

# Magyar és kínai pontyfajta (*Cyprinus carpio* L.) genetikai struktúrájának és filogenetikai kapcsolatainak feltárása a mitokondriális DNS vizsgálatával

Chenghui Wang<sup>a</sup>, Sifa Li<sup>a</sup>, István Lehoczy<sup>b</sup>, Len Huang<sup>a</sup>, Yan Zhao<sup>a</sup>, Xiao Song<sup>a</sup>, Zsigmond Jeney<sup>b</sup>

<sup>a</sup>Key Laboratory of Aquatic Genetic Resources and Aquacultural Ecosystems, Ministry of Agriculture, Shanghai Fisheries University, Shanghai, 200090, China

<sup>b</sup>Halászati és Öntözési Kutatóintézet, Anna liget 8, 5540 Szarvas,

## Célkitűzések

Vizsgálataink célja 6-6 magyar és kínai pontyfajta genetikai változatosságának leírása a mitokondriális COII-tRNA-lys gén egy szakaszán, valamint D-loop egy szakaszán báziissorrendjének vizsgálatával és esetleges kapcsolódási pontok keresése az ázsiai és európai ponty populációk között.

**1. táblázat.** A vizsgálatban szereplő pontyfajták legfőbb jellemzői és a vizsgálatba vont egyedek száma (n)

Populáció	A mintázás helye	Státusz	N	Jele
<i>Kínai fajták</i>				
Xingguo red carp	National Xingguo Red Common Carp Farm,	Tógazdasági	10	XG
Purse red carp	National Purse Red Common Carp Farm,	Tógazdasági	10	PR
Glass red carp	Provincial Glass Red Common Carp Farm,	Tógazdasági	8	GL
Oujiang color carp	Provincial Oujiang Color Common Carp Farm,	Tógazdasági	10	CL
Oujiang river carp	Oujiang river, Longquan city,	Vad	15	OJ
Amuri vadponty	Amur folyó,	Vad	10	Amur
<i>Magyar fajták</i>				
Dunai	HAKI, Szarvas,	Génbanki	11	DNG
Mórichelyi	HAKI, Szarvas,	Génbanki	11	MRC
Fresinet	HAKI, Szarvas,	Génbanki	10	FSN
Velencei	Velencei-tó,	Vad	10	VLC
Dunai	Duna folyó,	Vad	10	DNR
Szegedi	HAKI, Szarvas,	Génbanki	10	SGD

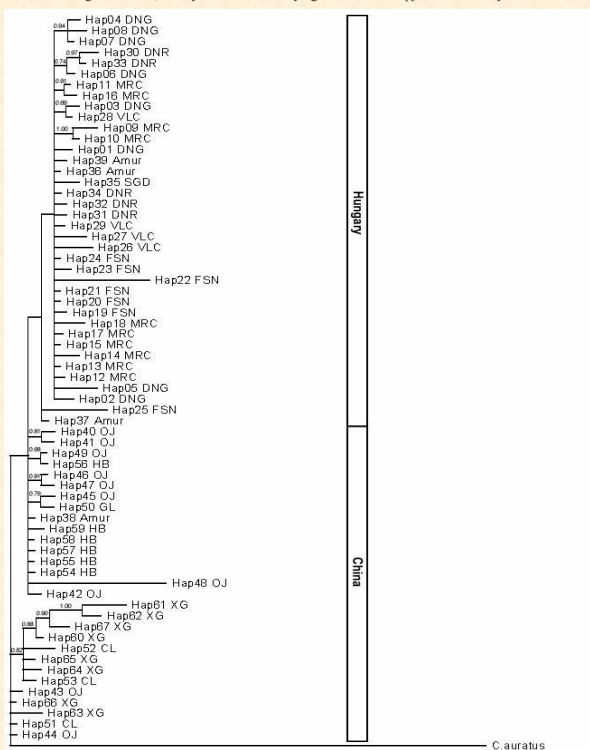
A populációk közötti páros FST (páros fixációs index) értékek (**3. táblázat**) alapján elmondható, hogy a magyar és kínai fajták egymáshoz képest a genetikai differenciáltság magas szintjét mutatják, ez alól az egyetlen kivétel az amuri vadponty, amellyel minden magyar fajta esetében alacsonyabb páros FST értéket és így alacsonyabb genetikai differenciáltságot találtunk. A magyar fajták egymáshoz képest alacsony genetikai divergenciát mutatnak, ami alacsony és néhány esetben nem szignifikáns páros FST értékekben (FST < 0.2500) nyilvánul meg mind a COII-tRNA-lys, mind pedig a D-loop szekvenciák esetében. Ezzel ellentétben a kínai fajták vizsgálata során minden esetben magas és szignifikáns páros fixációs index értékeket írtunk le, kivéve az XG és CL fajtákat. A kapott páros FST értékek a kínai fajták esetében minden esetben szignifikánsnak bizonyultak, kivéve a HB és OJ fajták esetében. Összességében a kínai fajták változatosabbak és erősebben különböznek egymástól, mint a magyar fajták. A nagyobb különbségek minden valószínűséggel a nagyobb földrajzi távolságokkal és a magasabb fokú elszigeteltséggel magyarázhatóak.

**3. táblázat.** Az egyes fajtapárok közötti páros FST értékek. (az átló felett a D-loopra vonatkozó, alatta pedig a COII-tRNA-lys géne vonatkozó adatok)

	DNG	MRC	FSN	VLC	DNR	SGD	Amur	OJ	GL	CL	HB	XG
DNG	0.2500**	0.2216**	0.0511 <sup>N</sup>	0.0852 <sup>N</sup>	0.2255**	0.1497**	0.5728**	0.6894**	0.7121**	0.6945**	0.7362**	
MRC	0.1499**	0.1051**	0.0445 <sup>N</sup>	0.1344*	0.0667 <sup>N</sup>	0.0022 <sup>N</sup>	0.2024**	0.7397**	0.9796**	0.9634**	0.9235**	0.9880**
FSN	0.0191 <sup>N</sup>	0.1051**	0.1145**	0.0455 <sup>N</sup>	-0.0053 <sup>N</sup>	0.1787**	0.7221**	0.9640**	0.9490**	0.9086**	0.9751**	
VLC	0.0995**	0.2085**	0.0283*	0.0385 <sup>N</sup>	0.1114*	0.1172**	0.5254**	0.6052**	0.6275**	0.6234**	0.6524**	
DNR	0.1194**	0.1259**	0.0467**	0.0308 <sup>N</sup>	0.04349 <sup>N</sup>	0.1427**	0.6523**	0.8274**	0.8316**	0.8057**	0.8573**	
SGD	0.1247**	0.2435**	0.0219 <sup>N</sup>	-0.0001 <sup>N</sup>	0.0644 <sup>N</sup>	0.1726**	0.7214**	0.9771**	0.9594**	0.9152**	0.9869**	
Amur	0.1568**	0.2753**	0.0561*	0.1005 <sup>N</sup>	0.1449*	0.1718 <sup>N</sup>	0.3184**	0.5090**	0.5598**	0.4940**	0.5891**	
OJ	0.3128**	0.3742**	0.2456**	0.3294**	0.3380**	0.3597**	0.1845**	0.4277**	0.6844**	0.1884**	0.7087**	
GL	0.4830**	0.5282**	0.3683**	0.6062**	0.6050**	0.7959**	0.6062**	0.9471**	0.7912**	0.9782**		
CL	0.5374**	0.5682**	0.4378**	0.6372**	0.6342**	0.7425**	0.6370**	0.2812**	0.6525**	0.8800**	-0.0257**	
HB	0.3912**	0.4618**	0.2941**	0.5018**	0.5071**	0.6580**	0.3862**	-0.0043 <sup>N</sup>	0.3437**	0.5358**	0.9087**	
XG	0.3956**	0.4397**	0.3406**	0.4891**	0.4848**	0.5305**	0.4546**	0.2679**	0.4345**	0.0843*	0.3637**	

\*\* P<0.01; \* P<0.05; <sup>N</sup> Nem szignifikáns (P>0.05)

**1. ábra.** Filogenetikai fa, amely a COII-tRNA-lys génrégió alapján készült Bayesi módszerrel



## Anyag és módszerek

Az **1. táblázatban** a vizsgálatban szereplő fajtákról kapunk alapvető információkat. Az úszómintákból standard módszerekkel vontuk ki a mitokondriális DNS-t, majd ugyancsak standard PCR protokollt alkalmazva amplifikáltuk a célszekvenciákat. A primerek báziissorrendjét a szakirodalomból ismertük meg. A tisztított PCR termékek báziissorrendjének megállapításához az Applied Biosystems ABI 3730 típusú kapilláris szekvenáló berendezését használtuk. A filogenetikai analízishez a BioEdit szoftvert (Hall, 1998), a CLUSTAL X version 1.83-at (Thompson, 1994), MrBayes version 3.1.1-est (Huelsenbeck and Ronquist, 2003), MEGA 3.1-es szoftvert (Kumar et al., 2004) és TCS 1.2-es programot (Clement et al., 2000) használtuk, míg a molekuláris diverzitás leírásához az Arlequin version 3.01-es szoftvert (Schneider et al., 2000) segítségét vettük igénybe.

## Eredmények és megbeszélés

A 657 bp hosszúságú COII-tRNA-lys szekvencia esetén 67 különböző haplotípus volt jelen, ezek közül 7-et több populációban is megtalálhatunk. 3 haplotípus volt megtalálható egyenlő több magyar fajtában és 4 haplotípus egyenlő több kínai fajtában. A maradék 60 haplotípus csak 1-1 fajtában volt jelen. A 829 bp hosszúságú D-loop fragmens esetében 50 különböző haplotípus jelenlétét mutattuk ki. Ezek közül 2 haplotípus több hazai fajtában is előfordult és 4 másik haplotípus több kínai fajtában volt jelen. A többi 44 haplotípus csak 1-1 fajta esetében volt kimutatható. Mindezek mellett az is kiderült, hogy a kínai fajták közül csak az amuri vadponty esetében mutathatók ki olyan haplotípusok, amelyeket közvetlenül megoszt a magyar fajtákkal. A Hap36-Amur haplotípust öt magyar fajta esetében is megfigyeltük, míg a Hap38-Amur haplotípust az amuri vadponty mellett 2 kínai fajtában is megtalálhatjuk (**2. táblázat**). A D-loop szekvencia esetén csak egy olyan haplotípust (Hap24-Amur) találtunk, amely feltűnik mind az amuri, mind a dunai vadpontyban. Mindezek alapján valószínűsíthető, hogy az amuri vadponty lehet a régóta keresett kapcsol az ázsiai és európai pontyok között. Jól szemlélteti ezt a **1. ábrán** látható filogenetikai fa is (COII-tRNA-lys gén), melyen jól látszik, hogy a kínai és magyar fajták teljes mértékben elkülönülnek egymástól, míg az amuri vadponty mindkét csoportban megtalálható. A **2. ábrán** látható hálózat az egyes haplotípusok egymáshoz való viszonyát mutatja be a COII-tRNA-lys gén esetében. Az egyes haplotípusok között a szekvenciában egy bázispár különbség mutatható ki.

**2. táblázat.** Közös haplotípusok és az ezen haplotípusokat reprezentáló egyedek száma az amuri vadpontyban és egyéb magyar és kínai pontyfajtákban

Haplotípusok	Magyar fajták					Kínai fajták		
	DNG	FSN	VLC	DNR	SGD	Amur	OJ	PR
<i>COII-Tna-lys</i>								
Hap36-Amur	2	3	5	3	8	5		
Hap38-Amur						3	3	4
<i>D-loop</i>								
Hap24-Amur	2					1		

**2. ábra.** Minimum spanning network, amely hálózat az egyes haplotípusok egymáshoz való viszonyát mutatja be a COII-tRNA-lys gén esetében. Az egyes haplotípusok között a szekvenciában egy bázispár különbség mutatható ki.

