

DOKTORI (PhD) ÉRTEKEZÉS TÉZISEI

KAPOSVÁRI EGYETEM

ÁLLATTUDOMÁNYI KAR

Sertés- és Kisállattenyésztési Tanszék

A doktori iskola vezetője

DR. HORN PÉTER

az MTA rendes tagja

Témavezető:

DR. MAGYARY ISTVÁN

PhD.

Társ-témavezető:

DR. JENEY ZSIGMOND

a biológia tudomány kandidátusa

A HAKI PONTY ÉLŐ GÉNBANKJÁNAK

POPULÁCIÓGENETIKAI VIZSGÁLATA

MIKROSZATELLIT DNS MARKEREKKEL ÉS PCR-RFLP

MÓDSZERREL

Készítette:

Lehoczky István

KAPOSVÁR

2006

1. A KUTATÁS ELŐZMÉNYEI, CÉLKITŰZÉSEK

Mivel belátható időn belül a ponty marad a magyar haltermelés központi halfaja és ezen faj tenyésztéséhez rendelkezünk a legtöbb tenyésztési tapasztalattal, valamint ehhez megfelelőek a természeti adottságaink is, fontos a faj minél jobb megismerése, beleértve genetikai tartalékainak felmérését is. Hazánk jelentős géntartalékokkal rendelkezik, amit a különböző hazai tájfajták kiváló tulajdonságai és a tenyésztőmunka során előállított hibridek kimagasló eredményei is mutatnak. A tájfajták megőrzése fontos feladat, mert a tenyésztői munka során mindig szükség lehet az eredeti fajtákhoz való „visszanyúlásra”. A tájfajták megőrzésében és a nemesítésben kulcsfontosságú szerepet játszik a Halászati és Öntözési Kutatóintézet (HAKI), mely szarvasi élő génbankjában több mint harminc hazai és külföldi pontyfajtát tart fent tiszta vonalban. Ezen fajtagyűjtemény a világ legnagyobb méretű ilyen jellegű intézménye.

A molekuláris biológia módszereinek fejlődése következtében ma már lehetőségünk nyílik arra, hogy a tájfajtákban rejlő jelentős génkincset pontosan felmérjük és az eredmények alapján megpróbáljunk olyan új hibrideket előállítani, melyek teljesítményükkel felülmúlják elődeiket. A génbank fajtakészletének nemzetközi jellegéből adódóan (ázsiai és európai fajták) a faj evolúciójának kutatásához is jó alapot nyújthat. Az unikális genetikai háttér (és annak ismerete) lehetőséget ad a betegségeknek ellenálló ponty változatok kialakítására egyszerű kiválasztással, vagy hagyományos genetikai módszerekkel. A DNS szintű vizsgálatok segítséget nyújtanak a génmegőrzési, természetvédelmi biológiai (konzervációbiológiai) munkában is.

A disszertáció tárgyát képező vizsgálatok főbb célkitűzéseit röviden az alábbiakban foglalom össze:

- A szarvasi Halászati és Öntözési Kutatóintézet (HAKI) génbankjából származó 15 hazai és külföldi pontyfajta genetikai változatosságának leírása mikroszatellit DNS markerek segítségével.
- A mikroszatellit lókuszokon az allélok számának és frekvenciájának leírása, egyedi allélok keresése.
- A fajták közötti genetikai távolság felmérése.
- Beltenyésztésre utaló jelek vizsgálata.
- A Dunai és Tiszai vadponty génbanki állományainak vizsgálata a mitokondriális DNS változatosságának leírásával.

2. ANYAG ÉS MÓDSZER

2.1. A vizsgálatbavont fajták

Tizenöt génbanki csoport (dunai vadponty, tiszai vadponty, szegedi tükrös ponty felsősomogyi tükrös ponty, nagyatádi tükrös ponty, sumonyi tükrös ponty, mórchelyi tükrös ponty, szarvasi 15-ös tükrös ponty, szarvasi 22-es tükrös ponty, tatai pikkelyes ponty, fresinet pikkelyes ponty, ukrán pikkelyes ponty, amuri pikkelyes ponty, vietnami pikkelyes ponty, koi (japán díszponty) összesen 565 egyedéből gyűjtöttem farokúszó mintákat, melyeket 96%-os etanolban tartósítottam és tároltam a felhasználásig.

2.2. A DNS kivonás és tisztítás módszere

A teljes genomikus DNS kivonása a minták fehérjetartalmának Proteináz-K (Proteinase K from *Tritirachium album*, Sigma-Aldrich) enzimmel való emésztése után magas sókoncentráció alkalmazásával történt (Miller és mtsai., 1988). Felhasználás előtt a minták DNS koncentrációját és a DNS minőségét agaróz gélelektroforézissel, valamint spektrofotométeres (SmartTMSpec Plus, Bio-Rad) méréssel ellenőriztem. A vizsgálatokhoz 80-150 ng/μl koncentrációjú mintákat használtam.

2.3. A mikroszatellit DNS markerek vizsgálatának módszere

A kísérletsorozat során 7 mikroszatellit DNS markert alkalmaztam (Crooijmans és mtsai., 1997). A vizsgált hét mikroszatellit lókuszt esetében fluoreszcens (Cy5) végjelölésű primereket alkalmaztam.

A PCR (GeneAmp 2700 PCR system, Applied Biosystems) első ciklusa egy 2 perces tartó denaturáló lépés volt 94°C-on. Ezt követte

harminc cikluson keresztül 40 másodperc 94°C-on (denaturálás), 50 másodperc 55°C-on (primer-annealing) és 90 másodperc 72°C-on (elongáció). Az utolsó ciklus 72°C-on 10 perc volt, amely lehetővé tette a *Taq* polimeráz [Sigma-Aldrich] terminális transzferáz aktivitásának kifejeződését. Annak érdekében, hogy a különböző lókuszon megfigyelhessem az allélek változatait, a PCR termékeket 7%-os denaturáló poli-akril-amid gélen (32% formamid, 5% karbamid) választottam szét ALF Express II (Amersham Biosciences) szekvenáló berendezéssel. A PCR termékek méretének meghatározása érdekében az amplifikált termékek mellett méret-standardot (50, 150 és 300 bp hosszúságú méretstandardok, Amersham-Biosciences) és ismert méretű standard mintákat futtattam. A gélek értékeléséhez a Fragment Analyser 1.03 (Amersham-Biosciences) szoftvert alkalmaztam.

2.4. Az ND-3/4 és az ND-5/6 mitokondriális gének PCR-RFLP alapú vizsgálatának módszere.

A tiszai és a dunai vadponty 25, illetve 35 egyedét vizsgáltam meg, PCR-RFLP módszerrel. A módszer lényege, hogy a PCR-ben felszaporított 2 génrészletet restrikciós enzimekkel hasítjuk. **Gross és munkatársai (2002)** 2 (ND-3/4), illetve 4 (ND-5/6) olyan restrikciós enzimet találtak, amelyek alkalmasak az európai és ázsiai anyai vonalak elkülönítésére. A vizsgálatokhoz szükséges mitokondriális DNS-t a genomikus DNS kivonására használt és fentebb részletezett módszerrel vontam ki.

A restrikciós fragmenshossz-polimorfizmus vizsgálatát 2 PCR reakció segítségével vizsgáltam, melyek során a mitokondriális NADH-3,4 dehidrogenáz és a NADH-5,6 dehidrogenáz gének határoló régióit szaporítottam fel. Az amplifikációhoz szükséges primerpárokat a ponty

teljes mtDNS szekvenciája (**Chang és mtsai., 1994**) alapján tervezték. A PCR reakciókat 50 μ l-es reakciótérfogatban, a következő komponensek jelenlétében futtattam: 1x PCR puffer (10 mM Tris-HCl, 50 mM KCl, pH 8,3), 1,5 mM MgCl₂, 0,1 mM dNTP's, 0,2 μ M mindkét primerből és 0,5 egység Taq DNS-polymerase (MBI-Fermentas). A polimeráz-lánreakció során egy 3 perces 95°C-os denaturáló lépés után 35 cikluson keresztül alkalmaztunk 95°C-t 30 másodpercig, 55°C-t 40 másodpercig, majd 72°C-t 90 másodpercig. A reakciósorozatot egy 10 perces 72°C-os lépés zárta. A két termék körülbelüli hossza 2400 (ND-3/4) és 2600 (ND-5/6) bázispár volt.

Az ND-3/4 gén PCR termékeit *Hinf*I, *Hpa*II, *Alu*I és *Taq*I restriktív enzimekkel emésztettem, míg az ND-5/6 gén PCR termékeit *Bsu*RI és *Eco*47I restriktív enzimekkel hasítottam. A hasítás során az enzimekkel kevert PCR termékeket 2 órára 37°C-os termosztátba helyeztem, kivéve a *Taq*I enzimet, melyet 65°C-os termosztátba helyeztem 2 órára. A hasított PCR termékeket ezután 2%-os agaróz gélen futtattam 80 percen keresztül. A hasított PCR termékek méretének meghatározása érdekében a minták mellett méretstandardot futtattam (100-bp size ladder, MBI-Fermentas).

2.5. Adatelemzés

Az allélfrekvenciákat, az allélek átlagos számát, a megfigyelt (H_o) és várt (H_e) heterozigotitás értékeit minden fajta esetében a GENEPOP szoftvercsomag segítségével számítottam ki (**Raymond és Rousset, 1995**). A Hardy-Weinberg egyensúlytól való eltérést (t próba) és a heterozigóta deficit valószínűségi (p) értékeit ugyancsak a GENEPOP szoftvercsomaggal teszteltem. Az egyes lókuszokon megjelenő egyedi alléleket a Convert 1.31-es szoftverrel detektáltam (**Glaubitz, 2004**). A fajtapárok közötti fixációs index (F_{st} -érték) kiszámításához és összehasonlításához, valamint az allélgazdagság (allelic richness) kiszámításához és az egyes lókuszokon megfigyelt allélok megszámlálásához az F-Stat programot (**Goudet, 1995**) használtam.

A fajtapárok közötti Nei-féle D_a (**Nei, 1972; Nei, 1978; Nei és mtsai., 1983**) genetikai távolság értékek (melyek 0 és 1 közötti értéket vehetnek fel) kiszámításához és a belőlük generált "családfa" (dendrogramm) elkészítéséhez (Neighbour Joining módszer- NJ) a Populations (**Langella, 1999**) és a Treeview szoftverek (**Page, 1996**) segítségét vettem igénybe. A besoroló tesztet (**Ranala és Mountain, 1997**) (assignment test, self-classification, Bayesi-módszer), mellyel azt vizsgáltam, hogy az egyes egyedek melyik fajtába illenek bele leginkább, a GeneClass (**Piry és mtsai., 1999**) szoftver segítségével végeztem.

3. EREDMÉNYEK

3.1.1. A fajtákon belüli genetikai változatosság leírása

A vizsgálatok során a 7 mikroszatellit lókuszt esetében összesen 218 allél jelenlétét detektáltam. A lókuszonkénti allélszám 18 (MFW28) és 55 (MFW7) között változott. Az egyes fajtáknál megfigyelt és az összes lókusztira vonatkozó átlagos allélszám nem mutatott ekkora változatosságot. A legalacsonyabb értéket az amuri vadponty esetében találtam (10 allél/lókuszt), míg a legmagasabbat a szegedi tükrös ponty esetében (15 allél/lókuszt). A lókuszonkénti megfigyelt heterozigotizációs értékek nagyon változatosak voltak. A koi esetében előfordult, hogy minden egyed homozigótának bizonyult egy adott lókusztira ($H_o=0$), míg a vietnámi, az ukrán, a felsősomogyi tükrös és a koi egy másik lókusztira esetében azt tapasztaltam, hogy minden egyed heterozigóta ($H_o=1$). Az átlagos megfigyelt heterozigotizációs (H_o) értékek nem voltak ennyire heterogének. Értékeik 0,44 (koi) és 0,77 (dunai vadponty) között változtak, míg az átlagos várt heterozigotizációs (H_e) értékek 0,75 (ukrán pikkelyes) és 0,89 (dunai vadponty és móríchelyi tükrös) közötti értékeket vettek fel. **Kohlmann és munkatársai (2005)** eredményei szerint a lókuszonkénti átlagos allélszám 2,50 és 14,25 közötti értékeket vett fel, míg az átlagos megfigyelt heterozigotizációs (átlagos H_o) 0,630-0,829 értékeket mutatott). Az átlagos várt heterozigotizációs értékek (átlagos H_e) 0,709-0,775 értékeket vett fel. Mindkét vizsgálatban szerepeltek a tiszai és dunai vadponty, valamint a koi és az amuri vadponty. A tiszai, a dunai és az amuri vadponty fajták esetében saját vizsgálataim során magasabb lókuszonkénti átlagos allélszámot detektáltam (14,71; 13,42 és 10,00), mint a német kutatócsoport (4,75; 5,25 és 2,50). Az átlagos megfigyelt heterozigotizációs értékek ellenben

hasonló képet mutatnak mindkét vizsgálatban (0,74; 0,77 és 0,69 a saját, valamint 0,79; 0,72 és 0,63 a német vizsgálatban). A koi az előbb említett fajtákhoz hasonlóan magasabb lókuszonkénti átlagos allélszámmal (8,14) rendelkezik saját vizsgálatomban, mint a másokban (3,00). Az átlagos megfigyelt heterozigotitás értékek ebben a fajtában is nagyon hasonlóak mindkét vizsgálat eredményei szerint (átlagos H_o : 0,44 a saját és átlagos H_o : 0,49 a német vizsgálatban).

A vizsgálatok során 45 egyedi allélt találtam. A legtöbb egyedi allélt az ukrán pikkelyes ponty (7), a tiszai vadponty (6) és a tatai tükrös ponty (6) esetében találtam, míg a legkevesebbet a nagyatádi tükrös (0), a szarvasi 22-es tükrös (1), a sumonyi tükrös (1) és a felsősomogyi tükrös (1) esetében. A fajták nagy változatosságára jellemző, hogy a tenyésztett fajták között találunk olyat is, amely 6, és olyat is, amely 0 egyedi alléllal rendelkezik. Nagy a különbség a két hazai vadpontyfajta között is. A tiszai vadponty 6, míg a dunai vadponty csak 2 egyedi alléllal rendelkezik. Az átlagos várt heterozigotitás (átlagos H_e) minden fajta esetében meghaladta az átlagos megfigyelt heterozigotitás (átlagos H_o) értékét, ami a beltenyésztettség utaló fontos jel.

A fajták allélgazdagságát (allelic richness) tekintve a legalacsonyabb átlagos értéket a koi esetében találtam (átlagos $A_r=3,81$), míg a legmagasabbat a móríchelyi tükrös ponty esetében detektáltam (átlagos $A_r=4,72$). A vizsgált fajták az allélgazdagság tekintetében sokkal kiegyenlítettebb képet mutatnak, mint a lókuszonkénti átlagos allélszám esetében (8,14-15). A tiszai és a dunai vadponty átlagosan 4,61-es allélgazdagsága meghaladja mind a hazai tenyésztett fajták (4,35), mind pedig a külföldről származó fajták 4,34-es átlagos értékét. A felsősomogyi tükrös fajta 2 lókuszon mutatott nagyon alacsony allélgazdagságot. Az MFW6-os lókuszon 2,57, míg az MFW16-os lókuszon 2,98 volt ez az érték,

amivel a vizsgálatban szereplő legalacsonyabb allélgazdagságot muttata a fajta a fenti 2 lókuszon. Az egy lókuszon megfigyelt legnagyobb allélgazdagságot (5,7) a vietnámi pikkelyes pontynál figyeltem meg.

3.1.2. A fajták közötti genetikai különbségek leírása

A fajtapárok közötti genetikai távolság meghatározásához a Nei féle D_a genetikai távolság (Nei és mtsai., 1983) meghatározást alkalmaztam.. A legnagyobb genetikai távolságot (D_a : 0,7466) a koi és az amuri vadponty között találtam. A koi a többi fajtától is távol áll genetikailag. A legalacsonyabb genetikai távolságot az ukrán pikkelyes ponttyal mutatja (D_a : 0,5). A magyar fajták közül egymástól legtávolabb (D_a : 0,4436) a tiszai vadponty és a felsősomogyi tükrös ponty állnak. A magyarországi tenyésztett fajták közül legközelebb egymáshoz (D_a : 0,125) a szegedi tükrös és a mórchelyi tükrös ponty állnak. A két fajta földrajzilag távoli országrészekből származik, az alacsony genetikai távolság mégsem meglepő, hiszen mindkét fajta kialakítása során a varászlói tükrös pontyot használták a testforma javításához. Ugyancsak közel áll genetikailag a fenti két fajtához a nagyatádi tükrösponty. A fajta kialakítása során ez esetben is a varászlói tükröspontyot használták kindulási alapul (Bakos és Gorda 2001, Bakos, 2006). A genetikai távolság adatok alapján a dunai és tiszai vadponty egymástól, valamint mind a hazai tenyésztett fajtáktól, mind pedig a külföldi fajtáktól nagyon jól elkülönül. A 2 hazai vadpontyfajta hasonlóan a saját eredményeimhez, Kohlmann és munkatársai (2005) eredményei szerint is a D_a távolságokon alapuló NJ dendogram szomszédos ágain található. A genetikai távolságadatok alapján az összes külföldről származó fajta egy csoportba került besorolásra, kivéve a fresinet (Románia) pikkelyes

fajta. A fresinet pikkelyes ponty kialakítása során felhasználták a szegedi tükrös és a tatai pikkelyes fajtákat, így tehát nem meglepő, hogy a fajta a genetikai távolság adatok alapján a tatai pikkelyes ponttyal került egy csoportba. A felsősomogyi és a sumonyi tükrös ponty szintén egy közös csoportba került. Ezek a fajták földrajzilag egymáshoz közeli gazdaságokból származnak és esetenként előfordult tenyészállatok cseréje a gazdaságok között (**Bakos, J. 2006**). A szarvasi 22-es tükrös ponty szintén ugyanebbe a csoportba került. A fajtát a sumonyi tükrös ponty válogatott egyedeiből szelektálták, tehát az alacsony genetikai távolság várható volt.

A fajtapárok közötti fixációs index (F_{st}) értékek a genetikai távolság adatokhoz hasonló képet mutatnak.

A besoroló teszt (assignment test, self-classification, Bayesi-módszer) eredményei szerint az egyedek összesen 85,8%-a volt a saját fajtájába besorolható a 7 vizsgált mikroszatellit DNS marker alapján. 4 fajta esetében (amuri, vietnámi, koi, tiszai) a programnak sikerült minden egyedet a saját populációjába sorolnia. A magyarországi tenyésztett fajták esetében minden populációban volt olyan egyed, amelyet a program másik populációba sorolt be. Ez is a fajták közeli rokonságára, valamint a keveredésre utaló jel. **Kohlmann és munkatársai (2005)** a besoroló teszt eredményeképpen az egyedek 90,25 százalékát voltak képesek a saját fajtájába besorolni, ami meghaladja saját 85,8 %-os eredményemet. A különbség oka, hogy a német vizsgálatokban egymástól genetikailag távolabb álló fajtákat vizsgáltak (D_a : 0,212-0,975) míg a génbanki fajták egymáshoz közelebb állnak (D_a : 0,125-0,746).

3.2. Az ND-3/4 és az ND-5/6 mitokondriális gének PCR-RFLP alapú vizsgálatának eredményei

A PCR-RFLP vizsgálatok során minden egyednél a tipikus európai haplotípust találtam. Ez alapján kijelenthető, hogy anyai vonalon tisztának tekinthetőek a vizsgált fajták. Ennek gyakorlati jelentősége a génmegőrzésben van. Több európai pontyfajta (pl. Ropsha) ősei között ugyanis ázsiai fajtákat is találunk (**Gross és mtsai. 2002**) és ezen fajták egyes egyedei esetleg kikerülhettek természetes vizeinkbe, vagy a tenyésztői munka során véletlenül bekerülhetnek a génbankban fenntartott őshonos fajták közé. Ilyen típusú vizsgálatokkal kiszűrhetőek az ázsiai haplotípusú egyedek és kizárhatóak a további tenyésztésből és a természetes vizeinkbe telepítésből is.

A PCR-RFLP alapú vizsgálatok eredményei azt mutatják, hogy a HAKI ponty élő génbankjában fenntartott Dunai és Tiszai vadponty fajták anyai vonalon nem keveredtek ázsiai eredetű fajtákkal.

4. KÖVETKEZTETÉSEK

A Halászati és Öntözési Kutatóintézet ponty élő génbankjában fenntartott pontyfajták mikroszatellit DNS markerekkel történő vizsgálata rámutatott, hogy a génbanki állomány egésze genetikailag nagyon heterogén és jelentős genetikai erőforrásokkal rendelkezik. Kiemelten érvényes ez két hazai vadponty fajtánkra, a dunai és a tiszai vadpontyra. Mindezek mellett sok fajta a beltenyésztettség jeleit mutatja.

A génbankban fenntartott fajták egymáshoz genetikailag közel állnak, sőt egyes fajták összerosódnak (a genetikai távolság adatok minimálisak). A genetikai távolság értékek még az egymástól nagy földrajzi távolságban lévő populációkból származó génbanki csoportok esetében is alacsonyak. Mindezzel együtt a fajták a 7 mikroszatellit DNS marker segítségével viszonylag jól elkülöníthetőek. Vadponty fajtáink pedig nagyon jól elkülönülnek a háziasított fajtáktól, a külföldi fajtáktól, valamint egymástól is. A fajtákon belüli változatosság sok esetben meghaladja a fajták közöttit.

A génbank teljes állománya nagymértékben eltér a Hardy-Weinberg egyensúlytól, ami alátámasztja a beltenyésztettségre utaló egyéb jeleket.

A PCR-RFLP vizsgálatok alapján kijelenthető, hogy a HAKI ponty élő génbankjában fenntartott tiszai és dunai vadponty populációk a tipikus európai haplotípust mutatják és anyai vonalon nem keveredtek ázsiai haplotípusú fajtákkal.

5. ÚJ KUTATÁSI EREDMÉNYEK

1. Az általam vizsgált mikroszatellit markerek alkalmasnak bizonyultak a fajták megkülönböztetésére (85%-ukat sikerült genotípusuk alapján az egyes fajtákba besorolni). A 7 vizsgált mikroszatellit lókuszt magas genetikai változatosságot mutatott a génbanki pontyfajták esetében. A vizsgálatok során a 7 lókuszt esetében összesen 218 allél jelenlétét detektáltam. A lókusztokon megfigyelt allélszám 18 és 55 között változott. Az egyes fajták lókusztankénti átlagos allélszáma 8,14 és 15 között változott.

2. A génbanki pontyfajták beltenyésztettek, a lókusztok nagy részén a fajták eltérnek a Hardy-Weinberg egyensúlytól, valamint az átlagos megfigyelt heterozigotizáció minden fajta esetében alacsonyabb az átlagos várt heterozigotizációnál.

3. A magyarországi tenyésztett fajták genetikailag közel állnak egymáshoz és a fajták közötti differenciáltság alacsony (D_a : 0,125-0,4436, F_{st} : 0,004 -0,16).

4. A dunai és tiszai vadponty génbanki állományai a többi fajtától és egymástól genetikailag markánsan eltérnek.

5. A PCR-RFLP alapú vizsgálatok eredményei azt mutatják, hogy a HAKI ponty élő génbankjában fenntartott Dunai és Tiszai vadponty fajták anyai vonalon nem keveredtek ázsiai eredetű fajtákkal. Minden egyednél a tipikus európai haplotípus van jelen.

6. Javaslatok

A génbank fenntartása szempontjából fontos lenne a beltenyésztett fajták vérfrissítése a saját fajtájukból származó egyedek tenyésztésbevonásával. A vérfrissítéshez mindenképpen elengedhetetlen a génbankba bekerülő egyedek előzetes molekuláris genetikai vizsgálata.

A vizsgálatok következő iránya az egyes a génbankban fenntartott fajták, valamint az egyes fajtafenntartóknál lévő állományok, valamint a szabad természetből származó, vadon élő populációk és a génbanki vadponty állományok összehasonlítása lehetne.

A PCR-RFLP vizsgálatok alapján kijelenthető, hogy a HAKI ponty élő génbankjában fenntartott tiszai és dunai vadponty populációk a tipikus európai haplotípust mutatják és anyai vonalon nem keveredtek ázsiai haplotípusú fajtákkal. Mindezek alapján javaslom, hogy a dunai és tiszai vadponty populációkat a génbankban tartsák fenn, és esetleges halbefogásokkal bővítsék az állományukat. A génbankba való bekerülés előtt javaslom az egyes egyedek molekuláris genetikai vizsgálatát annak érdekében, hogy csak a ténylegesen az adott két fajta tartozó egyedek kerülhessenek megőrzésre és szaporításra a későbbiekben.

Jelen vizsgálat nem zárja ki azt, hogy a fajták esetlegesen keveredtek ázsiai egyedekkel apai vonalon. Ennek kizárásához további genomikus markerek vizsgálatba vonására lenne szükség, melyek segítségével összehasonlító vizsgálatokat kellene elvégezni a két őshonos fajtán, valamint ázsiai fajtákon.

7. AZ ÉRTEKEZÉS TÉMAKÖRÉBŐL ÍRT TUDOMÁNYOS KÖZLEMÉNYEK

Cikkek hazai folyóiratokban:

Lehoczky, I., Magyary, I., Hancz, Cs. (2002) Hat hazai pontyfajta genetikai változatossága mikroszatellit DNS markerekkel vizsgálva, Állattenyésztés és Takarmányozás. 51.1: 9-18

Cikkek nemzetközi folyóiratokban:

E., Froufe, I., Magyary, **I.**, **Lehoczky**, S., Weiss. (2002) mtDNA sequence data supports an Asian ancestry and single introduction of the common carp into the Danube Basin. *Journal of Fish Biology* 61: 301-304

I., **Lehoczky**, I., Magyary, C., Hancz, S., Weiss, (2005) Preliminary studies on the genetic variability of six Hungarian common carp strains using microsatellite DNA markers. *Hydrobiologia* 533(1): 223-228.

Lehoczky, I., Jeney, Z., Magyary, I., Hancz, C. and Kohlmann, K. (2005) Preliminary data on genetic variability and purity of common carp (*Cyprinus carpio* L.) strains kept at the live gene bank at Research Institute for Fisheries, Aquaculture and Irrigation (HAKI) Szarvas, Hungary. *Aquaculture. Special Issue: Genetics in Aquaculture VIII*. 247: 45-49.

Előadások, posztterek konferenciákon:

Lehoczky, I., Magyary I., Schlötterer, C., Weiss, S. és Hancz, Cs., (2000) Néhány hazai pontyfajta DNS szintű vizsgálata. XXIV. Halászati Tudományos Tanácskozás, HAKI. Szarvas, május 24-25. Összefoglalók. 23. pp.

Lehoczky, I., Magyary, I., Schlötterer, C., Weiss, S. és Hancz, Cs. (2001) Hazai ponty fajták genetikai vizsgálata mikroszatellit DNS markerekkel. XXV. Halászati Tudományos Tanácskozás, HAKI. Szarvas, május 16-17. Összefoglalók. 50. pp.

Lehoczky, I., Magyary, I., Hancz, C., (2002) Preliminary studies on the genetic variability of six Hungarian common carp using microsatellite DNA markers. XXth Genetic Days. Brno, Czech Republic, September 12-13, Book of abstracts. 238. pp.

Lehoczky, I., Jeney, Zs., Gorda, S., Magyary, I., Hancz, Cs., (2003) Előzetes eredmények a ponty (*Cyprinus carpio* L.) élő génbankjában tartott pontyfajták genetikai változatosságáról és tisztaságáról. XXVII. Halászati Tudományos Tanácskozás, HAKI. Szarvas, május 7-8. Összefoglalók. 12. pp.

Lehoczky, I., Jeney, Z. , Magyary, I. , Hancz, C. and Kohlmann, K. (2003) Preliminary data on genetic variability and purity of common carp

(*Cyprinus carpio* L.) strains kept at the live gene bank at Research Institute for Fisheries, Aquaculture and Irrigation (HAKI) Szarvas, Hungary. VIII-th International Symposium on Genetics in Aquaculture (ISGA). Puerto Varas, Chile, November 11-15, Book of abstracts. 27. pp.

Lehoczky I., Bakos, J., Gorda, S., Magyary, I., Hancz, Cs., Jeney, Zs. (2004) Előzetes eredmények az őshonos pontyfajták genetikai állapotáról *ex-situ* élő fajtabankban. XXVIII. Halászati Tudományos Tanácskozás, HAKI. Szarvas, május 12-13. Összefoglalók. 45-46. p.

Horti, Cs., Révay, T., **Lehoczky, I.**, Jeney, Zs. és Hidas, A. (2004) Génbanki pontyfajták összehasonlító vizsgálata random DNS polimorfizmus alapján. XXVIII. Halászati Tudományos Tanácskozás, HAKI. Szarvas, május 12-13. Összefoglalók. 47. pp.

Lehoczky, I., Bakos, J., Gorda, S., Hancz, C. and Jeney, Z. (2004) Genetic status of indigenous carp (*Cyprinus carpio* L.) strains in *ex-situ* live gene bank. Biotechnologies for quality. Aquaculture Europe 2004. Barcelona, Spain, October 20-23. European Aquaculture Society Special Publication No.34: 477-478. p.

Lehoczky, I., Wang, S., Zhou, S., Li, S. and Jeney, Z. (2005) Genetic variability of Hungarian and Chinese Common carp (*Cyprinus carpio* L.) strains, characterised by microsatellite and RAPD markers. XL. Croatian Symposium on Agriculture. Opatija, Croatia, February 15-18. Book of abstracts: 527-528. p.

Lehoczky, I., Bakos, J., Gorda, S., Hancz, Cs., Magyary, I. és Jeney, Zs. (2005) Őshonos pontyfajták (*Cyprinus carpio* L.) genetikai státusza ex-situ élő génbankban. VI. Magyar Genetikai Kongresszus. Eger, április 10-12. (poszter) Összefoglalók. 169-170. p.

Lehoczky I., Magyary I., Hancz Cs., Urbányi B., Horváth Á., Bakos J. és Jeney Zs. (2005) Genommanipulált pontyivadék vizsgálata mikroszatellit DNS markerekkel. XXIX. Halászati Tudományos Tanácskozás, HAKI. Szarvas, május 4-5. Összefoglalók. 23-24. p.

Lehoczky, I., Nagy Z.T., Magyary I., Hancz Cs., Bakos J. és Jeney Zs. (2006) A ponty (*Cyprinus carpio*) magyarországi tenyésztett és természetesvízi populációinak genetikai jellemzése. XXX. Halászati Tudományos Tanácskozás, HAKI, Szarvas, május 24-25. Összefoglalók. 54. pp.