Orosházi**

A fehér színű, simatollú állomány Orosháza-Székkutas tanyavilágából származott. Korábbi tulajdonosa, Dókó Mihály elmondása szerint, az 1920-as évektől kezdve idegen állománnyal nem találkozott. Valójában beltenyésztéssel, természetes keltetéssel tartották fenn.

Feltehetően a magyar lúd alföldi változatának tájfajtája. Irodalmi adatok alapján az orosházi tájfajta nemesítésében az emdeni lúd játszott szerepet az 1800-as évek végén (BOGENFÜRST, 2000). Rendelkezésre álló próbaszám 8, a vérvétel időpontja: 2002.

### **Orosházi x fodros**

Az orosházi és fodros2 keresztezéséből származó állomány a Debreceni Egyetem ATC-MTK Állattenyésztés- és Takarmányozástani Tanszékének Kísérleti Telepéről származott. Rendelkezésre álló mintaszám 21, a vérvétel időpontja: 2002.

### **Parlagi**

Az állomány debrecen-józsai magántenyésztő tulajdona. A tulajdonos elmondása szerint, az állomány 1910 óta zártan tenyésztett. Immigráció az állományba soha nem történt. A valaha nagy egyedszámú lúdállomány létszáma mára, kilenc egyedre csökkent. Rendelkezésre álló mintaszám: 9, a vérvétel időpontja: 2005 nyara.

### **Babati1**

Az 1960-as évek elején összegyűjtött - akkor kétséget kizáróan magyar lúdnak vallott - állományt beltenyésztésben tartották, de teljesítményre erőteljesen szelektálták a Gödöllői Agrártudományi Egyetem Babati Lúdnemesítő Állomásán. A babati májhibrid egyik vonalát képezte. Gazdasági okok miatt, az utóbbi időben tulajdonváltásra került sor. A vérvétel Nyáregyházán történt. Fehér, sima tollazatú. Rendelkezésre álló mintaszám 64, a vérvétel időpontja 2005 nyara.

### **Babati2**

A Gödöllői Agrártudományi Egyetem Babati Lúdnemesítő Állomás tulajdonát képező állomány, szintén a fentebb említett (babati1) nemesítési programban vett részt. Összegyűjtése idején, származási helyében eltért az előzőtől. A vérvétel időpontjában, 2002-ben, Babaton volt található. Rendelkezésre álló mintaszám 23.

## **Emdeni**

Az emdeni populáció egy kisbéri telepről származott. Tollazata fehér, sima. Rendelkezésre álló mintaszám: 64, a vérvétel időpontja: 2005 nyara.

## **Nyári lúd (kontroll)**

Kontrollként egy nyári lúd populációt használtunk. A nyári lúd a házi lúd őse. A populáció Ausztriából származott. A 21 egyedből álló populáció mintáit DNS formájában a Bécsi Állatorvosi Egyetem bocsátotta rendelkezésünkre.

### **4.1.2. Felhasznált mikroszatellitek**

Bár a mikroszatellitek felkutatása számos domesztikált és vadon élő állatfajban előrehaladott, a különböző vízimadár fajokra vonatkozóan, csak néhány mikrosatellit marker áll rendelkezésre (SLATE és mtsai 1998, MAAK és mtsai 2000). Így, a mikroszatellitek kiválasztásánál a legnagyobb gondot a vízimadaraknál rendelkezésre álló korlátozott mikrosatelliteszám okozta.

Domesztikált lúdban nem találtunk korábban izolált és jellemzett mikrosatelliteket. A genetikai elemzést más fajokból származó mikrosatellitekkel végeztük. Így vizsgáltuk a különböző vízimadár mikrosatellitek lúdba történő adaptálhatóságát is.

A vizsgálatban összesen 23 mikrosatellitot próbáltunk a domesztikált lúd fajtákban azonosítani. A kiválasztott fajokat a *9-11. ábrák* mutatják be.

*Tíz mikroszatellit a pehely récéből (Somateria mollissima, 9. ábra) származott. A mikroszatelliteket PAULUS és munkatársai 2003-ban izolálták és karakterizálták.*

*9. ábra*

**Pehely réce (Somateria mollissima; fotó: Josef Hlasek)**



*Öt mikroszatellit MAAK és munkatársai által került leírásra, szintén 2003-ban a tőkés récéből (Anas platyrhynchos, 10. ábra).*

*10 ábra*

**Tőkés réce (Anas platyrhynchos; fotó: Josef Hlasek)**



*Nyolc mikroszatellit* a kanadai lúdból adaptáltunk (*Branta canadensis*, 11. ábra). A nyolc mikroszatellit izolálását két egymástól különálló kutatócsoport végezte 1998-ban (CATHEY és mtsai., 1998, BUCHHOLZ és mtsai., 1998).

11. ábra

**Kanadai lúd (*Branta canadensis*; fotó: *Lubomir Hlasek*)**



A felhasznált mikroszatellit primerpárok szekvenciasorrendje és származása a 4. táblázatban található.

4. táblázat

A felhasznált mikroszatellit markerek primerszekvenciája

No.	Név	Szekvencia	Származása	Referencia
1.	Smo1_f	CTTAAGGTAATTGTGCTTTATA	Kacsa	PAULUS és mtsai., (2003)
	Smo1_r	TGGTCAAAGGGTGTTCAGAA	(Somateria mollissima)	
2.	Smo4_f	ACTTCCACAGCCTCTTTCACAA	Kacsa	PAULUS és mtsai., (2003)
	Smo4_r	GACAGTGTTTGTCAATGGATTT	(Somateria mollissima)	
3.	Smo6_f	GGGGTGGGAAAGAAGCAGTTTAG	Kacsa	PAULUS és mtsai., (2003)
	Smo6_r	TCCTGGGACTTTGAAAGTGGCTC	(Somateria mollissima)	
4.	Smo7_f	TTTTACCCAGTTCACTTCAGCC	Kacsa	PAULUS és mtsai., (2003)
	Smo7_r	GATTCAAATTTGCCCGCAGGATTA	(Somateria mollissima)	
5.	Smo8_f	TGCCCTATAGGATGTCACTCTTC	Kacsa	PAULUS és mtsai., (2003)
	Smo8_r	AAAATACTATGCTCGTTTCAAAA	(Somateria mollissima)	
6.	Smo9_f	TTTGGAGTTTGGAGTTCGTGGGG	Kacsa	PAULUS és mtsai., (2003)
	Smo9_r	ATTTCCCTGCAAAACTTACGGCA	(Somateria mollissima)	
7.	Smo10_f	TCCTAGCGACAGCAATTCTAATG	Kacsa	PAULUS és mtsai., (2003)
	Smo10_r	CATTGTTCAATTGTTTCTTCTTCA	(Somateria mollissima)	
8.	Smo11_f	AAATCAACCAAAGAGGCATAGCC	Kacsa	PAULUS és mtsai., (2003)
	Smo11_r	GCAGTTGTTTGGAGGACAGACA	(Somateria mollissima)	

4. táblázat (folytatás)

A felhasznált mikroszatellit markerek primerszekvenciája

No.	Név	Szekvencia	Származása	Referencia
9.	Smo12_f	CCTGGTGGGATAGGTTTAAAATG	Kacsa	PAULUS és mtsai., (2003)
	Smo12_r	TGTTTCATCAAAAAGCAGAGAGGGG	(Somateria mollissima)	
10.	Smo13_f	ACCATCTTCCCTTTCCCTCCCAACC	Kacsa	PAULUS és mtsai., (2003)
	Smo13_r	GGGCTTGAGGCATACACTCCCTA	(Somateria mollissima)	
11.	APH02_f	GTC GTC AGC CAG GGG TTT GAG	Kacsa	MAAK és mtsai., (2003)
	APH02_r	CAC ACG CGC AGC AGA GGA	(Anas platyrhynchos)	
12.	APH08_f	TGT GTG TGC ATC TGG GTG TGT	Kacsa	MAAK és mtsai., (2003)
	APH08_r	AAA GCC CTG TGA AGC GAG CTA	(Anas platyrhynchos)	
13.	APH12_f	GCT TGT AGA CTT CAG AGT TC	Kacsa	MAAK és mtsai., (2003)
	APH12_r	TTA GTA GCA TGT CAG GTT TAT T	(Anas platyrhynchos)	
14.	APH13_f	CAA TGA TCT CAC TCC CAA TAG	Kacsa	MAAK és mtsai., (2003)
	APH13_r	CAA CGA GTG ACA ATG ATA AAA	(Anas platyrhynchos)	
15.	APH16_f	AAA TAT AGA CTT TTG TCCT GAA	Kacsa	MAAK és mtsai., (2003)
	APH16_r	CCT TCT GAA CCT TCG TAG	(Anas platyrhynchos)	

4. táblázat (folytatás)

A felhasznált mikroszatellit markerek primerszekvenciája

No.	Név	Szekvencia	Származása	Referencia
16.	TTUG1_f	GTGTCTACACAACAGC	Lúd (Branta canadensis)	CATHEY és mtsai., (1998)
	TTUG1_r	CCCTGCTGGTATACCTGA		
17.	TTUG2_f	TCACTCTGAGCTGCTACAACA	Lúd (Branta canadensis)	CATHEY és mtsai., (1998)
	TTUG2_r	GAGAGCGTTACTCAGCAAA		
18.	TTUG3_f	GCACATGATGCATGTGCTG	Lúd (Branta canadensis)	CATHEY és mtsai., (1998)
	TTUG3_r	GAGGTGGAATCCAACCTG		
19.	TTUG4_f	CTAGAACTAGTGGATCTCTC	Lúd (Branta canadensis)	CATHEY és mtsai., (1998)
	TTUG4_r	GGTGTACTCTGCTGAGTGTC		
20.	TTUG5_f	CACCTTCCCTTACCTATCTTG	Lúd (Branta canadensis)	CATHEY és mtsai., (1998)
	TTUG5_r	GGGTGTTTTCCAACTCAG		
21.	Beaμ 1_f	TGCTTTTTACCCCCCAGTGTCT	Lúd (Branta canadensis)	BUCHHOLZ és mtsai., (1998)
	Beaμ 1_r	AGAACTCTGCTATATTATTTCCAGCTC		
22.	Beaμ 3_f	ATACCAACACAGCCACCCACAT	Lúd (Branta canadensis)	BUCHHOLZ és mtsai., (1998)
	Beaμ 3_r	CCTTCCTGTCCCTTCCAAAATTCTT		
23.	Beaμ 9_f	CCCAGTTCCTCTCATCTCCTT	Lúd (Branta canadensis)	BUCHHOLZ és mtsai., (1998)
	Beaμ 9_r	AAACAGGGAGGTGAAAAGTGCTT		

#### 4.1.3. Felhasznált vegyszerek, gépek, segédeszközök, enzimek és szoftverek

A legfontosabb felhasznált vegyszerek nevét az 5. táblázat tartalmazza. A 6. táblázatban a munka során alkalmazott műszereket, a 7. táblázatban a nélkülözhetetlen segédeszközöket, a 8. táblázatban a szükséges enzimeket és primereket, a 9. táblázatban pedig az értékeléshez igénybe vett szoftverprogramokat és forgalmazójukat tüntettem fel.

##### 5. táblázat

#### A felhasznált vegyszerek és forgalmazójuk

Termék	Forgalmazó
Agaróz	Sigma
Ammónium-acetát	Merck
Bórsav	Roth
Brómfenolkék	Sigma
Diklormetán (Kloroform)	Roth
dNTP	Fermentas
EDTA	Sigma
Etanol	Austria Hefe AG
Etidiumbromid	Sigma
GeneScan™– 500 ROX™ Size Standard	Applied Biosystems
Hi-Di™ Formamid	Applied Biosystems
Hidrogén-klorid	Merck
HPLC –víz	Fluka
Izopropanol	Roth
Kálium-klorid	Merck
Magnézium-klorid	Fluka
Nátrium-klorid	Merck
Polymer 3100 POP-6™	Applied Biosystems
SDS	Fluka
TRIS	Roth
Triton X-100 (ZTB)	Sigma

6. táblázat

**A használt műszerek és forgalmazójuk**

<b>Műszer</b>	<b>Forgalmazó</b>
Elektroforézis-kamra, horizontális, hosszú	Biorad
Genetic Analyser 3100, ABI Prisma™	Applied Biosystems
Multipipetta 0,2-10 µl	Biozyn
PCR	Eppendorf
Pipetták 1000, 200, 20, 10 –l	Gilson
Termomixer (rázóinkubátor)	Eppendorf
Asztali centrifuga	Heraeus
Vákuum szárítócentrifuga	Eppendorf (Concentrator 5301)
Vízfürdő	Grant

7. táblázat

**A nélkülözhetetlen segédeszközök és forgalmazójuk**

<b>Termék</b>	<b>Forgalmazó</b>
Fedőfólia	Greiner Bio-One GmbH
Láncetető	Startedt GmbH
Eppendorf cső	Greiner Bio-One GmbH
Genetic Analyser tálca, Septa 384-Well	Applied Biosystems
Kesztyű	Health Line
Pipettahegyek filter tip 200, 100, 20, 10–l	Greiner Bio-One GmbH
Reakciócső tetővel	Greiner Bio-One GmbH
96 Well Multiply® – PCR tálca	Startedt GmbH

## 8. táblázat

### A szükséges primerek, enzimek és forgalmazójuk

Termék	Forgalmazó
MS-primerek	VBC-Genomics
Proteináz K	Fermentas
Taq-DNA-Polimeráz	Fermentas

## 9. táblázat

### Az értékelésnél igénybe vett szoftverek és forgalmazójuk, illetve elérhetőségük

Szoftver	Forgalmazó/elérhetőség
Genepop	<a href="http://wbiomed.curtin.edu.au/genepop/">http://wbiomed.curtin.edu.au/genepop/</a>
GeneScan <sup>®</sup> 2.1.	Applied Biosystems
Genotyper <sup>®</sup> 2.1.	Applied Biosystems
Microsoft <sup>®</sup> Excel	Microsoft
MSA4.00	<a href="http://i122server.vu-wien.ac.at/MSA/info.html/MSA_info.html">http://i122server.vu-wien.ac.at/MSA/info.html/MSA_info.html</a>
Phylip	<a href="http://evolution.genetics.washington.edu/phylip.html">http://evolution.genetics.washington.edu/phylip.html</a>
TreeViewPPC $\chi$ v.1.6.5	<a href="http://taxonomy.zoology.gla.ac.uk/rod/treeview.html">http://taxonomy.zoology.gla.ac.uk/rod/treeview.html</a>
Photoshop	Adobe Photoshop

## 4.2. Módszer

### 4.2.1. Labortechnikai módszerek

#### 4.2.1.1. Mintagyűjtés és tárolás

A mintagyűjtésnél a legfontosabb szempont a vér alvadásának megakadályozása volt, mert az általam használt DNS tisztítási módszer nem alkalmas alvadt vérből a DNS tisztítására. Állatonként 0,5-1 ml vért vettünk le. A vérmintákat alvadásgátlót tartalmazó

számozott csövekben, hűtve szállítottuk a laboratóriumba, ahol azonnal lefagyasztásra kerültek ( $-20^{\circ}\text{C}$ -ra). A mintagyűjtést írásos és fotografikus formában dokumentáltuk.

#### **4.2.1.2. A DNS minták preparálása**

A begyűjtött vérmintákból  $30\ \mu\text{l}$  vért mértem ki ( $2\ \text{ml}$ -es eppendorf csöbe) és ehhez hozzáadtam  $1200\ \mu\text{l}$  „A“- puffert ( $0,01\ \text{mol}$  tris HCl,  $0,01\ \text{M}$  EDTA,  $\text{ph}:7,5$ ). Összekeverés után a mintákat  $10$  percet szobahőmérsékleten állni hagytam, miközben  $2\times-3\times$  átforgattam, majd  $3$  percig centrifugáltam  $13000/\text{min}$  fordulaton. Ezután a felülúszót leszívtam a cső alján található csapadékról. A pellethez hozzáadtam  $300\ \mu\text{l}$  „A“-puffert és  $10$  perc után megismételtem a centrifugálást. A mintákról leszívtam a felülúszót és a cső alján maradt üledékhez hozzámértem először  $450\ \mu\text{l}$  NLS-t ( $0,1\ \text{mol}$  tris,  $0,065\ \text{mol}$  KCl,  $0,065\ \text{mol}$   $\text{MgCl}_2$ ,  $0,065\ \text{mol}$  NaCl,  $0,025\ \text{mol}$  EDTA, deszt.  $\text{H}_2\text{O}$ ), majd  $14\ \mu\text{l}$   $20\%$ -os SDS-t. Ezt kiegészítettem  $2\ \mu\text{l}$  proteináz K-val ( $8\ \text{mg}/\text{ml}$ ) és alaposan összekevertem. A mintákat  $1,5$  órán át  $55^{\circ}\text{C}$ -on rázatva inkubáltam, majd szobahőmérsékletre hűtöttem. Ezután az oldathoz hozzáadtam  $30\ \mu\text{l}$   $7,5\ \text{mol}$   $\text{NH}_4$ -acetátot és  $300\ \mu\text{l}$   $5\ \text{mol}$  NaCl-t, majd összekevertem. Ezt követően,  $4^{\circ}\text{C}$ -on  $30$  percig,  $13000/\text{min}$  fordulaton centrifugáltam. Új eppendorf csöbe  $400\ \mu\text{l}$  izopropanolt mértem és hozzáadtam a felülúszót.  $10$  percig szobahőmérsékleten inkubáltam, miközben többször óvatosan átforgattam. A DNS-t  $3$  percig történő,  $13000\ \text{ford}/\text{min}$  centrifugálással gyűjtöttem össze. A felülúszót óvatosan leszívtam a cső alján lévő pelletről és  $300\ \mu\text{l}$   $70\%$ -os etanollal átmostam. Újabb  $3$  perces,  $13000\ \text{ford}/\text{min}$  centrifugálás után a felülúszót ismét leszívtam és  $15$  percig steril fülkében szárítottam. A szárítás után  $100\ \mu\text{l}$  TE puffert adtam hozzá és  $1$  órán át  $65^{\circ}\text{C}$ -os vízfürdőben inkubáltam, majd szobahőmérsékletre hűtöttem és a további felhasználásig  $4^{\circ}\text{C}$ -on tároltam.

#### **4.2.1.3. Agarózgél-elektroforézis**

A DNS izolálás sikerességének az ellenőrzése, illetve a DNS mennyiség szemikvantitatív becslése érdekében, a DNS próbákat agarózgélre vittem fel. Ehhez  $0,8\%$ -os agarózgél készítem. A gél nagyságát, illetve a géltáskák számát a DNS próbák számától tettem függővé. A gélhez, az agarózt TBE- pufferban oldottam fel és

mikrohullámú sütőben 3 percig főztem. Állandó kavargatás mellett, 60 °C-ra hűtöttem, mielőtt etidium-bromidot adtam hozzá (5µl/50 ml gél). A gélt gélkamrába öntöttem és megvártam megszilárdulását. A próbák géltáskákból történő diffúziójának a megakadályozása, illetve az elektroforetikus felfutás megfigyelése végett, minden egyes próbát brómfenolkék pufferral kevertem. A gélkamrát TBE-pufferral töltöttem fel. A 45 percig tartó elektroforézis alatt a DNS-duplahélix bázispárjai közé helyezkedett etidium-bromid ultraviola fény mellett láthatóvá vált.

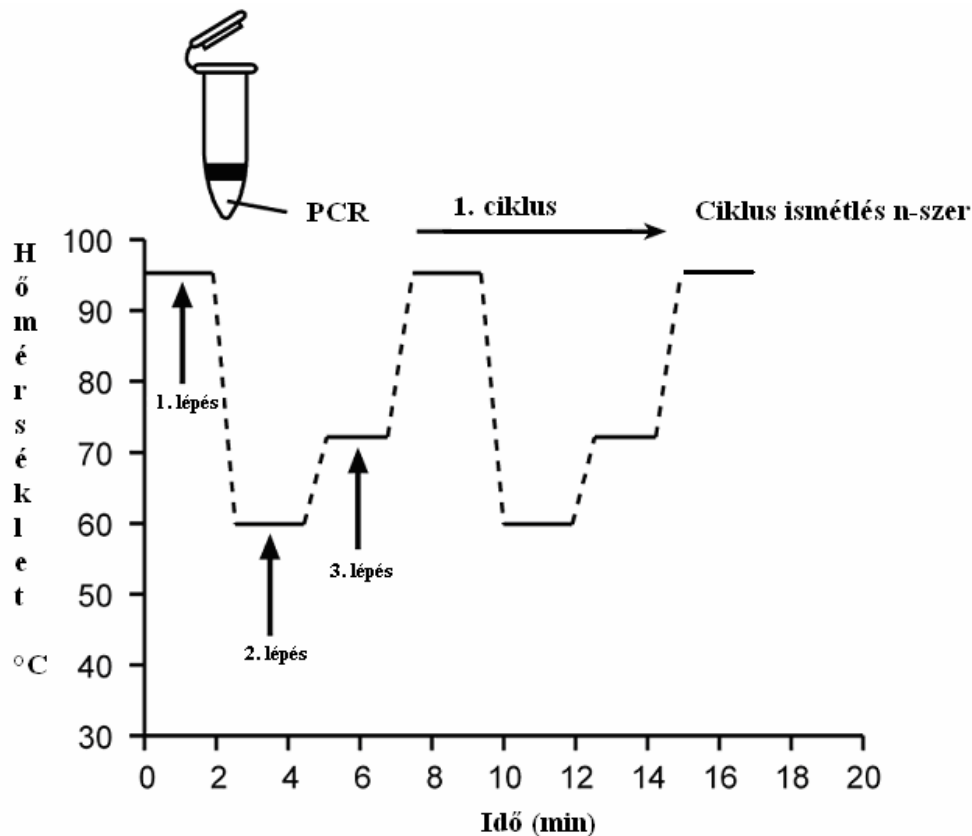
#### 4.2.1.4. Polimeráz láncreakció (Polymerase Chain Reaction-PCR)

A polimeráz-láncreakció, röviden PCR, lehetővé teszi bármilyen eredetű DNS, tetszőleges szakaszának gyors, akár sokezerszeres, in vitro felszaporítását. Az alkalmazás előfeltétele, hogy a kérdéses szakasz két végén 10-20 nukleotid sorrendje ismert legyen (MULLIS és mtsai., 1986). A technika lényegében a természetes replikációt végző DNS-polimeráz enzim működésén alapul, ami a termálvizekben élő *Thermus aquaticus* baktériumból készített DNS-szintetizáló enzim. Az enzim a származási organizmusa után a Taq-polimeráz nevet kapta (SAIKI és mtsai., 1988).

A DNS fragmentek sokszorozódása három reakciólépés ciklikus megismétlődése révén valósul meg. Az *első lépésben* a kettős fonalú DNS-t 94°C-on, két percig denaturáljuk, miközben a kettős szálak két egyfonalásra válnak. A *második lépésben* a primerek specifikus hőmérsékletének megfelelően azok feltapadását idézzük elő az ellentétes (komplementer) DNS szálakra (Annealing). Az oligonukleotid primerek egyedülálló DNS molekulák, amik a DNS ismert szekvencia szakaszának komplementereit képezik. A *harmadik lépésben* a lánchosszabbítás valósul meg a polimeráz enzim révén, ami a primerektől továbbépíti a DNS láncot (Extension). A három lépés együttesen egy ciklust alkot, amelyek 20-40 szeres sorozata vezet a DNS amplifikációjához (FÉSÜS és mtsai. 2000). A PCR működését a 12. ábra mutatja be.

12. ábra

PCR működésének sémája (NEWTON és GRAHAM 1994)



#### 4.2.1.4.1. PCR-optimalizálás

Mivel az alkalmazott primereket más állatfajokból adaptáltam, alkalmazásuk előtt a vizsgált állatokban való működésükről meg kellett győződni. Ehhez a PCR körülmények optimalizálására volt szükség. A PCR termék minősége számos tényezőtől függ. A módszer érzékenysége miatt, az amplifikáció körülményeinek legkisebb változtatása is befolyásolja annak eredményességét (WILLIAMS és mtsai., 1990, HARDYS és mtsai., 1992). A reakció optimalizálásának folyamán megállapítottam a vizsgált fajokban (házilúd, nyári lúd) a primerek feltapadásának hőmérsékletét, illetve meghatároztam a PCR ciklusok számát és bizonyos primerek esetén a hozzáadandó  $MgCl_2$  koncentrációját. Ennek érdekében minden mikroszatellit esetében teszt PCR-t végeztem.

A feltapadás a reakciónak a legfontosabb, specifitást meghatározó lépése. A denaturálás során egyszálúvá lett és hirtelen lehűtött DNS, mérete miatt nem tud elég

gyorsan egyesülni, viszont lehetővé teszi a feleslegben lévő kisméretű primer molekulák egy részének, komplementer szekvenciájuk (kiegészítő bázis sorrend) megtalálását és ahhoz hozzátapadását. A feltapadás valószínűsége különösen függ az első néhány ciklusban a kiindulási célkópiák számától, a rendelkezésre álló időtől és a feltapadási hőmérséklettől. A feltapadási hőmérséklet optimuma általában az olvadási hőmérséklet körül van. Változtatásának lehetősége kulcsfontosságú a reakció optimalizálása szempontjából. Ha a feltapadási hőmérséklet igen magas, akkor nem kapunk terméket (a primerek egyszálú állapotban maradnak, képtelenek hozzátapadni a komplementerükhöz), ha alacsony, akkor a feltapadás nem specifikus és sok mellékterméket kapunk (FÉSÜS és mtsai, 2000).

Egyes vegyületek elősegíthetik a végtermék képződését a PCR reakcióban (BLANCHARD és mtsai, 1993). Ilyen vegyület a magnéziumion, ami a nukleinsavak és nukleotidok negatív töltésű cukorfoszfát részébe épül be. Ha a beépülő nukleotidok és/vagy a célszekvencia mennyisége túl magas, az a magnéziumionokat kivonja az oldatból, ami a magnéziumfüggő polimeráz enzim működését rontja, illetve leállítja. Általánosságban a szabad  $Mg^{2+}$  koncentráció növelése az adott határokon belül intenzívebb sávokat produkáló, de kevésbé specifikus termékek képződésének kedvez, míg a csökkentése a specifikusság növelését segíti elő (FÉSÜS és mtsai, 2000). A 10. táblázat a polimorf, működő mikroszatellitek PCR összetevőit tartalmazza.

10. táblázat:

#### PCR összetétele az optimalizálás után

Komponensek	Smo7, Smo12, APH12, APH13, Bcau1, Bcau3, TTUG1, TTUG-2, Bcau9	TTUG-5
DNS	2 µl	2 µl
Primermix	1 µl	0,8 µl
dNTP's	2 µl	2 µl
Puffer	2 µl	1,6 µl
MgCl <sub>2</sub>	-	0,4 µl
Taq-Polimeráz	0,2 µl	0,2 µl
H <sub>2</sub> O	12,8 µl	13 µl
<b>Összesen</b>	<b>20 µl</b>	<b>20 µl</b>

A 11. táblázatban a PCR- folyamat található. A hőmérséklet és a ciklusszám primerenként különböző.

11. táblázat

**PCR folyamat**

	<b>Fázisai</b>	<b>Hőmérséklet</b>	<b>Idő</b>	<b>Ciklusszám</b>
	Denaturálás	94 °C	2 min	1 x
<i>PCR-ciklus</i>	Denaturálás	94 °C	40 sec	} 26-30 x
	Primerek feltapadása (lásd 12. táb.)	49-61°C	50 sec	
	Lánchosszabbodás	72 °C	55 sec	
	Kihűlés	25°C	15 min	1 x

Az optimalizálás kiindulásakor az irodalomban meghatározott feltapadási hőmérséklettel próbálkoztam. A 12. táblázat a mikroszatellit primerek nevét és feltapadási hőmérsékletét mutatja be az irodalmi adatok alapján (MAAK és mtsai 2003, PAULUS és mtsai 2003, CATHEY és mtsai 1998, BUCHHOLZ és mtsai 1998). A táblázatban a működő primerek kiemelésre kerültek.

A Smo7 és Smo12 primerek esetében a ciklusszámot 38-ról 29-re csökkentettem, a feltapadási hőmérsékletet nem változtattam. A TTUG-1, TTUG-2, TTUG-5 mikroszatellit primerek megemelt ciklusszámmal, az irodalmi adatoknak megfelelő hőmérséklet mellett működtek. A Bcaμ-1, Bcaμ-3 mikroszatellit primereknél a hőmérsékletet csökkentettem egy fokkal, a Bcaμ-9 primer esetében a ciklusszámot növeltem eggyel. A monomorf és az APH12, APH13 primerek PCR profilja az irodalomban meghatározott PCR-profil alapján működőnek bizonyult.

12. táblázat

**Mikroszatellitek neve, primerek feltapadási hőmérséklete és a PCR ciklusok száma**

No.	Mikroszatellit	Feltapadási hőmérséklet	PCR-ciklusszám
<b>1.</b>	<b>Smo1</b>	<b>54 °C</b>	<b>38</b>
2.	Smo4	55 °C	38
3.	Smo6	65 °C	38
<b>4.</b>	<b>Smo7</b>	<b>60 °C</b>	<b>38 →29</b>
5.	Smo8	54 °C	38
6.	Smo9	61 °C	38
7.	Smo10	50 °C	38
<b>8.</b>	<b>Smo11</b>	<b>61 °C</b>	<b>38</b>
<b>9.</b>	<b>Smo12</b>	<b>49 °C</b>	<b>38 →29</b>
<b>10.</b>	<b>Smo13</b>	<b>65 °C</b>	<b>38</b>
11.	APH02	62 °C	29
12.	APH08	58 °C	29
<b>13.</b>	<b>APH12</b>	<b>52 °C</b>	<b>30</b>
<b>14.</b>	<b>APH13</b>	<b>52 °C</b>	<b>30</b>
<b>15.</b>	<b>APH16</b>	<b>52 °C</b>	<b>29</b>
<b>16.</b>	<b>TTUG-1</b>	<b>55 °C</b>	<b>35 →30</b>
<b>17.</b>	<b>TTUG-2</b>	<b>55 °C</b>	<b>35 →30</b>
18.	TTUG-3	53 °C	35
19.	TTUG-4	55 °C	35
<b>20.</b>	<b>TTUG-5</b>	<b>59 °C</b>	<b>35 →27</b>
<b>21.</b>	<b>Всаμ1</b>	<b>56 °C → 57 °C</b>	<b>27</b>
<b>22.</b>	<b>Всаμ3</b>	<b>56 °C → 57 °C</b>	<b>27</b>
<b>23.</b>	<b>Всаμ9</b>	<b>56 °C</b>	<b>26</b>

#### 4.2.1.4.2. PCR-szettek kialakítása

A termékméret és a fluoreszcens megjelölés alapján elkülönülő, működő mikroszatellitekből multiplex PCR-t alakítottam ki. Multiplex polimeráz láncreakcióról akkor beszélünk, ha több lokusz együttes vizsgálatát végezzük. Így több mikroszatellit egy reakcióban történő amplifikálását értem el. Ez idő és pénz megtakarítási szempontból is előnyös. A szetteket úgy alakítottam ki, hogy az egy reakcióban amplifikált mikroszatelliteket egymástól függetlenül is detektálni tudjuk úgy, hogy egyik se zavarja a másikat. A mikroszatelliteket kétfajta (kék és zöld) fluoreszcensz festékkel jelöltem meg. A kimutatásnál ezt a két szint az ABI 3100 genetikai analizáló készülék (lásd 4.2.1.6. fejezet) tökéletesen elkülönítette, így sem a detektálandó lokusz főterméke, sem az esetlegesen képződő átermék nem befolyásolta a másik festékkel jelzett mikroszatellit kimutatását. Nyolc egyed eredményei alapján, a működő, polimorf mikroszatellitekből, a PCR-hez három mikroszatellit szettet sikerült kialakítani. A szetteket a 13. táblázat mutatja be.

13. táblázat

#### PCR-hez kialakított szettek

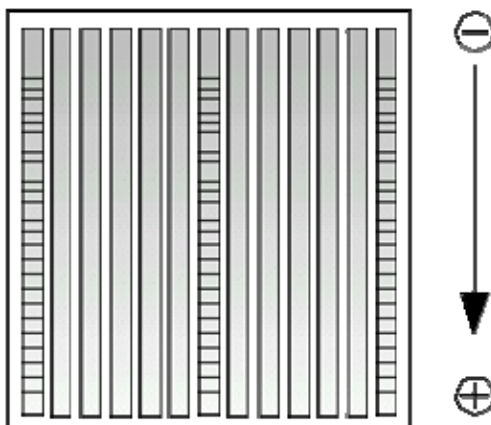
Szett	Mikroszatellit	Hossz	Fluoreszcensz-színezőanyag
1.	Smo7	188-190	FAM
	Smo12	73-75	HEX
2.	APH12	150-154	FAM
	APH13	162-164	HEX
3.	Bca $\mu$ 1	111-121	FAM
	Bca $\mu$ 3	151-160	HEX
4.	TTUG-1	110-114	FAM
5.	TTUG-2	108-124	FAM
6.	TTUG-5	170-231	HEX
7.	Bca $\mu$ 9	104-118	FAM

#### 4.2.1.5. A PCR-amplifikáció eredményességének ellenőrzése

A PCR-amplifikáció eredményességét a 4.2.3.1. fejezetben leírt agarózgél-elektroforézishez hasonlóan ellenőriztem. A különbség az agarózgél összetétele volt, mert a PCR terméket nem 0,8%-os, hanem 2,5%-os agarózgélben futtattam fel. A gélhez 5%-os etidium-bromidot kevertem. 45 perces elektroforézist követően, a PCR termékek hosszuknak megfelelően felfutottak, elektromosság hatására a negatív oldalról a pozitív felé vándoroltak (13. ábra).

13. ábra

#### A DNS felfutása elektroforézis hatására



Összehasonlító-mértékként hosszstandardot (100 és 50 bp) használtam. A PCR termék sávozottságát UV-fény mellett ellenőriztem. Ezzel egy időben egy hozzávetőleges fragmenthosszt is meghatároztam. A gélen kimutatott sávozottságot fotografikusan dokumentáltam.

#### 4.2.1.6. Kapilláris elektroforézis

A fragmenthosszt lézerrel rendelkező kapilláris elektroforézis segítségével állapítottam meg. Ehhez *ABI Prism™ 3100 genetikai analizáló* készülék (Applied Biosystems, Béc) állt rendelkezésre.

Az *ABI Prism™ 3100 genetikai analizáló*, egy olyan kapilláris elektroforézissel rendelkező automata fragmentizáló készülék, amellyel lehetséges egy adott DNS szakasz

hosszának vagy bázis sorrendjének a megállapítása. A kapilláris gélelektroforézis során az elválasztás folyékony polimerrel töltött kapillárisban történik. A primerhez kötött fluoreszcens festéket lézerfény gerjeszti, aminek hatására az eltérő hullámhosszú emissziókat a kapilláris egy adott pontján a készülékhez kötött számítógép elemzi. A termékek hosszát és intenzitását egy standardhoz viszonyítva értékeli a gép.

A kapilláris elektroforézishez a PCR termékünkben 0,7 µl használtam fel. Minden egyes termékhez 9,6 µl formamidot (Applied Biosystems, Bécs) adtam és 5 percig 80 °C-on denaturáltam. Hosszstandardként GeneScan™-500 ROX™-ot alkalmaztam. A kapillárisokat 3100 POP-6™ polimerrel töltöttem fel.

Azoknál a polimorf mikroszatelliteknél, amelyeknél az eltérő feltapadási hőmérséklet miatt nem sikerült PCR szettet kialakítani, a kapilláris elektroforézisnél lehetőség nyílt az együttes vizsgálatra. Így a TTUG-5 és a TTUG-2 mikroszatellitekből alakítottam ki egy diplexet, a TTUG-1-ből és az 1. szettből (Smo7, Smo12), illetve a Bcaµ9-ből és a 2. szettből (APH12, APH13) egy-egy triplexet. A 14. táblázatban a kapilláris elektroforézishez kialakított négy szett található.

14. táblázat

#### Kapilláris elektroforézishez kialakított szettek

Szett	Mikroszatellit	Hossz	Fluoreszcen-színezőanyag
1.	Smo7	188-190	FAM
	Smo12	73-75	HEX
	TTUG-1	110-114	FAM
2.	APH12	150-154	FAM
	APH13	162-164	HEX
	Bcaµ9	104-118	FAM
3.	Bcaµ1	111-121	FAM
	Bcaµ3	151-160	HEX
	TTUG-2	108-124	FAM
4.	TTUG-5	170-231	HEX

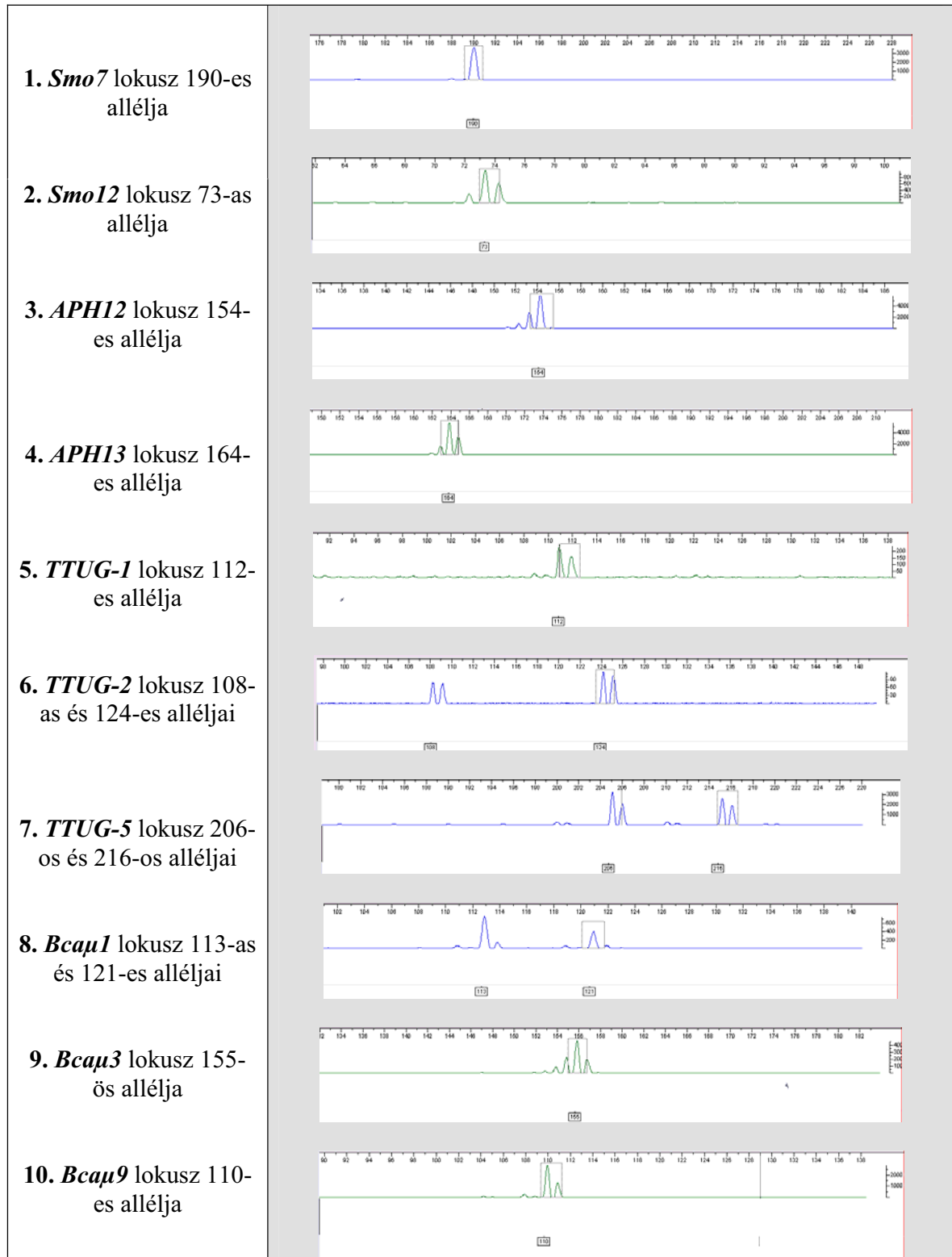
#### 4.2.1.7. Tipizálás kiértékelése

A tipizálás kiértékeléséhez *GeneScan*® 2.1. és *Genotyper*® 2.1. (Applied Biosystems, Béc) szoftverprogramokat használtam. A *GeneScan*® 2.1. a kapilláris elektroforézis által felvett nyers adatokból határozta meg a detektált DNS fragmentek hosszát a hosszstandardnak megfelelően. A *Genotyper*® 2.1. ezeket a fragmenthosszakat rendelte hozzá a definiált allélekhez. A 14. ábra a *Genotyper*® 2.1 program segítségével láthatóvá tett allélhosszakat mutatja be egy egyed példáján. Az ábrán az adott állat 10 lokuszán azonosított allélek fragmenthossza látható.

A meghatározott alléleket minden állat esetében egy *Microsoft*® *Excel* táblázatba gyűjtöttem. A minden egyes állatra és DNS mikroszatellitmarkerra kapott genotípus-mátrix adta a további kiértékelés alapját.

14.ábra

### Egy egyed tíz lokuszán azonosított allélok



## 4.2.2. Statisztikai kiértékelés

### 4.2.2.1. Genetikai diverzitás

Az kiértékeléséhez minden olyan adatot felhasználtam, ami az adott genotípus esetében teljesen tartalmazta a kimutatott markereket. A populációk genetikai diverzitását az allélok száma és megoszlása alapján becsültem meg. Minél több allél fordult elő az adott populációban és minél egyenletesebben oszlott el, annál változatosabbnak volt mondható az adott állomány. Az allélok számát és gyakoriságát lokuszonként (EWENS 1972; KIMURA és OHTA 1975) az *MSA4.00* szoftverprogram (DIERINGER és SCHLÖTTERER, 2002) segítségével határoztam meg.

Az allélgyakoriság ( $p$ ) meghatározása a következő képlet alapján történik két allélos rendszerben:

$$p_A = \frac{A \text{ allélok száma}}{A \text{ allélok száma} + B \text{ allélok száma}}$$

$p_A$  = A allél gyakorisága a populációban

A **várt** (*expected heterozygosity* - $H_e$ ) és **valós heterozigotitás** (*observed heterozygosity* - $H_o$ ) - ami a heterozigóták részarányát jelenti a populáción belül - is alkalmas a genetikai változatosság kimutatására. A várt heterozigotitást az allélgyakoriságból számoltam ki. A valós heterozigotitás a populációban ténylegesen megfigyelhető heterozigóta állatok száma alapján állapítottam meg. Ezeket az értékeket is *MSA4.00* szoftverprogram (DIERINGER és SCHLÖTTERER, 2002) segítségével kaptam meg.

Várt heterozigotitás ( $H_e$ ) egy lokuszra számítva:

$$H_e = 1 - \sum_{a=1}^k p^2$$

Várt heterozigotitás ( $H_e$ ) több lokuszra nézve:

$$H_e = 1 - \frac{1}{m} \sum_{b=1}^m \sum_{a=1}^k p^2$$

$m$  = lokuszok száma

$k$  = lokuszon található allélek száma

$p$  = allélgyakoriság

#### 4.2.2.2. Mikroszatellit markerek információ tartalmának (PIC-érték) kiszámítása

Egy marker polimorfizmusfokának és információtartalmának meghatározására alkalmas a PIC-érték (Polymorphic information content = PIC). Ez az allélok számán, illetve azok gyakoriságán alapszik (BOTSTEIN és mtsai., 1980). Tehát egy marker információtartalma, ebből következően minősége, függ az allélok számától, illetve azok populációban való gyakoriságától. Minél több allélja van egy lokusznak, és minél egyenletesebb azok eloszlása a populációban, annál nagyobb a valószínűsége, hogy az állomány egy egyede heterozigóta.

A PIC-érték egy lokuszra nézve a következő képlet alapján számolható ki:

$$PIC = 1 - \left( \sum_{a=1}^n p_a^2 \right) - \sum_{a=1}^{n-1} \sum_{b=a+1}^n 2p_a^2 p_b^2$$

$n$  = allélok száma

$p_a, p_b$  = a illetve b allél gyakorisága

A PIC-értékeket *MSA 4 00* (DIERINGER és SCHLÖTTERER, 2002) szoftverprogrammal számítottam ki.

#### 4.2.2.3. Hardy-Weinberg egyensúly

Egy **Hardy-Weinberg egyensúlyban (HWE)** levő populációban, több feltevésnek kell teljesülnie. A végtelen nagyságú populációban véletlen párosodásnak (pánmixis) kell

érvényesülnie, migráció, szelekció, mutáció génsodródás hatása nem léphet fel. A HWE-től való eltéréshez az vezethet, hogy a felsorolt tényezők közül egy vagy több nem teljesül. További magyarázata a WAHLUND hatás, ami azt jelenti, hogy térben izolált egyedcsoportokra való feloszlás az egész populáció teljes genetikai elkeveredését meggátolja.

Ha a részpopulációk genetikai szerkezete eltérő, akkor a teljes populáció tekintetében heterozigóta hiány léphet fel. A heterozigóta deficit miatt - amiben nagy szerepet játszik a betenyésztettség - a populáció HWE-től való eltérést fog felmutatni.

Adott lokusz allélgyakoriságának ismeretében megvizsgáltam, hogy érvényesül-e a Hardy-Weinberg egyensúly (HWE). A Hardy-Weinberg egyensúly alapján a populáción belül egy lokusz allélgyakorisága és a genotípusok közti kapcsolat alapján vonható le az összefüggés. A Hardy-Weinberg egyensúlytól való szignifikáns eltérés esetén feltételezhető, hogy a vizsgált lokuszra nézve a populáció nem ideális, pl. a párosodás nem véletlenszerű (aszortatív párosodás), az egyedek száma nagyon kicsi (genetikai sodródás), vagy a zigóták életben maradási esélye attól is függ, hogy a lokusz mely allélját hordozzák (szelekció) (<http://bio.univet.hu/SALVE/GENE/pop/H-W/!!!start.htm>).

Fischer-féle exakt teszttel (FISHER, 1922) minden egyes lokuszra, illetve a lokuszok összességére is meghatároztam, hogy érvényesül-e a Hardy-Weinberg egyensúly az adott populációkban. Ezt *Genepop v.3.4d.* (RAYMOND és ROUSSET, 1995) szoftverprogram segítségével végeztem.

#### 4.2.2.4. F-statisztika

Az F-statisztika értékei **Fis**, **Fit** és **Fst**, fixációs indexekből állnak. Ez eredetileg WRIGHTTÓL ered (1951, 1965). A XX. század ötvenes éveiben kerültek bevezetésre, a későbbiekben több tudós által továbbfejlesztett értékek. Ezekkel az értékekkel strukturált populációk közötti genetikai differencia (különbség) megbecsülhető (HARTL és CLARK, 1997). A **Fis**-érték az egyes egyedeket a hozzájuk tartozó szubpopulációval hozza kapcsolatba. A **Fit**-érték az egyedeket a teljes populációhoz hasonlítja és a leggyakrabban használt **Fst**-érték, ami a szubpopulációk és a teljes populáció közötti kapcsolatra utal. A három értékkel a heterozigóta veszteség határozható meg (HARTL és CLARK, 1997). **Fst** a szubpopulációk genetikai differenciájának tekinthető, értéke mindig pozitív. Ha a

szubpopuláción belül, a véletlen párosodás ellenére a heterozigóták száma a teljes populáció viszonyában csökken, akkor a szubpopuláció egyedei rendszerint azonos ősökkel rendelkeznek. Az értéke 0 (ilyenkor nincs különbség a szubpopulációk között) és 1 (ez a különböző populációkon belül a meghatározott allélek fixálódására utal) között változhat.

A  $F_{is}$  és  $F_{it}$  értékek a szubpopuláción, illetve a teljes populáción belüli HWE-től való eltérés meghatározására alkalmasak. A pozitív értékek a heterozigóta veszteséget bizonyítják, míg a negatív értékek heterozigóta többletre utalnak (HEDRICK, 2000). A  $F_{is}$ -érték egy szubpopuláció egyedei között előforduló heterozigóta genotípusok arányát hasonlítja a véletlen párosodás esetén elvárt heterozigóták részarányához a mindenkori szubpopuláción belül. Ezért gyakran emlegetik ezt az értéket önmagában beltenyésztési koefficiensként.

NEI (1977) a fixációs indexek kiszámítását viszonylag egyszerűen a megfigyelt és elvárt heterozigotizációs értékek alapján adja meg. Ez a következő kapcsolaton alapszik:

$$F_{is} = H_S - H_O / H_S$$

$$F_{it} = H_T - H_O / H_T$$

$$F_{st} = H_T - H_S / H_T$$

$H_O$  = megfigyelt heterozigotizációs ráta középértéke egy szubpopuláción belül az összes lokuszra nézve,

$H_S$  = az elvárt heterozigotizációs ráta középértéke a szubpopuláción belül az összes lokuszra nézve,

$H_T$  = az elvárt heterozigotizációs ráta középértéke a teljes populációban az összes lokuszra nézve.

Az F-statisztika értékeit WEIR és COCKERHAM (1984) alapján az *MSA4.00* szoftverprogram (DIERINGER és SCHLÖTTERER, 2002) segítségével számítottam ki. Az  $F_{st}$  értékeket egyrészt minden lokuszra és populációra nézve, átlagolva megállapítottam, másrészt az egyes populációkat párosával összehasonlítottam. Így, az  $F_{st}$  értékekkel az általunk vizsgált populációk közötti genetikai távolságot is meghatároztam.

#### 4.2.2.5. Populációk közötti genetikai különbség meghatározása

##### 4.2.2.5.1. Privát allélek

Minden populációban vizsgáltam a privát allélek előfordulását és gyakoriságát. Privát allélnak azokat az alléleket nevezzük, amelyek csak egy adott populációban azonosíthatók. A privát allélok jelenléte egy adott populációban bizonyíték az adott populáció többi populációtól való genetikai eltérésére. Minél több és gyakoribb privát alléllal rendelkezik az adott populáció, annál alátámasztottabb az adott és a többi populáció közötti genetikai különbség.

##### 4.2.2.5.2. Genetikai különbség

A vizsgált állományok közötti genetikai hasonlóságot/különbséget számszerűsítettem. A genetikai differenciát az allél, illetve genotípus eloszlás alapján határoztam meg. Nullhipotézisként feltételeztem, hogy az allél- illetve genotípus-gyakoriságok a populációkon belül azonosak. A genetikai különbséget meghatároztam minden populáció, minden egyes lokuszára nézve és kiszámoltam populációpáronként a genetikai távolságot.

A populációpárok közötti genetikai távolság kétféleképpen került meghatározásra:

- Nei-féle standard genetikai távolság (NEI, 1978),
- közös allélek alapján számolt genetikai távolság ("proportion of shared alleles" = POSA) (BOWCOCK és mtsai, 1994) alapján.

Az értékeket *MSA4.00* (DIERINGER és SCHLÖTTERER, 2003) szoftverprogram segítségével számítottam ki.

A genetikai távolság szemléltetésére alkalmas a filogenetikai fa. A populációk filogenetikai fáját, azaz a dendrogramját, a közös allélek alapján számolt (POSA) genetikai távolságoknak (BOWCOCK és mtsai., 1994) megfelelően szerkesztettem meg. A filogenetikai fa a "szomszéd összekapcsolás" (Neighbor-Joining)-eljárás (SAITOU és NEI, 1987) alapján készült. A dendrogram szerkesztésénél a *Phylip* (FELSENSTEIN, 1993), a megjelenítésnél pedig *TreeViewPPC* v.1.6.5. (PAGE, 1996) szoftverprogramokat használtam.

## **5. Eredmények**

### **5.1. DNS izolálás eredményei**

Tizennégy állomány (az elsőszámú kontrollként kezelt nyári lúd populáció megtisztított DNS mintáit a Bécsi Állatorvosi Egyetem munkatársai bocsátották rendelkezésre) 329 egyedének összes vérmintájából a DNS-t sikeresen megtisztítottam. A DNS tisztítás eredményességét a DNS próbák agarózgélén való kimutatása is igazolta. Az izolált DNS mennyiség a PCR vizsgálathoz több mint elegendőnek bizonyult.

### **5.2. Mikroszatellit adaptálás eredményei**

A populációelemzéshez kiválasztott 23 mikroszatellit működését először nyolc egyedben teszteltem. A mikroszatellitek működését agarózgélén, elektroforézissel ellenőriztem. A domesztikált lúdban tizennégy mikroszatellit lokuszt tudtam kimutatni, amiből tíz bizonyult polimorfnak.

Tizenöt mikroszatellit kacsából származott. Ebből a tizenöt kacsá mikroszatellitből nyolc esetben sikerült lúd-specifikus alléleket meghatározni, amiből négy volt polimorf (Smo7, Smo12, APH12, APH13).

A kanadai lúdból származó nyolc mikroszatellitből hatot azonosítottam a domesztikált lúdban, ezek mind polimorfnak bizonyultak. Két lúdmikroszatellit kimutatását (TTUG-3, TTUG-4) a PCR optimalizálása után sem értem el.

Több mikroszatellit csak a PCR körülmények többszörös megváltoztatásával sikerült a vizsgált egyedekben kimutatni (TTUG-5, Smo7, Smo12). A TTUG-5 mikroszatellit esetében a PCR termékhez magnéziumionot adtam és ezzel a PCR-termék mennyiségét fokoztam.

### **5.3. Mikroszatellitek karakterizálása**

A polimorf mikroszatellit lokuszok alléljeinek számát és hosszát Genotyper szoftverprogram segítségével határoztam meg, amit a 15. táblázat mutat be.

15. táblázat

**Vizsgált mikroszatellitek allélszáma és hossza az irodalmi adatokkal való  
összehasonlításban**

No.	Mikroszatellit	Allélhossz (bp) az irodalom alapján	Allélszám az irodalom alapján	Allélhossz (bp) vizsgált lúdegyedekben	Allélszám a vizsgált lúdegyedekben
1.	Smo1	~143	3	<b>160</b>	<b>1</b>
2.	Smo4	~190	16	-	-
3.	Smo6	~111	7	-	-
4.	Smo7	~182	2	<b>188-190</b>	<b>2</b>
5.	Smo8	~95	3	-	-
6.	Smo9	~156	6	-	-
7.	Smo10	~103	13	-	-
8.	Smo11	~143	6	<b>121</b>	<b>1</b>
9.	Smo12	~83	5	<b>73-75</b>	<b>3</b>
10.	Smo13	~186	4	<b>204</b>	<b>1</b>
11.	APH02	~100	3	-	-
12.	APH08	~166	4	-	-
13.	APH12	~165	2	<b>150-154</b>	<b>4</b>
14.	APH13	~179	6	<b>162-164</b>	<b>2</b>
15.	APH16	~146	4	<b>130</b>	<b>1</b>
16.	TTUG-1	~119	7	<b>110-114</b>	<b>3</b>
17.	TTUG-2	~136	24	<b>108-124</b>	<b>2</b>
18.	TTUG-3	~79	14	-	-
19.	TTUG-4	~194	18	-	-
20.	TTUG-5	~206	18	<b>170-231</b>	<b>12</b>
21.	Bcaμ1	~138	6	<b>111-121</b>	<b>6</b>
22.	Bcaμ3	~167	9	<b>151-160</b>	<b>3</b>
23.	Bcaμ9	~109	6	<b>104-118</b>	<b>4</b>

A táblázat a vizsgált mikroszatellit lokuszokon talált allélek számát és hosszúságát mutatja be, illetve hasonlítja össze az irodalmi adatokkal (PAULUS és mtsai., 2003, MAAK és mtsai., 2003, CATHEY és mtsai., 1998, BUCHHOLZ és mtsai., 1998). Az allélek száma a tizenöt vizsgált populációban kettő (Smo7, Smo12, TTUG-2) és tizenkettő (TTUG-5) között változott. Az allélszámból az MSA 4.00 szoftverprogram segítségével meghatároztam a polimorf mikroszatellitek alléljeinek gyakoriságát a lúdcsapatok összességében (16. táblázat).

16. táblázat

**A tíz polimorf mikroszatellit alléljeinek gyakorisága a 15 populációban**

	Smo7	Smo12	APH12	APH13	TTUG1	TTUG2	TTUG5	Bcaμ1	Bcaμ3	Bcaμ9
1.	0,828	0,897	0,768	0,532	0,929	0,657	0,226	0,749	0,539	0,828
2.	0,172	0,100	0,144	0,468	0,067	0,343	0,204	0,121	0,450	0,118
3.	-	0,003	0,072	-	0,004	-	0,187	0,047	0,011	0,033
4.	-	-	0,016	-	-	-	0,139	0,038	-	0,021
5.	-	-	-	-	-	-	0,100	0,029	-	-
6.	-	-	-	-	-	-	0,061	0,016	-	-
7.	-	-	-	-	-	-	0,050	-	-	-
8.	-	-	-	-	-	-	0,012	-	-	-
9.	-	-	-	-	-	-	0,009	-	-	-
10.	-	-	-	-	-	-	0,007	-	-	-
11.	-	-	-	-	-	-	0,003	-	-	-
12.	-	-	-	-	-	-	0,002	-	-	-

Az allélgyakoriságok alapján, valamennyi vizsgált állomány átlagában kiszámítottam a polimorf mikroszatellitek várt és valós heterozigotázis értékeit. Ezt a 17. táblázat mutatja be. A valós heterozigotázis értékek 0,01 (TTUG-1) és 0,72 (TTUG-5) között változtak. Az adott lokuszokat Hardy-Weinberg egyensúlyra teszteltem, aminek eredményeit szintén a 17. táblázat tartalmazza.

17. táblázat

**Mikroszatellitek jellemzői**

Lokusz	n	$\bar{O} H_O$	$\bar{O} H_E$	pHW	
Smo7	344	0,29	0,30	0,9995	n.s.
Smo12	343	0,09	0,08	0,9609	n.s.
APH12	331	0,31	0,37	0,0001	***
APH13	345	0,38	0,46	0,4831	n.s.
TTUG-1	346	0,01	0,03	0,4616	n.s.
TTUG-2	330	0,39	0,36	0,9643	n.s.
TTUG-5	325	0,72	0,78	0,0002	***
Bca $\mu$ 1	346	0,40	0,39	0,3501	n.s.
Bca $\mu$ 3	347	0,47	0,48	0,5832	n.s.
Bca $\mu$ 9	345	0,30	0,28	0,9994	n.s.

n = adott lokuszra vizsgált egyedek,  $\bar{O} H_O$  = átlagos valós heterozigotizáció és  $\bar{O} H_E$  = átlagos várt heterozigotizáció a 14 populációban, pHW = Hardy-Weinberg egyensúlytól való szignifikáns eltérés (\*\*\* =  $p \leq 0,001$ ; n.s. =  $p > 0,05$ )

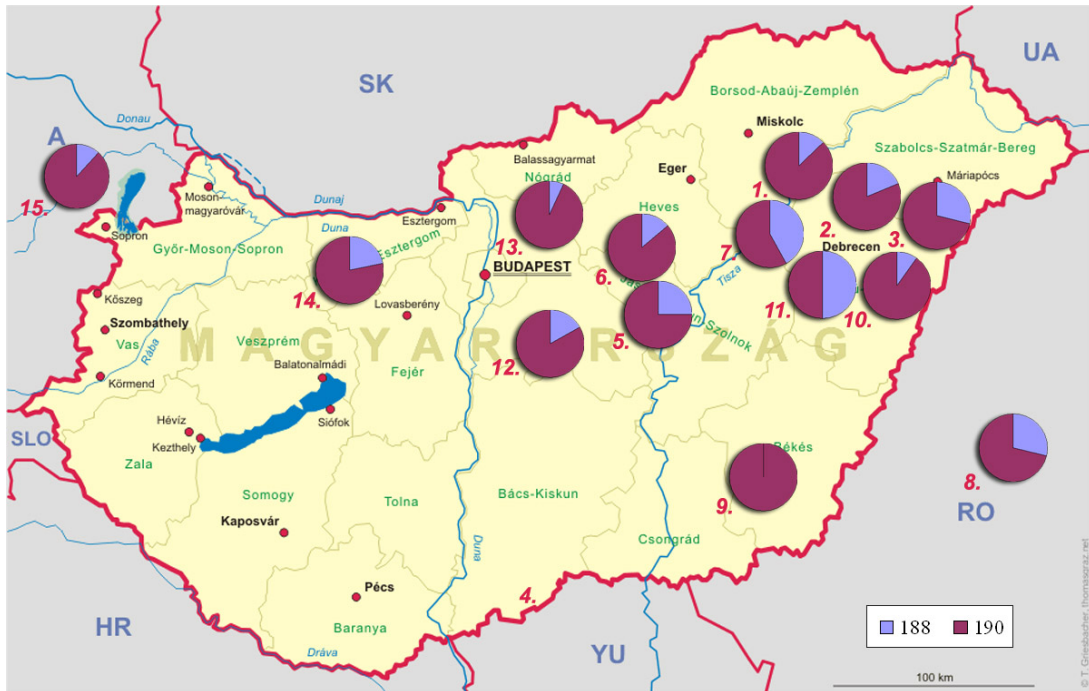
**Smo7**

A Smo 7 mikroszatellit lokuszon két allélt (188, 190) találtam a vizsgált populációkban (15. ábra). A lokusznak egy fő- (190) és egy mellékalléja (188) volt. A főallél 83%-ban, a mellékallél 17%-ban volt kimutatható. A mellékallél gyakorisága csak a parlagi populációban volt kifejezett, ahol 50-50%-os volt mindkét allél eloszlása. Az orosházi állományban egyáltalán nem találtam mellékallélt, 100%-ban a főallél volt jelen. Az összes többi állomány a két allélra heterozigóta volt, de a mellékallél gyakorisága mindenhol 40% alatt maradt. A Smo7 lokusz alléljainak eloszlását a 15. ábrán szemléltetem.

Bár a valós heterozigotizáció (0,29) az elvárt érték (0,30) alatt maradt, nem tapasztaltam Hardy-Weinberg egyensúlytól való eltérést a Smo 7 lokuszon.

15. ábra

### Smo 7 lokusz alléljainak gyakorisága



1 = fodros1, 2 = fodros2, 3 = fodros3, 4 = fodros4, 5 = fodros5, 6 = fodros6, 7 = fodros7, 8 = fodros8, 9 = orosházi, 10 = orosházi x fodros, 11 = parlagi, 12 = babati1, 13 = babati2, 14 = emdeni, 15 = nyári lúd

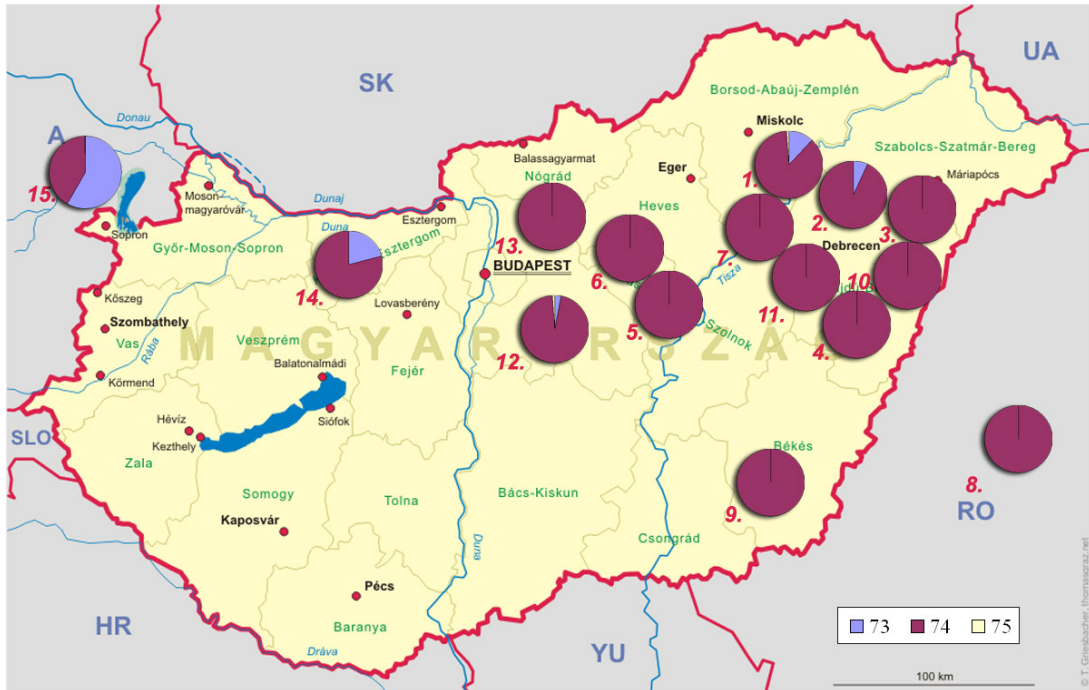
### Smo 12

A Smo12 lokuszon három allélt (73, 74, 75) találtam (16.ábra). A domesztikált egyedekben a 74-es allél főallélként 89%-ban volt jelen. Tíz populáció volt homozigóta az adott allélra (fodros3, fodros4, fodros5, fodros6, fodros7, fodros8, orosházi, orosházi x fodros, parlagi, babati2). A 73-as allél gyakorisága a domesztikált egyedekben 10%-os volt. A fodros1, fodros2, babati1, emdeni populációkban lehetett azonosítani. A 75-ös allél 1%-os gyakorisággal, a fodros1 és babati1 néven jelölt csoportokban volt kimutatható. A nyári lúd populációban a Smo 12 lokusz alléljainak gyakorisága a fentiekől eltérően alakult. A 73-as allél 58%-ban fordult elő a vadliba egyedekben, így ebben a populációban ez tekinthető főallélnak, a 74-es allél 42%-os jelenléttel a mellékallélnak. 75-ös allélt a vadliba populációban nem találtam.

Az adott lokuszon a heterozigóta egyedek aránya a 15 populációban 10% alatt maradt, Hardy-Weinberg egyensúlytól való eltérést nem tapasztaltam.

16. ábra

### Smo 12 lokusz alléljainak gyakorisága



1 = fodros1, 2 = fodros2, 3 = fodros3, 4 = fodros4, 5 = fodros5, 6 = fodros6, 7 = fodros7, 8 = fodros8,  
9 = orosházi, 10 = orosházi x fodros, 11 = parlagi, 12 = babati1, 13 = babati2, 14 = emdeni, 15 = nyári lúd

### APH 12

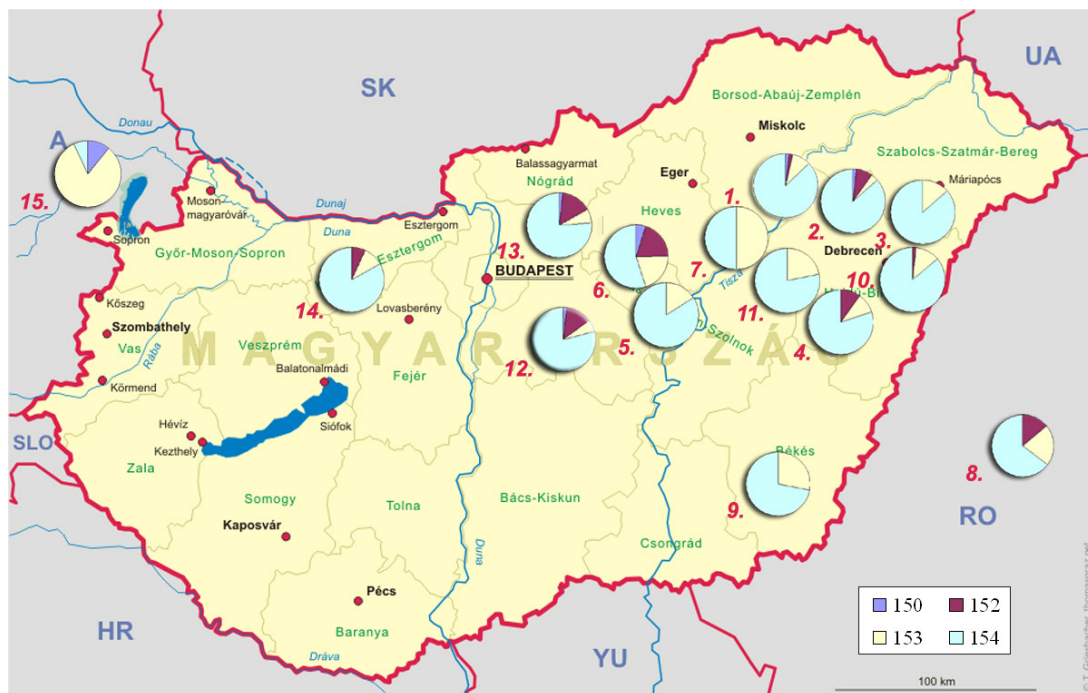
Az APH 12 lokuszon négy allélt (150, 152, 153, 154) azonosítottam (17.ábra). A házilúd egyedekben leggyakoribb, a 154-es allél volt, 80%-os jelenléttel. A magyar és emdeni ludakban 11%-ban találtam 153-as allélt. Az allél 4-50% közötti értékben fordult elő. Legnagyobb százalékban a fodros7 csoportban regisztráltam, ahol a 154-es alléllal, 50-50%-os gyakorisággal azonosítottam. A 152-es allél összességében 10%-ban volt jelen a domesztikált lúd populációk közül kilencben (fodros1, fodros2, fodros4, fodros6, fodros8, orosházi x fodros, babati1, babati2, emdeni). A vadlúd változatban a 153-as allél tekinthető

a főallélnak, 82%-os gyakorisággal. A 150-es allélt 11%-ban azonosítottam. A házilúd csapatok főallélja, a 154-es allél, 7 %-ban volt jelen.

A 15 populáció egyedeinek 30%-a volt heterozigóta. Az átlagos valós heterozigotizás (0,31) jóval az elvárt érték átlaga alatt maradt (0,37), ami a heterozigóták hiányára és a Hardy-Weinberg egyensúlytól való eltérésre utalt. Az eltérést a HWE teszt is bizonyította.

17. ábra

### APH 12 lokusz alléljainak gyakorisága



1 = fodros1, 2 = fodros2, 3 = fodros3, 4 = fodros4, 5 = fodros5, 6 = fodros6, 7 = fodros7, 8 = fodros8,  
9 = orosházi, 10 = orosházi x fodros, 11 = parlagi, 12 = babati1, 13 = babati2, 14 = emdeni, 15 = nyári lúd

### APH 13

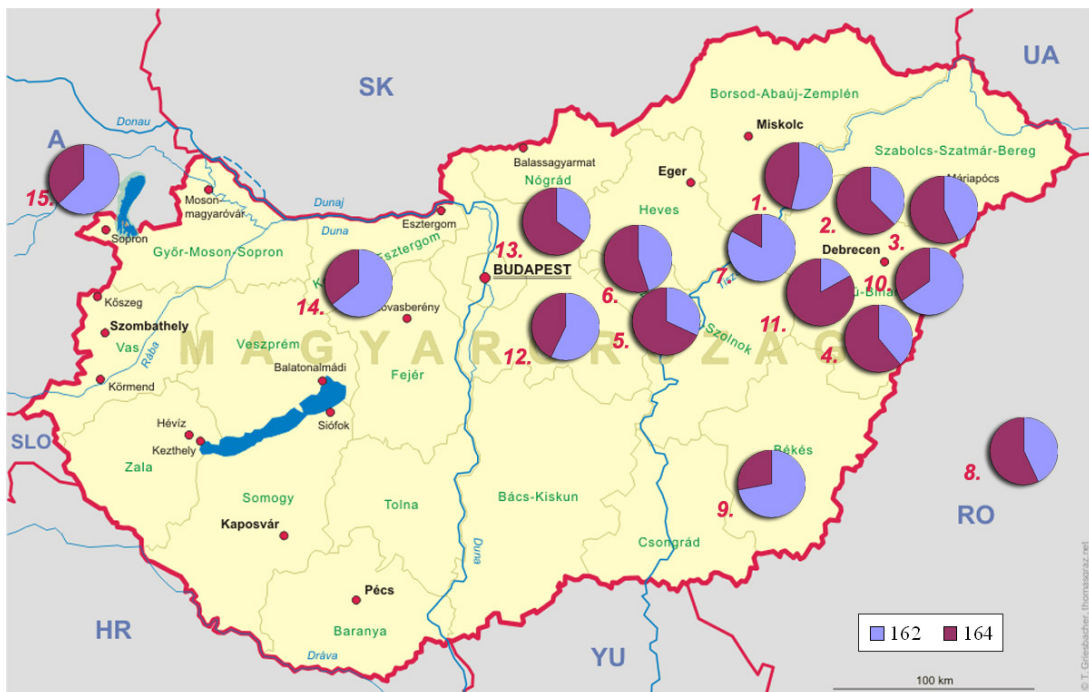
Az egyes csoportokban az APH 13-as lokusz két allélja (162, 164) kiegyenlített gyakorisággal fordult elő (18.ábra). A 162-es allél 53%-ban, míg a 164-es allél 47%-ban volt jelen. A fodros1, fodros7, orosházi, orosházi x fodros, babati1, emdeni és nyári lúd

mintákban a 162-es allél, a többi nyolc populációban (fodros 2, fodros 3, fodros 4, fodros 5, fodros 6, fodros 8, parlagi, babati 2) a 164-es volt a főallél.

A valós heterozigotitás átlaga  $H_O = 0,38$ , míg az elvárt heterozigotitása  $H_E = 0,46$  volt. A vizsgált egyedek 38%-a volt heterozigóta. Hardy-Weinberg egyensúlytól való eltérést nem tapasztaltam.

18. ábra

### APH 13 lokusz alléljainak gyakorisága



1 = fodros1, 2 = fodros2, 3 = fodros3, 4 = fodros4, 5 = fodros5, 6 = fodros6, 7 = fodros7, 8 = fodros8, 9 = orosházi, 10 = orosházi x fodros, 11 = parlagi, 12 = babati1, 13 = babati2, 14 = emdeni, 15 = nyári lúd

### TTUG-1

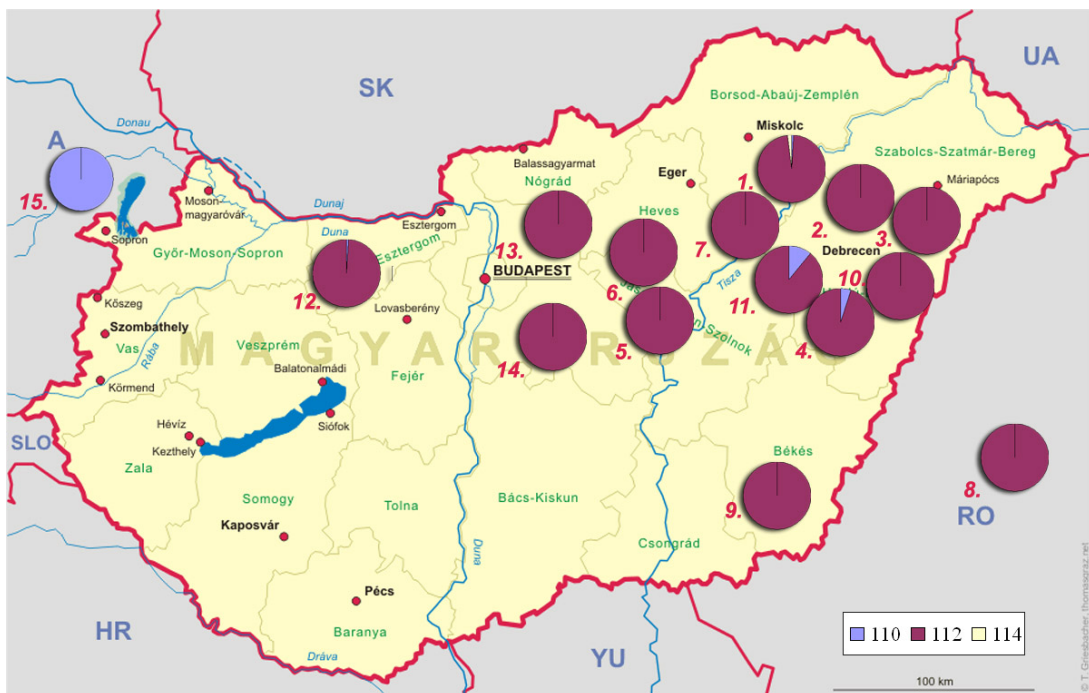
A TTUG-1 lokuszon három allélt (110, 112, 114) azonosítottam a vizsgált egyedekben (19. ábra). A domesztikált populációkban a 112-es volt a fő allél 98%-os gyakorisággal. 1,6%-ban találtam 110-es allélt és nagyon elenyésző, 0,4%-ban 114-es allélt. A 14 domesztikált populációból tíz (fodros2, fodros3, fodros5, fodros6, fodros7, fodros8, orosházi, orosházi x fodros, babati2, emdeni) a 112-es allélra homozigóta volt. A

110-es allél a fodros1, fodros4, parlagi, babati1 populációkban jelent meg. A 114-es allél mindössze a fodros1 populációban volt azonosítható, 2%-os gyakorisággal. A házi lúd őse, a nyári lúd a 110-es mellékalléllra nézve teljes mértékben homozigótának bizonyult.

A heterozigotitás nagyon alacsony volt az adott lokusz tekintetében. A valós heterozigotitás  $H_o = 0,01$ , a várt  $H_E = 0,03$  volt. A HWE teszt nem mutatott egyensúlytól való eltérést.

19. ábra

### TTUG-1 lokusz alléljainak gyakorisága



1 = fodros1, 2 = fodros2, 3 = fodros3, 4 = fodros4, 5 = fodros5, 6 = fodros6, 7 = fodros7, 8 = fodros8, 9 = orosházi, 10 = orosházi x fodros, 11 = parlagi, 12 = babati1, 13 = babati2, 14 = emdeni, 15 = nyári lúd

### TTUG-2

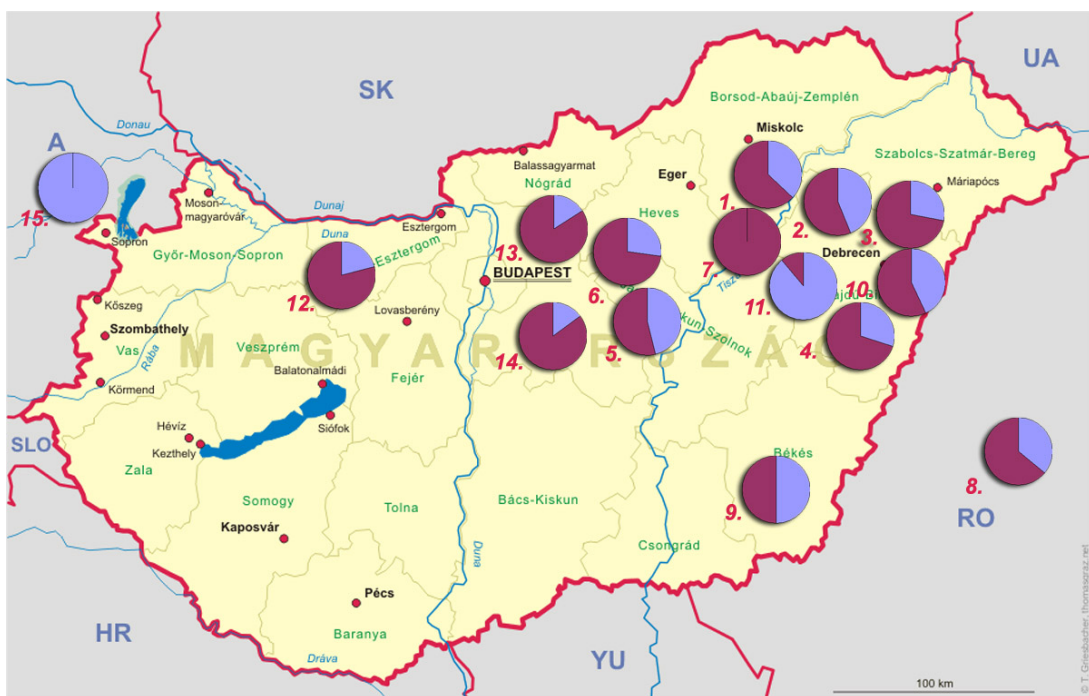
A TTUG-2 lokuszon két allélt azonosítottam (20. ábra). A 124-es allél gyakorisága 66%-ot, a 108-as allélé 34%-ot tett ki. Az elemzett tizenöt csoportból kettő volt homozigóta. A fodros7 populációban a 124-es, a vadlibáknál a 108-as allél esetében tapasztaltam teljes homozigóciát. Igen figyelemre méltó, hogy a parlaginak jelölt

csoporthoz tartozók túlsúlyban volt a vadliba populációra jellemző 108-as allél (89%). Más mintáknál egyébként 50% alatt maradt a gyakorisága.

A populációk homozigotizációja 39%-os volt ( $H_o = 0,39$ ;  $H_E = 0,36\%$ ). A Hardy-Weinberg egyensúlytól nem tapasztaltam eltérést.

20. ábra

### TTUG-2 lokusz alléljainak gyakorisága



1 = fodros1, 2 = fodros2, 3 = fodros3, 4 = fodros4, 5 = fodros5, 6 = fodros6, 7 = fodros7, 8 = fodros8, 9 = orosházi, 10 = orosházi x fodros, 11 = parlagi, 12 = babati1, 13 = babati2, 14 = emdeni, 15 = nyári lúd

### TTUG-5

A TTUG-5 lokuszon tizenkét allélt azonosítottam, a 170-231 bázispár közötti területen (21. ábra). A 206-os allél gyakorisága (23%) volt a legnagyobb. Tíz százalék felett tapasztaltam a 196 (19%), 211 (14%), 216-os (20%) allélok jelenlétét. A teljes vizsgált adatmennyiségre nézve igen ritka allélnak tekinthetők (1% alatt maradt) a 170, 185, 190, és a 226-os allélok. Az alacsony gyakoriságú allélok közül három (170, 185, 190), csak a nyári ludakban fordultak elő. A maradék allélok (175, 201, 221, 231) gyakorisága 6-10%



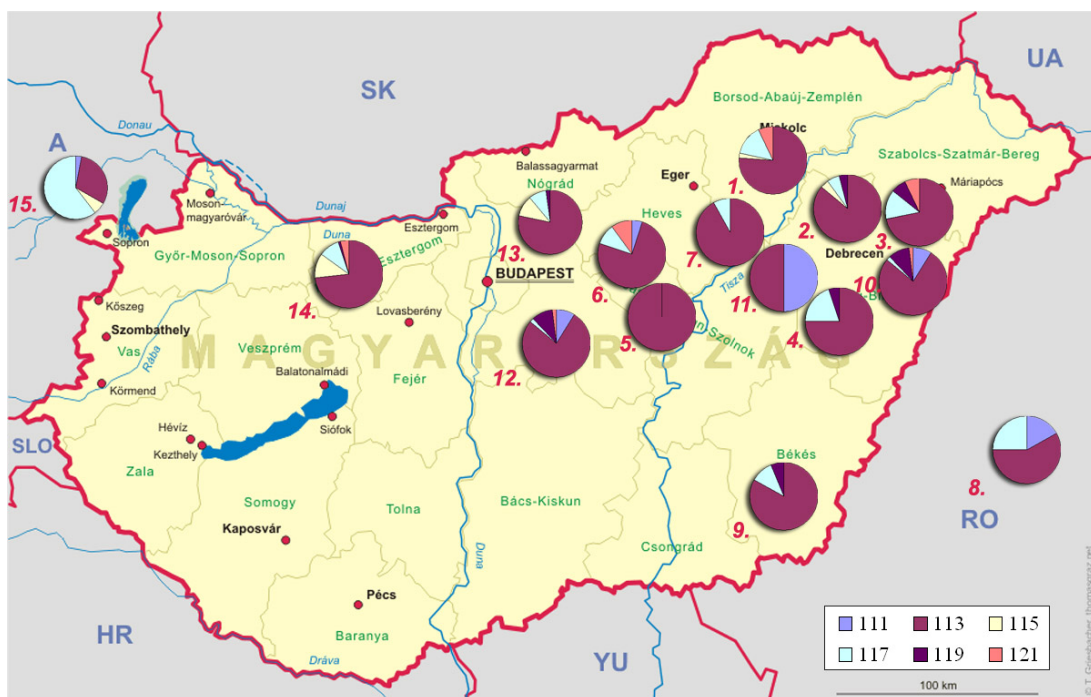
## Bcau-1

A Bcau-1 lokuszon hat allélt találtam (22.ábra). A házilúd csapatok fő allélja a 119-es, 75%-ban volt jelen. A vadlúba populáció fő allélja a 117-es allél, a magyar és emdeni lúd populációk tíz százalékában volt azonosítható. Tíz százalék alatti gyakorisága volt a 111, 113, 115, 121-es alléloknak. A fodros5 populációban csak homozigóta egyedeket találtam. Mindössze két azonosítható allélja volt a fodros7 és parlagi populációknak. Két populációban (orosházi, fodros8) volt három allél jelen. Leggyakoribb a négy allél jelenléte volt. Négy allélt a fodros1, fodros2, fodros3, fodros4, fodros6, babati2, nyári lúd populációkban találtam. Az orosházi x fodros, babati1, emdeni populációkban öt allél volt meghatározható.

Bcau-1 lokusz esetében a tényleges heterozigotitás értéke 0,40, a várt heterozigotitásé 0,39 volt. Hardy-Weinberg egyensúlytól való szignifikáns eltérést nem tapasztaltam.

22.ábra

### Bcau-1 lokusz alléljainak gyakorisága



1 = fodros1, 2 = fodros2, 3 = fodros3, 4 = fodros4, 5 = fodros5, 6 = fodros6, 7 = fodros7, 8 = fodros8,  
9 = orosházi, 10 = orosházi x fodros, 11 = parlagi, 12 = babati1, 13 = babati2, 14 = emdeni, 15 = nyári lúd

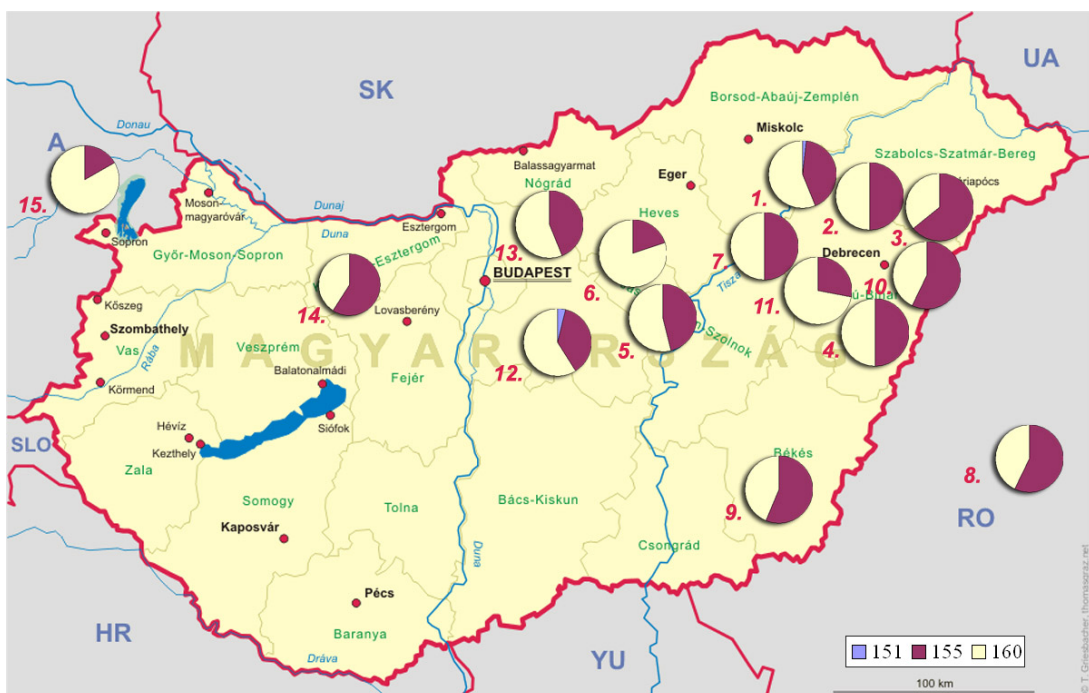
### Bcaμ-3

A Bcaμ-3 lokusznek három allélja (151, 155, 160) volt (23.ábra). A magyar és emdeni ludaknál a 160-as allél volt a főallél, 52%-os gyakorisággal. A 155-ös allél gyakorisága 47% volt. A 151-es allél mindössze 1%-ban fordult elő, mivel csak két populációban (fodros1, babati1) volt azonosítható. A vadludak fő allélja ezen a lokuszon a 160-as volt, tekintélyes, 83%-os gyakorisággal. A 155-ös mellékalléllra 17%-os gyakoriságot kaptam.

A tizenöt populáció mindegyike heterozigóta volt az adott lokuszra nézve. A valós heterozigotizáció értéke 0,47 a várté 0,48 volt. A HWE teszt nem mutatott egyensúlytól való eltérést.

23.ábra

#### Bcaμ-3 lokusz alléljainak gyakorisága



1 = fodros1, 2 = fodros2, 3 = fodros3, 4 = fodros4, 5 = fodros5, 6 = fodros6, 7 = fodros7, 8 = fodros8, 9 = orosházi, 10 = orosházi x fodros, 11 = parlagi, 12 = babati1, 13 = babati2, 14 = emdeni, 15 = nyári lúd

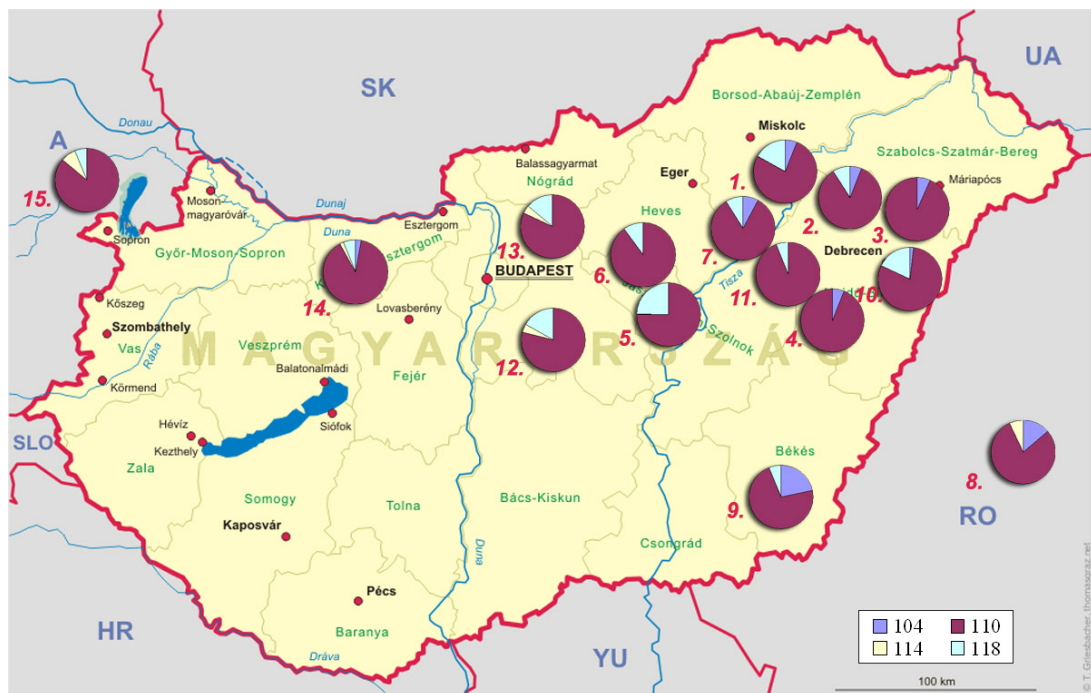
## Bcau-9

A Bcau-9 lokuszon négy allélt (104, 110, 114, 118) azonosítottam (24.ábra). Leggyakoribb a 110-es allél volt, 83%-os gyakorisággal. Alacsony, mindössze 12%-os gyakorisága volt a 118-as allélnak, s csupán 2%, illetve 3%-os gyakorisággal észleltem a 114-es és a 104-es allélokat. A tizenöt populáció mindegyike heterozigótának bizonyult az adott lokusz tekintetében.

A valós heterozigotizás értéke 0,30 a várt heterozigotizás értéke 0,29 volt. Nem tapasztaltam Hardy-Weinberg egyensúlytól való szignifikáns eltérést.

24. ábra

### Bcau-9 lokusz alléljainak gyakorisága



1 = fodros1, 2 = fodros2, 3 = fodros3, 4 = fodros4, 5 = fodros5, 6 = fodros6, 7 = fodros7, 8 = fodros8,  
9 = orosházi, 10 = orosházi x fodros, 11 = parlagi, 12 = babati1, 13 = babati2, 14 = emdeni, 15 = nyári lúd

#### 5.4. A mikroszatellitek információtartalma (PIC)

Kiszámoltam a felhasznált mikroszatellitek információtartalmát, röviden PIC-értékét (Polymorphic Information Content) a vizsgált mintákban. A PIC-érték annál nagyobb, minél magasabb egy lokusz alléljeinek száma a vizsgált populációban és minél egységesebb az allélok gyakorisága. A 18. táblázat a tíz mikroszatellit PIC-értékeit mutatja be.

18. táblázat

**Mikroszatellitek PIC-értékei**

	<b>Mikroszatellit</b>	<b>PIC-érték</b>
1.	<b>Smo7</b>	0,25
2.	<b>Smo12</b>	0,17
3.	<b>APH12</b>	0,35
4.	<b>APH13</b>	0,37
5.	<b>TTUG-1</b>	0,12
6.	<b>TTUG-2</b>	0,34
7.	<b>TTUG-5</b>	0,83
8.	<b>Bcap1</b>	0,40
9.	<b>Bcap3</b>	0,39
10.	<b>Bcap9</b>	0,28

A legmagasabb PIC-érték 0,83 volt, amit a TTUG-5 lokusz esetében kaptam. A legalacsonyabb értéket (0,12) a TTUG-1 lokusznál tapasztaltam. Ennek nyilvánvaló oka az, hogy a TTUG-5 lokusz esetében volt a legmagasabb az azonosított allélok száma. Ellenben a TTUG-1 lokuszon a legkevesebb allélt és a legalacsonyabb heterozigotizációs értékeket számoltam. A polimorf mikroszatellitek PIC-értékeinek átlaga 0,35 volt.

## 5.5. A populációk genetikai változatossága

A különböző helyről származó mintacsoportokban, összesen 40 allélt találtam a vizsgált lokuszokon. Az allélok átlaga a tizenöt populációra nézve 2,6 lett. A 19. táblázat populációkra bontva, mikroszatellitenként mutatja be az allélok számát.

A legtöbb allél (3,4) a fodros1, a legkevesebb a parlagi és fodros7 populációkban (2) fordult elő. Három alatti átlagos allélszámot határoztam meg a fodros2 (2,8), fodros3 (2,4), fodros4 (2,7), fodros5 (2,2), fodros6 (2,6), fodros8 (2,3), orosházi (2,1), orosházi x fodros (2,7) és babati2 (2,7) elnevezéssel jelölt ludakban. A babati1 populációban 3,3, az emdeni populációban 3,2 volt az átlagos allélszám. A vadlibák esetében 3,1 allélt találtam a tíz mikroszatellit összességében.

## Allélok száma mikroszatellit lokuszonként az egyes populációkban

Pop.	TTUG-1	TTUG-2	TTUG-5	Smo7	Smo12	APH12	APH13	Bcap-1	Bcap-3	Bcap-9	Össz
<b>Fod1</b>	3	2	8	2	3	4	2	4	3	3	3,4
<b>Fod2</b>	1	2	6	2	2	4	2	4	2	3	2,8
<b>Fod3</b>	1	2	6	2	1	2	2	4	2	2	2,4
<b>Fod4</b>	2	2	8	2	1	3	2	3	2	2	2,7
<b>Fod5</b>	1	2	7	2	1	2	2	1	2	2	2,2
<b>Fod6</b>	1	2	6	2	1	4	2	4	2	2	2,6
<b>Fod7</b>	1	1	4	2	1	2	2	2	2	3	2
<b>Fod8</b>	1	2	4	2	1	3	2	3	2	3	2,3
<b>Oros</b>	1	2	4	1	1	2	2	3	2	3	2,1
<b>OxF</b>	1	2	6	2	1	3	2	5	2	3	2,7
<b>Parl</b>	2	2	3	2	1	2	2	2	2	2	2
<b>B1</b>	1	2	8	2	3	4	2	5	3	3	3,3
<b>B2</b>	1	2	6	2	1	4	2	4	2	3	2,7
<b>Emd</b>	2	2	8	2	2	3	2	5	2	4	3,2
<b>NyL</b>	1	1	10	2	2	3	2	4	3	3	3,1

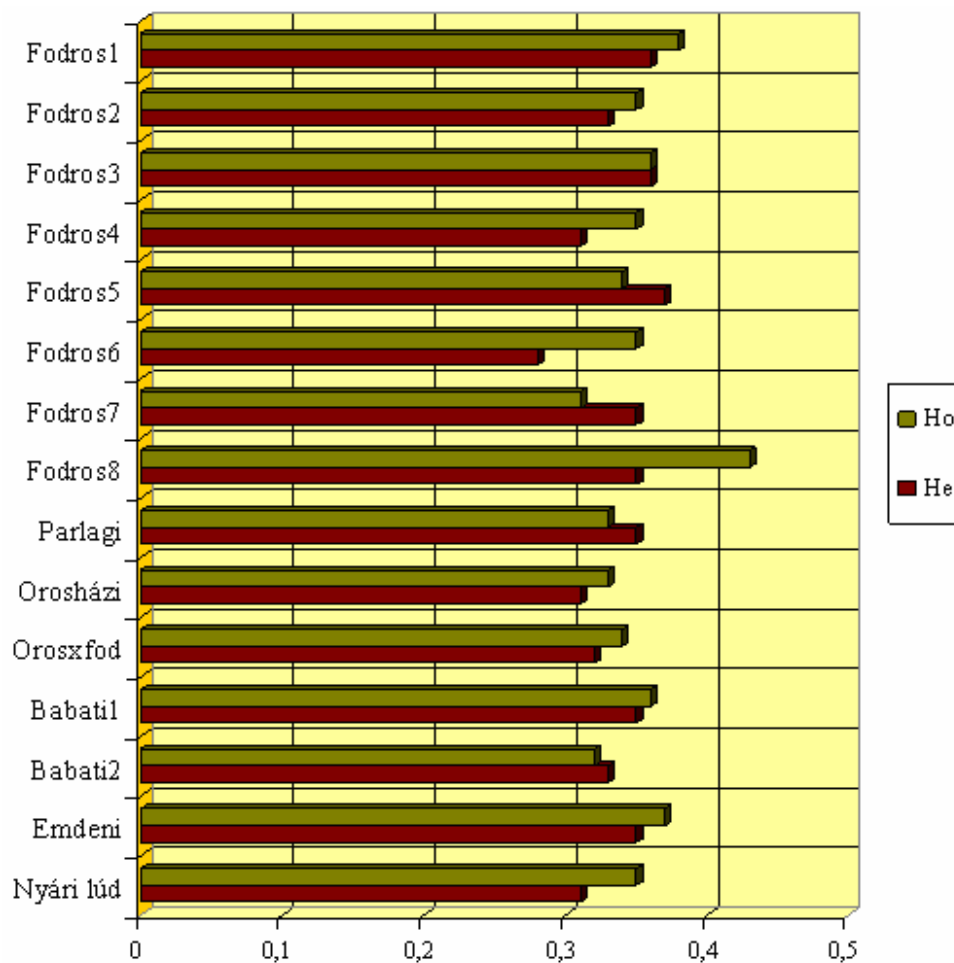
Fod1 = fodros1, Fod2 = fodros2, Fod3 = fodros3, Fod4 = fodros4, Fod5 = fodros5, Fod6 = fodros6, Fod7 = fodros7, Fod8 = fodros8, Oros = oroszái,

OxF = oroszái x fodros, Parl = parlagi, B1 = babati1, B2 = babati2, Emd = emdeni, NyL = nyári lúd

Egy állatállomány genetikai variabilitásáról az alléldiverzitás mellett a populáción belüli heterozigotitás ad felvilágosítást. Ez a populáción belül a heterozigóta állatok számából ered. A 25. ábra a tizenöt populáció heterozigotitását mutatja be. A valós és a várt heterozigotitás értékek a tíz lokusz esetében 28-37% között alakultak.

25. ábra

### A 15 populáció valós és várt heterozigotitása



A valós és várt heterozigotitási értékeket populációnként és lokuszonként a 20. táblázatban foglaltam össze. A populációk heterozigotitása között nem mutatkozott számottevő különbség. A legnagyobb heterozigotitást a fodros5 populáció ( $H_o=0,37$ ), a legkisebbet pedig a fodros6 populáció ( $H_o=0,26$ ) mutatta. A táblázat 0 értékei a heterozigóta egyedek hiányára utalnak.

## A populációk valós és várt heterozigotizás értékei mikroszatellitenként

Pop.	TTUG-1		TTUG-2		TTUG-5		Smo7		Smo12		APH12		APH13		Bcau-1		Bcau-3		Bcau-9	
	Ho	He	Ho	He	Ho	He	Ho	He	Ho	He	Ho	He	Ho	He	Ho	He	Ho	He	Ho	He
<b>Fod1</b>	0,06	0,06	0,47	0,47	0,68	0,84	0,21	0,22	0,22	0,22	0,07	0,23	0,58	0,50	0,41	0,39	0,50	0,50	0,39	0,37
<b>Fod2</b>	0,00	0,00	0,71	0,50	0,62	0,78	0,29	0,31	0,14	0,13	0,25	0,27	0,33	0,48	0,25	0,27	0,41	0,51	0,30	0,27
<b>Fod3</b>	0,00	0,00	0,29	0,44	0,71	0,83	0,57	0,44	0,00	0,00	0,29	0,26	0,57	0,53	0,57	0,49	0,43	0,49	0,14	0,14
<b>Fod4</b>	0,11	0,11	0,40	0,44	0,70	0,87	0,20	0,19	0,00	0,00	0,40	0,36	0,11	0,50	0,50	0,42	0,60	0,52	0,11	0,11
<b>Fod5</b>	0,00	0,00	0,58	0,52	0,92	0,80	0,33	0,39	0,00	0,00	0,16	0,29	0,45	0,45	0,00	0,00	0,75	0,51	0,5	0,39
<b>Fod6</b>	0,00	0,00	0,36	0,42	0,54	0,75	0,09	0,25	0,00	0,00	0,40	0,65	0,36	0,51	0,50	0,44	0,40	0,34	0,18	0,17
<b>Fod7</b>	0,00	0,00	0,00	0,00	0,83	0,71	0,50	0,53	0,00	0,00	0,33	0,54	0,33	0,30	0,17	0,17	1,00	0,54	0,33	0,31
<b>Fod8</b>	0,00	0,00	0,43	0,49	0,86	0,79	0,29	0,44	0,00	0,00	0,43	0,56	0,00	0,53	0,50	0,62	0,57	0,533	0,43	0,38
<b>Oros</b>	0,00	0,00	0,78	0,53	0,44	0,66	0,00	0,00	0,00	0,00	0,56	0,42	0,33	0,42	0,22	0,31	0,22	0,53	0,56	0,45
<b>OxF</b>	0,00	0,00	0,67	0,50	0,80	0,74	0,19	0,18	0,00	0,00	0,19	0,26	0,30	0,47	0,48	0,41	0,29	0,50	0,30	0,33
<b>Par1</b>	0,00	0,21	0,22	0,21	0,78	0,60	0,56	0,53	0,00	0,00	0,44	0,37	0,33	0,29	0,78	0,53	0,33	0,42	0,11	0,11
<b>B1</b>	0,00	0,00	0,29	0,25	0,75	0,83	0,33	0,28	0,08	0,08	0,32	0,39	0,57	0,49	0,42	0,49	0,39	0,52	0,34	0,35
<b>B2</b>	0,00	0,00	0,32	0,27	0,82	0,80	0,14	0,13	0,00	0,00	0,35	0,37	0,52	0,46	0,26	0,38	0,52	0,50	0,36	0,32
<b>Emd</b>	0,03	0,03	0,30	0,33	0,72	0,82	0,37	0,35	0,28	0,33	0,25	0,30	0,46	0,46	0,43	0,39	0,42	0,49	0,21	0,20
<b>NyL</b>	0,00	0,00	0,00	0,00	0,65	0,86	0,25	0,23	0,61	0,50	0,21	0,32	0,45	0,48	0,53	0,56	0,22	0,29	0,17	0,26

Fod1 = fodros1, Fod2 = fodros2, Fod3 = fodros3, Fod4 = fodros4, Fod5 = fodros5, Fod6 = fodros6, Fod7 = fodros7, Fod8 = fodros8, Oros = orosházi, OxF = orosházi x fodros, Par = parlági, B1 = babati1, B2 = babati2, Emd = emdeni; NyL = nyári lúd

A Hardy-Weinberg egyensúlytól való szignifikáns eltérést a vizsgált populációk esetében a Genepop elnevezésű program segítségével teszteltem. A 21. táblázat ennek eredményeit mutatja be.

A TTUG-5, APH12, APH13, Bcaμ-1 lokuszok esetében több populációnál szignifikánsan eltért a heterozigóták száma a Hardy-Weinberg egyensúlytól. Ezek a fodros1, fodros4, fodros6, fodros8, babati1, babati2, emdeni populációk voltak. A Bcaμ-3 lokusz esetében egyetlen esetben sem tapasztaltam Hardy-Weinberg egyensúlytól szignifikáns eltérést.

Egyes populációknál, bizonyos lokuszokon, nem volt lehetséges az egyensúly tesztelése a heterozigóták hiánya miatt. A TTUG-1 lokusz a vizsgált tizenöt populáció közül tizenegyben homozigótának bizonyult. Három populációban viszont (fodros1, parlagi, emdeni), nem tért el a heterozigóták száma az egyensúlytól.

Megállapítottam, hogy a **fodros1** populációban minden lokusz heterozigóta volt, ám két mikroszatellit esetében (TTUG-5, APH12) egyensúlytól való szignifikáns eltérést tapasztaltam. A **fodros4** populációban is eltérést találtam a TTUG-5 illetve az APH13 lokuszok esetében. Ebben a populációban négy lokuszra abszolút homozigócia jellemző (TTUG-1, TTUG-2, APH 12, Bcaμ-9). A **fodros2, fodros3, fodros5, fodros7, orosházi, orosházi x fodros, parlagi** populációk heterozigóta lokuszai nem tértek el szignifikánsan. A **fodros6** populációban a TTUG-5 lokuszon, a **fodros8** populációban az APH 13 lokuszon tapasztaltam egyensúlytól való eltérést, továbbá a TTUG-1, Smo12 lokuszokon teljes homozigóciát. A babati libák esetében két lokuszon kaptam HWE-től szignifikáns eltérést. A **babati1** az APH12, a **babati2** a Bcaμ-1 lokuszon mutatott erőteljes szelekciós hatást. Az **emdeni** populációban a TTUG-5 lokuszon volt HWE-től való eltérés. A **nyári lúd** egyedeknél minden heterozigóta lokuszon fennállt az egyensúly.

21. táblázat

Hardy-Weinberg egyensúlytól való szignifikáns eltérés vizsgálatának eredményei

	TTUG-1	TTUG-2	TTUG-5	Smo7	Smo12	APH12	APH13	Bcau-1	Bcau-3	Bcau-9
<b>Fod1</b>	n.s.	n.s.	**	n.s.	n.s.	***	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.
<b>Fod2</b>	-	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.
<b>Fod3</b>	-	n.s.	n.s.	n.s.	-	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	-
<b>Fod4</b>	-	-	*	n.s.	-	n.s.	*	n.s.	n.s.	-
<b>Fod5</b>	-	n.s.	n.s.	n.s.	-	n.s.	n.s.	-	n.s.	n.s.
<b>Fod6</b>	-	n.s.	***	n.s.	-	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.
<b>Fod7</b>	-	-	n.s.	n.s.	n.s.	-	n.s.	-	n.s.	n.s.
<b>Fod8</b>	-	n.s.	n.s.	n.s.	-	n.s.	**	n.s.	n.s.	n.s.
<b>Oros</b>	-	n.s.	n.s.	-	-	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.
<b>OxF</b>	-	n.s.	n.s.	n.s.	-	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.
<b>Parl</b>	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	-	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	-
<b>B1</b>	-	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	**	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.
<b>B2</b>	-	n.s.	n.s.	n.s.	-	n.s.	n.s.	***	n.s.	n.s.
<b>Emd</b>	n.s.	n.s.	***	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.
<b>NyL</b>	n.s.	-	n.s.	-	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.

Fod1 = fodros1, Fod2 = fodros2, Fod3 = fodros3, Fod4 = fodros4, Fod5 = fodros5, Fod6 = fodros6, Fod7 = fodros7, Fod8 =

fodros8, Oros = orosházi, OxF = orosházi x fodros, Parl = parlagi, B1 = babati1, B2 = babati2, Emd = emdeni; NyL = nyári lúd

\* =  $p \leq 0,05$     \*\* =  $p \leq 0,01$     \*\*\* =  $p \leq 0,001$     n.s. > 0,05    - = adott lokuszon homozigóta

A populációk variabilitásának összesítését a 22. táblázat mutatja be. A táblázat tartalmazza a populációnkénti egyed- és allélszámot, a várt és a valós heterozigotizációt, valamint a Hardy-Weinberg egyensúlyra vonatkozó p-értékeket.

22. táblázat

**A populációk variabilitása**

<b>Populáció</b>	<b>n</b>	<b>Allélszám</b>	<b>H<sub>O</sub></b>	<b>H<sub>E</sub></b>	<b>pHW</b>	
<b>Fodros1</b>	64	3,4	0,36	0,38	0,001	***
<b>Fodros2</b>	24	2,8	0,33	0,35	0,575	n.s.
<b>Fodros3</b>	7	2,4	0,36	0,36	0,999	n.s.
<b>Fodros4</b>	10	2,7	0,31	0,35	0,566	n.s.
<b>Fodros5</b>	12	2,2	0,37	0,34	0,910	n.s.
<b>Fodros6</b>	11	2,6	0,28	0,35	0,044	*
<b>Fodros7</b>	6	2	0,35	0,31	0,806	n.s.
<b>Fodros8</b>	7	2,3	0,35	0,43	0,280	n.s.
<b>Parlagi</b>	9	2	0,35	0,33	0,872	n.s.
<b>Orosházi</b>	8	2,1	0,31	0,33	0,623	n.s.
<b>Orosházi x fodros</b>	21	2,7	0,32	0,34	0,437	n.s.
<b>Babati1</b>	64	3,3	0,35	0,36	0,133	n.s.
<b>Babati2</b>	23	2,7	0,33	0,32	0,440	n.s.
<b>Emdeni</b>	62	3,2	0,35	0,37	0,204	n.s.
<b>Nyári lúd</b>	21	3,1	0,31	0,35	0,249	n.s.

n = egyedszám; H<sub>O</sub> = átlagos valós heterozigotizáció, H<sub>E</sub> = átlagos várt heterozigotizáció,

pHW = Hardy-Weinberg egyensúlytól való eltérés a 10 lokusz összességében (\* = p ≤ 0,05 ; \*\* = p ≤ 0,01;

\*\*\* = p ≤ 0,001; n.s. > 0,05)

## 5.6. Populációk közötti genetikai különbség meghatározása

### 5.6.1. Allélgyakoriság

Az allélgyakoriság, az egyes populációkban talált allélok száma alapján lokuszonként került kiszámításra. Az allélgyakoriságban fixálódott különbséget nem lehetett egyértelműen megállapítani, mert gyakoriak voltak a közös allélok a különböző lúdcsoportokban. Minden génhelyen voltak olyan allélok, amelyek csak nagyon alacsony gyakorisággal fordultak elő a vizsgált állományokban. Ilyen volt például a Smo12 lokusz 75-ös allélja, aminek gyakorisága mindössze 1% volt és csak két populációban (fodros1, babati1) fordult elő.

A TTUG-2 lokusz 124-es alléljának gyakoriságában adódott a legnagyobb különbség a vizsgált populációk között, mivel ez az allél 10%-os (parlagi) és 100%-os (fodros7) gyakorisággal is előfordult.

Egyes allélok specifikusak voltak. A TTUG-1 marker 114-es allélja csak a fodros1 jelű mintákban volt kimutatható. A TTUG-5 170, 185, 190 alléljait csak a nyári lúd populációban azonosítottam, a többiben az adott allélokat nem lehetett megtalálni.

A mikroszatellit lokuszok allélgyakoriságát a különböző populációkban a 23-32. táblázatok mutatják be.

23. táblázat

**Smo7 mikroszatellit alléljainak gyakorisága az egyes populációkban**

<b>Smo 7</b>	Fod1	Fod2	Fod3	Fod4	Fod5	Fod6	Fod7	Fod8	Oros	OxF	Par	B1	B2	Emd	NyL
	n=64	n=24	n=7	n=10	n=12	n=11	n=6	n=7	n=8	n=21	n=9	n=64	n=23	n=62	n=21
188	0,125	0,187	0,286	0,100	0,250	0,136	0,417	0,286	0,000	0,096	0,500	0,167	0,068	0,221	0,125
190	0,875	0,812	0,714	0,900	0,750	0,864	0,583	0,714	1,000	0,904	0,500	0,833	0,932	0,779	0,875

Fod1 = fodros1, Fod2 = fodros2, Fod3 = fodros3, Fod4 = fodros4, Fod5 = fodros5, Fod6 = fodros6, Fod7 = fodros7, Fod8 = fodros8,

Oros = orosházi, OxF = orosházi x fodros, Par = Parlagi, B1 = babati1, B2 = babati2, Emd = emdeni; NyL= nyári lúd (n=egyed szám)

24. táblázat

**Smo12 mikroszatellit alléljainak gyakorisága az egyes populációkban**

<b>Smo 12</b>	Fod1	Fod2	Fod3	Fod4	Fod5	Fod6	Fod7	Fod8	Oros	OxF	Par	B1	B2	Emd	NyL
	n=64	n=24	n=7	n=10	n=12	n=11	n=6	n=7	n=8	n=21	n=9	n=64	n=23	n=62	n=21
73	0,119	0,068	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,032	0,000	0,208	0,583
74	0,873	0,932	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,960	1,000	0,792	0,416
75	0,008	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,008	0,000	0,000	0,000

Fod1 = fodros1, Fod2 = fodros2, Fod3 = fodros3, Fod4 = fodros4, Fod5 = fodros5, Fod6 = fodros6, Fod7 = fodros7, Fod8 = fodros8,

Oros = orosházi, OxF = orosházi x fodros, Par = Parlagi, B1 = babati1, B2 = babati2, Emd = emdeni; NyL= nyári lúd (n=egyed szám)

25. táblázat

**APH12 mikroszatellit alléljainak gyakorisága az egyes populációkban**

	Fod1	Fod2	Fod3	Fod4	Fod5	Fod6	Fod7	Fod8	Oros	OxF	Par	B1	B2	Emd	NyL
	n=64	n=24	n=7	n=10	n=12	n=11	n=6	n=7	n=8	n=21	n=9	n=64	n=23	n=62	n=21
150	0,019	0,021	0,000	0,000	0,000	0,050	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,022	0,016	0,000	0,107
152	0,019	0,083	0,000	0,100	0,000	0,200	0,000	0,143	0,000	0,024	0,000	0,130	0,158	0,066	0,000
153	0,089	0,042	0,143	0,100	0,166	0,200	0,500	0,214	0,277	0,119	0,222	0,065	0,071	0,104	0,821
154	0,875	0,854	0,857	0,800	0,833	0,550	0,500	0,643	0,722	0,857	0,777	0,783	0,762	0,830	0,072

Fod1 = fodros1, Fod2 = fodros2, Fod3 = fodros3, Fod4 = fodros4, Fod5 = fodros5, Fod6 = fodros6, Fod7 = fodros7, Fod8 = fodros8,

Oros = orosházi, OxF = orosházi x fodros, Par = Parlagi, B1 = babati1, B2 = babati2, Emd = emdeni; NyL= nyári lúd (n=egyed szám)

26. táblázat

**APH13 mikroszatellit alléljainak gyakorisága az egyes populációkban**

	Fod1	Fod2	Fod3	Fod4	Fod5	Fod6	Fod7	Fod8	Oros	OxF	Par	B1	B2	Emd	NyL
	n=64	n=24	n=7	n=10	n=12	n=11	n=6	n=7	n=8	n=21	n=9	n=64	n=23	n=62	n=21
162	0,539	0,375	0,428	0,389	0,318	0,454	0,833	0,429	0,722	0,650	0,167	0,571	0,348	0,639	0,625
164	0,461	0,625	0,571	0,611	0,682	0,545	0,167	0,571	0,278	0,350	0,833	0,428	0,652	0,361	0,375

Fod1 = fodros1, Fod2 = fodros2, Fod3 = fodros3, Fod4 = fodros4, Fod5 = fodros5, Fod6 = fodros6, Fod7 = fodros7, Fod8 = fodros8,

Oros = orosházi, OxF = orosházi x fodros, Par = Parlagi, B1 = babati1, B2 = babati2, Emd = emdeni; NyL= nyári lúd (n=egyed szám)

## TTUG-1 mikroszatellit alléljainak gyakorisága az egyes populációkban

TTUG-1	Fod1	Fod2	Fod3	Fod4	Fod5	Fod6	Fod7	Fod8	Oros	OxF	Par	B1	B2	Emd	NyL
	n=64	n=24	n=7	n=10	n=12	n=11	n=6	n=7	n=8	n=21	n=9	n=64	n=23	n=62	n=21
110	0,009	0,000	0,000	0,055	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,111	0,000	0,000	0,016	1,000
112	0,969	1,000	1,000	0,944	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,889	1,000	1,000	0,983	0,000
114	0,023	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

Fod1 = fodros1, Fod2 = fodros2, Fod3 = fodros3, Fod4 = fodros4, Fod5 = fodros5, Fod6 = fodros6, Fod7 = fodros7, Fod8 = fodros8,

Oros = orosházi, OxF = orosházi x fodros, Par = Parlagi, B1 = babati1, B2 = babati2, Emd = emdeni; NyL= nyári lúd (n=egyed szám)

## TTUG-2 mikroszatellit alléljainak gyakorisága az egyes populációkban

TTUG-2	Fod1	Fod2	Fod3	Fod4	Fod5	Fod6	Fod7	Fod8	Oros	OxF	Par	B1	B2	Emd	NyL
	n=64	n=24	n=7	n=10	n=12	n=11	n=6	n=7	n=8	n=21	n=9	n=64	n=23	n=62	n=21
108	0,373	0,437	0,285	0,300	0,458	0,273	0,000	0,357	0,500	0,428	0,889	0,146	0,159	0,207	1,000
124	0,627	0,562	0,714	0,700	0,542	0,727	1,000	0,643	0,500	0,571	0,111	0,853	0,841	0,792	0,000

Fod1 = fodros1, Fod2 = fodros2, Fod3 = fodros3, Fod4 = fodros4, Fod5 = fodros5, Fod6 = fodros6, Fod7 = fodros7, Fod8 = fodros8,

Oros = orosházi, OxF = orosházi x fodros, Par = Parlagi, B1 = babati1, B2 = babati2, Emd = emdeni; NyL= nyári lúd (n=egyed szám)

## TTUG-5 mikroszatellit alléljainak gyakorisága az egyes populációkban

TTUG-5	Fod1	Fod2	Fod3	Fod4	Fod5	Fod6	Fod7	Fod8	Oros	OxF	Par	B1	B2	Emd	NyL
	n=64	n=24	n=7	n=10	n=12	n=11	n=6	n=7	n=8	n=21	n=9	n=64	n=23	n=62	n=21
170	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	0,147
176	0,091	0,000	0,000	0,100	0,041	0,000	0,000	0,286	0,000	0,000	0,000	0,111	0,114	0,009	0,088
185	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	0,029
190	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	0,029
196	0,222	0,286	0,071	0,050	0,083	0,454	0,000	0,143	0,333	0,150	0,000	0,198	0,159	0,202	0,089
201	0,162	0,167	0,000	0,150	0,083	0,091	0,167	0,000	0,111	0,100	0,556	0,000	0,000	0,053	0,266
206	0,172	0,333	0,286	0,250	0,250	0,182	0,500	0,286	0,500	0,450	0,333	0,008	0,068	0,175	0,235
211	0,141	0,071	0,214	0,100	0,125	0,045	0,000	0,286	0,000	0,050	0,000	0,167	0,250	0,158	0,029
216	0,182	0,119	0,286	0,250	0,375	0,182	0,250	0,000	0,000	0,175	0,111	0,214	0,318	0,272	0,059
221	0,020	0,024	0,000	0,050	0,000	0,000	0,000	0,000	0,056	0,075	0,000	0,214	0,091	0,088	0,000
226	0,010	0,000	0,071	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,079	0,000	0,044	0,029
231	0,000	0,000	0,071	0,050	0,042	0,045	0,083	0,000	0,000	0,000	0,000	0,008	0,000	0,000	0,000

Fod1 = fodros1, Fod2 = fodros2, Fod3 = fodros3, Fod4 = fodros4, Fod5 = fodros5, Fod6 = fodros6, Fod7 = fodros7, Fod8 = fodros8,

Oros = orosházi, OxF = orosházi x fodros, Par = Parlagi, B1 = babati1, B2 = babati2, Emd = emdeni; NyL = nyári lúd (n=egyed szám)

**Bcaμ-1 mikroszatellit alléljainak gyakorisága az egyes populációkban**

<b>Bcaμ-1</b>	Fod1	Fod2	Fod3	Fod4	Fod5	Fod6	Fod7	Fod8	Oros	OxF	Par	B1	B2	Emd	NyL
	n=64	n=24	n=7	n=10	n=12	n=11	n=6	n=7	n=8	n=21	n=9	n=64	n=23	n=62	n=21
111	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,050	0,000	0,167	0,000	0,095	0,500	0,000	0,000	0,025	0,034
113	0,766	0,854	0,714	0,750	1,000	0,750	0,917	0,583	0,833	0,762	0,500	0,734	0,783	0,775	0,300
115	0,016	0,042	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,117	0,109	0,050	0,066
117	0,148	0,062	0,143	0,200	0,000	0,100	0,083	0,250	0,111	0,024	0,000	0,102	0,087	0,083	0,600
119	0,000	0,042	0,071	0,050	0,000	0,000	0,000	0,000	0,055	0,095	0,000	0,009	0,022	0,000	0,000
121	0,070	0,000	0,071	0,000	0,000	0,100	0,000	0,000	0,000	0,024	0,000	0,039	0,000	0,067	0,000

Fod1 = fodros1, Fod2 = fodros2, Fod3 = fodros3, Fod4 = fodros4, Fod5 = fodros5, Fod6 = fodros6, Fod7 = fodros7, Fod8 = fodros8,

Oros = orosházi, OxF = orosházi x fodros, Par = Parlági, B1 = babati1, B2 = babati2, Emd = emdeni; NyL= nyári lúd (n=egyed szám)

**Bcaμ-3 mikroszatellit alléljainak gyakorisága az egyes populációkban**

<b>Bcaμ-3</b>	Fod1	Fod2	Fod3	Fod4	Fod5	Fod6	Fod7	Fod8	Oros	OxF	Par	B1	B2	Emd	NyL
	n=64	n=24	n=7	n=10	n=12	n=11	n=6	n=7	n=8	n=21	n=9	n=64	n=23	n=62	n=21
151	0,016	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,039	0,000	0,000	0,000
155	0,429	0,500	0,643	0,500	0,458	0,200	0,500	0,571	0,556	0,571	0,278	0,375	0,435	0,592	0,166
160	0,562	0,500	0,357	0,500	0,542	0,800	0,500	0,429	0,444	0,429	0,722	0,586	0,565	0,408	0,833

Fod1 = fodros1, Fod2 = fodros2, Fod3 = fodros3, Fod4 = fodros4, Fod5 = fodros5, Fod6 = fodros6, Fod7 = fodros7, Fod8 = fodros8,

Oros = orosházi, OxF = orosházi x fodros, Par = Parlági, B1 = babati1, B2 = babati2, Emd = emdeni; NyL= nyári lúd (n=egyed szám)

32. táblázat

**Beau-9 mikroszatellit alléljainak gyakorisága az egyes populációkban**

<b>Beau-9</b>	Fod1	Fod2	Fod3	Fod4	Fod5	Fod6	Fod7	Fod8	Oros	OxF	Par	B1	B2	Emd	NyL
	n=64	n=24	n=7	n=10	n=12	n=11	n=6	n=7	n=8	n=21	n=9	n=64	n=23	n=62	n=21
104	0,055	0,065	0,071	0,056	0,000	0,000	0,083	0,143	0,222	0,025	0,000	0,000	0,000	0,025	0,000
110	0,773	0,848	0,929	0,944	0,750	0,909	0,833	0,786	0,722	0,800	0,944	0,789	0,818	0,893	0,861
114	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,071	0,000	0,000	0,000	0,039	0,045	0,025	0,083
118	0,172	0,087	0,000	0,000	0,250	0,091	0,083	0,000	0,056	0,175	0,056	0,172	0,136	0,057	0,055

Fod1 = fodros1, Fod2 = fodros2, Fod3 = fodros3, Fod4 = fodros4, Fod5 = fodros5, Fod6 = fodros6, Fod7 = fodros7, Fod8 = fodros8,

Oros = orosházi, OxF = orosházi x fodros, Par = Parlagi, B1 = babati1, B2 = babati2, Emd = emdeni, NyL= nyári lúd (n=egyed szám)

### 5.6.2. Privát allélok

Egy fajtában, illetve populációban előforduló privát allélok, genetikai disztanciaként (különbség/hasonlóság) lehet értelmezni. Minél több privát allélt tud felmutatni az adott populáció és minél kevesebb azonos allélja van a többi populációval szemben, annál nagyobb a genetikai különbség közte és a többi populáció között.

Privát allélt csupán, a fodros1 és nyári lúd populációkban azonosítottam. A fodros1 populációban a már említett 114-es allél a TTUG-1 lokuszon, a nyári lúdban a 170, 185 és 190-es allélok a TTUG-5 lokuszon fordultak elő. Egyes allélok csak két vagy három populációban voltak jelen. Ilyen volt a Bcaμ-3 lokusz 151-es allélja, amit csak a fodros1 és babati1 jelű csoportokban találtam.

### 5.6.3. F-statisztika

A három fixációs index, *F<sub>is</sub>*, *F<sub>it</sub>* és *F<sub>st</sub>* értékeit a 10 mikroszatellitire nézve, a 33. táblázat összesíti.

33. táblázat:

#### F-statisztika a vizsgált populációk összesítésében

Lokusz	<i>F<sub>is</sub></i>	<i>F<sub>it</sub></i>	<i>F<sub>st</sub></i>
Smo7	-0,032128	0,015289	0,045941
Smo12	0,027682	0,226858	0,204847
APH12	0,209349	0,229059	0,024929
APH13	0,035350	0,084639	0,051095
TTUG-1	0,206272	0,862260	0,826464
TTUG-2	-0,093154	0,156377	0,228266
TTUG-5	0,108357	0,156772	0,054299
Bcaμ1	-0,017707	0,066246	0,082493
Bcaμ3	0,105341	0,137801	0,036283
Bcaμ9	-0,037060	-0,021086	0,015403
<b>Totál</b>	0,049187	0,158126	0,114574

A genetikai variabilitás szerkezetének tanulmányozására alkalmas az F-statisztika, amelyben a populációk teljes varianciája ( $F_{IT}$ ) osztható fel populáción belüli ( $F_{IS}$ ) és populációk közötti ( $F_{ST}$ ) komponensekre. Az eredmények alapján, a teljes genetikai variancia ( $F_{IT} = 0,158126$ ) legnagyobb része a csoportok közötti komponensre esett ( $F_{ST} = 0,114574$ ;  $F_{IS} = 0,049187$ ), jelezve, hogy egyes állományok elkülönülnek egymástól. A lokuszok egyenkénti vizsgálatánál hat esetében, az  $F_{ST}$ - értékek bizonyultak nagyobbak. Ezen markerek (Smo12, APH13, TTUG-1, TTUG-2, Bcaμ1, Bcaμ9) variabilitása nagyobb volt az egyes populációkon belül, mint a különböző csoportok között.

A  $F_{IS}$ -, és a  $F_{IT}$ -értékek a heterozigócia növekedés meghatározására és a Hardy-Weinberg egyensúly meglétének, illetve hiányának kimutatására is alkalmasak. A  $F_{IS}$  pozitív értékei lecsökkent heterozigotizásra (beltenyésztettség), negatív értékei alacsony homozigotizásra utalnak (BALLOUX és MOULIN, 2002). Negatív értékeket a Smo7, TTUG-2, Bcaμ1, Bcaμ9 lokuszok esetében kaptam, ami a szubpopulációk összességében magas heterozigotizásra utalt. Pozitív értéket mutattak a Smo12, APH12, APH13, TTUG-1, TTUG-5, Bcaμ3 mikroszatellitek, ezen belül is kiemelkedően magas értékei az APH12 (0,2093) és TTUG-1 (0,2062) lokuszoknak voltak. A pozitív értékek a homozigoták túlsúlyát feltételezi a populációkon belül.

A  $F_{IT}$ -értékek a Hardy-Weinberg egyensúly meglétét, illetve hiányát mutatják a vizsgált állományokban. Minél magasabb pozitív értéket tapasztaltam az adott lokuszon, annál nagyobb heterozigóta hiány volt a teljes populációban. A Bcaμ9 markert kivéve, minden esetben pozitív értéket kaptam. Legmagasabb értékei a Smo12, APH12 és TTUG-1 mikroszatelliteknek voltak.

Az egyes állományok elkülönülés mértékének meghatározására és a csoportok közötti genetikai különbség számszerűsítésére, a populációnként kiszámított  $F_{ST}$  értékek alkalmasak. Ezt populációnként meghatároztam és páronként összehasonlítottam, aminek eredményeit a 34. táblázatban foglaltam össze. Az  $F_{ST}$  értékek alapján a szubpopulációk közötti kapcsolatok a következőképpen alakulnak (WRIHGT 1978, HARTL és CLARK 1997):

- 0-0,05 közötti  $F_{ST}$  értékek alacsony genetikai differenciáltságra,
- 0,05-0,15 közötti  $F_{ST}$  értékek közepes genetikai differenciáltságra,
- 0,15-0,25 közötti  $F_{ST}$  értékek magas genetikai differenciáltságra,
- > 0,25 nagyon magas genetikai differenciáltságra utalnak.

## Homogenitás-teszt eredménye a tíz mikroszatellit lokusz alapján

	Fod1	Fod2	Fod3	Fod4	Fod5	Fod6	Fod7	Fod8	Oros	OxF	Par	B1	B2	Emd	NyL
<b>Fod1</b>	-	0,008	0,007	-0,002	0,020	0,027	<b>0,102</b>	0,020	0,031	0,016	<b>0,178</b>	0,019	0,028	0,021	<b>0,41</b>
<b>Fod2</b>	n.s.	-	-0,004	-0,008	0,003	0,031	<b>0,131</b>	0,014	0,032	0,015	<b>0,151</b>	0,043	0,040	0,038	<b>0,44</b>
<b>Fod3</b>	n.s.	n.s.	-	-0,039	0,004	0,044	<b>0,071</b>	-0,036	<b>0,051</b>	0,007	<b>0,188</b>	0,015	0,015	-0,004	<b>0,45</b>
<b>Fod4</b>	n.s.	n.s.	n.s.	-	0,006	0,015	<b>0,097</b>	-0,021	0,042	0,012	<b>0,175</b>	0,012	-0,003	0,018	<b>0,43</b>
<b>Fod5</b>	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	-	<b>0,054</b>	<b>0,137</b>	0,038	<b>0,082</b>	0,037	<b>0,159</b>	<b>0,050</b>	0,036	<b>0,057</b>	<b>0,46</b>
<b>Fod6</b>	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	*	-	<b>0,105</b>	0,026	<b>0,063</b>	<b>0,065</b>	<b>0,198</b>	0,021	0,033	<b>0,060</b>	<b>0,42</b>
<b>Fod7</b>	*	*	*	*	*	*	-	<b>0,076</b>	<b>0,104</b>	<b>0,091</b>	<b>0,321</b>	<b>0,075</b>	<b>0,147</b>	<b>0,064</b>	<b>0,48</b>
<b>Fod8</b>	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	*	-	0,031	0,029	<b>0,144</b>	0,025	0,035	0,035	<b>0,40</b>
<b>Oros</b>	n.s.	n.s.	*	n.s.	*	*	*	n.s.	-	-0,008	<b>0,238</b>	<b>0,074</b>	<b>0,115</b>	<b>0,061</b>	<b>0,43</b>
<b>OxF</b>	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	*	*	n.s.	n.s.	-	<b>0,202</b>	0,044	<b>0,069</b>	0,032	<b>0,45</b>
<b>Par</b>	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	-	<b>0,245</b>	<b>0,260</b>	<b>0,240</b>	<b>0,42</b>
<b>B1</b>	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	*	n.s.	*	n.s.	*	n.s.	*	-	0,007	0,022	<b>0,45</b>
<b>B2</b>	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	*	n.s.	n.s.	*	*	n.s.	-	0,042	<b>0,48</b>
<b>Emd</b>	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	*	*	*	n.s.	*	n.s.	*	n.s.	n.s.	-	<b>0,44</b>
<b>NyL</b>	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	-

Fod1 = fodros1, Fod2 = fodros2, Fod3 = fodros3, Fod4 = fodros4, Fod5 = fodros5, Fod6 = fodros6, Fod7 = fodros7, Fod8 = fodros8, Oros =

oroszázi, OxF = orosházi x fodros, Par = parlagi, B1 = babati1, B2 = babati2, Emd = emdeni; NyL = nyári lúd

A \* megjelölt populáció párok szignifikánsan különböznek ( $p > 0,05$ ). n.s. = nincs szignifikáns különbség

Az állományok nagyon egyöntetűnek bizonyultak, mivel a legtöbb szubpopuláció között nem lehetett szignifikáns különbséget kimutatni. Az elsődleges kontrollnak számító, külső csoportot képező **nyári lúd** populáción kívül kettő, a fodros7 és a parlagi jelű minták tértek el az összes többitől szignifikánsan. A **fodros7** és a többi populáció között meghatározott  $F_{ST}$  értékek 0,064-0,45 között alakultak. A **parlagi** és a másik 14 csoport összehasonlításában ez 0,114-0,42 között változott. A fodrostollúak közül a **fodros5** és a **fodros6** között kaptam szignifikáns eltérést és 0,054-es  $F_{ST}$  értéket, ami kifejezetten alacsony differenciáltságra utalt. A sima és fodrostollúak összehasonlításában az **orosházi**, a fodros3, a fodros5 és a fodros6 állományoktól, az **orosházi x fodros** a fodros6, a babati1 és a fodros5 nevű csapatoktól tért el szignifikánsan. Az  $F_{ST}$  értékek közepes differenciáltságra utaltak. Az **emdenitől** a fodros5, fodros6, fodros7, orosházi és parlagi populációk tértek el szignifikánsan. A maradék nyolc (fodros1, fodros2, fodros3, fodros4, fodros8, orosházi x fodros, babati1, babati2) és az emdeni között nem lehetett különbséget kimutatni. Az  $F_{ST}$  értékek minden esetben 0,42 alatt maradtak. Az emdenitől való legkisebb differenciáltságot a fodros3 populáció mutatta. A simatollú magyar ludak közül, a **babati1 - orosházi**, **babati2 – orosházi x fodros** állományok mutattak szignifikáns eltérést.

#### 5.6.4. Genetikai távolság (disztancia)

Az *MSA 4.00* szoftverprogram segítségével, a genetikai távolságot az allélgyakoriságból *POSA* és *Nei* módszerével (BOWCOCK és mtsai.,1994; NEI, 1978) számoltam ki. A tizenöt lúdpopuláció között kapott disztancia értékeket a 35. táblázat tartalmazza. Noha, a Nei-féle genetikai távolság értékek alapvetően alacsonyabbak voltak, a POSA módszerrel számoltaknál, azonos eredményt hoztak és a homogenitás-teszt során megállapított genetikai differenciál értékeket alátámasztották. A házilúd populációk között, a legnagyobb genetikai távolságokat a homogenitás-teszthez hasonlóan a parlagi és a fodros7 jelűeknél tapasztaltam. Ennél a két állománynál, szembetűnően magas értékeket mértem (Nei-féle= 0,219, POSA-féle= 0,325) egymás, illetve a többi populációval történő összehasonlításban is. Az emdenitől mindkét módszer ugyanannál a nyolc populációnál mutatta a legkisebb genetikai távolságot (fodros1, fodros2, fodros3, fodros4, fodros8, orosházi x fodros, babati 1, babati 2), amelyeknél a legalacsonyabb  $F_{ST}$  értékeket kaptam.

## Populációk közötti genetikai távolság

	Fod1	Fod2	Fod3	Fod4	Fod5	Fod6	Fod7	Fod8	Oros	OxF	Par	B1	B2	Emd	NyL
<b>Fod1</b>	0,000	0,100	0,146	0,110	0,133	0,142	0,233	0,174	0,168	0,109	0,301	0,095	0,131	0,113	0,503
<b>Fod2</b>	0,005	0,000	0,134	0,102	0,108	0,15	0,213	0,160	0,142	0,108	0,254	0,146	0,137	0,138	0,535
<b>Fod3</b>	0,006	0,000	0,000	0,095	0,129	0,162	0,201	0,120	0,198	0,141	0,281	0,155	0,150	0,119	0,565
<b>Fod4</b>	0,001	0,000	-0,019	0,000	0,126	0,138	0,209	0,144	0,177	0,127	0,266	0,136	0,109	0,14	0,533
<b>Fod5</b>	0,013	0,002	0,000	0,003	0,000	0,175	0,214	0,172	0,188	0,135	0,243	0,163	0,138	0,173	0,557
<b>Fod6</b>	0,019	0,019	0,030	0,013	0,031	0,000	0,228	0,185	0,200	0,17	0,281	0,138	0,155	0,17	0,492
<b>Fod7</b>	0,069	0,08	0,037	0,056	0,074	0,064	0,000	0,243	0,192	0,197	0,325	0,217	0,241	0,206	0,564
<b>Fod8</b>	0,011	0,006	-0,019	-0,010	0,018	0,021	0,05	0,000	0,189	0,171	0,282	0,171	0,172	0,185	0,539
<b>Oros</b>	0,021	0,019	0,03	0,026	0,044	0,040	0,056	0,021	0,000	0,101	0,317	0,205	0,216	0,188	0,515
<b>OxF</b>	0,010	0,01	0,004	0,008	0,019	0,038	0,051	0,014	0,000	0,000	0,286	0,144	0,160	0,125	0,525
<b>Parl</b>	0,128	0,094	0,119	0,110	0,091	0,13	0,219	0,099	0,154	0,128	0,000	0,330	0,321	0,336	0,505
<b>B1</b>	0,012	0,026	0,01	0,008	0,030	0,014	0,047	0,011	0,046	0,026	0,18	0,000	0,071	0,108	0,530
<b>B2</b>	0,016	0,021	0,005	0,000	0,017	0,018	0,081	0,013	0,063	0,037	0,164	0,004	0,000	0,14	0,550
<b>Emd</b>	0,014	0,023	0,000	0,012	0,035	0,039	0,041	0,02	0,039	0,019	0,179	0,013	0,024	0,000	0,518
<b>NyL</b>	0,405	0,433	0,455	0,408	0,439	0,395	0,474	0,412	0,389	0,429	0,373	0,461	0,467	0,445	0,000

Fod1 = fodros1, Fod2 = fodros2, Fod3 = fodros3, Fod4 = fodros4, Fod5 = fodros5, Fod6 = fodros6, Fod7 = fodros7, Fod8 = fodros8, Oros =

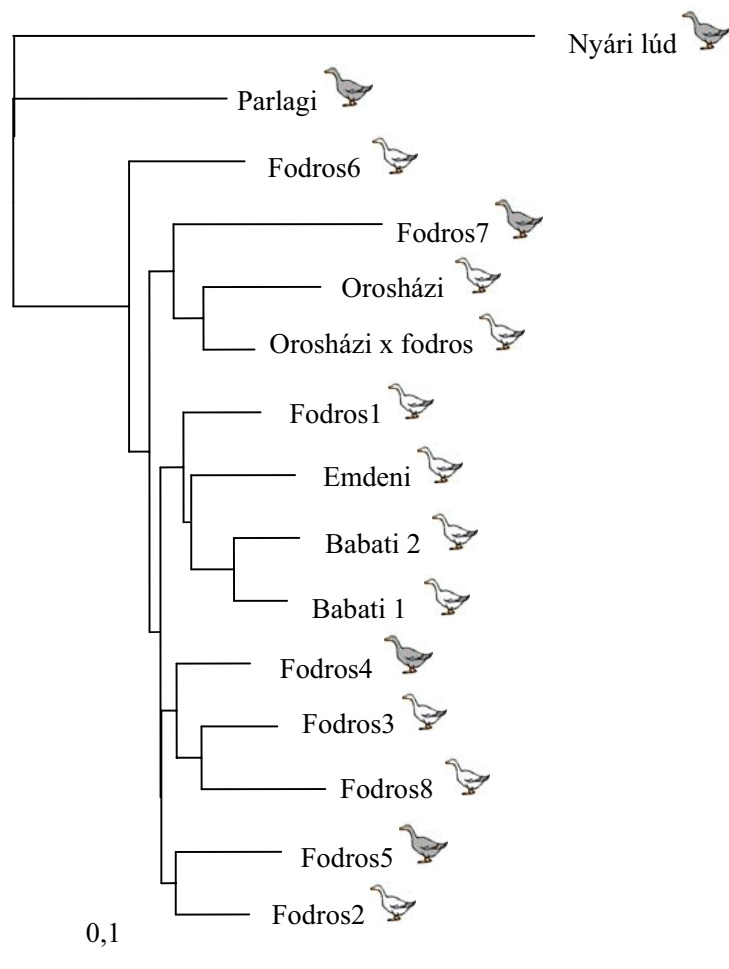
orosházi, OxF = orosházi x fodros, Par = parlagi, B1 = babati1, B2 = babati2, Emd = emdeni; NyL = nyári lúd

A diagonál felső részében a POSA-disztancia (BOWCOCK és mtsai., 1994), az alsó részében a Nei-féle disztanciaértékek találhatók (NEI, 1978).

A populációk közötti genetikai távolságok grafikus ábrázolásának módja, a filogenetikai fa, más néven dendrogram felállítása. Ehhez a *POSA*-féle genetikai disztancia értékeket választottam. Ezek kellően reprezentatívan ábrázolják az olyan szoros rokonságban lévő szubpopulációk között is a genetikai kapcsolatokat (BOWCOCK és mtsai, 1994), mint amilyenek a vizsgált állományok voltak. Az értékekből felállított filogenetikai fát a 26., 27. ábrák szemléltetik. A 26. ábra esetében a kontrollként használt nyári lúd populációt külső csoportnak választottam, így a program a külső csoporthoz viszonyítva ábrázolta a populációk közötti genetikai távolságot.

26.ábra

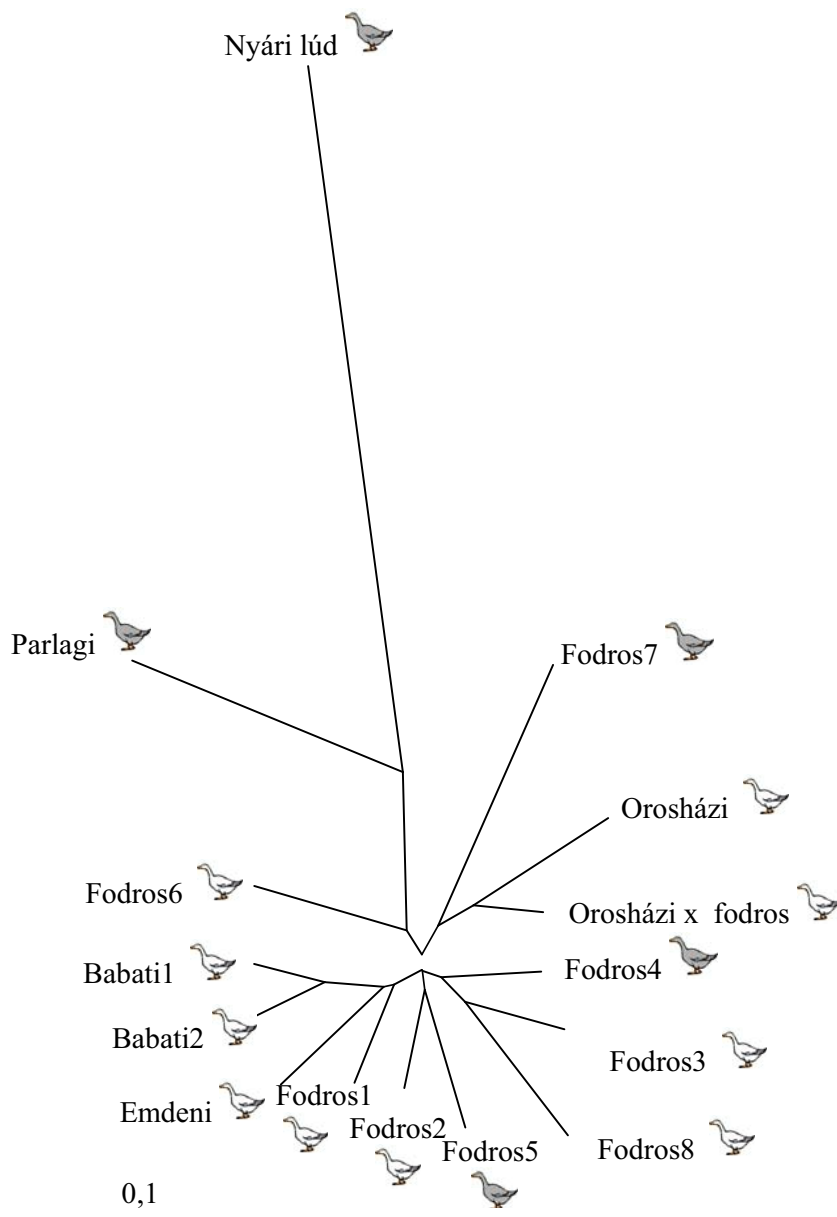
**A POSA értékekből felállított dendrogram  
Gyökér nélküli fa. (BOWCOCK és mtsai., 1994)**



A 27. ábra esetében nem választottam külső csoportot, a program a populációk egymás közötti viszonyában készítette el a dendrogrammot a POSA értékek alapján. A dendrogram gyökere alatt a felülnézetből látható középpontját értjük.

27. ábra

**A POSA értékekből felállított dendrogram, gyökérrel  
(BOWCOCK és mtsai., 1994)**



Mindkét dendrogram esetében ugyanazok a szubpopulációk képezték a csoportokat. Egy bokrot adtak a fodros2, fodros3, fodros4, fodros5, fodros8 populációk. A fodros1, babati1, babati2, emdeni populációk képeztek egy másik, az orosházi, orosházi x fodros és a fodros7 állományok egy harmadik csoportot. A fodros6, illetve a parlagi jelű lúdcapatok a többitől viszonylag távol, külön-külön képeztek egy-egy csoportot. A nyári lúdtól a parlagi távolodott el legkevésbé, bár ez is jelentős távolságot mutatott.

## 6. Eredmények kiértékelése

### 6.1. Mikroszatellit adaptálás eredményeinek kiértékelése

A baromfifajok esetében a genetikai markerek száma korlátozott. Különösen érvényes ez a háziasított víziszárnyasokra és a vad vízimadár fajokra, amelyek esetében, a mikroszatellit markerek nagyon behatároltan állnak rendelkezésre (MAAK, 2000). A mikroszatellitek azonosítása és jellemzése fölöttébb költséges és időigényes, így a markerek interspecifikus adaptációjával kapcsolatos tanulmányoknak - mint amilyen ez is - nagy jelentőségük van (REED és mtsai 2000).

A disszertáció alapját képező populációgenetikai vizsgálatok elvégezhetőségéhez elengedhetetlenül fontos volt, a kacsá (tőkés és pehely réce) és kanadai lúd mikroszatellitek adaptálása a domesztikált és nyári lúd fajokba. Elsődleges feladatomból volt tehát, a mikroszatellit primerek számára, a legmegfelelőbb körülményeket megteremtése, a PCR különböző hőmérsékletének és a  $MgCl_2$  koncentrációjának optimalizálásával. A PCR reakció megfelelő körülményeinek meghatározásán keresztül, a 23 vizsgált mikroszatellitből tizenegyet (61%) sikeresen adaptáltam a vizsgált magyar és emdeni lúdfajtákba, valamint ezek vadon élő őseibe, a nyári lúdba. Az általam adaptált mikroszatellitek számát összehasonlítottam különböző vízimadár mikroszatellit adaptálásával foglalkozó tanulmányok eredményeivel, amit a 36. táblázat mutat be.

MAAK és mtsai 2003-ban saját munkacsoportjuk által leírt mikroszatellitek adaptálására tettek kísérletet. A vizsgált 18 mikroszatellitből tizenegyet (61%) sikeresen adaptáltak a nyári lúdba, tizet (55%) a hattyúlúdba és szintén tizet (55%) a kanadai lúdba. PAULUS és munkacsoportja az általuk izolált tíz pehely réce mikroszatellitből hatot apáca lúdba (60%) és nyolcat (80%) tőkés récébe adaptált (MAAK és mtsai., 2003; PAULUS és mtsai, 2003).

## 36. táblázat

## Mikroszatellit adaptálás eredményeinek összehasonlítása

Mikroszatellitek		Kiindulási	Adaptálható	
származása	Adaptáló faj	mikroszatellit szám	mikroszatellit szám	%
Pekingi kacsa	Szürke lúd <sup>1</sup>	18	11	61%
Pekingi kacsa	Hattyú lúd <sup>1</sup>	18	10	55%
Pekingi kacsa	Kanadai lúd <sup>1</sup>	18	10	55%
Pehely réce	Apáca lúd <sup>2</sup>	10	6	60%
Pehely réce	Tőkés réce <sup>2</sup>	10	8	80%
<b>Pehely réce</b>	<b>Házi lúd<sup>3</sup></b>	<b>10</b>	<b>5</b>	<b>50%</b>
<b>Tőkés réce</b>	<b>Házi lúd<sup>3</sup></b>	<b>5</b>	<b>3</b>	<b>60%</b>
<b>Kanadai lúd</b>	<b>Házi lúd<sup>3</sup></b>	<b>8</b>	<b>6</b>	<b>75%</b>

1. = MAAK és mtsai., 2003; 2. = PAULUS és TIEDEMANN, 2003; 3. = Saját munka

Az általunk vizsgált tíz pehely réce mikroszatellitből ötöt (50%), az öt tőkés réce mikroszatellitből hármat (60%) és a nyolc kanadai lúd mikroszatellitből hatot (75%) sikeresen adaptáltam a nyári lúdiba és néhány házasított víziszárnyas fajtába.

*Az eredményeim alapján elmondható, hogy a választott mikroszatellitek jól adaptálhatók a vizsgált fajokba*

## 6.2. Adaptált mikroszatellitek kiértékelése

A tizennégy azonosított mikroszatellitből tíz bizonyult polimorfnak (71%) és négy monomorfnak (29%). A populációk genetikai vizsgálatát a tíz polimorf mikroszatellit végeztem. A tíz lokusz esetében, a vizsgált tizennégy házilúd csapatban az allélszám 2-12, a nyári lúdiban 1-10 között változott.

A 37. táblázatban a populációgenetikai vizsgálatához felhasznált mikroszatellitszett került összehasonlításra, más populációgenetikai tanulmányban alkalmazott mikroszatellitszettel és a lokuszonkénti allélszámmal. KUZNETSOV (1998) két havasi lúd populáció 340 egyedét vizsgálta nyolc mikroszatellit segítségével. A mikroszatellit lokuszok allélszáma kettő és hat közötti értékeket vett fel és 3,7 volt átlagban. ZHOU és

LAMONT (1999) egy new hampshire vonalat tanulmányoztak öt mikroszatellittel, amelyek allélszáma egy és öt között változott, átlaga pedig 2,6 volt. NAGY (2002) a DE-ATC Állattenyésztés- és Takarmányozástani Tanszék tulajdonában lévő bronzpulyka állomány 159 egyedének variabilitását elemezte nyolc, tyúkból adaptált mikroszatellit segítségével. Az allélszámot 2-4 között találta, átlagban pedig 3,1 volt. TIEDEMANN és mtsai (2004) tizenegy pehely réce populációt (175 egyed) vizsgáltak öt mikroszatellittel és az allélszámot 6-12 között adták meg. Az öt mikroszatellit átlagos allélszáma 8,8 volt. SCRIGNER és mtsai (2003) tizenegy kanadai lúd populáció 239 egyedénél készített populációgenetikai tanulmányt. A vizsgálatnál öt mikroszatellit használtak, 8,2-es átlagos allélszámmal.

Az általam alkalmazott tíz polimorf mikroszatellit esetében, a vizsgált tizenhárom magyar lúd fajtának tekintett állomány 277 egyedénél, 2-9 közötti allélszámot (átlagban 3,7) állapítottam meg. Az emdeni ludak 63 egyedénél 3,2-es átlagos allélszám mellett 2-8 allélt találtam a vizsgált tíz lokuszon. A vizsgált nyári lúd populáció 21 egyedében két mikroszatellit bizonyult monomorfnak, így az allélszám 1-10 között alakult.

### 37. táblázat

#### A felhasznált mikroszatellitszett összehasonlítása más tanulmányban használt mikroszatellitszettel

Tanulmány	n	Allélszám/Lokusz										Ø
2 havasi lúd populáció <sup>1</sup>	340	2	6	2	4	4	3	4	5	-	-	3,7
1 new hampshire vonal <sup>2</sup>	79	1	4	4	2	2	-	-	-	-	-	2,6
1 bronzpulyka populáció <sup>3</sup>	159	3	2	3	3	3	4	4	3	-	-	3,1
11 pehely réce populáció <sup>4</sup>	175	12	10	5	11	6	-	-	-	-	-	8,8
11 kanadai lúd populáció <sup>5</sup>	236	6	6	4	7	18	-	-	-	-	-	8,2
<b>13 magyar lúd populáció<sup>6</sup></b>	<b>277</b>	<b>3</b>	<b>2</b>	<b>9</b>	<b>2</b>	<b>3</b>	<b>4</b>	<b>2</b>	<b>6</b>	<b>3</b>	<b>3</b>	<b>3,7</b>
<b>1 emdeni lúd populáció<sup>6</sup></b>	<b>63</b>	<b>2</b>	<b>2</b>	<b>8</b>	<b>2</b>	<b>2</b>	<b>3</b>	<b>2</b>	<b>5</b>	<b>2</b>	<b>4</b>	<b>3,2</b>
<b>1 nyári lúd populáció<sup>6</sup></b>	<b>21</b>	<b>1</b>	<b>1</b>	<b>10</b>	<b>2</b>	<b>2</b>	<b>3</b>	<b>2</b>	<b>4</b>	<b>3</b>	<b>3</b>	<b>3,1</b>

1.= KUZNETSOV, 1998; 2. = ZHOU és LAMONT., 1999; 3. = NAGY, 2002

4. = TIEDEMANN és mtsai., 2004; 5. = SCRIGNER és mtsai., 2003; 6. = Saját munka

A mikroszatellitek jellemzőit (allélszámának összehasonlítását az eredeti és a vizsgált fajban, PIC-értékeit és heterozigotizációját) a 38. táblázat mutatja be. A polimorf lokuszokon összesen 40 allélt találtam a tizenöt populációban. Összességében megállapítható, hogy az általam vizsgált állatokban kevesebb allél volt azonosítható, mint a kiindulási fajokban. Kivétel volt a pehely réce APH 12 lokusza, ahol eredetileg két allélt találtak, nekem viszont négy, illetve három allélt sikerült kimutatnom. Nem változott az allélszám a Smo7 (2) és a Bca $\mu$ 1 (6) lokuszokon. A maradék hét polimorf mikrosatellit allélszáma az eredeti faj allélszáma alatt maradt. Ez a jelenség általánosnak tekinthető abban az esetben, ha vadon élő állatokból származó mikrosatelliteket domesztikált fajokba adaptálunk. Ennek oka, hogy a vadon élő állatpopulációk általában nagyobb variabilitást mutatnak, mint a tenyésztett fajták állományai. Természetesen ezt befolyásolhatja a kiindulási és az adaptáló populáció közötti nagy egyedszámbeli különbség is. Munkám során ez az eshetőség sem zárható ki.

38. táblázat

### Mikroszatellitek jellemzői

Mikroszatellitek	Allélszám					Het.	PIC- érték
	Tőkés réce <sup>1</sup>	Pehely réce <sup>2</sup>	Kanadai lúd <sup>3,4</sup>	Domesztikált lúd <sup>5</sup>	Nyári lúd <sup>5</sup>		
<b>Smo7</b>	2	-	-	<b>2</b>	<b>2</b>	29%	0,25
<b>Smo12</b>	5	-	-	<b>2</b>	<b>2</b>	9%	0,17
<b>APH12</b>	-	2	-	<b>4</b>	<b>3</b>	31%	0,35
<b>APH13</b>	-	6	-	<b>2</b>	<b>2</b>	38%	0,37
<b>TTUG-1</b>	-	-	7	<b>3</b>	<b>1</b>	1%	0,12
<b>TTUG-2</b>	-	-	24	<b>2</b>	<b>1</b>	39%	0,34
<b>TTUG-5</b>	-	-	18	<b>9</b>	<b>10</b>	72%	0,83
<b>Bca<math>\mu</math>1</b>	-	-	6	<b>6</b>	<b>4</b>	40%	0,40
<b>Bca<math>\mu</math>3</b>	-	-	9	<b>3</b>	<b>3</b>	47%	0,39
<b>Bca<math>\mu</math>9</b>	-	-	6	<b>4</b>	<b>3</b>	30%	0,28

1.= PAULUS és mtsai., 2003; 2.= MAAK és mtsai., 2003; 3.= CATHEY és mtsai., 1998,

4.= BUCHHOLZ és mtsai., 1998; 5. = Saját munka

Az adaptált mikroszatellitek heterozigotizása változó. A sort, 72 százalékos heterozigoticiával, a TTUG-5 mikroszatellit nyitja. Viszonylag magas heterozigotizást mutattak a Bca $\mu$ 3 (47%), Bca $\mu$ 1 (40%) lokuszok is. 30-40% között alakult az APH 12, APH 13, TTUG-2, Bca $\mu$ 9 mikroszatellitek heterozigotizása. A homozigoticia a Smo12 és a TTUG-1 markerek esetében volt a legnagyobb. Ezeknél a mikroszatelliteknel mindössze 9%, illetve, 1%-os heterozigotizást tapasztaltam.

A nagyobb heterozigotizás gyakran a mikroszatellitek magas allélszámával van összefüggésben (BOWCOCK és mtsai 1994, YANG és mtsai 1999), ezért WIMMERS és mtsai. (2000) elvetik a kizárólag nagy variabilitású markerek használatát a populációgenetikai tanulmányokban. Ennek oka, hogy a magas polimorfizmusú mikroszatellitek, az eredményeket torzíthatják, mivel a populációk heterozigotizása könnyen túlbecsülhető (WIMMERS és mtsai, 2000). A heterozigotizás megbízhatóbb becsléséhez kutatómunkám során, különböző variabilitású mikroszatellitekot használtam.

Tekintettel arra, hogy a mikroszatellit lokuszokat az általam vizsgált házi és nyári lúd fajokban korábban nem használták, minden lokusznak kiszámítottam a PIC-értékét (Polymorphism Information Content). A PIC-érték tulajdonképpen az adott mikroszatellit információtartalmát adja meg. Értéke 0 és 1 közé esik. Legnagyobb információ tartalma, a legmagasabb polimorfizmust mutató TTUG-5 lokusznak (0,83) volt. Magas információ tartalmú markerek közé sorolhatók az APH12, TTUG-2, Bca $\mu$ 1, Bca $\mu$ 3 mikroszatellitek (PIC: 0,34-0,40) is. A mindössze két alléllal rendelkező APH13 lokusz (0,37) is a magas információ tartalmú markerek közé tartozott, ami a vizsgált fajokban tapasztalt magas heterozigotizásának volt tulajdonítható. Összességében a felhasznált tíz mikroszatellit PIC értéke 0,12-0,83 között változott. WIMMERS és mtsai. (1999) egy nigériai tyúk vonal 60 egyedét tizenkét, 0,20-0,60 közötti PIC értékű mikroszatellit segítségével tanulmányozták. Egy évvel később a kutatócsoport afrikai, dél-amerikai és ázsiai tyúkfajták 405 egyedét vizsgálta meg, tizenhárom 0,20-0,60 közötti PIC-értékű mikroszatellittel (WIMMERS és mtsai., 1999, 2000).

***Korábbi szakirodalommal történő összehasonlításban, az allélszám, heterozigotizás és a PIC-értékek alapján, az általam kiválasztott mikroszatellitek jól alkalmazhatók, mind a házilúd (magyar és emdeni fajta), mind a nyári lúd populációgenetikai jellemzéséhez.***

### 6.3. A vizsgált populációk genetikai diverzitásának kiértékelése

A vizsgált állományokban az átlagos allélszámot 2,1 és 3,4 között találtam. A magyar ludak elvárt heterozigotitása 31-43%, valós heterozigotitása 28-37% között változott. Az emdeni fajtát képviselő csoportban (3,2 átlagos allélszám mellett) 37%-os várt és 35%-os valós heterozigotitást, a nyári lúd populációban (3,1 átlagos allélszám mellett) 35%-os várt és 31%-os valós heterozigotitást tapasztaltam.

A 39. táblázat különböző állatfajok - mikroszatellittekkel végzett – heterozigotitás vizsgálatának eredményeit mutatja be és hasonlítja össze az általam kapott eredményekkel.

#### 39. táblázat

#### Mikroszatellit vizsgálattal meghatározott heterozigotitás összehasonlítása különböző állatfajoknál

Vizsgált faj	Mikroszatellitszám *	Átlagos heterozigotitás
4 belga sertésfajta <sup>1</sup>	7 (8,4-9,7)	0,54 - 0,63
Katalóniai szamár <sup>2</sup>	3 (2,0-4,0)	0,60
Nori (osztrák hidegvérű ló) <sup>3</sup>	5 (3,0 - 8,0)	0,63
5 spanyol kutyafajta <sup>4</sup>	4 (5,0 - 7,0)	0,70 - 0,77
5 kínai kecskefajta <sup>5</sup>	6 (7,3 - 8,2)	0,78 - 0,82
1 new hampshire vonal <sup>6</sup>	23 (1-3)	0,38
<b>12 magyar lúd populáció<sup>7</sup></b>	<b>10 (1,3-5,8)</b>	<b>0,28-0,36</b>
<b>1 emdeni lúd populáció<sup>7</sup></b>	<b>10 (2-8)</b>	<b>0,37</b>
<b>1 nyári lúd populáció<sup>7</sup></b>	<b>10 (1-10)</b>	<b>0,35</b>

1.= VAN ZEVEREN és mtsai, 1995; 2.= JORDANA és mtsai., 1999; 3.= HAMANOVÁ és mtsai., 1999;

4.= MORERA és mtsai., 1999; 5.= YANG és mtsai., 1999; 6.= IRGANG, 2001; 7.= Saját munka

(\* átlagos mikroszatellitszám zárójelben)

Az összehasonlításként felsorolt fajok közül a legalacsonyabb heterozigotitási értékek a tyúk (new hampshire) vonalnál és a négy belga sertésfajtánál voltak. CROOIJMANS és mtsai (1996) szerint más állatfajokkal szemben, a mezőgazdasági

haszonállatoknál (főleg igaz ez a baromfifajtákra (CRAWFORD, 1990)) mindig alacsonyabb heterozigotitási értékeket lehet tapasztalni, ami az erős szelekciónak, illetve a kicsiny effektív populációméretnek köszönhető. A táblázatból kitűnik a - száz egyed számláló, emiatt erősen veszélyeztetett- katalóniai számár, hiszen 59,5%-os (magas) heterozigotitása, fejlett fajtafenntartó stratégiára utal (JORDANA és mtsai, 1999).

Összességében a populációkban tapasztalt heterozigotitás alacsony volt, 0,28-0,36 között változott.

A magyar lúd fajtának vélték közül, a legalacsonyabb heterozigotitási értéket (28%) a *fodros6* jelű populációban kaptam. Ebben a csoportban az allélszám átlaga 2,6 volt. A valós heterozigotitás (0,28) jóval az elvárt érték (0,35) alatt maradt, ami a Hardy-Weinberg egyensúlytól való eltéréstől árulkodott ( $p = 0,044 < 0,05$ ).

Legmagasabb heterozigotitást a *fodros5* populáció mutatta (valós heterozigotitás: 37%, várt heterozigotitás: 35%). A *fodros3* (n=7), *fodros5* (n=12), *fodros7* (n=6) és *parlagi* (n=9) csoportokban rögzítettem a legkevesebb allélt (átlagban: 2-2,4). A heterozigotitási értékek viszont mind a négy populációban - a többi populáció átlagához viszonyítva - magasak voltak (valós: 35-37%, várt: 31-34%). Az értékek alapján feltételezhető ezeknek, vagy egy jóval nagyobb egyedszámot számláló állományból való származása, vagy a létszám csökkenés közelmúltban való elszenvedése. Ez utóbbi esetben, az egyedszám csökkenés óta nem telt el annyi idő, hogy variabilitáscsökkenés is végbemenjen. Ha ez áll fenn, akkor a populációk a palacknyak jelenség (bottleneck) kezdeti stádiumában vannak és létszám növelés hiányában a homozigotitás rohamosan növekedni fog (NEI és mtsai 1975). A populációk jelen állapotában még nincs eltérés a HWE-től.

A *fodros1* populációban számítottam a legmagasabb átlagos allélszámot (3,4). A tíz lokusz mindegyike heterozigótának bizonyult, ezzel magyarázható, hogy a populáció heterozigotitása is az egyik legmagasabbnak (36%) mutatkozott. A heterozigotitási értékek és az allélszám alapján a populáció variabilitása a többi állományhoz mérten magas volt, viszont a Hardy-Weinberg egyensúlytól eltérést tapasztaltam. Ez az eredmény nem magyarázható a túl kicsi egyedszámmal, mivel a populáció létszáma a legnagyobb volt. Az eltérés oka feltehetően a migrációban, szelekcióban, esetleg mutációban keresendő, vagy nem állt fenn a pánmixis az állományban.

A *fodros2*, *fodros4* populációk eredményei nagyon hasonlóan alakultak. Az átlagos allélszám mindkét esetben 2,7 illetve 2,8 volt. 0,31-0,33-os valós és 0,35-os várt

heterozigotizációt tapasztaltam. A fodros2 populáció esetében egy lokusz, a fodros4 populáció esetében két lokusz bizonyult teljesen homozigótának. A két populációban nem kaptam Hardy-Weinberg egyensúlytól való eltérést a tíz lokusz összességében.

A *fodros8* populációban, a tíz mikroszatellit átlagában, 2,3 allélt határoztam meg. Az elvárt heterozigotizáció (0,43) jóval meghaladta a valós értéket (0,35), ami a populációban heterozigóta hiányt feltételez. Ezt alátámasztja az is, hogy a vizsgált lokuszok közül három homozigótának bizonyult.

Az *orosházi* és az *orosházi x fodros* keresztezett populációkban az átlagos allélszám 2,2 illetve 2,7 volt. Heterozigóta egyedek 31%, illetve 32 %-ban fordultak elő a mintákban. Az orosházi esetében három, a keresztezett populáció esetében kettő lokuszon tapasztaltam teljes homozigotizációt. Egyik populációban sem volt HWE eltérés. Az azonosított allélszám nagyon alacsony volta, a heterozigotizáció viszonylag magas értéke, egybeesést mutat ebben a két populációban a korábban jellemzett fodros3, fodros5, fodros7, parlagi állományokkal.

A *babati1* és *babati2* jelű ludak között a variabilitás az átlag felett volt. Mind az allélszám, mind a valós és várt heterogenitás értékek (főleg a *babati1* populációban) magasnak bizonyultak. Hardy-Weinberg egyensúlytól való szignifikáns eltérést egyik populációban sem tapasztaltam.

Hasonlóan alakultak az *emdeni* ludak eredményei is. A mintákban azonosított 32 allél mellett, a 35%-os heterogenitás a vizsgált csoport magas variabilitásáról tanúskodott.

A *vadlúd* egyedekben, mint ahogy az várható volt, az alacsony egyedszám ellenére is az egyik legmagasabb allélszámot (viszonylag magas heterozigotizációt (31%)) tapasztaltam.

***Összességében: három populáció (fodros1, fodros6, fodros8) tért el a Hardy-Weinberg egyensúlytól, ami a csoportokon belül a homozigóta egyedek túlsúlyára utalt. Három fodrostollú (fodros3, fodros5, fodros7), két simatollú (orosházi, parlagi) és a keresztezett (orosházi x fodros) állományoknál az alacsony allélszám és a viszonylag magas heterozigotizációs értékek alapján feltételezhető, hogy a palacknyak jelenség kezdeti stádiumában vannak. Két fodrostollú (fodros2, és fodros4) és két simatollú magyar (babati1, babati2) lúdcsoportban átlag feletti (2,6) volt az allélszám és a heterozigotizáció, HWE-től nem tapasztaltam eltérést. A kontrollként használt emdeni és nyári ludaknál szintén átlag feletti allélszámot és a többi populáció viszonyában magas heterogenitást állapítottam meg.***

#### 6.4. Populációk közötti genetikai távolságok kiértékelése

A vizsgált lúdállományok gyakori közös alléljai miatt, nem lehetett egyértelmű különbséget kimutatni közöttük, az allélgyakoriságok és a privát allélok alapján. Ez a tény az állományok homogenitására utalt. A magyar lúdcsapatok közül, mindössze a fodros1 populációban azonosítottam egy privát allélt. A nyári lúdban három privát allélt találtam.

Az állományok közti szignifikáns különbséget az F-statisztika  $F_{ST}$  értékei alapján határoztam meg. A fodrostollú csapatok nagyon homogénnek bizonyultak, mindössze a fodros7 állomány tért el szignifikánsan a többi fodrostollútól. A simatollúakon belül, a parlagi populáció minden más simatollútól különbözött. Eltérést állapítottam meg a babati1 – orosházi és a babati2 – orosházi x fodros populációk között is.

A fodrostollú-simatollú ludak összehasonlításában már több különbséget tapasztaltam. Eltérést találtam az orosházi és másik négy fodrostollú populáció (fodros3, fodros5, fodros6, fodros7) között. A keresztezett, orosházi x fodros populáció, a fodros6 és a fodros7 jelű lúdcsapatától tért el szignifikánsan. A babati1-től a fodros5, fodros7, a babati2 –től a fodros7 különbözött.

A legtöbb magyar lúd csoport és az emdeni lúd között nem lehetett szignifikáns eltérést megállapítani. Szignifikánsan nem különböztek az emdenitől: a fodros1, fodros2, fodros3, fodros4, fodros8 populációk a fodrostollúak közül és orosházi x fodros, babati1, babati2 populációk a simatollúak közül. A nyári lúd populációtól minden domesztikált állomány szignifikánsan eltért.

A homogenitás-teszt eredményeit alátámasztották a Nei- módszere és a közös allélok (POSA) alapján számolt disztancia értékek, amikkel a genetikai távolságot a populációk között számszerűsítettem.

***Összességében a populációk nagyon egyöntetűnek bizonyultak. A fodrostollúak közül a fodros7, a simatollúak közül a parlagi különbözött legjobban a többitől. Az 1900-as években emdenivel való keresztezés hatása (HREBLAY, 1909 b.) a magyar állományokban ma is érezhető, mivel a tizenhárom magyar lúd populáció közül, mindössze öt (fodros5, fodros6, fodros7, orosházi, parlagi) tért el szignifikánsan a német fajtától.***

## 7. Új tudományos eredmények

1. Huszonhárom mikroszatellitből tizennégyet sikeresen adaptáltam domesztikált és vadlúd fajokba. Az adaptálhatóság 61%-os volt. A tizennégy lokusz közül tíz volt polimorf, melyek jól alkalmazhatók a lúdállományok genetikai variabilitásának a vizsgálatához. Az eredményeim alátámasztják, hogy a mikroszatellitek jól adaptálhatók a különböző vízimadár fajok, illetve fajták között.
2. A polimorf mikroszatellitek esetében meghatároztam az *allélszámot*, *várt és valós heterozigozitást*, illetve *PIC-értékeket*.
3. A hazai lúdállományokban kimutattam a *palacknyak hatást*, amire a viszonylag alacsony allélszám mellett, a relatíve magas heterozigóta gyakoriságból lehet következtetni. Ez egyúttal azt is jelzi, hogy a genetikai sodródás további káros hatásának elkerülése végett, növelni kell az állományok létszámát.
4. Az F-statisztika alapján meghatároztam a teljes ( $F_{IT}$ ), a populáción belüli ( $F_{IS}$ ) és a populációk közötti ( $F_{ST}$ ) genetikai variancia értékeket. Ezek a szubpopulációk *szoros rokonságára utaltak*.
5. A homogenitás-teszt eredményei alapján több kis létszámú lúdcsapat között *nem tapasztaltam szignifikáns* különbséget. Így a kis egyedszámú állományok összevonásának megvan az esélye, ami lehetővé teszi a bennük fellépő beltenyésztés káros hatásának a csökkentését.
6. A vizsgálataim kimutatták, hogy az 1900-as években emdenivel való keresztezés hatása a magyar állományokban ma is érezhető.

## 8. Összefoglalás

Ez a munka a Széchenyi-terv: „*Hagyományos állatfajták genetikai és gazdasági értékeinek tudományos feltárása*“ kutatási program részeként – az ország határain kívül és belül fellelhető sima és fodrostollú lúdállományok felkutatására, a populációk genetikai diverzitásának meghatározására és a közöttük feltételezett genetikai távolság becslésére irányult. A magyar lúd két változata, a fodros- és simatollú lúd, értékes génrezerv fajtánk. Ebben a munkában célt, a magyar lúd fajtához sorolt, de származási dokumentációval nem rendelkező állományok homogenitásának meghatározása, a populációk közötti különbség feltárása volt. Kontrollként emdeni ludat, illetve egy nyári lúd populációt használtam, vizsgálva ezzel a magyar lúd és az emdeni lúd közötti genetikai kapcsolatot is.

A kutatómunka során összesen nyolc fodros, öt simatollú és egy emdeni lúd populációból sikerült vérmintához és egy nyári lúd populációból DNS mintához jutnunk. A genetikai variabilitás meghatározásához mikroszatelliteket használtam. A mikroszatelliteket más fajokból kellett adaptálnom (pehely récéből (*Somateria mollissima*), tőkés récéből (*Anas platyrhynchos*), kanadai lúdból (*Branta canadensis*)), mivel mindezülig sehol a világon nem izoláltak és karakterizáltak domesztikált lúd mikroszatelliteket.

A huszonhárom vizsgált mikroszatellitből tizennégyet sikerült a vizsgált fajokban azonosítanom, amiből tíz bizonyult polimorfnak (71%) és négy monomorfnak (29%). A tíz polimorf lokuszon összesen 40 allélt találtam. Az allélszám lokuszonként 2-12 között változott, a heterogenitás 1% és 72%, a PIC értékek pedig 0,12 és 0,83 között alakultak. Az eredményeket a szakirodalmi adatokkal összevetve megállapítottam, hogy az általam adaptált különböző allélszámú és heterozigotizáció markerezett házi és nyári lúd populációk genetikai szerkezetének elemzéséhez jól használható.

A tíz polimorf mikroszatellittel tanulmányoztam a kísérleti minták genetikai diverzitását. Megállapítottam, hogy három populáció (fodros1, fodros6, fodros8) eltér a Hardy-Weinberg egyensúlytól, ami a csoportokon belül allélvesztésre és a homozigóta egyedek túlsúlyára utal. Három fodrostollú (fodros3, fodros5, fodros7), két simatollú (orosházi, parlagi) és a keresztezett (orosházi x fodros) állományoknál az alacsony allélszám és a viszonylag magas heterozigotizációs értékek alapján, a palacknyak jelenség kezdeti stádiumára következtettem. Két fodrostollú (fodros2, fodros4) és két simatollú magyar (babati1, babati2) lúdcsapatban átlag feletti allélszámot és heterozigotizációt

mutattam ki, a HWE-től nem tapasztaltam eltérést. A kontrollként használt emdeni és nyári lúdban szintén átlag feletti allélszámot és a többi populáció viszonyában magas heterozigotitást határoztam meg.

Összességében a populációk kifejezetten homogénnek bizonyultak. Legfőbbképpen a fodrostollúak, amik között a különböző színű populációk sem tértek el egymástól szignifikánsan. Mindössze a fodros7 populáció mutatott szignifikáns különbséget a többi magyar – mind fodros, mind simatollú – állományoktól. A simatollú populációk közül az orosházi – babati1 és az orosházi x fodros - babati2 populációk között állapítottam meg szignifikáns eltérést. Különös értéket képviselhet a parlagi jelű csoport, mert, a fodros7 populációhoz hasonlóan, minden más állománytól szignifikánsan különbözött. A Nei-módszerével és a "közös allélok" (POSA) alapján számszerűsített genetikai távolságok is a fodros7 és parlagi populációk összes többiétől való elkülönülését bizonyították. A legnagyobb genetikai távolság értékeket mindkét módszerrel, e két populáció között találtam.

Megállapítottam, hogy az 1900-as években történt emdenivel való keresztezés hatása ma is erőteljesen érezhető a magyar állományokban. Erre az szolgál bizonyítékul, hogy a tizenhárom magyar lúd populáció közül, mindössze öt (fodros5 fodros6, fodros7, orosházi, parlagi) tért el szignifikánsan a német fajtától.

Ennek a munkának az eredményei jól felhasználhatók a fajtafenntartó tenyésztésben, hiszen a nemzeti kincsé nyilvánított magyar lúd, veszélyeztetett létszámra csökkent, állományának fenntartása elképzelhetetlen széleskörű populációgenetikai ismeretek nélkül. A származási dokumentációval nem rendelkező lúd csoportok homogenitásának meghatározásával, a populációk közötti különbség feltárásával, lehetőség nyílik a fajta fenntartásához szükséges hosszú távú stratégia kidolgozására. A jövőben az általam kidolgozott mikroszatellitsett segítségével, a betenyésztettség változása folyamatosan és rutinszerűen nyomonkövethető. El nem hanyagolható a jelentősége annak, hogy a kidolgozott markerekkel a réghonosult fajtának számító magyar lúd mellett más házilúd fajták molekuláris genetikai jellemzésére is lehetőség nyílik.

## 9. Summary

This essay – as the part of the Széchenyi-plan entitled “**Scientific evaluation of the genetic and economic value of traditional livestock breeds**” is aimed at evaluating the plain and curled feathered livestock, and estimating the genetic distance between the populations as well as defining genetic variability within the populations through molecular genetic markers in-, and around Hungary.

There are not many genetic markers to help researchers in relation with poultry species, and this is especially true for goose. Thus, our main objectives were as follows: to adopt microsatellites into domestic goose, to optimize the microsatellite primers for our examinations and, characterizing the microsatellites found in domestic goose from different species (Common Eider (*Somateria mollissima*), Mallard duck (*Anas platyrhynchos*), Canada goose (*Branta canadensis*)). Our other objectives were to define the genetic variability of livestock and to estimate the genetic distance with the adaptable microsatellites between the groups, which are claimed to be the curly and plain feathered Hungarian goose, but have no documentation of origin. For the examination we took blood samples from 329 geese, from 14 different places which are not in genetic relation with each other. We used two species for control. One of them was the Greylag goose, the native domestic goose. The other one was the Emden goose, which was brought to Hungary in the early 1900's. We examined the genetic relation between the Emden goose and the Hungarian goose as well, because there are more records from the past century regarding the crossing of the Emden breed with the Hungarian goose.

From the examined 23 microsatellites we adapted fourteen (61%) to the examined Hungarian-, and Emden goose breeds. Ten out of the fourteen microsatellites were polymorphic (71%), and four were monomorphic (29%). In the case of the ten loci the number of alleles were between 2–12 in the examined fourteen domestic goose population. Two microsatellites in 21 birds proved to be monomorphic from the observed Greylag goose population, the allele number was between 1-10. The expected heterozygote rate was 3%-78%, the observed heterozygote rate was 1-72%. The PIC-rates were between 0.42 and 0.83. In this dissertation, the different variability, adapted microsatellites were perfectly suitable for defining the variability of goose-livestock diversity and to differentiate the populations. We have found 40 different alleles on ten loci in the 15 population all

together. The average of the alleles in the population of 15 was 2.6. There were three different populations from the Hardy-Weinberg balance, which indicates overweight homozygote birds inside the population. In three curly feathered, two plain feathered and the crossed populations we can assume that, they are at the early phase of the „bottle-neck” phenomena based on the low rates of the allele numbers and the relatively high rates of the heterozygosis. In two curly feathered and two plain feathered Hungarian populations the allele number and heterozygosis were above the average (2.6). There were no significant differences from the Hardy-Weinberg balance. In the Greylag goose and Emden-geese populations, which are used for control we detected the allele number to be above the average compared to the high heterogeneity of other populations.

The curly feathered populations were very homogeneous, only the Curly7 stock was significantly different from the other curly feathered birds. Inside the plain-feathered populations the Parlagi population was different from all others. We found differences between the Babati1- Oroshazi and Babati2- Oroshazi x curly populations as well. We found more differences upon comparing the curly-feathered with the plain-feathered populations. We detected differences between the Oroshazi and four other curly feathered (Curly3, Curly5, Curly6, Curly7) populations. It was a significant difference from the Oroshazi x curly the Curly6 and Curly7. The Curly7 was significantly different from the Babati1 the Curly 5, and from Babati 2. The effect of crossing with the Emden breed in the 1900s is even traceable today in the Hungarian populations, because no significant differences were detected between most Hungarian and Emden goose populations.

Genetic research of the curly-, and plain feathered versions of Hungarian goose, which is declared to be our National treasure has never been carried out before. Although the birds decreased to an endangered number, (under 1000) so it is highly unlikely to sustain the livestock without the much needed population genetic information background. There is an opportunity to work out a strategy for the long run by determining the homogeneity of a population without the documentation of origin. In this dissertation the adopted and characterised microsatellites could be the basis of an easily used marker-set in the future. Repeating the observations frequently with the microsatellites we applied, changes in genetic failure can be detected in ancient and traditional livestock. Furthermore with the calculated markers there is an opportunity to characterise not only the ancient Hungarian goose, but also some other domestic goose breeds.

## 10. Szakirodalom jegyzéke

1. **Achmann, R.**, Wallner, B., Schwend, K., Traxler, B., Müller, S., Nechtelberger, D., Müller, M., Brem, G. (2000): Abstammungsüberprüfung bei Nutztieren mit Hilfe der Analyse von DNA Mikrosatelliten- Markern. In: GRADUIERTENKOLLEG MOLEKULARE VETERINÄRMEDIZIN JUSTUSLIEBIG-UNIVERSITÄT GIESSEN (Hrsg.) (2000): PCR Methoden und Anwendungen. Fachverlag Kohler, Giessen, S. 23-33. p.
2. **Alhussein, J.**, Matthes, H. D. (2000): Verifizierung der Pedigrees von Fjäll-Rindern mit Hilfe der DNA-Mikrosatellitenanalyse. Züchtungskunde 72., 81-87. p.
3. **Arranz, J.J.**, Bay', N. Y., San Primitivo F. (1998): Genetic relationships among Spanish sheep using microsatellites Anim Genet. 29., 435-440. p.
4. **Asmussen, M.A.**, Clegg, M.T. (1985): Multiallelic restriction fragment polymorphisms genetic counseling: population genetic considerations. Human Heredity 35. (3), 129-142. p.
5. **Bakos, L.** (1925): Gazdasági baromfitenyésztés. Debrecen-Budapest. 60-85. p.
6. **Balloux, F.**, Moulin, N. (2002): The estimation of population differentiation with microsatellit markers. Molecular Ecology 11. 155-165. p.
7. **Beckmann, J.S.**, Weber, J.L. (1992): Survey of human and rat microsatellites. Genomics 12., 627-631. p.
8. **Blanchard, M.M.**, Taillon-Miller, P., Nowotny, P., Nowotny, V. (1993): PCR buffer optimization with uniform temperature regimen to facilitate automation. PCR Methods and Application, 2. 234-240. p.
9. **Bodó, I.** (1988): A géntartalékok védelme. (Fejezet) In: ÁLTALÁNOS ÁLLATTENYÉSZTÉS. Egyetemi Jegyzet. Állatorvostudományi Egyetem. Budapest. 213-215. p.

10. **Bodó, I.** (1991): A géntartalékok megőrzése az állattenyésztésben. Akadémiai disszertáció. Kézirat. 34-40. p.
11. **Bodó, I.** (2000): Eleven Örökség. Régi magyar háziállatok. Agroinform Kiadó. Budapest. Szerk.: Bodó Imre. 80-81. p.
12. **Bodó, I.** (2002): A fajta és típus szerepe a genetikai sokféleség fenntartásában. In: Génmegőrzés; Kutatási eredmények régi háziállatfajták értékeiről. A Debreceni Agrártudományi Egyetem Kiadványa. (Szerk: Dr. Jávos András, Dr. Mihók Sándor). 63. p.
13. **Bodó, I.,** Kovács, F., Seregi, J., Udovecz, G. (2003): Óshonos állataink és termékeik a hungarikumok. MTA Társadalomkutató Központ Kiadványa. Budapest. 75. p.
14. **Bogenfürst, F.** (2000): Lúdtenyésztés. In: BAROMFI, HASZONGALAMB. Mezőgazda Kiadó. Szerkesztette: Horn Péter. Mezőgazda kiadó. 226. p.
15. **Botstein, D.,** White, R.L., Skolnick, M. and Davis, R.W. (1980): Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. American Journal of Human Genetics 32., 314–331. p.
16. **Bowcock, A. M.,** Ruiz-Lineares, J., Tomfohrde, J., Minch, E., Kidd, J. R., Cavalli Sforza, L. L. (1994): High resolution of human evolutionary trees with polymorphic microsatellites. Nature 368., 455-457. p.
17. **Bruford, M.W.,** Wayne, R.K. (1993): Microsatellites and their application to population genetic studies. Journal of Current Opinion in Genetics and Development 3., 939-943. p.
18. **Buchanan, F.C.,** Adams, L.J., Littlejohn, R.P., Maddox, J.F., Crawford, A.M. (1994): Determination of evolutionary relationships among sheep breeds using microsatellites Genomics 22., 397-403. p.
19. **Buchholz, W.G.,** Pearce, J.M., Pierson, B.J., Scribner, K.T (1998): Dinucleotide repeat polymorphisms in waterfowl (family Anatidae): characterization of a sex-linked (Z-specific) and 14 autosomal loci. Animal Genetics 29. 322-325. p.

20. **Buduram**, P., van Wyck, J.B., Kotze, A. (2005): Genetic characterization of indigenous Southern African sheep breeds using DNA markers. EAAP-56th Annual Meeting, Uppsala. 96. p.
21. **Bumstead**, N., Messer, L.I. and Greenwood, N.G. (1987): Use of *ev* loci as a measure of inbreeding in domestic fowls. *British Poultry Science* 28 (4), 717-725. p.
22. **Bumstead**, N. and Palyga, J. (1992): A preliminary linkage map of the chicken genome. *Genomics* 13., 690-697. p.
23. **Cañon**, J., Checa, M.L., Carleos, C., Vega-Pla, J.L., Vallejo, M. and Dunner, S. (2000): The genetic structure of Spanish Celtic horse breeds inferred from microsatellite data. *Animal Genetics* 31., 39-48. p.
24. **Cathey**, J.C., DeWoody, J.A., Smith, L.M. (1998): Microsatellite Markers in Canada Geese (*Branta canadensis*). *The Journal of Heredity*. 89.(2) 173-174. p.
25. **Cheng**, H.H. (1997): Mapping the chicken genome. *Poultry Science* 76., 1101-1107.p.
26. **Craighead**, L., Paetkau, D., Reynolds, H.V., Vyse, E.R., Strobeck, C. (1995): Microsatellite analysis of paternity and reproduction in Arctic grizzly bears. *J. Hered.* 86, 255-261. p.
27. **Crawford**, (1990): History of poultry species. In: R.D. CRAWFORD (Ed.): *POULTRY BREEDING AND GENETICS*, Elsevier, Amsterdam, The Netherlands. 1-42. p.
28. **Crawford**, A.M., Buchanan, F.C. and Swarbrick, P.A. (1991): The use of dinucleotide repeats or microsatellites as genetic markers in domestic animals. *Proceedings of the New Zealand Society of Animal Production* 51., 79-83. p.
29. **Crawford**, A.M., Dodds, K.G., Ede, A.J., Pierson, C.A., Montgomery, G.W., Garmonsway, H.G., Beattie, A.E., Davies, K., Maddox, J.F., Kappes, S.W., Stone, R.T., Nguyen, T.C., Penty, J.M., Lord, E.A., Broom, J.E., Buitkamp, J., Schwaiger,

- W., Epplen, J.T., Matthew, P., Matthews, M.E., Hulme, D.J., Beh, K.J., McDraw, R.A. and Beattie, C.W. (1995): An autosomal genetic linkage map of the sheep genome. *Genetics* 140., 703-724. p.
30. **Crooijmans**, R.P.M.A., Groen, Ab F., Van Kampen, A.J.A., van der Beek, S., van der Poel, J.J. and Groenen, M.A.M. (1996): Microsatellite polymorphism in commercial broiler and layer lines estimated using pooled blood samples. *Poultry Science* 75., 904-909. p.
31. **Csukás**, Z. (1935 a.): Baromfitenyésztés. Mezőgazdasági Kiadó. Budapest. 65. p.
32. **Csukás**, Z. (1935 b.):A gazdasági baromfiak tenyésztése. "Pátria" Irodalmi Vállalat és Nyomdai Részvénytársaság, Budapest. 54. p.
33. **Dallas**, J.F. (1992): Estimation of microsatellite mutation rates in recombinant inbred strains of mouse. *Mamm. Genome* 5., 32-38. p.
34. **Denk**, A.G., Gautschi, B., Carter, K., Kempnaers, B. (2004): Seven polymorphic microsatellite loci for paternity assessment in the mallard (*Anas platyrhynchos*). *Molecular Ecology Notes*. 4. 506-508. p.
35. **De Woody**, J.A., Avise, J.C. (2000): Microsatellite variation in marine, freshwater and anadromous fishes compared with other animals. *Journal of Fish Biology*. 56., 461-473. p.
36. **Dieringer**, D., Schlötterer, C. (2002) Microsatellite analyser (MSA): a platform independent analysis tool for large microsatellite data sets. *Molecular Ecology Notes*. 3. (1.), 167-169. p.
37. **Diez-Tascón**, C., Littlejohn, R.P., Aalmadeira, P.A., Crawford, A.M. (2000): Genetic variation within the Merino sheep breed: analysis of closely related populations using microsatellites. *Animal Genetics* 31., 243-251. p.
38. **Dodgson**, J.B., Cheng, H.H., Okimoto, R. (1997). DNA marker technology: a revolution in animal genetics. *Poultry Science* 76., 1108-1114. p.

39. **Dunner**, S., Checa, M.L., Gutierrez, J.P., Martin, J.P. and Cañon, J. (1998): Genetic analysis and management in small populations: the Asturcon pony as an example. *Genetics Selection Evolution* 30. (4.), 397-405. p.
40. **Dunnington**, E.A., Stallard, L.C., Hillel, J. and Siegel, P.B. (1994): Genetic diversity among commercial chicken populations estimated from DNA-Fingerprints. *Poultry Science* 73., 1218-1225. p.
41. **Eding**, J.H., Laval, G. (1999): Measuring genetic uniqueness in livestock. In: Oldenbroek, J.K. (ed.) (1999): *GENEBANKS AND THE CONSERVATION OF FARM ANIMAL GENETIC RESOURCES*. DLO Institute for Animal Science and Health, Lelystad, 33-58. p.
42. **Edwards**, A., Hammond, H.A., Jin, L., Caskey, C.T., Chakraborty, R. (1992): Genetic variation at five trimeric and tetrameric tandem repeat loci in four human population groups. *Genomics* 12., 241-253. p.
43. **Ewens**, W.J. (1972) The sampling theory of selectively neutral alleles. *Theor. Popul. Biol.*3., 87-112. p.
44. **Falconer**, D.S. and Mackay, T.F.C. (1996): *Introduction to quantitative genetics*. Fourth Edition. Essex, Longman. 67. p.
45. **Felsenstein**, J. (1993): *PHYLIP (Phylogeny Inference Package)*, version 3.5c. Department of Genetics, University of Washington, Seattle, USA. p.
46. **Fésüs**, L., Komlósi, I., Varga, L., Zsolnai, A. (2000): *Molekuláris genetikai módszerek alkalmazása az állattenyésztésben*. Agroinform Kiadó és Nyomda Kft. 110-172. p.
47. **Fisher**, R.A. (1922): On the interpretation of  $\chi^2$  from contingency tables, and the calculation of P. *Journal of the Royal Statistical Society*. 85. (1). 87-94. p.
48. **Food and Agriculture Organization of the United Nations** (1998): *Secondary Guidelines for Development of National Farm Animal Genetic Resources Management Plans. Management of Small Populations at Risk*. p.

49. **Food and Agriculture Organization of the United Nations** (1999): The Global Strategy for the Management of Farm Animal Genetic Resources. Executive Brief. p.
50. **Geldmann**, H., Pieper, U., Weber, W.E. (1986): Effect of misidentification on the estimation of breeding value and heritability in cattle. *J Anim Sci.* 63., 1759-1768. p.
51. **Giocalone**, J., Friedes, J., Francke, U. (1992): A novel GC-rich human macrosatellite VNTR in Xq 24 is differentially methylated on active and inactive X chromosomes. *Nature Genete.* 1. 137-143. p.
52. **Gill**, P., Werett, D.J. (1987): Exclusion of a man charge with murder by DNA fingerprinting. *Forensic Sci Int* 35., 145-148. p.
53. **Grunder**, A.A., Sabour, M.P. and Gavora, J.S. (1994): Estimates of relatedness and inbreeding in goose strains from DNA-fingerprints. *Animal Genetics* 25 (1) 81-88. p.
54. **Guay**, P.J., Mulder, R.A.(2005): Isolation and characteriazation of microsatellite markers in musk duck (*Biziura lobata*: Aves), and their application ti other waterfowl species. *Molecular Ecology Notes* 5., 249-252. p.
55. **Haberfeld**, A., Cahaner, A. Yoffe, O., Plotsky, Y. and Hillel, J. (1991). DNA fingerprints of farm animals generated by microsatellite and minisatellite DNA probes. *Animal Genetics* 22., 299-305. p.
56. **Hagelberg**, E., Gray, I.C., Jeffreys, A.J. (1991): Identification of the skeletalremains of a murder victim by DNA analysis. *Nature* 352., 427-429. p.
57. **Hamanová**, K., Glasnák, V., Schröffelová, D. and Majzlík, I. (1999): Characterization of the Czech cold blood Horse Silesian Noriker by microsatellites, protein polymorphisms and blood groups. *Czech Journal of Animal Science* 44. (10.), 457-461. p.
58. **Hankó** B. (1940): Ősi magyar háziállataink. Tiszántúli Mezőgazdasági Kamara Kiadványa, Debrecen. 23.

59. **Hardge**, T. (1999): Untersuchungen zu den genetischen Ursachen von quantitativen Leistungsmerkmalen mittels Kandidatengenanalyse beim Schwein. Berlin, Humboldt- Universität, Fachbereich Nutztierwissenschaften, Akadémiai diszertáció. Kézirat. 56. p.
60. **Harding**, G. C., Kenchington, E. L., Bird, C. J., Pezzack, D. S. & D. C Landry (1997): Genetic relationships among subpopulations of the American Lobster (*Homarus americanus*) as revealed by random amplified polymorphic DNA. Can J Fish Aquat Sci 54. (8.) 1762-1771.p.
61. **Hardys**, H., Balick, M. & B. Schierwater (1992): Applications of random amplified polymorphic DNA (RAPD) in molecular ecology. Mol Ecol 1. 55-63. p.
62. **Hartl**, D.L. und Clark, A.G. (1997): Principles of population genetics. Második kiadás, Sinauer Associates, Sunderland. 98. p.
63. **Hedrick**, P.W. and Miller, P.S. (1992): Conservation genetics: techniques and fundamentals. Ecological Applications 2. (1), 30-46. p.
64. **Hedrick**, P. W. (2000): Genetics of populations. Második kiadás, Jones and Bartlett publishers, Sudbury, Massachusetts. 55. p.
65. **Hidas**, A., Szalai I. (1998): Identification of RAPD markers in fowl stocks maintained in a gene conservation programme. Proc. 1st Poultry Genetics Symposium., 6-8. October, Mariensee, (Germany) 118. p.
66. **Hidas**, A., Szalay, I., Koppány, G., Sófalvy, F. (2000): RAPD marker analysis of domestic fowl stocks maintained in a Hungarian gene conservation programme. Proc. XXI. World's Poultry Congress., 20.-25. August, Montreal (Canada) P.8. 3. p.
67. **Hidas**, A., Koppány, G., Mihók, S., Edviné, M. E., Szalay, I. (2002 a.): DNS polimorfizmusok (RAPD) vizsgálata pulyka génbanki állományokban. In.: INNOVÁCIÓ A TUDOMÁNY ÉS A GYAKORLAT EGYSÉGE AZ EZREDFORDULÓ AGRÁRIUMÁBAN (Szerk.: Jávora A. és Magyar K., ) Debrecen. 35-41. p.

68. **Hidas, A.** (2002 b.): DNS markerek vizsgálata a baromfiállományok génmegőrzésében. In: GÉNMEGŐRZÉS; KUTATÁSI EREDMÉNYEK RÉGI HÁZIÁLLATFAJTÁK ÉRTÉKEIRŐL. (Szerk: Jávora A. és Mihók S.) Debreceni Agrártudományi Egyetem Kiadványa. 207-213. p.
69. **Hill, A.V.,** Jeffreys, A. (1991): Use of minisatellite DNA probes for determination of twin zygotic at birth. *Lancet* 1., 1394-1395. p.
70. **Hillel, J.,** Dunnington, E.A., Haberfeld, A., Lavi, U., Cahaner, A., Gal, O., Plotsky, Y., Marks, H.L. and Siegel, P.B. (1993): Multilocus DNA markers: applications in poultry breeding and genetic analyses. In: Etches, R.J. and Gibbins, A.M.V. (eds): MANIPULATION OF THE AVIAN GENOME. CRC Press Inc. Boca Raton, Fl., 243-256. p.
71. **Hillel, J.,** Plotsky, Y., Haberfeld, A., Lavi, U., Cahaner, A. and Jeffreys, A.J. (1989): DNA fingerprints of poultry. *Animal Genetics* 20., 145-155. p.
72. **Hillel, J.,** Groenen, M.A.M., Tixier-Boichard, M., Korol, A.B., David, L., Kirzhner, V.M., Burke, T., Marre-Dirie, A., Crooijmans, R.P.M.A., Elo, K., Feldman, M.W., Freidlin, P.J., Mäki-Tanila, A., Oortwijn, M., Thomson, P., Vignali, A., Wimmers, K., Weigend, S. (2003): Biodiversity of 52 chicken populations assessed by microsatellite typing of DNA pools. *Genet. Sel. Evol.* 35. 533-557. p.
73. **Hreblay, E.** (1907): Pulykatenyésztés. Pátria Irodalmi Vállalat és Nyomdai Részvénytársaság Kiadványa, Budapest. 102. p.
74. **Hreblay E.** (1909, a.): Baromfitenyésztés. I. füzet. A gazdasági baromfitenyésztésre vonatkozó általános tudnivalók és a gazdasági baromfifajták ismertetése. Pátria Irodalmi Vállalat és Nyomdai Részvénytársaság Kiadványa, Budapest. 86. p.
75. **Hreblay E.** (1909, b.): Lúd és kacsatenyésztés. Gombos Ferenc Lyceum Könyvnyomdája. Kolozsvár. 66. p.
76. **Hreblay E.** (1912): Baromfitenyésztés. I. Füzet. A gazdasági baromfitenyésztésre vonatkozó általános tudnivalók és a gazdasági baromfifajták ismertetése. 2.

átdolgozott kiadás. Pátria Irodalmi Vállalat és Nyomdai Részvénytársaság, Budapest. 70. p.

77. **Huang Y.**, Tu J., Cheng X., Tang B., Hu X., Liu Z., Feng J., Lou Y., Lin L., Xu K., Zhao Y., Li N. (2005): Characterization of 35 novel mikrosatellite DNA markers from the duck (*Anas platyrhynchos*) genom and cross-amplification in other birds. *Genet. Sel. Evol.* 37. 455-472. p.
78. **Hussein, A.A.**, Schmoll, F., Führer, F., Brem, G. and Schellander, K. (1996): Evaluation of seven mikrosatellite loci in Simmental cattle. *Zentralblatt Veterinärmedizin A* 43 (1.), 1-8. p.
79. **Irgang K.** (2001): Vergleich von Inzucht- und Homozygotieentwicklung anhand molekulargenetischer Marker in einer geschlossenen New Hampshire Linie. *Disszertáció. Humboldt-Universität, Berlin.* 45-90. p.
80. **Israel, C.**, Weller, J.I. (2000): Effect of misidentification on genetic gain and estimation of breeding value in dairy cattle populations. *J Dairy Sci.* 83., 181-187. p.
81. **Jarne, P.** and Lagoda, P.J.L. (1996): Mikrosatellites, from molecules to population and back. *Trends in Ecology and Evolution* 11., 424-429. p.
82. **Jeffreys, A.J.**, Wilson, V. and Thein, S.L. (1985): Hypervariable 'minisatellite' regions in human DNA. *Nature* 314., 67-73. p.
83. **Jeffreys A.J.** (1987): DNA fingerprints of dogs and cats. *Animal Genet* 18., 1-15. p.
84. **Jordana, J.**, Folch, P. and Sanchez, A. (1999): Genetic variation (protein markers and mikrosatellites) in endangered Catalonian donkeys. *Biochemical Systematics and Ecology* 27 (8.), 791-798. p.
85. **Kaiser, M.G.**, Yonash, N., Cahaner, A. and Lamont, S.J. (2000): Mikrosatellite polymorphism between and within broiler populations. *Poultry Science* 79., 626-628.p.

86. **Kim**, T. Scribner, Sandra L. Talbot, John M. Pearce, Barbara J. Pierson, Karen S. Bollinger, Dirk V. Derksen (2003): Philogeography of Canada Geese (*Branta Canadensis*) in Western North America. *The Auk*. 120. 889-907. p.
87. **Kimura**, M., Ohta, T. (1975) Distribution of allelic frequencies in a finite population under stepwise production of neutral alleles. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 72. 2761-2764. p.
88. **Kiss**, I., Papp, Gy., Deliné, K.E. (1982): A fodrostollú magyar lúdfajta néhány fontosabb fiziológiai és termelési paramétere. In: A GÉNTARTALÉKOK JELENTŐSÉGE ÉS SZEREPE AZ ÁLLATFAJOK ÉS –FAJTÁK FENNTARTÁSÁBAN. Konferencia kiadvány, Debrecen, 283-286. p.
89. **Komlósi**, I., Veress L. (2001): Általános állattenyésztés. DE-ATC-MTK Kiadványa.. Debrecen. 47-56. p.
90. **Koskinen**, M.T., and Bredbacka, P. (1999): A convenient and efficient microsatellite-based assay for resolving parentages in dogs. *Animal Genetics* 30., 148-149. p.
91. **Knippers**, R. (1992): *Molekulare Genetik*. 6. Georg Thieme Verlag, Stuttgart. 32-80.p.
92. **Kuhnlein**, U., Dawe, Y., Zadworny, D. and Gavora, J.S. (1989): DNA fingerprinting: a tool for determining genetic distances between strains of poultry. *Theoretical and Applied Genetics* 77., 669-672. p.
93. **Kuznetsov**, S.B., Baranyuk, V.V., Takekawa, J.T. (1998): Genetic Differentiation Between Wintering Populations of Lesser Snow Geese Nesting on Wrangel Island. *The Auk*. 115.(4), 1053-1057. p.
94. **Levin**, I., Cheng, H.H., Baxter-Jones, C. and Hillel, J. (1995): Turkey microsatellite DNA loci amplified by chicken specific primers. *Animal Genetics*. 26., 107-110. p.
95. **Levinson**, G., Gutman G.A. (1987): Slipped-strand mispairing: a major mechanism for DNA sequence evolution. *Mol. Biol. Evol.* 4., 203-221. p.

96. **Lewontin, R.C., Hartl D.L.** (1991): Population genetics in forensic DNA typing. *SCI* 254. 1745-1750. p.
97. **Li, C.** (1962): *Population Genetics*. Univ. Chicago Press, Chicago. 63. p.
98. **Litt, M., Luty, J.A.** (1989): A hypervariable microsatellite revealed by in vitro amplification of a dinucleotide repeat within the cardiac muscle actin gene. *Amer J Human Genet* 397–401. p.
99. **Maak, S, Neumann, K, von Lengerken, G, Gattermann, R** (2000) First seven microsatellites developed for the Peking duck (*Anas platyrhynchos*). *Animal Genetics*, 31, 233. p.
100. **Maak, S., Wimmers, K., Weigend, S., Neumann, K.** (2003): Isolation and characterisation of 18 microsatellites in the Eider duck and their application in other waterfowl species. *Molecular Ecology Notes* 3. 224-227. p.
101. **Mac Huck, D.E., Loftus, R.T., Cunningham, P., Bradley, D.G.** (1998): Genetic structure of seven European cattle breeds assessed using 20 microsatellite markers *Animal Genetics* 29., 333-340. p.
102. **Magoulas, A.** (1998): Application of molecular markers to aquaculture and broodstock management with special emphasis on microsatellite DNA. *Cahiers Options Méditerranéennes* 34, 153-168. p.
103. **Mariat, D., Vergnaud, G.** (1992): Detection of polymorphic loci in complex genomes with synthetic tandem repeats. *Genomics* 12. 454-458. p.
104. **Matolcsi, J.** (1975): *A háziállatok eredete*. Mezőgazdasági kiadó, Budapest. 50. p.
105. **Mayr, E.** (1967): *Artbegriff und Evolution*. Parey-Verlag, Hamburg. 22. p.
106. **Mihók S.** (1993): *Magyar baromfifajták*. Hortobágyi Nemzeti Park Kiadványa, Debrecen, 1-15. p.

107. **Mihók, S.** (2000): A fodrostollú magyar lúd. In. Eleven Örökség, Agroinform Kiadó, Budapest, Szerk.: Bodó Imre. 80-81. p.
108. **Mihók, S.** (2006): Génmegőrzés – Hagyományos háziállatfajták genetikai és gazdasági értékeinek tudományos feltárása. Szerkesztette: Mihók Sándor. Debreceni Egyetem Agrártudományi Centrum Kiadványa. 13. p.
109. **Mihók, S.** (2006): Tyúk, gyöngytyúk, pézsmaréce, lúd. Mezőgazda Kiadó. Szerkesztette: Mihók Sándor. 178. p.
110. **Mommens, G., Van Zeveren, A. and Peelman, L.J.** (1998): Effectiveness of bovine microsatellites in resolving paternity cases in American bison, *Bison bison* L. *Animal Genetics* 29 (1), 12-18. p.
111. **Morera, L., Barba, C.J., Garrido, J.J., Barbancho, M. and de Andrés, D.F.** (1999): Genetic variation detected by microsatellites in five Spanish dog breeds. *The Journal of Heredity* 90 (6.), 654-656. p.
112. **Morin, P.A., Wallis, J., Moore, J., Chakraborty, R., Woodruff, D.** (1993): Non-invasive sampling and DNA amplification for paternity exclusion, community structure, and phylogeography in wild chimpanzees. *Primates* 34., 347-356. p.
113. **Mullis, K.; Faloona, F.; Scharf, S.; Saiki, R.; Horn, G.; Erlich, H.** (1986): Specific En-zymatic Amplification of DNA In Vitro: The Polymerase Chain Reaction. Cold Spring Har-bor Symposia on Quantitative Biology LI, Molecular Biology of *Homo sapiens*: 263-273. p.
114. **Nagy, T** (2002): A genetikai variabilitás vizsgálata őshonos bronzpulyka populáción. Szent István Egyetem, Gödöllő. Diplomadolgozat. Kézirat (Konz.: Varga L., Kurjárné K.E.). 5-55. p.
115. **Nei, M., Maruyama, T., Chakraborty, R.** (1975): The bottleneck effect and the genetic variability in populations. *Evolution* 29. 8. p.
116. **Nei, M.** (1977): F-statistics and analysis of gene diversity in subdivided populations. *Ann. Hum. Genetics* 41., 225-233. p.

117. **Nei, M.** (1978): Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics* 89., 583-590. p.
118. **Nei, M.** (1987): *Molecular evolutionary genetics*. New York, Columbia University Press. 54. 75. p.
119. **Neumann, P., Moritz, R.F.A. and Mautz, D.** (1999): Using DNA microsatellites for maternity testing in honeybees (*Apis mellifera* L.). *Apidologie* 30 (6.), 505-512. p.
120. **Newton, C.R., Graham, A.** (1994): *PCR*. Spektrum Akademischer Verlag, Heidelberg, Berlin. 5.-25. p.
121. **O'Brien, S.J.** (1991): Mammalian genome mapping. Lessons and prospects. *Genetics and Development (Különkiadás)* 1., 105-111. p.
122. **O'Brien, S.J.** (1994): The cheetah's conservation controversy. *Conserv. Biol.* 8, 1153-1155. p.
123. **Oldenbroek, J.K.** (1999): *Genebanks and the conservation of farm animal genetic resources*. DLO Institute for Animal Science and Health, Lelystad. 3. p.
124. **Page, R.D.** (1996): TREEVIEW: An application to display phylogenetic trees on personal computers. *Computer Applications in the Biosciences* 12., 357-358. p.
125. **Pang, S.W.Y., Ritland, C., Carlson, J.E. and Cheng, K.M.** (1999): Japanese quail microsatellite loci amplified with chicken-specific primers. *Animal Genetics* 30., 195-199. p.
126. **Paulus K.B., Tiedemann R.** (2003): Ten polymorphic autosomal microsatellite loci for the Eider duck *Somateria mollissima* and their cross-species applicability among waterfowl species (Anatiadae). *Molecular Ecology Notes*. 3. 250-252. p.
127. **Peter C.**, (2005): *Molekulargenetische Charakterisierung von Schafrassen Europas und des Nahen Ostens auf der Basis von Mikrosatelliten*. Doktori disszertáció. VVB Laufersweiler Verlag. Németország. 22. p.

128. **Plotsky**, Y., Kaiser, M.G. and Lamont, S.J. (1995): Genetic characterization of highly inbred chicken lines by two DNA methods: DNA fingerprinting and polymerase chain reaction using arbitrary primers. *Animal Genetics* 26., 163-170. p.
129. **Ponsuksili**, S., Wimmers, K. and Horst, P. (1996): Genetic variability in chickens using polymorphic microsatellite markers. *Thai Journal of Agricultural Science* 29, 571-580. p.
130. **Ponsuksili**, S., Wimmers, K. and Horst, P. (1998): Evaluation of genetic variation within and between different chicken lines by DNA fingerprinting. *The Journal of Heredity* 89. (1.), 17-23. p.
131. **Ponsuksili**, S., Wimmers, K., Schmoll, F., Horst, P. and Schellander, K. (1999): Comparison of multilocus DNA Fingerprints and microsatellites in an estimate of genetic distance in chicken. *The Journal of heredity* 90 (6.), 656-659. p.
132. **Primmer**, C.R. (1997): Genetic studies of avian microsatellite loci. Uppsala, Schweden: Swedish University of Agricultural Sciences, Diss. (Acta Universitatis Agriculturae Sueciae Agraria No. 67). 88. p.
133. **Queller**, D.C., Strassman, J.E., Hughes, C.R. (1993): Microsatellites and kinship. *Trends Ecol. Evol.* 8., 285-288. p.
134. **Raymond** M., Rousset F, 1995. GENEPOP (version 1.2): population genetics software for exact tests and ecumenicism. *J. Heredity*, 86., 248-249. p.
135. **Reed** K.M., Mendoza K.M., Beattie C.W. (2000): Comparative analysis of microsatellite loci in chicken and turkey. *Genom*, 43., 796-802. p.
136. **Richards** R.I. und Sutherland G.R. (1994): Simple repeat DNA is not replicated simply. *Nat Genet.* 6., 114-116. p.
137. **Russell**, R.J., Festing, M.F.W., Deeny, A.A. and Peters, A.G. (1993): DNA fingerprinting for genetic monitoring of inbred laboratory rats and mice. *Laboratory Animal Science (USA)*, 43 (5.), 460-465. p.

138. **Saiki**, R. K.; Gelfand, D. H.; Stoffel, S.; Scharf, S. J.; Higuchi, R.; Horn, G. T.; Mullis, K. B.; Erlich, H. A. (1988): Primer-Directed Enzymatic Amplification of DNA with a Thermostable DNA Polymerase. *Science* 239. 487-491. p.
139. **Saitbekova** N., Gaillard C., Obexer-Ruff G., Dolf G. (1999): Genetic diversity in Swiss goat breeds based on microsatellite analysis *Animal Genetics* 30., 36-41. p.
140. **Saitou**, R.K., Nei, M. (1987): The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Mol. Biol. Evol.* 4., 406-425. p.
141. **Schlötterer** C. und Pemberton J. (1994): The use of microsatellites for genetic analysis of natural populations. *EXS.* 69., 203-214. p.
142. **Schönmuth**, G., Flade, D. und Seeland, G. (1985): Züchterische und ökologische Grundlagen. *Első kiadás.* Berlin. VEB Deutscher Landwirtschaftsverlag. 10-77. p.
143. **Schönmuth**, G., Flade, D. und Seeland, G. (1986): Tierproduktion - Genetische und phylogenetische Grundlagen. *Második kiadás.* Berlin. VEB Deutscher Landwirtschaftsverlag. 5. p.
144. **Schwartner** M. (1809): Statistik des Königreichs Ungarn. Königliche Univ. Schriften. Budapest. 2.-45.
145. **Scrigner** K.T., Malecki, R. A., Batt, B.D.J., Inman, R.L., Libants, S., Prince, H.H. (2003): Identification of source population for greenland canada geese: genetic assessment of a recent colonization. *The Condor* 105. 4 . p.
146. **Secretariat of the Convention on Biological Diversity** (2000): Sustaining life on Earth. How the Convention on Biological Diversity promotes nature and human well-being
147. **Slate** J, Coltman DW, Goodman SJ, MacLean I, Pemberton JM, Williams JL (1998) Bovine microsatellite loci are highly conserved in red deer (*Cervus elaphus*), sika deer (*Cervus nippon*) and Soay sheep (*Ovis aries*). *Animal Genetics*, 29., 307–315. p.

148. **Sourdioux**, M., Douaire, M. and Delabrosse, Y. (1996): DNA polymorphisms of lipogenesis genes and analysis of linkage with fatness in turkeys. *Poultry Science* 75., 1018-1026. p.
149. **Sperlich**, D. (1973): *Populationsgenetik. Grundlagen der modernen Genetik*, 8. Gustav Fischer Verlag, Stuttgart. 33. p.
150. **Sperlich**, D. (1988): *Populationsgenetik. Második kiadás. Grundlagen der modernen Genetik*, 8. Gustav Fischer Verlag, Stuttgart. 35. p.
151. **Stephens**, J.C., Gilbert, D.A., Yuhki, N., O'Brien, S.J. (1992): Estimation of heterozygosity for single-probe multilocus DNA fingerprints. *Mol. Biol. Evol.* 9., 729-743. p.
152. **Szalay**, I. (2002): Régi magyar baromfifajták. *Mezőgazda Kiadó*. Budapest. 16-18. p.
153. **Szalay**, I. (2004): Régi magyar lúd és kacsafajták. *Biokultúra XV.* 4., 7-9. p.
154. **Takahashi**, H., Nirasawa, K., Nagamine, Y., Tsudzuki, M. and Yamamoto, Y. (1998): Genetic relationships among japanese native breeds of chicken based on microsatellite DNA polymorphisms. *The Journal of Heredity* 89 (6.), 543-546. p.
155. **Tautz** D. und Renz M. (1984): Simple sequences are ubiquitous repetitive components of eukaryotic genomes. *Nucleic Acids Research*, 12., 4127-4138. p.
156. **Tautz**, D. (1989): Hypervariability of simple sequences as a general source for polymorphic DNA markers. *Nucleic Acids Research* 17. (16.), 6463-6471. p.
157. **Taylor**, A.C., Graves, J.A., Murray, N.D., Sherwin, W.B. (1991): Conservation genetics of the koala (*Phascolarctos cinereus*) II. Limited variability in minisatellite DNA sequences. *Biochemical Genetics* 29., 355-363. p.
158. **Templeton**, A.R. (1980): The theory of speciation via the founder principle. *Genetics* 94., 1011-1038. p.

159. **Tiedemann R.**, Paulus K.B., Scheer M., von Kistowski K.G., Skírnisson K., Bloch D., Dam M. (2004): Mitochondrial DNA and microsatellite variation in the Eider duck (*Somateria mollissima*) indicate stepwise postglacial colonization of Europe and limited current long-distance dispersal. *Molecular Ecology*. 13. 1481-1494. p.
160. **Tixier-Boichard, M.** (1993): The chicken gene map: current state and prospects. In: Proceedings of the 10th International Symposium on Current Problems of Avian Genetics, Nitra, Slovakia, 7-10th June, 1993, S. 147-155. p.
161. **Tixier-Boichard, M.**, Kritchmann, N., Morisson, M., Bordas, A. and Hillel, J. (1996): Assessment of genomic variability through DNA fingerprinting within and between chicken lines divergently selected for residual food consumption. *Animal Genetics* 27., 163-169. p.
162. **Tóth P.** (1956): A baromfitenyésztés kézikönyve. Mezőgazdasági kiadó, Budapest. 9.
163. **Van Duyse, E.**, Galbusera, P., Schenck, T., Pinxten, R. and Eens, M. (1999): Estimating isolation and genetic differentiation in two Belgian populations of Moorhens *Gallinula chloropus* by using minisatellite and microsatellite DNA markers. *Belgian Journal of Zoology* 129. (1.), 113-124. p.
164. **Vanhala, T.**, Tuiskula-Haavisto, M., Elo, K., Vilkki, J. and Mäki-Tanila, A. (1998): Evaluation of genetic variability and genetic distances between eight chicken lines using microsatellite markers. *Poultry Science* 77. (6.), 783.-790. p.
165. **Van Zeveren, A.**, Peelman, L., Van de Weghe, A. and Bouquet, Y. (1995): A genetic study of four Belgian pig populations by means of seven microsatellite loci. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 112., 191-204. p.
166. **Völker I.** (2005): Untersuchungen zur molekulargenetischen Rassendifferenzierung bei *Canis familiaris*. Doktori disszertáció. Tierärztliche Hochschule Hannover. 15. p.
167. **Wahlund, S.** (1928): Zusammensetzung von Populationen und Korrelationserscheinungen vom Standpunkt der Vererbungslehre aus betrachtet. *Hereditas* 11, 65. p.

168. **Weber**, J.L. and May, P.E. (1989): Abundant class of human DNA polymorphisms which can be typed using the polymerase chain reaction. *American Journal of Human Genetics* 44., 388-396. p.
169. **Weber**, J.L. (1990): Human DNA polymorphisms and methods of analysis. *Current Opinion in Biotechnology* 1 (2), 166-171. p.
170. **Weigend**, S. (1999): Assessment of biodiversity in poultry with DNA markers. In: *Proceedings : Poultry Genetics Symposium, Mariensee, Germany, 6-8th October 1999*, 7-14. p.
171. **Weir**, B.S. und Cockerham, C.C. (1984): Estimating *F*-statistics for the analysis of population structure. *Evolution* 38., 1358-1370. p.
172. **Williams**, J. G. K., Kubelik, A. R., Livak, K. J., Ravalski, J. A., S. V. Tingey (1990): DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are usefull as genetic markers. *Nucl Acids Res* 18 (22.) 6531-6535. p.
173. **Wilson**, A.C., Cann, R.L., Carr, S.M., George, M., Gyllensten, U.B., Helmpychowski, K.M., Higuchi, R.G., Palumbi, S.R., Prager, E.M., Sage, R.D., Stoneking, M. (1985): Mitochondrial DNA and two perspectives on evolutionary genetics. *Biol. J. Linn. Soc.* 26., 375-400. p.
174. **Wimmers**, K. (1994): Schätzung der Genomanteile bei Hühnern verschiedener Kreuzungsstufen durch DNA-Fingerprinting. Berlin, Humboldt-Universität, Fachbereich Nutztierwissenschaften, Dissertation. 12-14. p.
175. **Wimmers** K., Ponsuksili, S., Schmoll, F., Hardge, T., Sonaiya, E.B., Schellander, K. and Horst, P. (1999): Application of microsatellite analysis to group chicken according to their genetic similarity. *Archiv für Tierzucht* 42 (6.), 629-639. p.
176. **Wimmers**, K., Ponsuksili, S., Hardge, T., Valle-Zarate, A., Mathur, P.K. and Horst, P. (2000): Genetic distinctness of African, Asian and South American local chickens. *Animal Genetics* 31., 159-165. p.

177. **Woodruff**, D. S. (1993): Non-invasive genotyping of primates. *Primates* 34., 333-346. p.
178. **Wright**, S. (1921): Systems of mating. *Genetics* 6, 111-178. p.
179. **Wright**, S. (1951): The genetical structure of populations. *Ann. Eugen.* 15, 323-354.p.
180. **Wright**, S. (1965): The interpretation of population structure by F-statistics with special regard to systems of mating. *Evolution* 19., 395-420. p.
181. **Wright**, S. (1978): *Evolution and the Genetics of Populations*. University of Chicago Press, Chicago.1. 12-15. p.
182. **Yang**, L., Zhao, S.H., Li, K., Peng, Z.Z. and Montgomery, G.W. (1999): Determination of genetic relationships among five indigenous Chinese goat breeds with six microsatellite markers. *Animal Genetics* 30 (6.), 452-455. p.
183. **Ye**, X., Zhu, J., Velleman, S.G. and Nestor, K.E. (1998): Genetic diversity of commercial turkey primary breeding lines as estimated by DNA fingerprinting. *Poultry Science* 77., 802-807. p.
184. **Zajc**, I., Mellersh, C., Kelly, E.P. and Sampson, J. (1994): A new method of paternity testing for dogs, based on microsatellite sequences. *Veterinary Record* 135. (23), 545-547. p.
185. **Zhang**, X., McDaniel, G.R. and Giambone, J.J. (1995): Random amplified polymorphic DNA comparisons among broiler lines selected for incidence of tibial dyschondroplasia. *Poultry Science* 74., 1253-1258. p.
186. **Zhou**, H., Lamont, S.J. (1999): Genetic characterization of biodiversity in highly inbred chicken lines by microsatellite markers. *Animal Genetics* 30., 256-264. p.
187. **Zhu**, J., Nestor, K.E. and Moritsu, Y. (1996a): Relationship between band sharing levels of DNA fingerprints and inbreeding coefficients and estimation of true inbreeding in turkey lines. *Poultry Science* 75., 25-28. p.

188. **Zhu**, J., Nestor, K.E., Patterson, R.A., Jackwood, D.J. and Emmerson, D.A. (1996b): Measurement of genetic parameters within and between turkey lines using DNA fingerprinting. *Poultry Science* 75., 439-446. p.
189. **Zhu**, J., Nestor, K.E. and Tang, Y. (1996c): Frequencies and genetic diversity of major histocompatibility complex class II haplotypes in commercial turkey lines. *Poultry Science* 75., 954-958. p.
190. [http://hu.wikipedia.org/w/index.php?title=Edwin\\_Southern&action=edit](http://hu.wikipedia.org/w/index.php?title=Edwin_Southern&action=edit) (2006.07.25)
191. <http://bio.univet.hu/SALVE/GENE/pop/H-W/!!!start.htm>  
(2006.07.25)
192. <http://falco.elte.hu/popgen/>  
(2006.07.25)

## 11. Melléklet

### 11. 1. Rövidítések jegyzéke

bp	Bázispár
°C	Celsius fok
DNA	Dezoxiribonukleinsav
dNTP	2 - dezoxiribonukleinsav – 5 trifoszfát
EDTA	Etiléndiamintetra-ecetsav
ENSZ	Egyesült Nemzetek Szövetsége
F	Beltenyésztési koeficiens
FAM	6'-carboxyfluorescein
FAO	Food and Agriculture Organization
H <sub>E</sub>	Várt heterozigotizációs ráta
HEX	4,7,2',4',5',7-hexaclor-6-carboxyfluorescein
H <sub>2</sub> O	Víz
Ho	Valós heterozigotizációs ráta
HWE	Hardy-Weinberg egyensúly
KCl	Káliumklorid
LINEs	Long interspersed nucleotide elements (Hosszú nukleotid ismétlések)
MgCl <sub>2</sub>	Magnézium-klorid
mg	Miligramm
ml	Mililiter
M	Mol
mM	Milimol
MS	Mikroszatellit
NaCl	Nátriumklorid
n.s.	Nem szignifikáns
NH <sub>4</sub>	Ammónium
μl	Mikroliter

p	Valószínűségérték
PCR	Polymerase Chain Reaction (Polimeráz lánreakció)
pH	pH-érték
PIC	Polymorphic Information Content (információtartalom)
POSA	Proportion of shared alleles (közös allélok alapján számolt genetikai távolság)
ProtK	ProteinázK
RAPD	Random Amplified Polymorphic DNA (Véletlenszerűen amplifikált polimorf DNS)
RFLP	Restriction Fragment Length Polymorphism (Restrikciós fragment hosszpolimorfizmus)
SDS	Nátriumdodecilszulfát
SINEs	Short interspersed nucleotide elements (rövid nukleotid ismétlések)
Taq	Thermus aquaticus
TBE	Tris-borsav-EDTA
TE	Tris-EDTA
TRIS	Tris (hydroxymethyl)-aminometán
U	Units (egység)

## 11. 2. Táblázatok jegyzéke

1. táblázat	A populációgenetikai elemzéseknél rendszerint használt molekuláris genetikai markerek tulajdonságainak összehasonlítása (baromfi)	28.
2. táblázat	Molekuláris genetikai markerek a baromfitenyésztésben	30.
3. táblázat	A vizsgált populációk	33.
4. táblázat	A felhasznált mikroszatellit markerek primerszekvenciája	41.-43.
5. táblázat	A felhasznált vegyszerek és forgalmazójuk	44.
6. táblázat	A használt műszerek és forgalmazójuk	45.
7. táblázat	A nélkülözhetetlen segédeszközök és forgalmazójuk	45.
8. táblázat	A szükséges primerek, enzimek és forgalmazójuk	46.
9. táblázat	Az értékelésnél igénybe vett szoftverek és forgalmazójuk, illetve elérhetőségük	46.
10. táblázat	PCR összetétele az optimalizálás után	50.
11. táblázat	PCR-folyamat	51.
12. táblázat	Mikroszatellitek neve, primerek feltapadási hőmérséklete és a PCR ciklusok száma	52.
13. táblázat	PCR-hez kialakított szettek	53.
14. táblázat	Kapilláris elektroforézishez kialakított szettek	55.
15. táblázat	Vizsgált mikroszatellitek allélszáma és hossza az irodalmi adatokkal való összehasonlításban	64.
16. táblázat	A tíz polimorf mikroszatellit alléljeinek gyakorisága a 15 populációban	65.
17. táblázat	Mikroszatellitek jellemzői	66.
18. táblázat	Mikroszatellitek PIC-értékei	77.
19. táblázat	Allélok száma mikroszatellit lokuszonként az egyes populációkban	79.
20. táblázat	A populációk valós és várt heterozigotizációs értékei mikroszatellitenként	81.
21. táblázat	Hardy-Weinberg egyensúlytól való szignifikáns eltérés vizsgálatának eredményei	83.
22. táblázat	A populációk variabilitása	84.
23. táblázat	Smo7 mikroszatellit alléljainak gyakorisága az egyes populációkban	86.

<b>24. táblázat</b>	Smo12 mikroszatellit alléljainak gyakorisága az egyes populációkban	86.
<b>25. táblázat</b>	APH12 mikroszatellit alléljainak gyakorisága az egyes populációkban	87.
<b>26. táblázat</b>	APH13 mikroszatellit alléljainak gyakorisága az egyes populációkban	87.
<b>27. táblázat</b>	TTUG1 mikroszatellit alléljainak gyakorisága az egyes populációkban	88.
<b>28. táblázat</b>	TTUG2 mikroszatellit alléljainak gyakorisága az egyes populációkban	88.
<b>29. táblázat</b>	TTUG5 mikroszatellit alléljainak gyakorisága az egyes populációkban	89.
<b>30. táblázat</b>	Bcaμ-1 mikroszatellit alléljainak gyakorisága az egyes populációkban	90.
<b>31. táblázat</b>	Bcaμ-3 mikroszatellit alléljainak gyakorisága az egyes populációkban	90.
<b>32. táblázat</b>	Bcaμ-9 mikroszatellit alléljainak gyakorisága az egyes populációkban	91.
<b>33. táblázat</b>	F-statisztika a vizsgált populációk összesítésében	92.
<b>34. táblázat</b>	Homogenitás-teszt eredménye a tíz mikroszatellit lokusz alapján	94.
<b>35. táblázat</b>	Populációk közti genetikai távolság	96.
<b>36. táblázat</b>	Mikroszatellit adaptálás eredményeinek összehasonlítása	101.
<b>37. táblázat</b>	Felhasznált mikroszatelliteszett összehasonlítása más tanulmányban használt mikroszatelliteszettel	102.
<b>38. táblázat</b>	Mikroszatellitek jellemzői	103.
<b>39. táblázat</b>	Mikroszatellit vizsgálattal meghatározott heterozigotizáció összehasonlítása különböző állatfajoknál	105.

### 11.3.Ábrák jegyzéke

<b>1. ábra</b>	Libatartás a 18.-19.sz.-ban (Forrás: BODÓ, 2000)	9.
<b>2. ábra</b>	Magyar ludak a babati tenyészetből (Fotó: Aliczki K.)	11.
<b>3. ábra</b>	A fodrostollú magyar lúd tarka színváltozata (Fotó: Aliczki K.)	12.
<b>4. ábra</b>	Emdeni ludak az istállóban (Fotó: Aliczki Katalin)	13.
<b>5. ábra</b>	Alapító hatás (SPERLICH, 1988)	18.
<b>6. ábra</b>	Palacknyak jelenség típusai (WILSON, 1985)	19.
<b>7. ábra</b>	Az eukarióta genom szekvencia szakaszainak csoportosítása, funkció, szerkezet és ismétlődési ráta alapján (WIMMERS, 1994)	23.
<b>8. ábra</b>	Az állományok származási helyei	34.
<b>9. ábra</b>	Pehely réce (Somateria mollissima, fotó: Josef Hlasek)	39.
<b>10. ábra</b>	Tőkés réce (Anas platyrhynchos, fotó: Josef Hlasek)	39.
<b>11. ábra</b>	Kanadai lúd (Branta canadensis, fotó: Lubomir Hlasek)	40.
<b>12. ábra</b>	PCR működésének sémája (NEWTON és mtsai. 1994)	49.
<b>13. ábra</b>	A DNS felfutása elektroforézis hatására	54.
<b>14. ábra</b>	Egy egyed tíz lokuszán azonosított allélok	57.
<b>15. ábra</b>	Smo 7 lokusz alléljainak gyakorisága	67.
<b>16. ábra</b>	Smo 12 lokusz alléljainak gyakorisága	68.
<b>17. ábra</b>	APH 12 lokusz alléljainak gyakorisága	69.
<b>18. ábra</b>	APH 13 lokusz alléljainak gyakorisága	70.
<b>19. ábra</b>	TTUG-1 lokusz alléljainak gyakorisága	71.
<b>20. ábra</b>	TTUG-2 lokusz alléljainak gyakorisága	72.
<b>21. ábra</b>	TTUG-5 lokusz alléljainak gyakorisága	73.
<b>22. ábra</b>	Bcaμ-1 lokusz alléljainak gyakorisága	74.
<b>23. ábra</b>	Bcaμ-3 lokusz alléljainak gyakorisága	75.
<b>24. ábra</b>	Bcaμ-9 lokusz alléljainak gyakorisága	76.
<b>25. ábra</b>	A 15 populáció valós és várt heterozigotizása	80.
<b>26. ábra</b>	A POSA értékekből felállított dendrogram. Gyökérnélküli fa.	97.
<b>27. ábra</b>	A POSA értékekből felállított dendrogram, gyökérrel	98.

## 12. Függelék

### Genotípusok

#### Fodros1

Nr.	Smo7	Smo12	APH12	APH13	TTUG1	TTUG2	TTUG5	Bcap1	Bcap3	Bcap9
1.	190/190	74/74	154/154	164/164	112/112	108/108	196/201	113/113	155/155	110/110
2.	188/190	74/74	154/154	164/164	112/112	108/108	176/206	113/113	160/160	110/110
3.	190/190	73/74	154/154	164/164	112/112	108/124	201/216	113/113	155/160	110/118
4.	190/190	74/74	154/154	164/164	112/112	-	206/216	113/117	155/160	110/110
5.	190/190	74/74	154/154	162/164	112/112	124/124	196/201	113/117	155/160	110/110
6.	190/190	74/74	154/154	162/164	112/112	124/124	196/201	113/117	160/160	110/110
7.	190/190	74/74	154/154	162/164	112/112	108/124	206/211	113/113	155/160	110/118
8.	190/190	74/74	154/154	162/164	112/112	124/124	196/201	113/117	160/160	110/110
9.	188/190	74/74	153/153	162/164	112/112	108/124	201/221	113/113	155/155	110/110
10.	188/190	74/74	154/154	162/164	112/112	124/124	176/176	113/117	155/160	104/110
11.	190/190	74/74	154/154	162/164	112/112	108/124	-	113/113	160/160	110/118
12.	190/190	74/74	154/154	164/164	112/112	124/124	201/216	113/113	160/160	110/110
13.	190/190	74/74	154/154	162/162	112/112	108/108	216/216	113/113	155/155	110/110
14.	190/190	73/74	154/154	164/164	112/112	108/124	196/196	113/113	160/160	110/110
15.	190/190	74/74	154/154	162/162	112/112	108/124	216/216	113/113	155/160	110/110
16.	188/190	74/74	150/154	164/164	112/112	108/124	176/196	113/113	160/160	110/118
17.	190/190	74/74	154/154	162/162	112/112	124/124	201/206	121/121	155/160	110/110
18.	190/190	74/74	154/154	162/162	110/112	-	201/216	113/117	160/160	110/110
19.	190/190	74/74	153/153	164/164	112/112	124/124	196/206	113/113	155/160	110/110
20.	188/190	74/74	154/154	162/162	112/112	124/124	206/226	113/113	155/160	110/110
21.	190/190	73/74	152/154	164/164	112/112	108/124	201/216	113/113	155/160	110/110
22.	190/190	-	154/154	162/162	112/112	124/124	211/216	113/117	155/155	110/110
23.	188/190	74/74	154/154	164/164	112/112	108/124	216/216	113/115	155/155	110/118
24.	188/190	74/74	154/154	164/164	112/112	-	201/211	113/113	155/155	110/110
25.	190/190	74/74	154/154	162/162	112/112	108/108	211/216	113/113	155/160	110/110
26.	188/190	74/74	154/154	162/162	112/112	108/124	-	113/113	155/160	110/110
27.	190/190	74/74	154/154	164/164	112/112	108/124	196/196	113/117	155/160	110/110
28.	190/190	74/74	154/154	164/164	112/112	108/124	-	113/113	160/160	110/110
29.	190/190	74/74	154/154	164/164	112/112	108/124	206/226	113/121	151/160	110/110
30.	190/190	73/74	154/154	162/162	112/112	108/108	201/216	113/113	155/160	110/110
31.	190/190	74/74	154/154	164/164	112/112	124/124	176/211	113/117	155/160	104/110
32.	190/190	74/74	154/154	164/164	112/112	108/124	206/211	113/113	155/160	104/118
33.	190/190	74/74	154/154	164/164	112/112	108/124	206/211	113/113	155/160	110/118
34.	190/190	74/74	-	164/164	112/112	124/124	196/211	113/113	155/160	110/118
35.	188/190	74/74	-	164/164	112/112	108/124	211/216	113/113	155/160	110/110
36.	190/190	73/74	-	164/164	112/112	124/124	206/211	113/121	160/160	110/110
37.	190/190	74/74	-	164/164	112/112	108/124	196/196	113/113	155/155	110/118
38.	190/190	74/74	-	164/164	112/112	108/108	176/211	113/113	155/160	110/110
39.	190/190	73/74	-	164/164	112/112	108/108	196/201	113/117	160/160	118/118
40.	190/190	74/74	-	164/164	112/112	108/124	206/206	113/113	160/160	104/110
41.	190/190	74/74	-	162/162	112/112	124/124	211/211	113/113	155/160	110/110
42.	188/190	73/74	154/154	162/162	112/114	108/124	-	113/117	160/160	110/118
43.	190/190	74/74	154/154	164/164	112/112	108/124	-	113/121	160/160	110/118
44.	190/190	73/74	153/153	164/164	112/112	108/124	196/196	113/117	155/160	110/118

Nr.	Smo7	Smo12	APH12	APH13	TTUG1	TTUG2	TTUG5	Bcap1	Bcap3	Bcap9
45.	190/190	74/74	154/154	164/164	112/112	124/124	176/211	113/113	160/160	110/118
46.	190/190	73/74	154/154	164/164	112/112	124/124	206/216	113/121	160/160	110/110
47.	188/190	74/74	154/154	164/164	112/114	-	206/206	113/113	155/160	110/110
48.	190/190	73/74	152/154	164/164	112/112	108/124	206/216	113/117	155/160	110/118
49.	190/190	74/74	154/154	162/162	112/112	108/108	196/206	113/113	155/160	104/118
50.	188/190	73/74	154/154	164/164	112/112	108/124	176/176	113/113	155/160	110/118
51.	190/190	73/74	153/153	164/164	112/112	124/124	196/196	113/113	155/160	110/110
52.	190/190	74/74	154/154	164/164	112/112	124/124	201/201	113/113	155/160	110/110
53.	190/190	74/74	153/153	162/162	112/112	108/124	-	117/117	160/160	110/110
54.	190/190	74/74	154/154	164/164	112/112	108/124	-	113/121	155/160	110/118
55.	190/190	74/74	154/154	164/164	112/114	124/124	-	113/117	160/160	104/110
56.	188/190	74/74	154/154	162/162	112/112	124/124	-	113/113	155/160	104/110
57.	190/190	74/74	150/154	164/164	112/112	108/124	201/201	113/113	155/160	110/110
58.	190/190	74/74	154/154	164/164	112/112	124/124	-	113/113	155/155	110/118
59.	190/190	74/74	154/154	164/164	112/112	-	-	113/115	155/160	110/118
60.	190/190	74/74	154/154	162/162	112/112	108/124	-	113/117	160/160	110/110
61.	190/190	74/74	154/154	164/164	112/112	124/124	-	113/121	160/160	110/110
62.	188/190	73/74	154/154	164/164	112/112	108/124	196/196	113/113	155/160	110/110
63.	190/190	73/74	154/154	164/164	112/112	124/124	196/196	113/121	151/160	110/110
64.	188/190	74/74	154/154	162/162	112/112	124/124	-	113/117	155/155	110/118

## Fodros2

Nr.	Smo7	Smo12	APH12	APH13	TTUG1	TTUG2	TTUG5	Bcap1	Bcap3	Bcap9
1.	190/190	74/74	150/152	164/164	112/112	108/124	196/201	113/113	155/155	110/110
2.	188/190	74/74	152/154	162/164	112/112	108/124	196/206	113/113	155/155	110/110
3.	190/190	74/74	152/154	164/164	112/112	124/124	206/211	113/119	160/160	104/110
4.	190/190	73/74	154/154	162/164	112/112	108/124	196/206	113/113	155/160	110/118
5.	190/190	74/74	154/154	162/164	112/112	108/124	201/206	113/113	155/160	110/110
6.	190/190	74/74	153/154	164/164	112/112	108/124	206/216	113/113	155/160	110/110
7.	190/190	-	154/154	162/164	112/112	108/124	211/216	113/113	155/155	104/110
8.	190/190	74/74	154/154	162/164	112/112	108/124	196/206	113/113	155/160	110/110
9.	190/190	74/74	154/154	162/164	112/112	124/124	201/201	113/113	155/160	110/110
10.	188/190	74/74	154/154	162/164	112/112	108/124	196/196	113/115	160/160	104/110
11.	190/190	74/74	153/154	164/164	-	108/108	-	113/119	160/160	110/118
12.	188/190	74/74	154/154	164/164	112/112	108/124	196/196	113/117	160/160	110/110
13.	190/190	74/74	154/154	162/164	112/112	124/124	196/196	113/113	155/160	110/110
14.	188/190	73/74	154/154	162/164	112/112	108/124	206/206	113/117	155/155	-
15.	188/190	73/74	152/154	162/164	112/112	108/124	206/206	113/113	155/160	110/110
16.	190/190	74/74	154/154	162/164	112/112	108/124	206/206	113/113	155/155	110/110
17.	188/190	74/74	154/154	164/164	112/112	108/124	-	113/113	160/160	110/110
18.	190/190	74/74	154/154	162/164	112/112	108/124	-	113/113	160/160	110/110
19.	190/190	74/74	154/154	162/164	112/112	108/108	196/201	113/113	155/160	110/110
20.	190/190	74/74	154/154	164/164	112/112	108/124	201/206	113/113	155/160	110/118
21.	190/190	74/74	154/154	164/164	112/112	124/124	206/221	113/113	155/155	110/110
22.	188/190	74/74	154/154	164/164	112/112	124/124	216/216	115/117	160/160	110/118
23.	190/190	74/74	154/154	164/164	112/112	108/124	201/216	113/113	155/160	110/110
24.	188/190	-	154/154	164/164	112/112	108/124	196/211	113/113	155/155	110/110

### **Fodros3**

<b>Nr.</b>	<b>Smo7</b>	<b>Smo12</b>	<b>APH12</b>	<b>APH13</b>	<b>TTUG1</b>	<b>TTUG2</b>	<b>TTUG5</b>	<b>Бсап1</b>	<b>Бсап3</b>	<b>Бсап9</b>
1.	190/190	74/74	154/154	162/164	112/112	108/124	206/216	113/121	155/155	110/110
2.	190/190	74/74	153/154	162/162	112/112	124/124	211/211	113/117	155/155	104/110
3.	188/190	74/74	154/154	162/164	112/112	108/108	216/216	113/113	155/155	110/110
4.	188/190	73/74	154/154	162/164	112/112	124/124	196/206	113/113	160/160	110/110
5.	190/190	74/74	154/154	162/164	112/112	124/124	216/226	113/113	155/160	110/110
6.	190/190	74/74	153/154	162/164	112/112	124/124	206/211	113/119	155/160	110/110
7.	188/190	-	153/154	164/164	112/112	108/124	206/231	113/117	155/160	110/110

### **Fodros4**

<b>Nr.</b>	<b>Smo7</b>	<b>Smo12</b>	<b>APH12</b>	<b>APH13</b>	<b>TTUG1</b>	<b>TTUG2</b>	<b>TTUG5</b>	<b>Бсап1</b>	<b>Бсап3</b>	<b>Бсап9</b>
1.	190/190	74/74	153/154	162/164	112/112	124/124	201/216	113/113	155/160	110/110
2.	190/190	74/74	154/154	162/162	110/112	108/124	196/211	113/113	155/160	104/110
3.	190/190	74/74	154/154	164/164	112/112	108/108	176/201	113/117	155/160	110/110
4.	188/190	74/74	152/154	164/164	112/112	108/124	176/201	113/117	155/160	110/110
5.	190/190	74/74	153/154	-	-	124/124	206/216	113/119	155/160	110/110
6.	190/190	74/74	154/154	164/164	112/112	124/124	206/206	113/117	155/155	110/110
7.	190/190	74/74	154/154	164/164	112/112	124/124	216/216	113/117	160/160	110/110
8.	188/190	74/74	152/154	162/162	112/112	108/124	206/206	113/113	155/155	110/110
9.	190/190	74/74	154/154	164/164	112/112	124/124	211/216	113/113	155/160	110/110
10.	190/190	74/74	154/154	162/162	112/112	108/124	221/231	113/117	160/160	-

### **Fodros5**

<b>Nr.</b>	<b>Smo7</b>	<b>Smo12</b>	<b>APH12</b>	<b>APH13</b>	<b>TTUG1</b>	<b>TTUG2</b>	<b>TTUG5</b>	<b>Бсап1</b>	<b>Бсап3</b>	<b>Бсап9</b>
1.	190/190	74/74	153/153	164/164	112/112	108/124	211/231	113/113	160/160	110/110
2.	188/190	74/74	154/154	162/164	112/112	108/124	196/211	113/113	155/160	110/118
3.	190/190	74/74	153/154	164/164	112/112	108/108	176/201	113/113	155/160	110/118
4.	190/190	74/74	154/154	162/162	112/112	124/124	176/201	113/113	155/160	110/118
5.	188/190	74/74	154/154	162/164	112/112	108/108	206/216	113/113	160/160	110/110
6.	188/188	74/74	153/154	162/164	112/112	108/124	206/206	113/113	155/160	110/118
7.	190/190	74/74	154/154	-	112/112	124/124	216/216	113/113	155/160	110/118
8.	188/190	74/74	154/154	164/164	112/112	108/124	206/206	113/113	155/160	110/110
9.	190/190	74/74	154/154	164/164	112/112	108/124	211/216	113/113	155/160	110/110
10.	190/190	74/74	154/154	162/164	112/112	124/124	221/231	113/113	155/160	110/110
11.	188/190	74/74	154/154	164/164	112/112	108/124	206/216	113/113	155/155	110/110
12.	190/190	74/74	154/154	162/164	112/112	108/124	206/216	113/113	155/160	110/110

### **Fodros6**

<b>Nr.</b>	<b>Smo7</b>	<b>Smo12</b>	<b>APH12</b>	<b>APH13</b>	<b>TTUG1</b>	<b>TTUG2</b>	<b>TTUG5</b>	<b>Bcap1</b>	<b>Bcap3</b>	<b>Bcap9</b>
1.	190/190	74/74	150/150	162/164	112/112	124/124	196/196	113/113	160/160	110/110
2.	190/190	74/74	152/152	162/164	112/112	108/124	196/196	113/113	155/160	110/110
3.	190/190	74/74	154/154	162/164	112/112	124/124	206/216	113/121	160/160	110/110
4.	190/190	74/74	154/154	164/164	112/112	108/124	206/216	113/121	160/160	110/118
5.	190/190	74/74	154/154	164/164	112/112	108/108	201/206	113/113	155/160	110/118
6.	190/190	74/74	154/154	162/162	112/112	124/124	211/216	113/117	160/160	110/110
7.	190/190	74/74	153/153	162/162	112/112	108/124	196/196	-	-	110/110
8.	190/190	-	-	164/164	112/112	124/124	196/196	113/113	160/160	110/110
9.	190/190	74/74	153/154	162/162	112/112	124/124	196/196	113/117	160/160	110/110
10.	188/190	74/74	153/153	162/164	112/112	124/124	206/216	111/113	155/160	110/110
11.	188/190	74/74	153/153	164/164	112/112	124/124	201/231	113/113	155/160	110/110

### **Fodros7**

<b>Nr.</b>	<b>Smo7</b>	<b>Smo12</b>	<b>APH12</b>	<b>APH13</b>	<b>TTUG1</b>	<b>TTUG2</b>	<b>TTUG5</b>	<b>Bcap1</b>	<b>Bcap3</b>	<b>Bcap9</b>
1.	190/190	74/74	154/154	162/162	112/112	124/124	206/216	113/113	155/160	110/118
2.	190/190	74/74	153/154	162/164	112/112	124/124	201/231	113/113	155/160	104/110
3.	188/190	74/74	153/153	162/164	112/112	124/124	206/206	113/113	155/160	110/110
4.	188/190	74/74	153/154	162/162	112/112	124/124	201/206	113/113	155/160	110/110
5.	188/190	74/74	153/153	162/162	112/112	124/124	206/216	113/113	155/160	110/110
6.	188/188	74/74	154/154	162/162	112/112	124/124	206/216	113/117	155/160	110/110

### **Fodros8**

<b>Nr.</b>	<b>Smo7</b>	<b>Smo12</b>	<b>APH12</b>	<b>APH13</b>	<b>TTUG1</b>	<b>TTUG2</b>	<b>TTUG5</b>	<b>Bcap1</b>	<b>Bcap3</b>	<b>Bcap9</b>
1.	188/190	74/74	154/154	164/164	112/112	108/124	176/206	113/113	155/155	110/110
2.	188/190	74/74	153/153	164/164	112/112	108/124	176/206	111/111	155/160	110/110
3.	188/190	74/74	153/154	164/164	112/112	108/108	176/211	113/117	160/160	110/110
4.	190/190	74/74	154/154	164/164	112/112	108/124	176/211	113/117	155/160	110/110
5.	190/190	74/74	154/154	162/162	112/112	124/124	196/211	113/113	155/160	104/110
6.	190/190	74/74	152/154	162/162	112/112	124/124	196/211	-	155/155	104/110
7.	190/190	74/74	152/154	162/162	112/112	124/124	206/206	113/117	155/160	110/114

### **Orosházi**

<b>Nr.</b>	<b>Smo7</b>	<b>Smo12</b>	<b>APH12</b>	<b>APH13</b>	<b>TTUG1</b>	<b>TTUG2</b>	<b>TTUG5</b>	<b>Bcap1</b>	<b>Bcap3</b>	<b>Bcap9</b>
1.	-	74/74	153/154	164/164	112/112	108/124	206/221	110/110	160/160	110/110
2.	190/190	74/74	153/154	162/164	112/112	108/108	196/196	110/110	155/155	110/110
3.	190/190	74/74	154/154	162/164	112/112	108/124	206/206	110/110	155/155	110/110
4.	190/190	74/74	153/154	162/164	112/112	108/124	206/206	110/110	155/155	110/110
5.	190/190	74/74	153/154	162/164	112/112	124/124	196/196	104/110	155/160	104/110
6.	190/190	74/74	154/154	162/164	112/112	108/124	206/206	104/110	160/160	104/110
7.	190/190	74/74	154/154	162/164	112/112	108/124	196/201	104/110	155/155	104/110
8.	190/190	74/74	153/154	162/164	112/112	108/124	201/206	110/110	160/160	110/118
9.	190/190	74/74	153/154	162/164	112/112	108/124	196/206	104/110	155/160	104/110

### **Orosházi x fodros**

<b>Nr.</b>	<b>Smo7</b>	<b>Smo12</b>	<b>APH12</b>	<b>APH13</b>	<b>TTUG1</b>	<b>TTUG2</b>	<b>TTUG5</b>	<b>Bcap1</b>	<b>Bcap3</b>	<b>Bcap9</b>
1.	190/190	74/74	154/154	164/164	112/112	108/124	216/221	111/113	111/113	110/110
2.	190/190	74/74	154/154	162/164	112/112	108/124	206/221	113/113	113/113	110/110
3.	190/190	74/74	154/154	162/162	112/112	108/124	196/206	113/113	113/113	110/110
4.	190/190	74/74	154/154	162/162	112/112	108/124	201/206	113/113	113/113	110/110
5.	188/190	74/74	154/154	164/164	112/112	108/124	206/206	113/113	113/113	110/118
6.	188/190	74/74	154/154	164/164	112/112	108/108	206/206	113/119	113/119	-
7.	190/190	74/74	153/153	162/162	112/112	108/124	196/216	111/113	111/113	110/110
8.	190/190	74/74	153/154	162/162	112/112	108/124	196/216	111/113	111/113	110/110
9.	190/190	74/74	153/154	-	112/112	124/124	196/206	113/113	113/113	110/110
10.	190/190	74/74	154/154	162/164	112/112	124/124	206/216	113/113	113/113	110/118
11.	190/190	74/74	154/154	162/164	112/112	108/124	201/206	113/113	113/113	110/110
12.	190/190	74/74	153/154	162/164	112/112	124/124	201/211	113/121	113/121	110/110
13.	190/190	74/74	154/154	162/162	112/112	108/124	201/216	113/113	113/113	110/110
14.	190/190	74/74	154/154	162/162	112/112	124/124	206/221	113/119	113/119	104/110
15.	190/190	74/74	154/154	162/162	112/112	108/124	-	113/119	113/119	110/110
16.	188/190	74/74	154/154	162/162	112/112	108/124	211/216	113/113	113/113	118/118
17.	190/190	74/74	154/154	162/164	112/112	124/124	206/206	113/119	113/119	110/110
18.	190/190	74/74	154/154	162/164	112/112	108/124	196/206	113/113	113/113	110/118
19.	190/190	74/74	152/154	164/164	112/112	108/128	206/206	113/113	113/113	110/110
20.	190/190	74/74	154/154	162/162	112/112	108/124	206/206	113/117	113/117	110/118
21.	188/190	74/74	154/154	162/162	112/112	108/124	196/206	111/113	111/113	110/110

### **Parlagi**

<b>Nr.</b>	<b>Smo7</b>	<b>Smo12</b>	<b>APH12</b>	<b>APH13</b>	<b>TTUG1</b>	<b>TTUG2</b>	<b>TTUG5</b>	<b>Bcap1</b>	<b>Bcap3</b>	<b>Bcap9</b>
1.	188/188	74/74	154/154	164/164	112/112	108/124	201/216	111/113	155/155	110/118
2.	188/190	74/74	154/154	164/164	112/112	108/108	201/206	111/113	155/160	110/110
3.	188/190	74/74	153/154	164/164	112/112	108/108	201/206	111/113	155/160	110/110
4.	190/190	74/74	153/154	162/164	112/112	108/108	201/201	111/113	160/160	110/110
5.	188/190	74/74	153/154	162/164	112/112	108/108	201/206	111/113	160/160	110/110
6.	188/190	74/74	153/154	162/164	112/112	108/108	201/206	111/111	160/160	110/110
7.	188/190	74/74	154/154	164/164	112/112	108/108	201/206	111/113	160/160	110/110
8.	188/188	74/74	154/154	164/164	110/110	108/108	201/201	113/113	160/160	110/110
9.	190/190	74/74	154/154	164/164	112/112	108/124	201/216	111/113	155/160	110/110

## **Babati1**

<b>Nr.</b>	<b>Sm07</b>	<b>Sm012</b>	<b>APH12</b>	<b>APH13</b>	<b>TTUG1</b>	<b>TTUG2</b>	<b>TTUG5</b>	<b>Bcap1</b>	<b>Bcap3</b>	<b>Bcap9</b>
1.	190/190	74/74	154/154	162/162	112/112	124/124	211/216	113/113	151/160	110/110
2.	188/190	74/74	152/154	162/162	112/112	108/124	196/196	113/113	155/160	110/110
3.	188/190	74/74	154/154	-	112/112	-	176/211	113/113	155/160	110/118
4.	190/190	74/74	152/154	164/164	112/112	-	206/211	113/113	155/155	110/118
5.	190/190	74/74	150/154	162/162	112/112	124/124	196/196	113/117	155/160	110/110
6.	188/190	74/74	154/154	162/162	112/112	124/124	216/221	113/113	160/160	110/110
7.	190/190	74/75	154/154	164/164	112/112	124/124	196/221	113/115	160/160	110/110
8.	190/190	74/74	154/154	162/162	112/112	108/124	211/211	113/113	155/155	110/118
9.	190/190	74/74	152/154	162/164	112/112	108/124	206/206	113/119	160/160	110/110
10.	188/190	74/74	152/154	164/164	112/112	-	211/216	113/115	160/160	110/110
11.	188/190	73/74	153/153	162/162	112/112	124/124	196/206	113/113	155/160	110/110
12.	190/190	74/74	154/154	162/164	112/112	-	206/206	113/113	160/160	110/118
13.	190/190	74/74	154/154	162/164	112/112	108/124	216/216	113/113	155/155	110/110
14.	190/190	74/74	152/154	162/164	112/112	124/124	196/206	113/113	155/160	110/118
15.	190/190	74/74	152/154	162/162	112/112	124/124	206/206	113/121	160/160	110/114
16.	188/190	74/74	154/154	162/162	112/112	124/124	216/216	113/113	160/160	110/110
17.	190/190	74/74	152/154	162/164	112/112	124/124	206/216	113/121	155/155	110/110
18.	188/190	74/74	154/154	162/162	112/112	124/124	201/211	113/117	155/160	110/118
19.	188/190	74/74	154/154	162/164	112/112	108/124	206/216	113/117	160/160	110/110
20.	188/190	74/74	152/152	162/162	112/112	124/124	216/216	113/113	160/160	110/110
21.	190/190	73/74	154/154	162/162	112/112	-	176/221	113/121	155/155	110/110
22.	188/190	74/74	152/154	162/164	112/112	-	211/221	113/115	155/155	110/110
23.	190/190	74/74	154/154	162/164	112/112	124/124	196/221	113/113	160/160	110/110
24.	190/190	73/74	154/154	162/164	112/112	124/124	206/211	113/117	160/160	110/110
25.	190/190	74/74	154/154	162/164	112/112	124/124	196/211	113/113	155/160	114/118
26.	188/190	74/74	154/154	162/164	112/112	124/124	196/196	113/115	155/160	110/110
27.	188/190	74/74	152/154	162/164	112/112	124/124	196/206	113/117	155/160	110/110
28.	190/190	74/74	154/154	162/164	112/112	124/124	176/211	113/115	155/160	110/110
29.	190/190	74/74	154/154	164/164	112/112	124/124	196/216	113/113	155/160	110/110
30.	190/190	74/74	154/154	164/164	112/112	124/124	176/196	113/113	160/160	110/118
31.	190/190	74/74	153/154	162/162	112/112	108/124	206/216	117/117	155/155	110/110
32.	190/190	74/74	154/154	162/164	112/112	124/124	196/211	113/113	160/160	110/118
33.	190/190	74/74	152/154	162/164	112/112	124/124	206/216	113/121	155/160	110/118
34.	188/190	74/74	152/154	162/164	112/112	108/124	206/211	113/113	155/155	110/110
35.	188/190	74/74	154/154	162/162	112/112	124/124	176/211	115/115	155/160	110/110
36.	190/190	74/74	152/154	164/164	112/112	124/124	211/216	113/113	160/160	110/110
37.	190/190	74/74	154/154	162/164	112/112	108/124	206/216	113/117	160/160	110/118
38.	190/190	74/74	154/154	162/164	112/112	124/124	216/216	113/115	160/160	110/110
39.	190/190	74/74	152/154	162/164	112/112	108/124	211/216	113/113	155/160	118/118
40.	190/190	74/74	154/154	162/164	112/112	124/124	221/221	113/113	160/160	110/114
41.	190/190	74/74	154/154	162/164	112/112	108/124	176/211	113/117	155/155	110/114
42.	188/190	74/74	154/154	162/164	112/112	124/124	206/231	113/113	155/155	110/110
43.	188/190	74/74	152/152	162/164	112/112	124/124	196/216	113/115	155/160	110/110
44.	190/190	74/74	154/154	162/164	112/112	108/124	211/221	113/115	155/155	110/110
45.	190/190	74/74	154/154	162/164	112/112	108/124	196/211	113/117	160/160	110/118
46.	190/190	74/74	154/154	162/164	112/112	124/124	196/216	113/113	160/160	110/110
47.	188/190	74/74	154/154	162/162	112/112	124/124	211/221	113/113	160/160	110/118
48.	190/190	74/74	150/154	162/164	112/112	108/124	211/216	113/113	155/155	110/110
49.	190/190	74/74	152/154	162/164	112/112	108/124	176/206	113/113	155/160	110/118

<b>Nr.</b>	<b>Smo7</b>	<b>Smo12</b>	<b>APH12</b>	<b>APH13</b>	<b>TTUG1</b>	<b>TTUG2</b>	<b>TTUG5</b>	<b>Бсап1</b>	<b>Бсап3</b>	<b>Бсап9</b>
50.	188/190	74/74	154/154	162/164	112/112	124/124	176/196	113/117	160/160	110/118
51.	188/190	74/74	154/154	162/164	112/112	108/124	196/211	113/117	155/155	110/110
52.	190/190	74/74	154/154	162/162	112/112	124/124	176/196	115/115	155/160	110/110
53.	190/190	73/74	154/154	162/162	112/112	124/124	211/211	115/121	155/160	110/110
54.	190/190	74/74	154/154	162/164	112/112	124/124	196/216	113/113	160/160	110/110
55.	188/190	74/74	154/154	162/164	112/112	124/124	196/216	113/113	160/160	110/110
56.	190/190	74/74	154/154	162/164	112/112	124/124	176/206	113/113	155/160	110/110
57.	190/190	74/74	154/154	162/162	112/112	124/124	176/176	113/115	155/160	110/110
58.	188/190	74/74	153/154	162/164	112/112	124/124	-	113/117	155/160	110/118
59.	188/190	74/74	154/154	162/162	112/112	108/124	196/216	113/113	155/160	110/110
60.	190/190	74/74	154/154	162/164	112/112	108/124	176/196	113/113	155/160	110/118
61.	190/190	-	153/154	164/164	112/112	124/124	216/216	113/113	155/160	110/110
62.	190/190	74/74	154/154	164/164	112/112	124/124	206/216	113/115	160/160	110/118
63.	188/190	74/74	154/154	162/164	112/112	124/124	221/221	113/113	160/160	110/114
64.	190/190	74/74	153/154	162/164	112/112	124/124	211/216	113/113	160/160	110/118

## **Babati2**

<b>Nr.</b>	<b>Smo7</b>	<b>Smo12</b>	<b>APH12</b>	<b>APH13</b>	<b>TTUG1</b>	<b>TTUG2</b>	<b>TTUG5</b>	<b>Бсап1</b>	<b>Бсап3</b>	<b>Бсап9</b>
1.	190/190	74/74	152/154	164/164	112/112	124/124	216/216	115/117	155/160	110/110
2.	190/190	74/74	154/154	162/162	112/112	124/124	196/216	115/119	155/155	110/110
3.	190/190	74/74	154/154	162/164	-	124/124	-	113/113	155/160	110/110
4.	190/190	74/74	154/154	164/164	112/112	124/124	196/221	113/117	160/160	110/118
5.	190/190	74/74	152/154	164/164	112/112	124/124	176/206	113/113	155/160	110/110
6.	190/190	74/74	154/154	162/164	112/112	124/124	206/211	113/113	155/160	110/110
7.	188/190	74/74	154/154	162/164	112/112	108/124	211/211	113/115	155/155	110/118
8.	190/190	74/74	152/154	162/164	112/112	108/124	176/196	113/113	155/160	110/118
9.	188/190	74/74	154/154	162/164	112/112	124/124	211/221	113/113	155/160	110/110
10.	190/190	74/74	154/154	162/164	112/112	124/124	176/211	115/117	155/160	110/114
11.	190/190	74/74	150/154	162/164	112/112	124/124	211/216	113/113	160/160	110/118
12.	190/190	74/74	153/154	164/164	112/112	124/124	176/216	113/113	155/155	110/110
13.	190/190	74/74	154/154	162/164	112/112	124/124	196/216	113/113	160/160	-
14.	190/190	74/74	154/154	164/164	112/112	124/124	196/211	113/113	155/160	110/110
15.	-	74/74	154/154	162/164	112/112	108/124	211/221	113/113	155/160	110/110
16.	188/190	74/74	154/154	164/164	112/112	108/124	211/216	113/113	160/160	110/118
17.	190/190	74/74	152/152	162/164	112/112	124/124	176/211	115/117	155/155	110/114
18.	190/190	74/74	152/154	164/164	112/112	124/124	216/216	113/113	160/160	110/110
19.	190/190	74/74	154/154	162/164	112/112	108/124	196/216	113/113	160/160	110/110
20.	190/190	74/74	153/154	162/164	112/112	124/124	196/221	113/113	155/160	110/110
21.	190/190	74/74	154/154	164/164	112/112	-	216/216	113/113	155/160	110/118
22.	190/190	74/74	154/154	162/162	112/112	108/124	206/216	113/113	155/160	110/110
23.	190/190	74/74	153/154	164/164	112/112	108/124	211/216	113/113	160/160	110/110

## **Emdeni**

<b>Nr.</b>	<b>Sm07</b>	<b>Sm012</b>	<b>APH12</b>	<b>APH13</b>	<b>TTUG1</b>	<b>TTUG2</b>	<b>TTUG5</b>	<b>Bcap1</b>	<b>Bcap3</b>	<b>Bcap9</b>
1.	190/190	74/74	153/153	162/162	110/112	124/124	196/196	113/117	155/160	110/110
2.	188/190	74/74	154/154	162/162	112/112	124/124	196/216	113/113	155/160	110/118
3.	188/190	74/74	153/154	162/162	112/112	124/124	206/211	-	-	110/110
4.	190/190	73/74	153/154	162/164	112/112	108/124	206/221	113/113	155/155	110/110
5.	190/190	74/74	154/154	162/164	112/112	124/124	206/216	117/117	155/155	110/110
6.	190/190	74/74	154/154	162/162	112/112	108/124	206/216	113/113	155/160	110/110
7.	190/190	74/74	154/154	162/164	112/112	124/124	211/221	113/117	155/155	110/118
8.	190/190	74/74	154/154	162/162	112/112	124/124	196/216	113/113	160/160	110/110
9.	190/190	74/74	152/154	162/164	112/112	124/124	-	113/113	155/160	110/114
10.	188/190	73/74	154/154	162/164	112/112	108/124	196/196	113/113	155/155	110/110
11.	188/190	73/74	154/154	162/162	112/112	124/124	206/211	111/113	155/160	110/110
12.	190/190	74/74	154/154	164/164	112/112	124/124	196/211	111/113	155/155	104/110
13.	190/190	73/74	154/154	162/164	112/112	108/124	296/211	113/117	155/155	110/118
14.	190/190	74/74	154/154	162/162	112/112	124/124	216/216	113/113	160/160	110/110
15.	190/190	74/74	154/154	162/162	112/112	124/124	201/216	113/113	155/160	110/118
16.	190/190	73/74	154/154	162/162	112/112	124/124	196/196	113/113	155/155	110/110
17.	190/190	73/73	154/154	162/164	112/112	124/124	216/216	113/113	155/155	110/110
18.	188/190	74/74	153/154	162/164	112/112	-	206/211	113/121	155/155	110/110
19.	188/190	73/74	153/154	162/164	110/112	108/124	221/226	113/113	155/160	110/110
20.	190/190	73/74	154/154	162/162	112/112	124/124	196/216	113/121	155/155	110/110
21.	190/190	74/74	154/154	162/164	112/112	-	196/211	113/113	155/160	110/110
22.	190/190	74/74	154/154	162/162	112/112	-	221/226	113/113	160/160	110/110
23.	188/190	74/74	154/154	162/162	112/112	-	196/206	113/121	160/160	110/110
24.	188/190	74/74	154/154	162/164	112/112	-	206/216	113/113	155/155	110/110
25.	190/190	74/74	154/154	162/162	112/112	108/124	-	113/113	160/160	110/110
26.	188/190	74/74	153/153	162/164	112/112	124/124	206/216	113/117	155/160	104/110
27.	188/190	74/74	154/154	162/162	112/112	124/124	196/211	113/117	155/155	110/110
28.	190/190	74/74	154/154	162/162	112/112	124/124	201/211	113/117	155/155	110/110
29.	-	73/74	154/154	162/162	112/112	-	206/216	113/121	160/160	110/110
30.	190/190	74/74	154/154	162/164	112/112	124/124	206/216	113/113	155/155	110/110
31.	-	73/73	153/154	162/164	112/112	-	196/226	113/113	155/155	110/110
32.	190/190	74/74	154/154	164/164	112/112	108/124	201/211	113/113	160/160	110/110
33.	190/190	73/74	154/154	162/164	112/112	124/124	206/216	113/113	155/160	110/110
34.	188/190	74/74	154/154	162/162	112/112	124/124	176/221	113/113	155/160	110/110
35.	190/190	74/74	152/154	162/164	112/112	124/124	206/206	113/113	155/160	110/110
36.	190/190	74/74	154/154	162/164	112/112	124/124	206/211	113/115	155/160	110/110
37.	190/190	73/73	154/154	164/164	112/112	108/124	216/216	113/115	155/160	110/110
38.	-	73/73	153/154	164/164	112/112	-	196/216	113/115	155/160	-
39.	190/190	-1	154/154	162/164	112/112	124/124	206/216	113/115	155/155	110/110
40.	188/190	73/74	153/154	162/164	112/112	108/124	201/211	113/113	155/160	110/110
41.	188/190	74/74	154/154	162/162	112/112	108/124	211/216	113/113	160/160	110/110
42.	190/190	74/74	152/154	162/164	112/112	124/124	211/211	113/113	155/155	110/110
43.	188/190	73/74	154/154	162/162	112/112	108/124	196/206	113/117	155/160	110/110
44.	190/190	74/74	154/154	162/164	112/112	108/124	211/226	113/113	155/155	110/110
45.	190/190	74/74	154/154	164/164	112/112	108/124	-	113/121	155/155	110/110
46.	188/190	73/74	154/154	164/164	112/112	108/124	221/221	113/113	155/155	110/110
47.	190/190	74/74	154/154	162/164	-	108/124	216/216	113/115	155/160	110/110
48.	188/190	74/74	-	164/164	112/112	124/124	216/216	113/115	155/160	110/110
49.	190/190	74/74	-	162/162	112/112	108/124	196/196	113/121	160/160	110/118

Nr.	Smo7	Smo12	APH12	APH13	TTUG1	TTUG2	TTUG5	Bcaп1	Bcaп3	Bcaп9
50.	188/190	74/74	-	162/164	112/112	108/124	201/221	113/113	155/160	110/114
51.	190/190	74/74	-	162/164	112/112	124/124	196/211	113/121	160/160	110/110
52.	188/190	73/74	-	162/162	112/112	124/124	206/221	113/113	155/160	110/110
53.	190/190	73/74	-	164/164	112/112	124/124	196/206	113/113	155/155	104/110
54.	188/190	73/74	-	164/164	112/112	124/124	221/226	113/117	155/160	110/110
55.	190/190	73/74	-	162/162	112/112	124/124	221/226	113/113	160/160	110/114
56.	190/190	74/74	152/154	162/162	112/112	124/124	-	-	-	110/110
57.	188/190	74/74	154/154	164/164	112/112	124/124	-	113/113	155/160	110/110
58.	190/190	74/74	154/154	162/164	112/112	108/124	216/216	113/121	155/160	110/110
59.	188/190	73/74	154/154	162/164	112/112	124/124	206/216	113/113	155/155	110/110
60.	188/190	73/74	152/154	162/162	112/112	124/124	216/216	113/113	155/155	110/110
61.	188/190	74/74	154/154	162/164	112/112	124/124	201/201	113/121	155/160	110/118
62.	190/190	74/74	154/154	162/164	112/112	108/124	211/216	113/113	155/155	110/118

### Nyári lúd

Nr.	Smo7	Smo12	APH12	APH13	TTUG1	TTUG2	TTUG5	Bcaп1	Bcaп3	Bcaп9
1.	190/190	73/73	153/153	162/164	110/110	110/110	176/201	113/113	160/160	110/110
2.	190/190	73/74	153/153	162/162	110/110	110/110	176/206	117/117	160/160	110/110
3.	-	-	153/153	162/164	110/110	110/110	-	-	160/160	110/110
4.	-	74/74	150/153	164/164	110/110	110/110	-	-	160/160	114/114
5.	-	74/74	-	162/162	110/110	110/110	-	-	160/160	-
6.	190/190	73/74	153/153	164/164	110/110	110/110	190/211	113/117	155/160	110/110
7.	188/190	73/74	150/153	162/164	110/110	-	170/170	117/117	155/160	110/110
8.	190/190	73/74	-	162/162	110/110	110/110	201/201	113/117	160/160	110/110
9.	188/190	73/74	-	162/164	110/110	-	196/196	-	-	110/110
10.	190/190	73/74	154/154	162/162	110/110	110/110	201/221	113/113	160/160	110/118
11.	190/190	73/74	153/153	162/164	110/110	110/110	206/206	113/117	155/160	110/114
12.	-	-	-	-	-	110/110	170/206	-	-	-
13.	190/190	73/74	153/153	164/164	110/110	110/110	206/216	113/117	160/160	110/110
14.	190/190	73/73	153/153	162/164	110/110	110/110	201/201	-	160/160	110/110
15.	190/190	73/73	153/153	162/162	110/110	110/110	201/206	111/117	160/160	110/110
16.	188/190	73/73	-	162/164	110/110	110/110	196/201	115/117	155/160	110/110
17.	-	73/74	-	162/164	110/110	110/110	-	117/117	160/160	-
18.	190/190	73/74	150/153	162/164	110/110	110/110	185/201	115/117	160/160	110/118
19.	190/190	73/74	-	162/162	110/110	110/110	170/170	117/117	160/160	110/110
20.	190/190	73/73	153/153	162/162	110/110	110/110	206/216	113/117	160/160	110/110
21.	188/190	-	153/153	162/162	110/110	110/110	176/206	117/117	155/155	110/110

## **Köszönetnyilvánítás**

Köszönetem fejezem ki témavezetőmnek Dr. Mihók Sándornak a téma kijelöléséért, a vizsgált állomány rendelkezésre bocsátásáért, bizalmáért és támogatásáért. Szakmai tanácsai, biztatása és folyamatos anyagi támogatása nélkül nem készült volna el a dolgozat. Köszönöm a társ témavezetőmnek Dr. Hidas Andrásnak a szakmai segítséget.

Köszönöm a Bécsi Bodenkultur Egyetem Molekuláris Genetikai és Sejtbiológiai Intézet vezetőjének, Prof. Josef Glösselnek a bizalmát és a lehetőséget, hogy kísérleteimet Európa egyik legmodernebb és felszereltebb genetikai laborjában végezhessem.

Hálás köszönet illeti Dr. Daniel Dieringert, a Genetikai és Sejtbiológiai Intézet tudományos munkatársát, aki türelemmel és megértéssel segített a labortechnikai munkálatoknál, bevezetett a molekuláris genetika rejtelmeibe és megtanította a legmodernebb statisztikai és populációgenetikai programok használatát.

Mindamellet hálás vagyok az osztrák intézet dolgozóinak a baráti kedvességért és önzetlen segítségért.

Köszönöm az Osztrák-Magyar Akció Alapítványnak a több mint tizennégy hónapos anyagi támogatást, hiszen a pályázatuk keretében elnyert ösztöndíj fedezte az ausztriai kinttartózkodásom kiadásait.

Tisztelettel megköszönöm Bodó Imre Professzor Úrnak disszertációm véleményezését, s nem becsülhetem eléggé a géntartalék-védelemre irányuló szellemi kisugárzását. Közvetve, e disszertáció témájának kijelölése is munkásságának követése.

Megköszönöm Dr. Komlósi Istvánnak, disszertációm átolvasására, véleményezésére fordított munkáját.

Köszönöm tanárainknak Dr. Béri Bélának, Prof. Bodó Imrének, Dr. Ertsey Imrének, Dr. Fésüs Lászlónak, Dr. Gundel Jánosnak, Dr. Hidas Andrásnak, Dr. Jávor Andrásnak, Dr. Komlósi Istvánnak, Dr. Mihók Sándornak a három éven keresztül nyújtott szakmai segítséget.

Köszönöm opponenseimnek Dr. Pecsénye Katalinnak és Dr. Anton Istvánnak szakdolgozatom részletes bírálatát.

Köszönöm Posta Jánosnak a mintavételezésnél és Erdélyi Bálintnak a számítástechnikai problémák megoldásánál nyújtott segítséget.

Nem feledkezhetem meg a DE-ATC-MTK Állattenyésztés- és Takarmányozástani Tanszéke két irodavezetőjének, Kissné Kányási Máriának és Korcsmárosné Varga Mariannának szolgáltságáról, illetve a PhD iroda vezetőjének Nagy Sándornak a hivatalos ügyek intézésében nyújtott segítségéről.

Köszönöm vőlegényemnek Edmondnak, hogy kitartott mellettem és első perctől kezdve az utolsóig támogatott az elhatározásomban.

Egy életen át hálás leszek családomnak, főképpen Anyukámnak, akiknek mérhetetlen szeretete és érzelmi támogatása nélkül nem lett volna erőm befejezni a doktori tanulmányaimat.

## **NYILATKOZATOK**

### **NYILATKOZAT**

Ezen értekezést a Debreceni Egyetem Agrártudományi Centrum Mezőgazdaságtudományi Karán, az Állattenyésztési Tudományok Doktori Iskola keretében készítettem, a Debreceni Egyetem ATC MTK doktori (PhD) fokozatának elnyerése céljából.

Debrecen, .....

.....  
a jelölt aláírása

### **NYILATKOZAT**

Tanúsítom, hogy Aliczki Katalin Kornélia doktorjelölt 2003 – 2007 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, .....

.....  
a témavezetők aláírása