

Doktori (PhD) értekezés tézisei

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

Véghné Tóth Bianka Mónika

Témavezető: Dr. Kusza Szilvia D.Sc.

egyetemi tanár, az MTA doktora



DEBRECENI EGYETEM

Állattenyésztési Tudományok Doktori Iskola

Debrecen, 2022

1. A DOKTORI ÉRTEKEZÉS ELŐZMÉNYEI ÉS CÉLKITŰZÉSEI

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

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

A fentiekben leírt problémák alapján fogalmaztuk meg célkitűzéseinket, ahol figyelembe vettük, hogy Magyarországon a tenyésztett pontyoknak (fajon belül) helyi populációi alakultak ki, melynek okai az eltérő környezeti feltételek, a különböző gazdaságok eltérő tenyésztési tevékenységei, a tenyészállományok zárt tenyésztési rendszerei és a kis méretük voltak. Annak ellenére, hogy kereskedelmi szempontból igen jelentős és hatalmas piaci kereslettel bíró fajról van szó, hiányos genetikai adatok jellemzik valamint továbbra sem egyértelmű a rokonsági viszonyaik és eredetük. Továbbá figyelemreméltó tény az is, hogy a magyar halgazdaságok a saját ponty állományukat külön tájfajtának tekintik, melyek esetében a fenotípusos különbség

elenyésző. Az országban kizárólag fajtaelismerésre bejelentett vagy fajtaelismeréssel rendelkező fajták, vagy hibridek hozhatóak kereskedelmi forgalomba továbbtenyésztésre, amennyiben rendelkeznek az eredetükről szóló fajtaelismeréssel. Jelenleg genetikai szűrést nem tartalmaz a teljesítményvizsgálat.

A molekuláris markerek segítségével feltárhatóak a populáción belüli és a populációk közötti összefüggések, jellemezhetőek az adott populációk génkészletei, hasznos információval szolgálhatnak a populációk szabályozásához a nyomonkövetés során. Mindezekon túl a genetikai különbségek meghatározása, a populációszerkezet megértése és a különböző tájfajták alkalmasságának megkülönböztetése szempontjából is elengedhetetlenek. A molekuláris genetikai vizsgálatokban a mikroszatellit markert széles körben használják akvakultúra kutatásokban, ahol a populációkon belüli és a populációk közötti változások kismértékűek lehetnek. Illetve a mikroszatellit marker mellett gyakran a mitokondriális markert alkalmazzák a különböző kutatásokban, mellyel a ponty genetikai szerkezetére, származására vonatkozó információk tárhatóak fel.

Mindezek ismeretében alkalmaztuk e két módszert dolgozatomban a molekuláris genetikai vizsgálat során. Véleményünk szerint fontos a magyar pontytájfajták genetikai struktúrájának a minél szélesebb körben való megismerése, hogy eredetükről, rokonsági viszonyaikról pontosabb képet kapjunk, mely hiánypótló adat elengedhetetlen a termelési tulajdonságuk, a heterózishatás javítása, valamint a beltenyésztettségi leromlás meggátolása érdekében.

Munkánk során az alábbi célkitűzéseink voltak:

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

2. ANYAG ÉS MÓDSZER

Mintagyűjtés

2017 tavaszán és telén tizenkettő magyar pontytájfajtától (biharugrai tükrös és pikkelyes, hajdúszoboszlói tükrös és pikkelyes, szegedi tükrös és pikkelyes, hortobágyi tükrös, pikkelyes és nyurga, szarvasi 15 tükrös, szarvasi P3 pikkelyes, tatai pikkelyes), valamint 2019 tavaszán hajdúböszörményi tükrös pontytájfajtától gyűjtöttük be egyedeinket vizsgálatunkhoz. További egyedeket gyűjtöttünk az amuri pikkelyes vadpontytól, melyet a statisztikai értékelések során külső kontrollként alkalmaztunk (**1. ábra**).



1. ábra: A vizsgált tájfajták mintagyűjtési helyei

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

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

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

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

Genomiális DNS izolálása

A genomiális DNS (gDNS) izolálása a tájfajták szövetmintáiból (farokúszó) történt E.Z.N.A. Tissue DNA Kit (Omega Bio-Tek, Norcross, GA, USA) segítségével. Az izolálás során a gyártó utasításait követtük. Az izolált genomiális DNS-eket mindkét eljárás esetében -20 °C-on tároltuk a további felhasználásig.

Mikroszatellit markeren alapuló vizsgálat

Irodalmi adatok alapján huszonkettő leggyakrabban alkalmazott mikroszatellit marker került kiválasztásra tervezett vizsgálatunkhoz, melyből végül húsz mikroszatellit markert (Cca24, Cca67 (YUE és mtsai., 2004) és MFW1, MFW2, MFW3, MFW4, MFW6, MFW7, MFW9, MFW11, MFW12, MFW13, MFW15, MFW16, MFW17, MFW20, MFW26, MFW28, MFW29, MFW31 (CROOIJMANS és mtsai., 1997)) használtunk a PCR reakcióhoz. A primerpárok feltapadási hőmérsékletét gradiens PCR segítségével határoztuk meg. A primerpárok közül a forward primer esetén fluoreszcens jelölést alkalmaztunk, melyre a fragmentek multiplexbe sorolásához és leolvasásukhoz volt szükség (**1. táblázat**).

1. táblázat: Mikroszatellit primerek jellemzői

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

A fragment analízist a BIOMI Kft. (Gödöllő, Magyarország) cég végezte. Az allélek leolvasása a PeakScanner v.1.0 program (Applied Biosystem, Foster City, CA, USA) használatával történt. Három mikroszatellit marker a fragmentanalízis során nem vagy hiányos eredményt nyújtott, így kizártuk azokat a statisztikai értékelésekből (MFW9, MFW12, MFW28). Az adatok statisztikai értékelése során a MICRO-CHECKER, a FreeNA, a GENEPOP v.4.3., a GenAIEx 6.41., az FSTAT v.2.9.3.2., a POPGENE 1.32., a GENECLASS v.2.0., az Arlequin 3.5.2.2. és a CLUMPP v.1.1.2. programok voltak segítségünkre. Fontos megjegyezni, hogy a fragmentanalízis alapján tizenhét mikroszatellit marker bizonyult eredményesnek, melyek a vizsgálatunk kiinduló pontjai voltak. Ezek közül, azonban a szignifikánsan magas nullallélszámot (>0,2) és a nem informatív alléleket mutató mikroszatellit lókuszokat kizártuk a további elemzésekből (MFW1, MFW2, MFW16, MFW20, MFW29). A tájfajták közötti páronkénti F_{st} értékeket, valamint a genetikai távolságot (D) a Wright fixációs index, valamint a Cavalli-Sforza és Edwards genetikai távolság segítségével számítottuk ki. Az

eredményeinket a POPULATION v. 1.2.28., a TreeView, a STRUCTURE 2.3.4. és a DISTRUCT v.1.1. programok segítségével vizualizáltuk.

Mitokondriális DNS vizsgálat

A mitokondriális DNS citokróm *b* régió egy szakaszát amplifikáltuk PCR segítségével a MABUCHI és mtsai. (2005) által alkalmazott összesen 742 bp hosszú szakaszt lefedő primerpárral (forward primer: 5' TGAGGACAAATATCCTTTTGAGG 3' (L15172-Cytb) és reverse primer: 5' CCGATCTTCGGATTACAAGACCG 3' (H15913-Thr)).

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

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

Az adatok statisztikai értékelése során a DnaSP 5.10., a PartitionFinder 2.1.1., a BEAST v.2.3., a Network 10.2., az Arlequin 3.5.2.2., a STRUCTURE 2.3.4., a CLUMPP v.1.1.2. és a DISTRUCT v.1.1. programokat használtuk.

3. EREDMÉNYEK

3.1. Mikroszatellit markeren alapuló vizsgálat eredményei

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

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

Genetikai sokféleség paraméterei

A vizsgált magyar pontytájfajták genetikai sokféleségének paramétereire vonatkozó adatokat a **2. táblázat**ban mutatjuk be.

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

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

MNA: tájfajtánkénti átlagos allélszám; Apr: egyedi allélek száma; Ar: átlagos allélgazdagság; Ne: effektív allélek átlagos száma; dHW: a HWE-től eltérő lókusztok száma

Eredményeink alapján az összes tájfajta legalább egy lókuszon Hardy-Weinberg egyensúlytól (HWE) való eltérést mutatott ($p < 0,01$). Tájfajtánként a mikroszatellit allélek átlagos száma 11 volt. A legkisebb és a legnagyobb átlagos allélszám a hajdúszoboszlói pikkelyesnél (6,500) és a biharugrai tükrösnél (17,580) volt megfigyelhető. Összesen 117 egyedi allélt detektáltunk a tizenkettő polimorf markeren a 630 egyednél. A legkisebb és legnagyobb egyedi allélek számát a szegedi tükrös ($A_{pr}=0$) és a hortobágyi nyurga ($A_{pr}=24$) tájfajtnál figyeltük meg. Az összes tájfajta közül kiemelkedik a hortobágyi nyurga tájfajta, mely esetében figyeltük meg a legnagyobb egyedi allélszámot, valamint a legnagyobb átlagos allélgazdagságot ($A_r=1,890$).

Az átlagosan várt heterozigotitási érték a tizennégy tájfajta esetén 0,800 volt, mely érték 0,710 (szarvasi 15 tükrös) és 0,890 (hortobágyi nyurga) tartományon belül változott (**3. táblázat**).

3. táblázat: A vizsgált tájfajták heterozigotitására, beltenyésztettségére és a populáció-hozzárendelésére vonatkozó adatok

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

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

Eredményeink alapján a beltenyésztési együttható értéke -0,250 (hajdúböszörményi tükrös) és 0,083 (amuri pikkelyes vadponty) között változott.

A populáció-hozzárendelési teszt eredménye azt mutatta, hogy az egyedek 93,64%-ban a származásuknak megfelelő tájfajtához vannak sorolva.

A genetikai differenciálódás mértéke (F_{st}) 0,028 (biharugrai tükrös és hortobágyi tükrös között) 0,231 (szarvasi 15 tükrös és hajdúszoboszlói pikkelyes között) tartományon belül változott (**4. táblázat**).

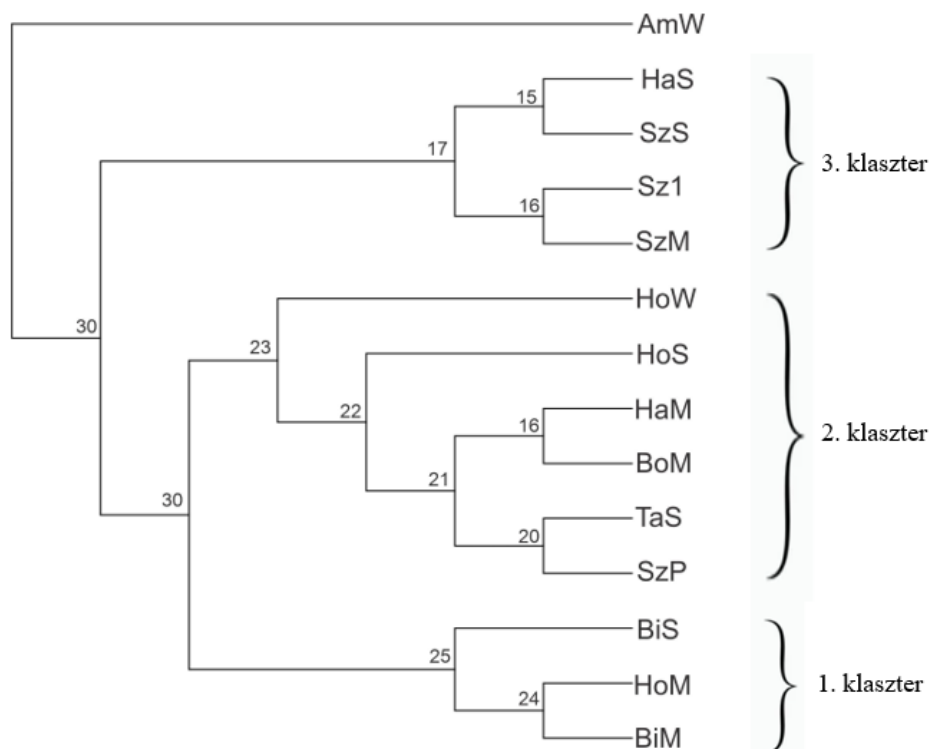
4. táblázat: Páronkénti F_{st} értékek (átló felett) és D_c távolság (átló alatt) a 13 magyar pontytájfajta és az amuri pikkelyes vadponty között a tizenkettő mikroszatellit lokusz alapján

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

Jelmagyarázat: HaS: hajdúszoboszlói pikkelyes, SzS: szegedi pikkelyes, HaM: hajdúszoboszlói tükrös, HoS: hortobágyi pikkelyes, HoM: hortobágyi tükrös, HoW: hortobágyi nyurga, BiM: biharugrai tükrös, BiS: biharugrai pikkelyes, SZ1: szarvasi 15 tükrös, SzM: szegedi tükrös, TaS: tatai pikkelyes, SzP: szarvasi P3 pikkelyes, AmW: amuri pikkelyes vadponty, BoM: hajdúböszörményi tükrös

Eredményeink alapján a genetikai távolság (D_c) 0,347 és 0,723 között változott (**4. táblázat**). A legkisebb genetikai távolságot a biharugrai tükrös (BiM) és a hortobágyi tükrös (HoM) tájfajták között, míg a legnagyobb genetikai különbséget a hajdúszoboszlói pikkelyes (HaS) és a tatai pikkelyes (TaS) tájfajták között találtuk. Ez a különbség a tájfajták közötti földrajzi távolsággal magyarázható (BiM-HoM: földrajzi távolság ~110 km; HaS-TaS: földrajzi távolság: ~300 km).

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



2. ábra: Neighbor-joining filogenetikai fa, mely a vizsgált tizenegy magyar ponty-tájfajta kapcsolatát mutatja tizenkettő mikroszatellit marker alapján. Bootstrap érték: 1000

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

Mindezek alapján megállapítható, hogy a megfigyelt klaszterezési minta nem volt összhangban a földrajzi származással, valamint a vizsgált tájfajták fenotípusos (pikkelyes, tükrös, nyurga) megjelenésüket tekintve is keveredést mutattak.

Genetikai szerkezetre vonatkozó adatok

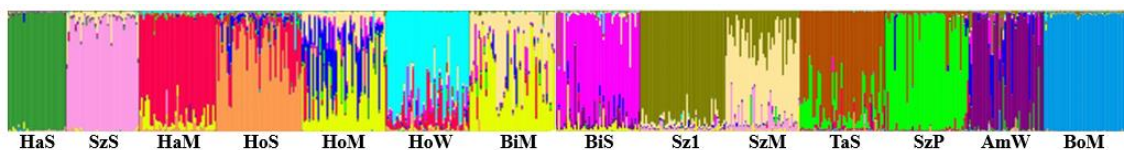
A molekuláris varianciaanalízis (AMOVA) eredmények azt mutatták, hogy a valós heterozigotizációs érték 3,79% a tájfajták között és 96,03% a tájfajtákon belül (**5. táblázat**) található. A származásuk alapján hat csoportba rendezett tájfajták szerinti csoportosítást követő eredmények azt mutatták, hogy az eltérés százalékos aránya kicsi és nem szignifikáns (0,42%, $p=0,270$) a csoportok között és a csoportokon belül. Nagyobb és szignifikáns értéket mutatott az eredmény a tájfajtákon belül (3,62%, $p<0,001$). Az eredmények a tájfajtákon belüli nagyfokú varianciaszintet mutatnak, ami az egyedek szintjén nagy genetikai változatosságra utal, azonban nem támasztja alá a tájfajták hagyományos megkülönböztetését.

5. táblázat: Molekuláris varianciaanalízis (AMOVA) a vizsgált tizenhárom magyar ponty és az amuri pikkelyes vadponty tájfajtákon belül

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

d.f.: szabadságfok; $p<0,001$

A vizsgált magyar pontytájfajták klaszteranalízisét a STRUCTURE program segítségével végeztük 630 egyedre vonatkozóan, ahol a legnagyobb értéket $K=14$ -nél kaptuk ezt követően $K=2$ -nél (**3. ábra**).

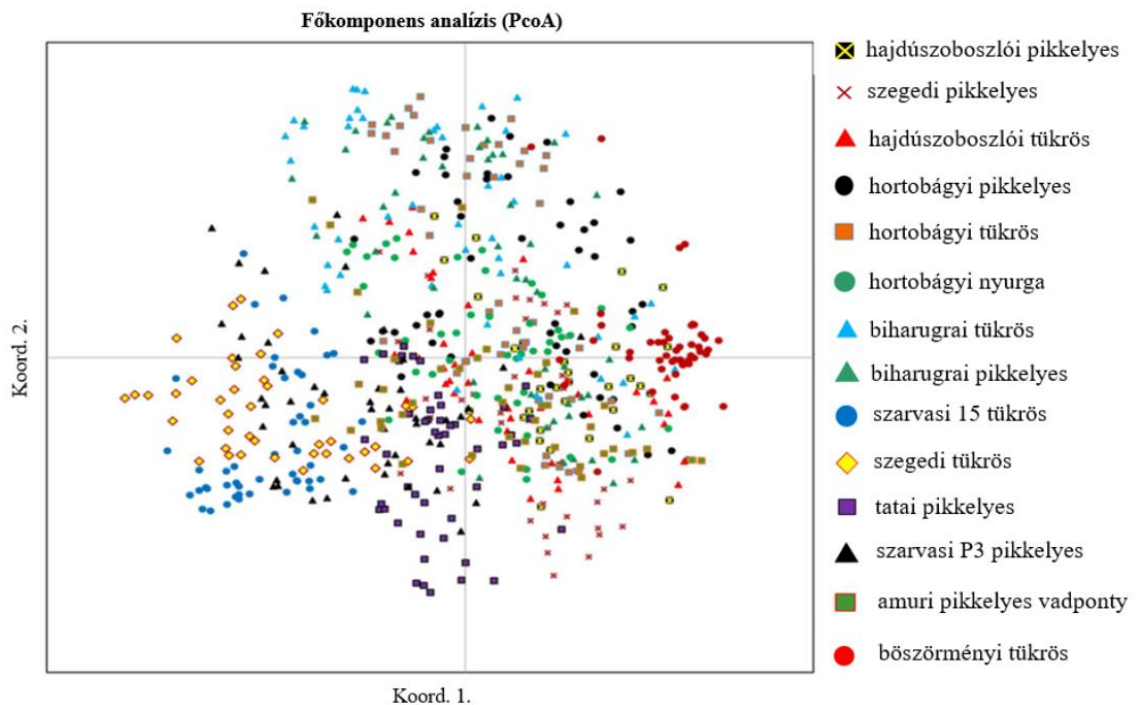


3. ábra: Egyedek klaszteranalízise Bayes-féle algoritmussal és 12 mikroszatellit markerrel elemezve $K=14$ esetén (mindegyik klasztert egyedi szín jelöl). Minden függőleges oszlop egy egyedet jelent, és az oszlop 14 színre bontása az egyes tájfajták becsült tagsági együtthatóját jelenti.

A különböző halgazdaságokból származó egyedek szignifikánsan különböztek egymástól $K=14$ értéknél. Ez az eredmény bizonyítékul szolgálhat a magyar

pontytájfajták viszonylag nagy genetikai diverzitására. Nyolc elemzett tájfajtát (amuri pikkelyes vadponty, biharugrai pikkelyes, hajdúszoboszlói tükrös, hajdúszoboszlói pikkelyes, hajdúszoboszlói tükrös, szegedi pikkelyes, szarvasi 15 tükrös, szarvasi P3 pikkelyes) nagyon nagy rokonsági együttható jellemzi, és úgy tűnik, hogy mindegyik különböző génekkel rendelkezik. A másik hat tájfajta (biharugrai tükrös, hortobágyi nyurga, hortobágyi pikkelyes, hortobágyi tükrös, szegedi tükrös, tatai pikkelyes) esetében már megfigyelhetjük a keveredés genetikai bizonyítékait.

Az előzőekben bemutatott eredményeinket főkomponens-analízissel is szemléltettük, mely a vizsgált magyar pontytájfajták egyedeinek elkülönüléséről nyújt információt (**4. ábra**).



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

Az egyedi szinten készített analízis is alátámasztja azt az eredményünket, hogy az általunk vizsgált magyar pontytájfajták mennyire keverednek egymással, szinte egymásba olvadnak a **4. ábrán** is. Látható, hogy a vizsgált egyedek nem különülnek el egyértelműen genetikai vagy földrajzi távolságaik szerint. Korábbi eredményeinkkel összhangban a főkomponens-analízis eredményei is közeli rokonsági kapcsolatot mutatnak a vizsgált magyar pontytájfajták között.

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

Genetikai sokféleség paraméterei

A mitokondriális DNS citokróm *b* markeren alapuló vizsgálatunkhoz összesen 138 magyar pontytájfajtától származó egyed és további 114 szekvenciát (egyesült államokbeli, görög, japán, kínai, német és orosz ponty vonalakhoz tartozókat) vontunk be vizsgálatunkba, melyeket az NCBI génbankból töltöttünk le. A citokróm *b* 687 bp hosszúságú szakaszán az összesen 250 szekvenciában 83 haplotípust azonosítottunk. A magyar pontytájfajtáktól származó 138 szekvencián belül 43 haplotípust detektáltunk, melyből 40 új, eddig még nem közölt haplotípus volt (**6. táblázat**).

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

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

Jelmagyarázat: HaS: hajdúszoboszlói pikkelyes, SzS: szegedi pikkelyes, HaM: hajdúszoboszlói tükrös, HoS: hortobágyi pikkelyes, HoM: hortobágyi tükrös, HoW: hortobágyi nyurga, BiM: biharugrai tükrös, BiS: biharugrai pikkelyes, SZ1: szarvasi 15 tükrös, SzM: szegedi tükrös, TaS: tatai pikkelyes, SzP: szarvasi P3 pikkelyes, AmW: amuri pikkelyes vadponty, BoM: hajdúböszörményi tükrös

A magyar pontytájfajták szekvenciáinak átlagos haplotípus diverzitás értéke $0,566 \pm 0,052$, nukleotid diverzitás értéke pedig $0,00474 \pm 0,00083$ volt. A legnagyobb haplotípus diverzitás értéket (H_d) az amuri pikkelyes vadponty ($H_d = 1,000 \pm 0,045$) és a hajdúszoboszlói tükrös ($1,000 \pm 0,045$) tájfajtákban, a legnagyobb nukleotid diverzitás értéket ($\pi = 0,02054 \pm 0,00442$) pedig ugyancsak az amuri pikkelyes vadpontyban találtuk. A legkisebb H_d és π értékeket a hortobágyi pikkelyes tájfajtában találtuk ($H_d = 0,000 \pm 0,000$ és $\pi = 0,00000 \pm 0,00000$). A haplotípus és a nukleotid diverzitás értékek tág határok között mozogtak (**7. táblázat**).

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

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

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

Eredményeink azt mutatták, hogy a polimorfizmus helyek száma kicsi volt a biharugrai pikkelyes, a hajdúszoboszlói pikkelyes, a hortobágyi pikkelyes, a hortobágyi nyurga, a szarvasi 15 tükrös, a szarvasi P3 pikkelyes, a tatai pikkelyes tájfajtákban.

A tizennégy tájfajta Tajima *D* értéke (**8. táblázat**), a hortobágyi pikkelyes tájfajtat kivéve (0,0000), negatív volt. Fontos azonban megjegyezni, hogy csupán öt tájfajta (hortobágyi tükrös, szarvasi 15 tükrös, szarvasi P3 pikkelyes, szegedi tükrös, tatai pikkelyes) értéke volt szignifikáns ($p < 0,05$).

Öt populáció Fu *FS* értéke (**8. táblázat**) ugyancsak negatív volt, azonban ezen értékek közül csupán kettő tájfajta (hajdúszoboszlói tükrös és hortobágyi nyurga) mutatott szignifikáns értéket ($p < 0,05$).

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

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

* $p < 0,05$

Genetikai szerkezetre vonatkozó adatok

Az AMOVA eredményei azt mutatták, hogy a tájfajtákon belüli genetikai variancia (86,22%) magasabb volt, mint a tájfajták közötti eltérés (13,78%) (**9. táblázat**).

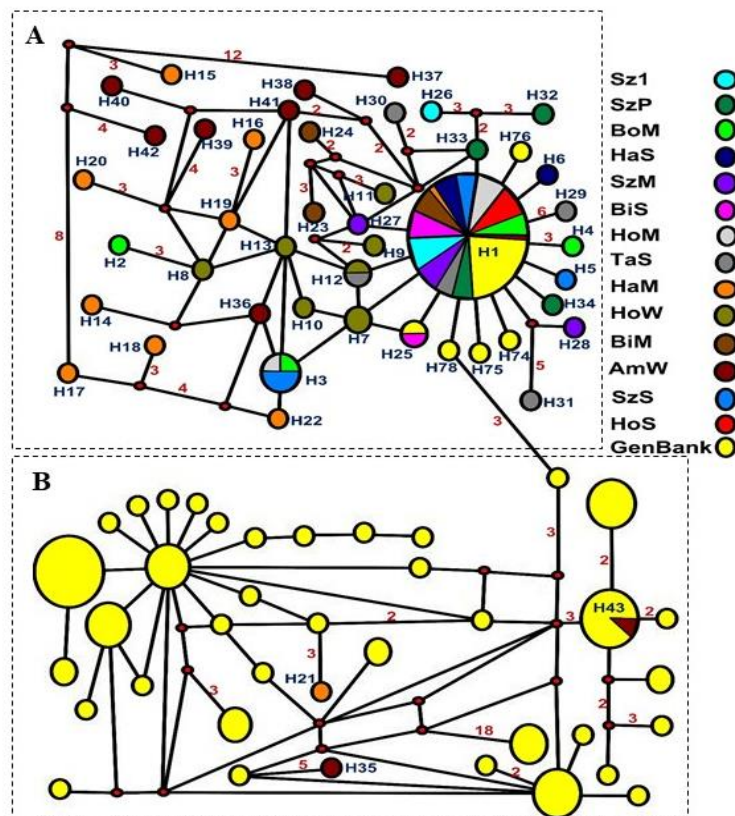
9. táblázat: A tizenhárom magyar pontytájfajta és az amuri pikkelyes vadponty AMOVA eredményei a 687 bp *cyt b* szekvenciák alapján

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

d.f.: szabadságfok; *** $p < 0,001$

A haplotípusok közötti kapcsolatokat a Median-Joining Network (MJ) ábrán vizualizáltuk (**5. ábra**). Az MJ hálózat két fő haplocsoportot hozott létre a vizsgálatunkban azonosított összes haplotípusban. A magyar pontytájfajták szekvenciái ugyanabba a két haplocsoportba kerültek, ahol az „A” haplocsoport volt a domináns. Csúpn három egyed (hajdúszoboszlói tükrös 8.: H21, amuri vadponty 1.: H35 és amuri

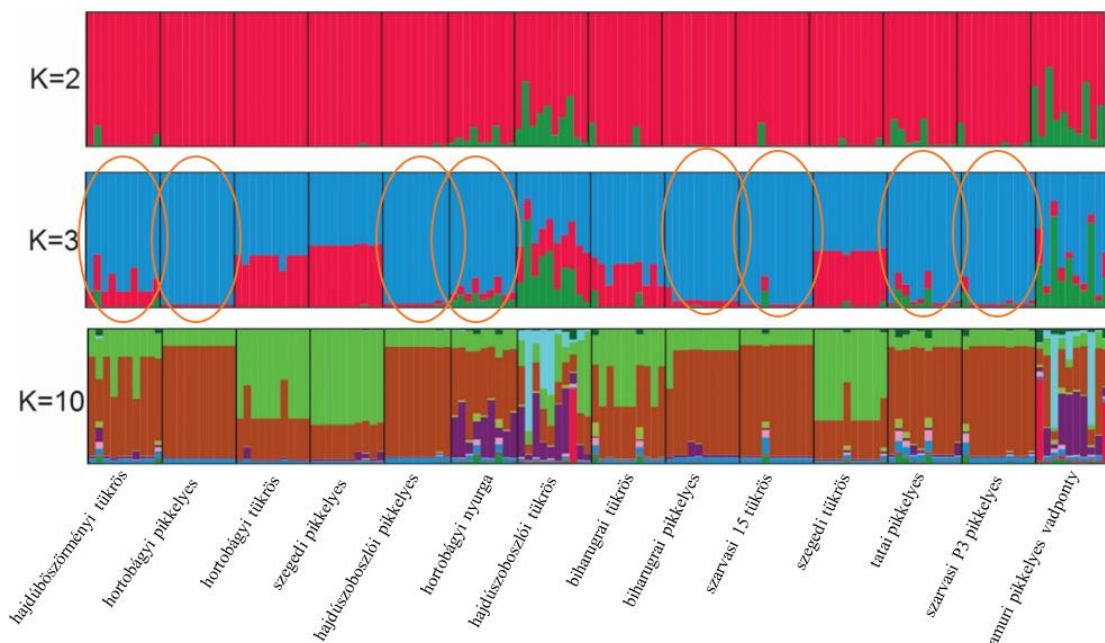
vadponty 10.: H43) jelent meg a „B” haplocsoportban az általunk mintázott Magyarországról származó szekvenciákból. A H1, H3, H12, H25 és H43 kivételével a magyar ponty egyetlen populációjában 38 haplotípust találtunk. A tizennégy magyar ponty populációból, valamint az NCBI génbankban elérhető ponty populációk a H1 leggyakoribb haplotípusba tömörültek. Az általunk vizsgált magyar ponty populációkon kívül az NCBI génbankból származó magyar ponttyal (KJ511883), német tükörponttyal (KP993139: *C. c. carpio*), amerikai Erie-tavi ponttyal (MG570427 és MG570435), Volga folyóból származó vadponttyal (AY347295: *C. c. carpio*), görög vadponttyal (EU689059-EU689072 és DQ868871-DQ868875: *C. c. carpio*) és Oregon ponttyal (EU676848) alkottak közös haplotípust (H1). Egy másik közös haplotípust (H43) észleltünk, melybe kilenc egyed csoportosult, köztük a magyar amuri pikkelyes vadponty egy egyede (AmW10), az Oujiang színes ponty (JX188253 és NC_018366: *C. c. color*), a japán koi ponty (KJ511882 és AB158806: *C. c. koi*), a zujiangi vadponty (KP993137), a KP013086, a KU159761 és a KY949559.



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

Az **5. ábrán** kiemelendő, hogy a magyar ponty populációk közös haplotípussal rendelkeznek Németországból, az Egyesült Államokból, Oroszországból és Görögországból származó vonalakkal illetve egy a génbankból származó magyar ponty populáció ugyancsak a leggyakoribb haplotípusban jelent meg.

A klaszteranalízisben (STRUCTURE) az adatok logaritmus valószínűsége (LnPD) legnagyobb értéket $K=3$, majd $K=10$ esetén mutatta (**6. ábra**). A $K=2$ érték alapján az összes egyed kettő kivételével (hajdúszoboszlói tükrös és amuri pikkelyes vadponty), ugyanabba a klaszterbe csoportosította. Ezért úgy tűnt, hogy nincs bizonyíték a populációk $K=2$ -es felosztására. A $K=3$ csoportosítás alapján a vizsgált tájfajták közül nyolc (biharugrai pikkelyes, hajdúböszörményi tükrös, hajdúszoboszlói pikkelyes, hortobágyi nyurga, hortobágyi pikkelyes, szarvasi 15 tükrös, szarvasi P3 pikkelyes, tatai pikkelyes) nagyon magas tagsági együtthatókkal egy klaszterbe csoportosult. A többi tájfajta a három kikövetkeztetett klaszterhez csoportosult és bizonyos szintű keveredési arányt mutattak. A $K=10$ értéket figyelembe véve az említett tájfajták (a hortobágyi nyurga kivételével) eredményei megegyeztek a $K=3$ értékeivel.



6. ábra: Bayes-féle klaszteranalízis a STRUCTURE-ben $K=2$, 3 és 10 esetén. Minden függőleges sáv egy egyedre jelöl, az oszlopok különböző színekre való szétválasztása pedig az egyes klaszterekhez való egyéni tagságot jelenti. Narancssárga színnel az ugyanabba a klaszterbe csoportosult egyedek vannak jelölve

A klaszteranalízis (STRUCTURE) eredmények (**6. ábra**) alapján a $K=3$ értéknél nagyon nagy tagsági együtthatókkal ugyanabba a klaszterbe csoportosult nyolc vizsgált tájfajta (biharugrai pikkelyes, hajdúböszörményi tükrös, hajdúszoboszlói pikkelyes, hortobágyi nyurga, hortobágyi pikkelyek, szarvasi 15 tükrös, szarvasi P3 pikkelyes, tatai pikkelyes) a tizennégy tájfajtából, amely bizonyítja a pontytájfajták nagy genetikai diverzitását Magyarországon.

4. AZ ÉRTEKEZÉS ÚJ TUDOMÁNYOS EREDMÉNYEI

Mikroszatellit markeren alapuló új tudományos eredmények:

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

Mitokondriális DNS markeren alapuló új tudományos eredmények:

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

Együttesen, a két markeren alapuló új tudományos eredmények:

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

5. AZ EREDMÉNYEK GYAKORLATI HASZNOSÍTHATÓSÁGA

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

6. IRODALOMJEGYZÉK

1. CROOIJMANS, R.P. – BIERBOOMS, M.A. – KOMEN, V.A.F. – VAN DER POEL, J., – GROENEN, M.A.M. (1997): Microsatellite markers in common carp (*Cyprinus carpio* L.). *Animal Genetics*. 28. 129-134.
2. MABUCHI, K. – SENOU, H. – SUZUKI, T. – NISHIDA, M. (2005): Discovery of an ancient lineage of *Cyprinus carpio* from Lake Biwa, central Japan, based on mtDNA sequence data, with reference to possible multiple origins of koi. *Fish Biology*. 66. 1516-1528.
3. YUE, G.H. – HO, M.Y. – ORBAN, L. – KOMEN, J. (2004): Microsatellites within genes and ESTs of common carp and their applicability in silver crucian carp. *Aquaculture*. 234. 85-98.

7. PUBLIKÁCIÓS JEGYZÉK



**DEBRECENI
EGYETEM**

**DEBRECENI EGYETEM
EGYETEMI ÉS NEMZETI KÖNYVTÁR**

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

Nyilvántartási szám: DEENK/453/2022.PL
Tárgy: PhD Publikációs Lista

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

A PhD értekezés alapjául szolgáló közlemények

Magyar nyelvű könyvrészek (1)

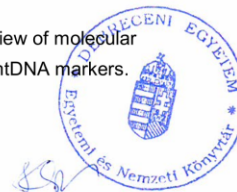
1. Balog, K., Bagi, Z., **Tóth, B.**, Bársony, P., Kusza, S.: Magyarországi ponty (*Cyprinus carpio* L.) tájfajták genetikai diverzitásának vizsgálata.
In: "Innovatív tudományos műhelyek a hazai agrár felsőoktatásban". Szerk.: Pepó Péter, Debreceni Egyetem, Debrecen, 9-16, 2022. ISBN: 9789634903871

Magyar nyelvű tudományos közlemények hazai folyóiratban (2)

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

Idegen nyelvű tudományos közlemények külföldi folyóiratban (3)

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





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

Magyar nyelvű absztrakt kiadványok (1)

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

Idegen nyelvű absztrakt kiadványok (4)

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





További közlemények

Idegen nyelvű tudományos közlemények külföldi folyóiratban (8)

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





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

Magyar nyelvű absztrakt kiadványok (3)

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





Idegen nyelvű absztrakt kiadványok (1)

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

A közlő folyóiratok összesített impakt faktora: 36,608

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

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

Debrecen, 2022.10.19.



