

Magyarországon invazív emlős ragadozó fajok (Pl. mosómedve, nyestkutya)

mikroszatellit alapú genetikai vizsgálata

Scsepko Nikolett

Mezőgazdasági biotechnológus, MSc, nappali

Genetika és Biotechnológia Intézet

Belső témavezető: Dr. Fehér Péter Árpád, tudományos munkatárs, MATE, Szent István Campus, Genetika és Biotechnológia Intézet, Genetika és Genomika Tanszék

Belső témavezető: Dr. Stéger Viktor, tudományos főmunkatárs, MATE, Szent István Campus, Genetika és Biotechnológia Intézet, Genetika és Genomika Tanszék

Dolgozatomnak az volt a célja, hogy felmérjem két Magyarországon invazív ragadozó faj (mosómedve, nyestkutya) genetikai diverzitását, valamint, megvizsgáltam az esetleges rokoni kapcsolatokat.

A kutatás során az alkoholban tárolt izomszövet mintákból DNS-t izoláltunk. Az izolált DNS-ek mennyiségét és minőségét ND-1000 spektrofotométerrel ellenőriztük. Majd a hígított DNS-eket mosómedve esetében Fike és munkatársai által (2006), illetve Cullingham és munkatársai (2006) által használt, nyestkutya esetében Drygala és munkatársai (2016), illetve Griciuvienė és munkatársai (2016) által publikált STR markerek segítségével genotipizáltuk. Az általunk kiválogatott és optimalizált 10-10 STR marker segítségével történt a minták genotipizálása, ami lehetőséget nyújtott többek között rokonsági vizsgálatokhoz, illetve populációk diverzitásának vizsgálatára is. Összesen 46 db mintával dolgoztam, mosómedve esetében 31 db és nyestkutyánál pedig 15 mintaszámmal.

A klaszterező analízisek eredménye alapján a mosómedve minták feltehetően két genetikailag különböző csoportba tartoznak, melyek közül az egyikbe többségébe Ócsáról és környékéről gyűjtött minták sorolhatók. A nyestkutya minták a klaszterező analízisek alapján egy csoportba tartoznak, nem lehet őket genetikailag külön csoportokra sorolni.

A rokonsági vizsgálatok során a mosómedvék esetében, a szülő-utód kapcsolatok esetében ugyan ahhoz a szülőpárhoz (4435 és 6816 azonosító) hat utód tartozik 85%-os vagy annál magasabb valószínűséggel, így ebben az esetben azonosítottunk egy nyolc tagú családot. A minták mindegyike Ócsáról és környékéről származik. A nyestkutya minták között a Colony program egy édestestvéri kapcsolatot talált, amelynek a valószínűségi értéke 94%. A két egyed Tiszaszalka (azonosító: 6904) és Tivadar (azonosító: 6906) településekről származik.

A talált alléljeink száma mosómedvéknél átlagosan 4,1 és nyestkutyánál pedig 6,8 volt, amelyek alacsonyabb értéket mutatnak, mint azok a publikációk, ahonnan történt a markerek adaptálása. Ez következhet abból, hogy sokkal kevesebb a mintaszámunk, ráadásul a mosómedve esetében a minták túlnyomó többsége egy területről származik, ami abban az esetben, ha azon a területen kevés számú alapító egyed hozta létre az állományt, arra engedhet következtetni, hogy alacsonyabbak lesznek ezek az értékek, másrésről az lesz a konklúzió, hogy kevés alapító egyed hozta létre a magyarországi állományt és nincs vagy nagyon alacsony a bevándorlás, ezért előbb utóbb genetikailag beszűkülhet a magyarországi populáció mind a két faj esetében. A vizsgált egyedeken a mikroszatellit alapú genetikai vizsgálatok során sikerült felmérni az állomány diverzitását és genetikai struktúráját. A vizsgálat folytatása szempontjából érdemes lenne az ország más régióiból is mintát gyűjteni ezekből a fajokból, illetve célszerű lenne a mintaszám növelése is a nemzetközi eredményekkel való pontosabb összehasonlítás érdekében. Továbbá az ismeretlen ivarú egyedek ivarának azonosítására célszerű lenne a multiplexekbe ivarhatározó markerek bevonása, mely folyamatban van.