

Vadmacska (*Felis silvestris*) és házi macska (*Felis catus*) elkülönítése mitokondriális markerek alapján

Hámor Fanni Zsófia

Mezőgazdasági biotechnológus, MSc, nappali

Genetika és Biotechnológia Intézet, Genetika és Genomika Tanszék

Dr. Stéger Viktor, tudományos főmunkatárs, Genetika és Genomika Tanszék

Ninausz Nóra, tudományos segédmunkatárs, Genetika és Genomika Tanszék

A Magyarországon fokozottan védett, erdős és füves területhez egyaránt kötődő európai vadmacska (*Felis silvestris silvestris* [Schreber, 1777]) helyzete az elmúlt évszázadban jelentősen leromlott. Fennmaradását az élőhely pusztulása és az orvvadászat mellett a házi macskákkal (*Felis silvestris catus* [Linnaeus, 1758]) történő intenzív hibridizáció is veszélyezteti. Hazánkban a védett fajok hibridei, így a vadmacska hibridek is védeltséget élveznek, azonban az európai vadmacska fennmaradása szempontjából nélkülözhetetlen a fajtiszta vadmacskák azonosítása.

A kutatás során autoszomális lokuszok mikroszetellit markereivel vizsgáltunk Magyarország területéről származó macskaféle mintákat, és végeztük el azok klaszterekbe (vadmacska, házi macska, hibridek) sorolását Structure 2.3.4 szoftver használatával. Majd a mitokondriális genom (mtDNS) 16S rRNS régió elemzésekor kerestünk eltérést a vadmacskák és házi macskák szekvenciájában. Végül az amelogenin génre specifikus primerpár használatával a minták ivarának meghatározása zajlott, hogy a minták esetleges rokonsági kapcsolata COLONY 2.0.6.7 szoftver segítségével vizsgálható legyen. 72 mintának határoztuk meg a mikroszetellitek által a genotípusát, 70 mintának a 16S rRNS régiójának szekvenciáját, illetve 71 minta ivarát. A minták mikroszetellit markerek alapján történő analízisekor a házi macskák és vadmacskák csoportja elkülönült egymástól. 40 vizsgált mintából 26 bizonyult vadmacskának, kilenc a házi macskák klaszterével mutatott egyezőséget és öt mintát hibridként azonosítottunk. A 16S rRNS szekvenciák elemzésekor három olyan SNP-t azonosítottunk, amely asszociált a vadmacskák, vagy házi macskák csoportjával. Ezek az SNP-k a mtDNS 16S rRNS 323., 371. és 372. pozícióiban voltak megtalálhatók. Valamint ezen SNP-k három haplotípusba (CCT, TTC, TCT) tartoztak, amelyek eltérő frekvenciával voltak jelen a házi macskák, vadmacskák, illetve hibridjeik között. Az ivarhatározó PCR elvégzésével 37 nőstény és 34 hím mintát azonosítottunk. A rokonsági kapcsolatokat célzó vizsgálat során négy testvércsoportot találtunk a mintáink között, amelyeket a gyűjtési adatok is alátámasztottak.

A mitokondriális haplotípusok kevésbé bizonyultak megbízhatónak a taxonmeghatározásban az autoszomális mikroszatellit markerekhez képest. A 70 minta esetén a mtDNS 16S rRNS CCT haplotípusa 83,3%-os arányban ($n = 35$) volt jelen a vadmacskákban, míg a TTC haplotípus 65,2%-ban ($n = 15$) asszociált a házi macskák csoportjával. A két taxon elkülönítésének megbízhatósága további tetranukleotid STR markerek bevonásával növelhető. A hibridizáció detektálása újgenerációs szekvenálási módszerekkel a legmegbízhatóbb, mely során több ezer SNP kerül detektálásra.

Hazánkban a jelenlegi szabályozás alapján a védett fajok hibridjei is védettséget élveznek.