



## Ponty (*Cyprinus carpio* L.) tájfajták különböző markerekkel végzett genetikai vizsgálatai a Világban és Magyarországon - összefoglaló tanulmány

TÓTH BIANKA<sup>1</sup>- BAGI ZOLTÁN<sup>1</sup>- KUSZA SZILVIA<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Debreceni Egyetem Agrár Kutatóintézetek és Tangazdaság, Debrecen

<sup>2</sup>Debreceni Egyetem Állatgenetikai Laboratórium, Debrecen

### ÖSSZEFOGLALÁS

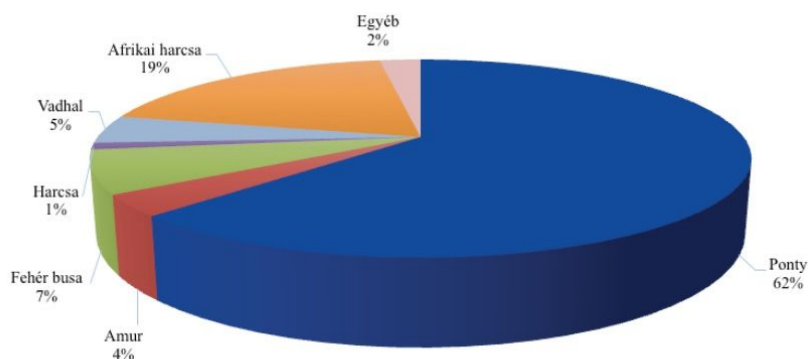
A halfogyasztás egyre nagyobb szerepet kap a növekvő emberi népesség élelmezésében. A halászat és az akvakultúra által megtermelt mennyiség a népesség elfogyasztott fehérjeszükségletének negyedét fedezi. Hazánk Európa édesvízi haltermelésében kiemelkedő helyet foglal el. Az Európai Unió tagállamai közül Magyarország a harmadik legnagyobb pontytermelő ország. Az ősi magyar vadponty fajták tájegységeken belül is különböző vízrendszerekbe jutottak el, ahol a helyi környezeti viszonyokhoz alkalmazkodva eltérő színezetűvé és testformájúvá váltak. A halgazdaságok és szakemberek akár több, mint 40 ponty tájfajtát is megkülönböztetnek. Számos külföldi kutató végzett már a ponty fajtákra, valamint tájfajtáinak elkülönítésére vonatkozó molekuláris genetikai vizsgálatokat. A kutatásokhoz legalkalmasabb technikának a mikroszatellit analízist vélték, a teljes genom szekvenálás után, amely a ponty faj genetikai javításához elengedhetetlen. A magyar tájfajták pontos száma körüli bizonytalanságok, illetve ezek molekuláris genetikai módszerek alapján történő elkülönítésének igénye indokoltá teszi a további molekuláris genetikai kutatások végzését. Jelen összefoglaló tanulmánnyal célunk volt egy ilyen, jövőbeni vizsgálat irányainak feltérképezése.

**Kulcsszavak:** *Cyprinus carpio*, genetika, mikroszatellit, markerek, tájfajta

**HALÁSZATI TERMELÉS A VILÁGBAN, AZ EURÓPAI UNIÓBAN ÉS MAGYARORSZÁGON**

Az emberiség létszámának növekedése a halfogyasztás élelmezésben betöltött szerepének felértékelődését eredményezi. A Föld népessége által igényelt fehérjeszükséglet negyedét fedezi a halászat és az akvakultúra által megtermelt mennyiség (*EATIP* 2012, *MAHAL* 2016, *Net1*). Világszinten a halásznál a halászat és akvakultúra) - szinte folyamatos növekedéssel - 2014-ben elérte a 167,2 millió tonnát. Ez a 2013-as évhez viszonyítva 3%-os, 2010-es évhez képest 13%-os növekedést jelent. A folyamatos fejlődésben kivételt az 1998-as év jelentett, amikor a világ teljes haltermelése 117,8 millió tonnára csökkent (*Gorda* 2003, *FAO* 2016). A belvízi és tengeri halfogások mennyisége évről évre csökken, szemben az akvakultúrában termelt hal és egyéb halászati termékekkel. Az akvakultúra termelési növekedése az ágazat fejlődésével magyarázható, a halászat csökkenése pedig a túlhalászat, és az Európai Bizottság általi szakpolitikai kvóta bevezetésével. Az innovatív, gyorsan fejlődő halászati módszerek miatt a szaporodásra alkalmas ivarérett hal mennyisége egyre inkább csökken, így korlátoltá válik a populációk szaporodási képessége. Mindezek okán egyik célkitűzése a Közös Halászati Politikának a túlhalászat megszüntetése, a halpopulációk fennmaradásának segítése, valamint a biodiverzitás megőrzése (*MAHAL* 2016). A világ akvakultúra termelésében mindeztidáig a legmagasabb értéket a 2014-es év hozta, mikor a termelés elérte a 79,8 millió tonnát (*MAHAL* 2016). Az Európai Akvakultúra Technológiai és Innovációs Központ jelentése szerint az akvakultúra termelésének növekedése várható az Európai Unión belül, mely hazánkra is vonatkozik (*EATIP* 2012). A világ haltermelését Kína uralja (63%), második helyen, a kontinensek közül, Ázsia (26%) áll, míg a világ többi része 11%-ban veszi ki részét (*Net2*). A magyar tógazdálkodás fénykora az 1970-es években volt, amikor a FAO Európán belül Magyarországot „halászati nagyhatalomként” emlegette. Ez a megállapítás az ország kedvező vízrajzi adottságainak és termelési hagyományainak köszönhető. A hazai összes megtermelt étkezési hal mennyisége 2015-ben 23,9 ezer tonna volt, ami 6%-kal emelkedett a 2014. évhez képest. Hazánkban az egy főre jutó, EU-számítás szerint becsült halfogyasztási érték 2015-ben 5,9 kg/fő volt. A világon a ponty gazdaságilag jelentős halfaj, a haltermelésben pedig elsődleges szerepe van Magyarországon. A 2016-os évben az étkezési haltermelés faji megoszlása

az alábbi módon alakult (1. ábra): afrikai harcsa 19%, amur 4%, fehér busa 7%, harcsa 1%, vadhal 5%, egyéb 2% (keszeg, kárász, süllő, csuka). A piaci hal 62,4%-át tette ki a ponty 2016-ban (*Agrárpiaci információk* 2017), mely fajt a magyarországi tógazdasági termelés fő halfajának tekintenek (*Pintér* 2003). A FAO 2014. évi adatai szerint az Európai Unió tagállamai közül Csehország (20,8 ezer tonna) és Lengyelország (20,3 ezer tonna) után Magyarország 15 ezer tonna mennyiséggel a harmadik legnagyobb pontytermelő ország (*FAO* 2016, *MAHAL* 2016). Az étkezési pontytermelés a 2015-ös évben 4,2%-kal volt magasabb, mint 2014-ben (*Agrárpiaci információk* 2017).



*Forrás: Agrárpiaci információk (2017)*

*1. ábra* Étkezési haltermelés faji megoszlásban Magyarországon 2016-ban

*Figure 1:* Edible fish production by species distribution in 2016 in Hungary

## **PONTY, MINT A LEGJELENTŐSEBB FAJ, A MAGYAR HALTERMELÉSBEN**

A ponty (*Cyprinus carpio* L.) (2. ábra) szája harmonikaszzerűen kitolható, csúcsba nyíló, melyen négy bajuszszál található. Testéhez képest szemei kicsik, pikkelyei nagyok. Mélyen kivágott, jól fejlett farok úszója van. A rövid, farok alatti úszóban 3 kemény és 5-6 osztott sugár található, hátul fogazott az utolsó kemény sugár, mely tüskeszzerű. A hosszú alapú hátúszójában 3-4 kemény és 16-22 osztott sugár található. Leggyakrabban a hát sötét olajzöld vagy olajbarna színű, a test oldala zöldessárga, a has sárgásfehér, néha teljesen fehér. A ponty színe származásától, élőhelyétől függően változik. Mindenevő halfaj (*Bakos* 1968, *Pintér* 2002) tetraploid

kromoszómaszerkezettel, mely azt jelenti, hogy genomja 4 szett kromoszómát tartalmaz ( $n=50$ ) (Kirpitchnikov 1999). Két formáját különböztetjük meg a vizeinkben élő vadpontyoknak: a nyurga pontyot (*C. c. morpha hungaricus*) és a tőpontyot (*C. c. morpha acuminatus*) (Schäperclaus 1961, Pintér 2002). A tógazdaságokban fellelhető pontyokat pikkelyezettségi típusai szerint különböztetjük meg, mely alapján négy típusba soroljuk: pikkelyes, tükrös, oldalsoros és bőrponty (Bakos 1968b).



*Forrás: Net4*

*2. ábra: Cyprinus carpio L.*

*Figure 2: Cyprinus carpio L.*

## PONTY TÁJFAJTÁK MAGYARORSZÁGON

A ponty 1993-ban került be az Állattenyésztési törvénybe (1993. évi CXIV. törvény az állattenyésztésről). Ettől az évtől kezdték meg a hazai ponty tájfajták teljesítményvizsgálatát, mellyel a genetikai előrehaladás vagy leromlás mérhető a populációkban (Gorda 2003). A magyar halgazdaságok külön tájfajtaként tartják számon a ponty állományait, melyek esetében számottevő fenotípusos különbség nem észlelhető. Gorda (2003) eredményei alapján a hazánkban forgalmazott önálló tájfajták termelési szintje kiegyenlített, azonban a dunai vadponty Gorda (2003) eredményei alapján szignifikánsan eltérő különbséget mutatott ki a többi tájfajtatól a növekedés terén. A fenotípusos értékelésük során a téglatest vagy a kvadratikus alakot mutató vadpontyok vágóértéke jobbnak bizonyult, mint a kerek nemes formáké. Az ősi magyar vadponty fajták tájegységeken belül is különböző vízrendszerekbe jutottak el, ahol a helyi környezeti viszonyokhoz alkalmazkodva eltérő színezetűvé és testformájúvá

váltak (*Net2*). A keveredési folyamat megindulása előtt Dr. Bakos János az 1960-as években kezdte el összegyűjteni a ponty tájfajtákat a szarvasi génbankban. Az évek során a génbank további hazai és külföldről származó pontyfajtákkal és tájfajtákkal bővült. A génbankban jelenleg összesen 2 hazai pontyfajta (dunai vad, tiszai vad), 1 hibrid (szarvasi P. 33) és 13 tájfajta (bikali tükrös, dinnyési tükrös, felsősomogyi tükrös, hortobágyi tükrös, nagyatádi tükrös, palkonyai tükrös, sumonyi tükrös, szarvasi piros, szarvasi 2, szarvasi 15, szegedi tükrös, tatai pikkelyes, varászlói tükrös) lelhető fel (*Gorda és Bakos 1995, Gorda 2003*). *Gorda (2003)* tanulmányában a 13 hazai tájfajtán kívül további 6 fajtát írt le (balatoni pikkelyes, bősörményi pikkelyes és tükrös, hortobágyi pikkelyes, szoboszlói pikkelyes és tükrös). Ezen felül a magyar halgazdaságok szinte mindegyike megkülönböztet még további tájfajtákat, mint például biharugrai pikkelyes és tükrös, geleji pikkelyes és tükrös, stb. Jelenleg 19 tenyésztőszervezet 32 tájfajtát jegyzett be Magyarországon (*Net3*). Sőt, a halgazdaságok, tenyésztők, szakemberek még több, akár 40 tájfajtát is említenek.

#### **PONTY FAJTÁK ÉS TÁJFAJTÁK VIZSGÁLATA ELTÉRŐ MOLEKULÁRIS GENETIKAI MÓDSZEREKKEL A VILÁGBAN**

A világon folytak már kutatások a közönséges ponty különböző változatainak molekuláris genetikai tanulmányozására. A fajról, főként gazdasági, illetve ökológiai jelentősége miatt, folyamatosan készülnek genetikai tanulmányok (*Zhou et al. 2004, Zhang et al. 2008, Kongchum et al. 2010*). Számos kutató vizsgálata szerint a közönséges ponty (*Cyprinus carpio* L.) különböző változatainak jellemzése molekuláris markerek alkalmazásával elengedhetetlen a halak kezeléséhez, a halkeltetők által kiváltott lehetséges genetikai hatások és a ponty fajok genetikai javítása érdekében (*Vandeputte 2003, Mabuchi et al. 2006, Mondol et al. 2006, Chistiakov és Voronova 2009*).

A morfológiai változás genetikai alapja az evolúciós biológiában folyamatos kérdéskör volt a fajon belül és a fajok között is, a közelmúltban is egy vitaforrást képezett. Úgy vélik, hogy a posztembrionális fejlődésben történt eltérések felnőttkorban megjelennek, így a kiválasztásban gyakran szolgálnak alapul. Ennek megfelelően vizsgálták *Rohner et al. (2009)* a felnőttkori struktúrák genetikai alapját zebra-dániában

és kérdésként tették fel hogy a talált gének és mechanizmusok előre jelezhetik-e más fajok változásait. A tanulmányukban leírják a spiegeldánió (spd) mutációját is. Az érintett gén a fibroblaszt növekedési faktor 1-es receptora (fgfr1), amelyről ismert, hogy a gerincesek embrionális fejlődésében lényeges funkciót tölt be, a későbbiekben *Casas et al.* (2013) is megírták. *Rohner et al.* (2009) megállapították, hogy a zebraadánió paralóg kódol két fgfr1-et és azt mutatja, hogy az embriogenezis során redundánsan működnek. Azonban csak egy paralóg szükséges a fiatal korú fejlődéshez. Továbbá azonosították az fgfr1a1 kódoló szekvenciája kapcsán megszűnő allélokat, amelyek a ponty háziasítása során egymástól függetlenül kétszer választották ki. Ezek az eredmények bizonyítják a génduplikáció szerepét a morfológiai diverzitás genetikai anyagainak előállításához (*Rohner et al.* 2009).

A mikroszatellitok népszerű molekuláris genetikai markerek a genetikai- és evolúciós vizsgálatokban. Emberekben és muslicákban mutációs dinamikájuk kapcsán számos kutatást végeztek, azonban halak esetében kevés vizsgálat áll rendelkezésre írták meg tanulmányokban *Yue et al.* (2007). Az F1 nemzedék 55 egyedének genotipizálásával 49 mikroszatellit mutációs rátáját és mintázatát tanulmányozták közönséges pontyban. A 49 lókusz mutációs rátája  $5,56 \times 10^{-4}$ /lókusz/generáció (95% konfidencia intervallum  $1,52 \times 10^{-4}$  és  $1,63 \times 10^{-3}$ ). Az allélméret változása +2 - -5 ismétlődő egységek között volt, feltételezve azt, hogy a mutációs allél a mutánsban leginkább hasonló szülői alléltől származik (*Yue et al.* 2007).

*Christoffels et al.* (2006) vizsgálatukban kimutatták az EST-k használatának értékét a transzkriptumok összehasonlító analíziséhez olyan fajokból, amelyekben a szekvencia információ jelentősen eltérő mennyiségű. Például sikeresen leírták a közönséges ponty EST-eket a zebrahal genom nem-kódoló régióiban, amelyek a szorosan összefüggő fajok szekvencia összehasonlításának értékét mutatják. A meglévő ponty EST-k hasznos forrást jelentenek az összehasonlító genomika számára, hogy megértsük ezen család fejlődését. Azonban a még nem szekvenált genomok fragmentált genomikai adatainak integrálása továbbra is kihívást jelent a kutatóknak, a fajok közötti összehasonlítások felhasználásához (*Christoffels et al.* 2006).

Az Európából, Közép-Ázsiából, Kelet- és Délkelet-Ázsiából származó közönséges ponty háziasított és vad populációit hasonlították össze allozim (23 populáció), mikroszatellit (11 populáció) és mtDNS (21 populáció) vizsgálatával *Kohlmann et al.*

(2003). Az allozim variabilitása jóval kisebb volt, mint a mikroszatellit variabilitás. A háziasított és a vad állományok közötti különbségek a mikroszatellit lókuszokban erőteljesebben mutatkoztak, mint az allozim lókuszokban, ami azt sugallja, hogy a mikroszatellitalkalmazók alkalmasabbak a populáció szűk keresztmetszeteinek és a beltenyésztés miatti leromlás értékelésére. Az európai populációk vizsgálata egy mtDNS haplotípust eredményezett, és azt jelezte, hogy az európai ponty Közép-Ázsiából származik. Mindhárom genetikai marker két divergens csoportba csoportosította a vizsgált populációkat: Európa/Közép-Ázsia és Kelet/Délkelet-Ázsia. A genetikai sokféleség hierarchikus megoszlása azt mutatta, hogy a mikroszatellit lókuszok esetében a változatosság nagy része a populáción belüli komponensnek volt köszönhető, míg a mtDNS és az allozim varianciájának jelentős hányadát a földrajzi régiók közötti különbségek jellemezték. A *C. carpio* az európai pontyhoz, a *C. c. haematopterus* pedig a kelet/délkelet-ázsiai pontyhoz kapcsolódik, de nem indokolja a közép-ázsiai ponty számára külön alfaj státuszát (*C. c. aralensis*). A vizsgálatból kiderült, hogy az alkalmazott genetikai markerek hatékonyan alkalmazhatók a fajon belüli egységek keveredésének és introgressziójának kimutatására elegendő genetikai differenciáció jelenlétében (Kohlmann et al. 2003).

A közönséges ponty vietnami akvakultúrája az őshonos és a betelepített állományokon alapul, melyeket molekuláris genetikai módszerekkel jelentős mértékben Thai et al. (2006) tanulmányoztak. 20 változatot vizsgáltak 968 egyed bevonásával a mitokondriális kontroll régió fragmens variációk vizsgálatával a közvetlen DNS szekvencia kombinációját és az egyszálú konformációs polimorfizmus (SSCP) analízist használva. Kínai, japán, indonéziai és magyar közönséges pontymintákat hasonlítottak össze. A szekvenálás azt mutatta, hogy a vietnami közönséges pontynak nagy a haplotípus diverzitása, de alacsony a nukleotid diverzitása, illetve az őshonos és a betelepített fajták tulajdonságait egyaránt képviselik. Az SSCP eljárás során nyolc haplotípust különböztettek meg, amelyek elkülönítették az indonéz, a magyar és a vietnami fajtákat, valamint amelyek szignifikánsan változtak a nevelt és a vad vietnami közönséges ponty populációk között. Az SSCP haplotípus frekvenciákon alapuló populációk közötti kapcsolatok azt mutatták, hogy a vietnami fehér közönséges pontyfajta szoros kapcsolatban van a vad populációkkal, amelyek közül viszont hat szoros kapcsolatban van a tizenegy nevelt fajtával. A másik öt nevelt állomány

populáción belüli eltérése magasabb szintű volt és szorosabb kapcsolatot mutatott az indonéz sárga ponty változattal. A magyar ponty fajta nagymértékben különbözött az összes többi populációtól, ami arra enged következtetni, hogy ez a fajta nem járult hozzá szignifikánsan Vietnámban a tenyésztett állományok kialakulásához. A kutatók megállapították, hogy az SSCP eljárás jelentős potenciált mutat a közönséges ponty gyors genetikai jellemzéséhez, ezáltal a vadon élő állományok sokféleségének vizsgálatához és az állományok kezeléséhez.

Kínai kutatók (*Peng et al.* 2014) leírták, hogy Kínában is a közönséges ponty az egyik legfontosabb faj. Kutatásukban bemutatták a házasított *C. carpio* (Songpu változat) genomszerkezetét, amely jelenleg 52.610 fehérjét kódoló génből áll és a paleotetraploidizált genomjának ( $2n=100$ ) körülbelül 92,3%-os lefedettségét tartalmazza. A teljes genom duplikáció körülbelül 8,2 millió évvel ezelőtt történt. 33 reprezentatív egyed genom szekvenciája bizonyítja a *C. carpio* 2 alfajtól való származását (*C. carpio haematopterus* és *C. carpio carpio*). Integrált genomi és transzkriptum elemzést alkalmaztak olyan lókuszok azonosítására, amelyek potenciálisan összefüggésben vannak a tulajdonságok és a bőr mintázatával. A kutatók azt a megállapítást tették, hogy a genom szerkezetismerete megnyitja az utat a jobb molekuláris vizsgálatokhoz és hozzájárul a pontytenyésztés színvonalának növekedéséhez. Annak ellenére, hogy a közönséges ponty fontos szerepet tölt be az élelmezésben, a természetes és tenyésztett populációk genetikai háttéréről szóló kutatások Magyarországon tudomásunk szerint nem túl kiterjedtek.

A Japánban található Biwa-tóban fellelhető közönséges vad ponty teljes mtDNS szekvenciáját polimeráz-lánreakció (PCR) alapú módszerrel határozták meg *Mabuchi et al.* (2006). A vizsgálatban 44 fajta részleges D-loop régió szekvenciáját (kb. 760 bp), B (ATPase 6 és 8 génszekvencia (826 bp) 39 fajtaból) és C (COII génszekvencia (690 bp) 9 fajtaból), az aranyhalat (*Carassius auratus auratus*) pedig kulcsoportként bevonva használták a kutatásban a filogenetikai analízis vizsgálatához. Az elemzések filogenetikai tagolódást mutattak a Biwa-tó közönséges ponty és az "eurázsiai" fajták között, amelyet a cyt-b gén és a D-loop régió szekvenciák alapján detektáltak. Az "eurázsiai" (ideértve a japán koi pontyot) fajták filogenetikai kapcsolatait azonban nem sikerült megbízhatóan detektálniuk. Alacsony szintű nukleotid eltérések voltak jellemzőek a teljes mitokondriális genomon, amelyeket feltártak a mtDNS



összehasonlítása során a Biwa-tavi közönséges ponty és a feltételezett tajvani fajta között, mely azt jelzi, hogy egyetlen kódoló vagy nem kódoló régió képes elég információval szolgálni az "eurázsiai" faj törzsfajlódása kapcsán.

*Mondol et al.* (2006) négy bangladeshi ponty fajta (pikkelyes, tükör, vörös és koi ponty) molekuláris jellemzéséhez öt mikroszatellit lókuszt (MFW1, MFW2, MFW11, MFW15, MFW20) vizsgált. Megvizsgálták a heterozigóták és az allélok átlagos számát a fajták között. A heterozigotizációt nézve a koi ponty mutatta a legmagasabb variabilitást. Az  $N_m$  (gén áramlási érték) és az  $F_{ST}$  (populáció felosztottsága) értékek alacsony géntartalmat és magas szintű differenciálódást mutattak a fajták között. A legmagasabb genetikai távolságot a közönséges ponty és a koi ponty között figyelték meg, míg a vörös és koi ponty között mutatkozott a legalacsonyabb genetikai eltérés. A súlyozás nélküli pár csoport módszer számtani átlaggal (UPGMA) végzett analízis két csoportot eredményezett, amelyek közül az egyik csak a pikkelyes pontyot tartalmazza, a másik pedig a fennmaradó három fajtát. A mikroszatellit markerek ebben az esetben is hatékony eszköznek bizonyultak a közönséges ponty különböző fajtáinak jellemzésére.

Törökország három tavából származó közönséges vad pontyot határoztak meg *Memis és Kohlmann et al.* (2006) genetikailag mitokondriális ND-3/4 és ND-5/6 génrégiók négy mikroszatellit lókuszt és restrikciós fragmenthossz polimorfizmus (RFLP) variabilitásának vizsgálatával. A mikroszatellit variabilitás szignifikánsan nem különbözött a három populáció között, kismértékben alacsonyabb volt más vadon fogott populációkhoz képest, de jelentősen magasabb, mint a házasított populációké. Másrészt a török vad ponty genetikai megkülönböztetése szignifikáns és magas volt (az  $F_{ST}$  értékek 0,21 és 0,27 között voltak). A PCR-RFLP analízis összesen öt haplotípust eredményezett. Egyikük a tipikus európai/közép-ázsiai H1 haplotípus, amely két török populációból való a Sapanca- és az Iznik-tavakból. A fennmaradó négy haplotípus nagyon hasonlít a H1-re, amely csak egy, vagy két restrikciós enzim fragmentmintázatában különbözött. Ezek az adatok továbbra is alátámasztják a jelenlegi európai házasított és vad pontyok egyetlen eredetének hipotézisét, mely szerint egy közös őstől a közép-ázsiai pontytól származnak. Figyelembe véve, hogy a vadon élő közönséges pontyok rendkívül veszélyeztetettek, vagy már elpusztultak a természetes elterjedési tartományuk számos területén, a vizsgált török populáció értékes genetikai

erőforrásokat jelenthet az európai ponty számára, amelynek megőrzése kiemelt figyelmet igényel (*Memis és Kohlmann 2006*).

Tizenkét mikroszatellit és 505 amplifikált fragmenthossz polimorfizmus (AFLP) markerrel a háziasított ponty nyolc populációjának genetikai rokonságát vizsgálták *Lior et al.* (2007). A populációk három akvakultúrabeli ponty fajtát és öt díszponty (koi) változatot tartalmaztak. Az AFLP alapú gén diverzitás 5%-tól (amur) 32%-ig (koi) változott, és tükrözte a populációk történetét és tenyésztési szokásait. A molekuláris variancia nagy része az akvakultúrák és a díszpontyok közötti különbségeknek tudható be. A mikroszatellit adatokon alapuló további elemzések, beleértve a klaszteranalízist és a neighbor-joining analízis alapján szerkesztett filogenetikai fát, alátámasztották az akvakultúrában élő és a díszpontyok genetikai sajátosságát. Az AFLP alapú diverzitással szemben megfigyeltekhez képest a mikroszatelliteken alapuló heterozigóta gyakoriság hasonló volt az összes populációban. Ez a különbség a *Cyprinus carpio* L. egyes lókuszainak duplikációjával magyarázható. A tanulmány segíthet a duplikált lókuszok következményeként létrejött genotípusok megértésében a pontyban és egyéb fajokban, továbbá segíthet olyan domináns és kodomináns markerek közötti eltérések értelmezésében, amelyek genomduplikációval rendelkeznek (*Lior et al. 2007*).

*Thai et al.* (2007) négy rendkívül variábilis mikroszatellit lókuszt használt a közönséges ponty genetikai sokféleségének és populációjának vizsgálatára Vietnamban. Összesen 968 (magyar közönséges ponty, vietnámi fehér ponty, indonéziai sárga közönséges ponty, vietnámi Bac Ninh) közönséges pontyot genotipizáltak, amelyek az Akvakultúra Kutatóintézet három kísérleti vonalát reprezentálták. Az egyedek 11 halkeltetőből és hat vad populációból, a folyókból és tározókból voltak begyűjtve. Az allélok átlagos száma, populációnként és lókuszonként, 4,25 és 11,00 között volt, a megfigyelt átlagos heterozigotizáció a négy lókuszban 0,40-0,83. A populáción belüli sokféleség magas (90,6%), míg a populáción belüli csoport és a csoportok között alacsony (5,0% és 4,5%). A Hardy-Weinberg egyensúlytól való nagymértékű eltérések, leginkább a heterozigóta hiány miatt vannak, mind a kísérleti, mind a keltető állományban, vagy beltenyésztés, de akár közelmúltbeli állománykeveredés is okozhatta az eltérést. A vadon élő közönséges ponty populációk nagyobb genetikai diverzitást mutattak, mint a tenyésztett populációk az allél gazdagság és a heterozigotizáció eredményei szerint. A 20 populációból származó egyedek vizsgálatának eredményei azt

mutatták, hogy a kísérleti közönséges pontyok nagymértékben különböznek egymástól, és hogy az őshonos és a kísérleti ponty közötti keveredés a halkeltetőkben és esetleg a vadon élő populációkban is előfordulhat. A többdimenziós mérés (MDS) és az UPGMA elemzések azt mutatják, hogy a kísérletbe vont vietnami fehér ponty vonal szorosan kapcsolódik a vadon élő közönséges ponty populációkhoz, a keltető állományok egyedei szorosan kapcsolódnak a kísérletbe vont indonéziai sárga pontyhoz és bizonyítékként szolgálnak a populációk keveredésére. A magyar közönséges ponty populáció igen eltérő, nem áll szoros kapcsolatban a kutatásban vizsgált többi ponty populációkkal.

Az elmúlt években, főként az emberi manipuláció miatt, a Kaszpi-tengeren csökkent a közönséges ponty populáció, állapították meg *Ghelichpour et al.* (2013). A vizsgálatban 8 mikroszatellit lókuszt használtak a közönséges ponty genetikai sokféleségének és populációjának felmérésére a Gomishan-öbölben (GB) és a Gorganroud folyón (GR). Az átlagos ( $N_a$ ) és a várható ( $N_e$ ) allélszám 15,12 és 11,35 volt a GB és a GR esetében is. A megfigyelt ( $H_o$ ) és a várható ( $H_e$ ) heterozigotizáció értéke GB esetében 0,99, GR esetében 0,90 volt. Az eredmények azt is kimutatták, hogy minden vizsgált lókuszt polimorf. 16 tesztelt kombináció (lókuszt x régió) közül tizenkettő szignifikáns eltérést mutatott a Hardy-Weinberg egyensúlyban, amely elsősorban a  $H_e$  növekedésének tudható be. Az  $F_{ST}$  érték 0,011 volt. Az AMOVA kimutatta, hogy a megfigyelt variáció a populáción belül (99%), valamint a populációk között (1%) voltak megfigyelhetőek. Az eredmények szerint a vizsgált populációk nagy allélgazdagsággal és génáramlással rendelkeznek.

A biológiai sokféleség genetikai felépítésének értékelése kulcsfontosságú a gazdálkodás és a megőrzés szempontjából. A populáció méretű fajok esetében a markerek alacsony száma nem alkalmas a populáció szerkezetének azonosítására. Ennek a hiányosságnak a megoldása a teljes genom szekvenálása lehet, amely lehetővé teszi a több ezer marker genotípus szerinti megosztását, miközben megkönnyíti a szelekció által létrehozott genetikai struktúra kimutatását írták tanulmányukban *Carreras et al.* (2017). Eredményeik tükrözik a populációk genetikai struktúrájának összetettségét és bizonyítják, hogy mind az élőhely tagoltsága, mind a pozitív szelekció szerepet játszik ebben. Ezt a komplexitást figyelembe kell venni a különböző taxonok biológiai diverzitásának az értékelésében.

## PONTY FAJTÁK ÉS TÁJFAJTÁK VIZSGÁLATA ELTÉRŐ MOLEKULÁRIS GENETIKAI MÓDSZEREKKEL KÖZÉP- ÉS KELET EURÓPÁBAN

*Chistiakov és Voronova (2009)* tanulmányukban megállapították, hogy a genetikai sokféleség értékelésére a közönséges ponty populációkban számos molekuláris markert elemeztek ez idáig. Leggyakrabban a mikroszatelliteket és a mitokondriális DNS-t (mtDNS) használva elemezték a közönséges ponty genetikai sokféleségét. A mikrosatellitek használatával a közönséges ponty genetikai evolúciójában két átrendeződési hullámot láthatunk: egy teljes genom duplikáció (12-16 millió évvel ezelőtt) és egy újabb hullám, a szegmentális duplikáció, amely 2,3 és 6,8 millió évvel ezelőtt fordult elő. A genom duplikáció esemény tetraploidizálódott genomot eredményezett, mivel a közönséges ponty jelenleg a genomban duplikált lókusztok jelentős részét és a legtöbb egyéb pontyfélék kromoszómájának ( $n=100-104$ ) kétszeresét tartalmazza. A domesztikált pontyok populációinak változása lényegesen kisebb a vad populációk változásához képest, ami valószínűleg az alapító hatások miatti változatok elvesztéséből, és a genetikai sodródásból ered. Az európai *C. c. carpa carpio* és az ázsiai *C. c. haematopterus carpa* között egyértelmű a genetikai differenciálódás. Ázsiában két ponty alfaj, a *C. c. haematopterus* és a *C. c. varidivlaceus*, genetikailag is különböznek (*Chistiakov és Voronova 2009*).

A Cseh Köztársaságban nevelt közönséges pontyok importált törzseinek molekuláris genetikai jellemzőit foglalták össze egy tanulmányban *Hulak et al. (2010)*. Ehhez jellemezték a 11 pontyváltozat genetikai sokféleségét és populációstruktúráját 10 mikrosatellit analízist használva, amely két-két tenyésztett változatot tartalmazott Németországból (Scheurman, Glinzig tükörponty) és Franciaországból (Forez, Dombez pikkelyes ponty), egy tenyésztett populációt az Amur-medencéből (Spanyolország) és egy vad populációt az Ebro-folyóból (Spanyolország). A populációk átlagos heterozigotizációs aránya 0,584 és 0,700 között változott, és az allélok átlagos száma az egy populációra vonatkoztatva 5,0 és 9,8 között volt. Az elemzett lókusztok 130 lehetséges vizsgálata közül 92 szignifikáns eltérést mutatott ( $P<0,05$ ), ami szignifikánsan heterozigóta hiányt mutatott Bonferroni korrekció után. A hierarchikus gén diverzitás globális elemzése molekuláris variancia analízis (AMOVA) módszerrel azt is kimutatta, hogy a populációk között 21% volt a genetikai sokféleség aránya, míg a

populációkon belül ugyanez 79%. A csoportosítás után a teljes mikroszatellit variációk többsége a populációkon belüli változatoknak tudható be. A Nei-féle genetikai távolságon alapuló rokonsági fa és az UPGMA algoritmus alapján a változatok és populációk két fő klaszterbe különülnek, ami tükrözi a közönséges ponty európai/közép-ázsiai vagy kelet-ázsiai alfajához való kapcsolódását a származási országa helyett. A tenyésztett közönséges ponty genetikai diverzitásának leírásában a 10 polimorf mikroszatellit markert használva szignifikáns értéket kaptak. Ezenkívül eredményeik bizonyították a megőrzési program hatékonyságát, és hangsúlyozták a közönséges ponty változatok genetikai diverzitása további ellenőrzésének szükségességét. Ezek az eredmények hasznosak lehetnek a pontyfajták Csehországban történő megőrzéséhez is (Hulak *et al.* 2010).

A közönséges pontytermelés a horvát akvakultúrában is nagy szerepet játszik. Ezenkívül a közönséges ponty sporthorgászata nagyon népszerű a nyílt vizeken, de gyakran a halgazdaságok állományán alapul. Tizenöt mikroszatellit használatával 243 egyedet elemeztek, melyek 5 halkeltetőből és 5 vad populációból származtak. Összesen 148 allélt jegyeztek fel. Azonban a lókuszonkénti allélok átlagos száma rendkívül alacsony volt. A páronkénti  $F_{ST}$  értékek (0,026-0,130) szignifikánsak voltak ( $P < 0,01$ ), ami megmutatta a populációk közötti differenciálódást. A Markov-lánc módszerrel való vizsgálat azt mutatta, hogy az összes vizsgált populáció eltér a Hardy-Weinberg egyensúlytól ( $P < 0,05$ ). Ez megmagyarázza azokat a tényezőket, amelyek a genetikai eltérést és a megfigyelt heterozigotizás jelentős csökkenését okozhatják. A 10 populációból származó AMOVA eredmények azt mutatják, hogy a populációk közötti variáció aránya 6,26% volt, amely kisebb, mint a populációkon belüli variáció arány (91,04%) (Tomljanovic *et al.* 2013).

Napora-Rutkowski *et al.* (2017) 20 közönséges pontyfajtát jellemeztek Lengyelországban. Három különböző típusú genetikai markert alkalmaztak, 963 AFLP markert, 11 mikroszatellit lókuszt (STR) és a mitokondriális D-loop régiót. A Bayes-féle csoportosítási elemzés, mely alapját a mikroszatellit eredmények nyújtják, a vizsgált fajtákat 17 csoportba osztotta. Az elemzés bizonyította, hogy a pontyok 92,4%-át helyesen sorolták be a származási fajtákba. A mikroszatellit és az AFLP analízis kimutatta, hogy a fajták genetikai változékonysága mérsékelt, de szignifikáns (AMOVA 23% és 18,2% között). Az AFLP és STR analízist használva a genetikai távolságok

vonatkozásában azonos értékeket kaptak, amelyek pozitív korrelációban vannak a Mantel teszt magas értékeivel ( $r=0,553$ ,  $n=20$ ,  $p=0,001$ ). Csupán két haplotípust (H5 és H2) detektáltak minden vizsgált ponty fajtában, és a H2 volt a legelterjedtebb haplotípus. Ez az első kutatás, mely átfogó genetikai képet ad a lengyelországi közönséges ponty fajtákról. Ez fontos adatokat szolgáltat a pontyvédelmi stratégiához. Megállapították, hogy ez a tanulmány is további lehetőséget nyújt a további pontynemesítési és -tenyésztési munkákhoz.

### **PONTY FAJTÁK ÉS TÁJFAJTÁK VIZSGÁLATA ELTÉRŐ MOLEKULÁRIS GENETIKAI MÓDSZEREKKEL MAGYARORSZÁGON**

Két magyar halgazdaság (Dinnyés  $n=196$  és Attala  $n=80$ ) teljes populációját elemezték véletlenszerűen amplifikált polimorf DNS (RAPD) és mikroszatellit analízis használatával magyar kutatók. A két gazdaság halállománya 1984-es évtől „zárt tenyésztésben” tartják. Tíz polimorf RAPD markert és négy mikroszatellit választottak mindkét állomány genotípusából. A vártakkal összhangban a mikroszatellit elemzés részletesebb információkat nyújtott a genetikai különbségekről, mint a RAPD vizsgálat. Mindkét DNS marker esetében azt az eredményt kapták, hogy a két populáció genetikai struktúrája között jelentős különbség nincs: a heterozigóta értékek és az allélfrekvenciák hasonlóak voltak. A kapott adatokat felhasználva a dendrogramok nem mutattak külön csoportot a populációk között. A két populációból származó genotípusokat összehasonlították egyéb halkeltetőből (Böszörmény ( $n=50$ ), Tata ( $n=35$ ), Bikal ( $n=6$ ), Szajol ( $n=5$ ) és két folyóból (Duna ( $n=4$ ) és Tisza ( $n=4$ )) gyűjtött korlátozott számú mintával. Az allélfrekvenciák hasonlóak voltak a fajtákban, kivéve a vad ponty fajtákat. Érdekes megfigyelés volt, hogy az egyik halgazdaságban nyolc vad ponty egyedben mindössze három mikroszatellit allélt találtak (*Bártfai et al. 2003*).

*Casas et al. (2013)* tanulmányukban leírták, hogy a ponty pikkelyezettségének kialakulását és növekedését szabályozó génekről számos kutatás szól, azonban a mintázat kialakulását szabályozó mechanizmusokról keveset tudunk. Kutatásukhoz a közönséges ponty mintákat az alábbi magyarországi helyszínekről gyűjtötték: Tata, Szarvas (HAKI), Köröstarcsa, Hajdúböszörmény. A pontyfélék pikkelyezettségét szabályozó két gént (S&s és N&n) nyolcvan évvel ezelőtt már Kirpichnikov és

munkatársai megjósolták, azonban a közleméig azt nem azonosították. 2009-ben azt találták, hogy az "S" gén paralóg a fibroblaszt növekedési faktor 1. receptorával, az fgfr1a1-el, míg a második "N"-nek nevezett gént még nem azonosították. Casas és munkatársai ismét elővették Kirpichnikov eredeti modelljét, aki az úgynevezett szórt fenotípuson belül két alfajra csoportosította: a klasszikus- és a szabálytalan tükör pontyra. Az ivadékcsopontonkénti túlélési arányt is elemezték és találtak egy világos különbséget az ázsiai és az európai keresztezések között. Míg a klasszikus tükörponty x klasszikus tükörponty kereszteződések, ahol legalább az egyik szülő ázsiai eredetű vagy a hibrid ázsiai szülőtől származik, 25%-ban korai halálozást jósolt Kirpichnikov (a halálozás az NN genotípusra jellemző), a két magyar klasszikus tükörponty szülőre ez az állítása nem volt jellemző. Tanulmányukban a kutatók bővítették Kirpichnikov kutatásait a fenotípus változásával (mintázat kapcsán) az uszonyok deformációjának és a garatfogak elvesztésének megfigyelésével. Fenotípusos változásokat is megfigyeltek, amelyek nem korlátozódtak a klasszikus tükörpontyokra, ahogy azt Kirpichnikov korábban már leírta. Azt tapasztalták, hogy az elszórt csoporton belül a fenotípus fokozatosságát a jelátvitel fokozatosan csökkenő szintje okozza ( dóziszfüggő hatás), valószínűleg a méretképződés több útvonalának összehangolt hatása miatt (Casas *et al.* 2013).

A növekvő emberi népesség élelmezésében egyre nagyobb szerepet kap a halfogyasztás. A magyar haltermelésben a pontynak elsődleges szerepe van. Hazánkban jelenleg a szakemberek 40 tájfajtánál is többet tartanak számon. A ponty fajtákat és tájfajtákat eltérő genetikai módszerekkel vizsgálták már a világon. A magyar tájfajták molekuláris genetikai elkülönítéséhez, valamint a tájfajták pontos számának meghatározásához is elengedhetetlenek a molekuláris genetikai vizsgálatok. Számos kutató a genetikai módszerek közül legeredményesebbnek, a teljes genom szekvenálás után, a mikroszatellit vizsgálatot és az egyszálú konformációs polimorfizmus (SSCP) analízist véli.

## **Genetic study of the carp (*Cyprinus carpio* L.) varieties in Hungary and the world based on different markers – a review study**

BIANKA TÓTH<sup>1</sup> – ZOLTÁN BAGI<sup>1</sup> – SZILVIA KUSZA<sup>2</sup>

<sup>1</sup>University of Debrecen Institutes for Agricultural Research and Educational Farm,  
Debrecen

<sup>2</sup>University of Debrecen Animal Genetic Laboratory, Debrecen

### **SUMMARY**

Fish consumption plays a very important role in the life of the increasing human population. Produced amount of the protein by fishing and the aquaculture is only the quarter of the needed protein quantity for the population. Our country occupies a prominent place in freshwater fish production of Europe. Hungary is the third largest carp producing country of the European Union. The ancient Hungarian wild carp varieties spread to different water systems within the regions, where they became distinct color and body shape adapting to the local environmental conditions. Fish farms and specialists can distinguish more than 40 carp varieties. Several international molecular genetic studies has been carried out in order to isolate carp species and varieties. After sequencing the entire genome, which is necessary to the genetic improvement of carp species, microsatellite analysis was considered to be the most suitable technique for the research. Uncertainties in connection with the exact number of the Hungarian landraces and the isolation of these species on the basis of molecular genetic methods justify further molecular genetic research. With this summary study, our aim was to plan the direction of a future investigation in this field.

**Keywords:** *Cyprinus carpio*, genetic, microsatellite, marker, landraces

### **KÖSZÖNETNYILVÁNÍTÁS**

A munka a GINOP-2.3.2-15-2016-00025 projekt keretei között az Európai Regionális és Fejlesztési Alap és Magyarország Kormánya támogatásával valósult meg.



## IRODALOM

- Agrárpiaci információk* (2017): Haltermelés. Agrárgazdasági Kutatóintézet. 6, 15-16.
- Bakos J. (1968b): A ponty pikkelyzetének értékelése és bírálata a tenyészkiválasztás során. *Halászat*. 67, 84-85.
- Bakos J. (1968): A ponty pikkelyzetének értékelése és bírálata a tenyészkiválasztás során. *Halászat*. 14, (1) 6-7.
- Bártfai R. – Egedi S. – Yue, G.H. – Kovács B. – Urbányi B. – Tamás G. – Horváth L. – Orbán L. (2003): Genetic analysis of two common carp brood stocks by RAPD and microsatellite markers. *Aquaculture*. 219, (1-4) 157-167.
- Carreras, C. – Ordóñez, V. – Zane, L. – Kruschel, C. – Nasto, I. – Macpherson, E. – Pascual, M. (2017): Population genomics of an endemic Mediterranean fish: differentiation by fine scale dispersal and adaptation. *Scientific Reports*. 7, (43417) 1-12.
- Casas, L. – Szűcs R. – Vij S. – Goh, C.H. – Kathiresan, P. – Németh S. – Jeney Zs. – Bercsényi M. – Orbán L. (2013): Disappearing Scales in Carps: Re-Visiting Kirpichnikov's Model on the Genetics of Scale Pattern Formation. *PloS One* 8, (12) e83327.
- Chistiakov, D.A. – Voronova, N.V. (2009): Genetic evolution and diversity of common carp *Cyprinus carpio* L. *Central European Journal of Biology*. 4, (3) 304-312.
- Christoffels, A. – Bártfai R. – Srinivasan, H. – Komen, H. – Orban L. (2006): Comparative genomics in cyprinids: common carp ESTs help the annotation of the zebrafish genome. *BMC Bioinformatics*. 7, (5) S2.
- EATIP (2012): Az európai akvakultúra jövője. Magyar Akvakultúra Szövetség. Kutatási és Innovációs Stratégiai Terv 6-7.
- FAO (2016): The state of world fisheries and aquaculture. Food and Agriculture organization of the United Nations.
- Ghelichpour, M. – Shabani, A. – Shabanpour, B. (2013): Microsatellite variations and genetic structure of common carp (*Cyprinus carpio*) populations in Gomishan bay and Gorganroud River (Southeast of the Caspian Sea). *International Journal and Aquatic Biology*. 1, 22-27.

*Gorda S. - Bakos J. (1995):* Tenyészhalak jelölése és nyilvántartása korszerű módszerrel törzskönyvezés és keltetőházi azonosítás céljából. XIX. Halászati Tudományos Tanácskozás, Szarvas. 6, 31-38.

*Gorda S. (2003):* Pontyhibridek és az országos ponty teljesítményvizsgálatok tájfajtáinak valamint rendszerének értékelése. Doktori értekezés. Debreceni Egyetem, Agrártudományi Centrum, Mezőgazdaságtudományi Kar, Állattenyésztési- és Takarmányozástani Tanszék, Állattenyésztési Tudományok Doktori Iskola. 7-137.

*Kirpichnikov, V.S. (1999):* Genetics and breeding of Common carp. INRA, Paris. 1-97.

*Hulak, M. – Kaspar, V. – Kohlmann, K. – Coward, K. – Tešitel, J. – Rodina, M. – Gela, D. – Kocour, M. – Linhart, O. (2010):* Microsatellite-based genetic diversity and differentiation of foreign common carp (*Cyprinus carpio*) strains farmed in the Czech Republic. *Aquaculture*. 298, 194-201.

*Kohlmann, K. – Gross, R. – Murakaeva, A. – Kersten, P. (2003):* Genetic variability and structure of common carp (*Cyprinus carpio*) populations through out the distribution range inferred from allozyme, microsatellite and mitochondrial DNA markers. *Aquatic Living Resources*. 16, (5) 421-431.

*Kongchum, P. - Palti, Y. - Hallerman, E.M. - Hulata, G. - David, L. (2010):* SNP discovery and development of genetic markers for mapping innate immune response genes in common carp (*Cyprinus carpio*). *Fish & Shellfish Immunology*. 29, (2) 356-361.

*Lior, D. - Noah, A.R. - Uri, L. - Marcus, W.F. - Jossi, H. (2007):* Genetic diversity and population structure inferred from the partially duplicated genome of domesticated carp, *Cyprinus carpio* L. *Genetics Selection Evolution*. 39, 319-340.

*Mabuchi, K. - Miya, M. - Senou, H. - Suzuki, T. - Nishida, M. (2006):* Complete mitochondrial DNA sequence of the Lake Biwa wild strain of common carp (*Cyprinus carpio* L.) further evidence for an ancient origin. *Aquaculture*. 257, 68-77.

Magyar haltermelők és halászati vízterület-hasznosítók szövetsége (MAHAL) (2016): Jelentés a szövetség működésének 2015. évi eredményeiről. A kiadvány a Földművelésügyi Minisztérium támogatásával készült. PTKF/785/2/2016.

*Memis, D. – Kohlmann, K. (2006):* Genetic characterization of wild common carp (*Cyprinus carpio* L.) from Turkey. *Aquaculture*. 258, (1-4) 257-262.

*Mondol, Md.R.K. - Islam, Md.S. – Alam Md.S. (2006):* Characterization of different

strains of common carp (*Cyprinus carpio* L.) (*Cyprinidae*, *Cypriniformes*) in Bangladesh using microsatellite DNA markers. *Genetics and Molecular Biology*. 29, (4) 626-633.

Napora-Rutkowski, L. – Rakus, K. – Nowak, Z. – Szczygiel, J. – Pilarczyk, A. – Ostaszewska, T. – Irnazarow, I. (2017): Genetic diversity of common carp (*Cyprinus carpio* L.) strains breed in Poland based on microsatellite, AFLP, and mtDNA genotype data. *Aquaculture*. 473, 433-442.

*Net1*: A magyar halgazdálkodási ágazat jelene a halászati operatív program tükrében.

Szerkesztette: Vidékfejlesztési Minisztérium. [Link:](#)

<http://halaszat.kormany.hu/download/e/45/80000/a5-20oldal-HU-VM.PDF>

*Net2*: Élő génbank és ponty adatbázis (2011). [Link:](#)

<https://www.fishworld.eu/hu/hirek/elo-genbank-es-ponty-adatbazis>

*Net3*: Dr. Gorda Sándor: Gondolatok a pontyról. [Link:](#) <http://www.khesz.hu/node/1488>

*Net4*: Ponty kép [Link:](#) <http://users.atw.hu/fancsika/ponty.html>

Peng, X. - Zhang, X. - Wang, X. - Li, J. - Liu, G., - Kuang, Y. - Xu, J. - Zheng, X. - Ren, L. - Wang, G. - Zhang, Y. - Huo, L. - Zhao, Z. - Cao, D. - Lu, C. - Li, C. - Zhou, Y. - Liu, Z. - Fan, Z. - Shan, G. - Li, X. - Wu, S. - Song, L. - Hou, G. - Jiang, Y. - Jeney, Zs. - Yu, D. - Wang, L. - Shao, C. - Song, L. - Sun, J. - Ji, P. - Wang, J. - Li, Q. - Xu, L. - Sun, F. - Feng, J. - Wang, C. - Wang, S. - Wang, B. - Li, Y. - Zhu, Y. - Xue, W. - Zhao, L. - Wang, J. - Gu, Y. - Weihua, L. - Wu, K. - Xiao, J. - Wu, J. - Zhang, Z. - Yu, J. - Sun, X. (2014): Genome sequence and genetic diversity of the common carp, *Cyprinus carpio*. *Nature Genetics*. 46, (11) 1212-1221.

Pintér K. (2002): Magyarország halai. Akadémiai Kiadó, Budapest. 119-126.

Pintér K. (2003): A magyar halászat helye az Európai Unióban. *Halászat*. 96, 47-50.

Rohner, N. – Bercsényi, M. – Orbán, L. – Kolanczyk, M.E. – Linke, D. – Brand, M. - Nüsslein-Volhard, C. – Harris, M.P. (2009): Duplication of *fgfr1* permits Fgf signaling to serve as a target for selection during domestication. *Current Biology*. 19 (19), 1642-7.

Schäperclaus, W. (1961): *Lehrbuch der Teichwirtschaft*. 2. Paul Perey, Berlin/Hamburg. 170.

Thai, B.T. – BurrIDGE, C.P. – Austin, C.M. (2007): Genetic diversity of common carp (*Cyprinus carpio* L.) in Vietnam using four microsatellite loci. *Aquaculture*. 269, 174-186.

Thai, B.T. - Pham, T.A. - Austin, C.M. (2006): Genetic diversity of common carp in Vietnam using direct sequencing and SSCP analysis of the mitochondrial DNA control region. *Aquaculture*. 258, 228-240.

Tomljanovic, T. – Treer, T. – Cubric, V.C. – Safner, T. – Sprem, N. – Piria, M. – Matulic, D. – Safner, R. – Anicic, I. (2013): Microsatellite-based genetic variability and differentiation of hatchery and feral common carp *Cyprinus Carpio* L. (*Cyprinidae*, *Cyprinidae*) populations in Croatia. *Archives of Biological Sciences*. Belgrade. 65, (2) 577-584.

Vandeputte, M. (2003): Selective breeding of quantitative traits in the common carp (*Cyprinus carpio*): A review. *Aquatic Living Resources*.16, (5) 399-407.

Yue, G.H. – David, L. - Orban L. (2007): Mutation rate and pattern of microsatellites in common carp (*Cyprinus carpio* L.). *Genetica*. 129, (3) 329-31.

Zhang, Y. - Liang, L. - Jiang, P. - Li, D. - Lu, C. - Sun, X. (2008): Genome evolution trend of common carp (*Cyprinus carpio* L.) as revealed by the analysis of microsatellite loci in a gynogenetic family. *Journal of Genetics and Genomics*. 35, (2) 97-103.

Zhou, J. – Wu, Q. – Wang, Z. – Ye, Y. (2004): Genetic Variation Analysis within and among Six Varieties of Common Carp (*Cyprinus carpio* L.) in China Using Microsatellite Markers. *Russian Journal of Genetics*. 40, (10) 1144-1148.

*A szerzők levélcíme – Address of the authors:*

TÓTH BIANKA

Debreceni Egyetem, Agrár Kutatóintézetek és Tangazdaság,  
4032 Debrecen Böszörményi út 138.,

[toth.bianka@agr.unideb.hu](mailto:toth.bianka@agr.unideb.hu)

BAGI ZOLTÁN

Debreceni Egyetem, Agrár Kutatóintézetek és Tangazdaság,  
4032 Debrecen Böszörményi út 138., e

[bagiz@agr.unideb.hu](mailto:bagiz@agr.unideb.hu)

KUSZA SZILVIA

Debreceni Egyetem, Állatgenetikai Laboratórium,  
4032 Debrecen Böszörményi út 138.,

[kusza@agr.unideb.hu](mailto:kusza@agr.unideb.hu)