

A Magyar Természettudományi Múzeum

GENETIKAI KONFERENCIÁJA

ABSZTRAKT FÜZET

2024.
május 29.

Magyar Természettudományi Múzeum



A Magyar Természettudományi Múzeum

GENETIKAI KONFERENCIÁJA

A Magyar Természettudományi Múzeum szervezésében 2024. május 29.-én újabb tudományos konferenciára kerül sor. A téma ezúttal a genetika változatos eszköztárát felhasználó kutatások bemutatása, a manipulatív baktériumok és betegségeket okozó vírusok tanulmányozásától kezdve a különböző gomba, növény-és állatfajok kutatásán keresztül a humán vizsgálatokig.

Dátum:

2024. május 29.

Felelős kiadó:

Bernert Zsolt

Magyar Természettudományi Múzeum

Budapest, Ludovika tér 2-6., 1083

Magyar Természettudományi Múzeum



PROGRAM

- 9³⁰ - 9⁵⁵ Berczki Judit**
Integratív megközelítés hangyaboglárka fajok példáján
- 9⁵⁵ - 10²⁰ Engloner Attila**
Növényi populációgenetikai vizsgálatok – együttműködés a kezdetektől napjainkig
- 10²⁰ - 10⁴⁵ Locsmándi Csaba és Vasas Gizella**
Combagenbank a Magyar Természettudományi Múzeumban
- 10⁴⁵ - 11¹⁰ Varga Nóra, Lőkös László és Farkas Edit**
Zuzmók DNS-alapú azonosításának lehetőségei a Magyar Természettudományi Múzeum zuzmógyűjteményében
- 11¹⁰-11³⁵ Nagy Hajnalka, Felföldi Tamás, Yong Hong és Dózsa-Farkas Klára**
Európai és dél-koreai televényféreg fajok molekuláris taxonómiája
- 11³⁵-12⁰⁰ Vörös Judit**
Kételtűek és hüllők populációgenetikai, filogeográfiai és természetvédelmi célú genetikai és genomikai vizsgálata az MTM Molekuláris Taxonómiai Laboratóriumában 2006 óta
- 12⁰⁰-13⁰⁰ Ebédszünet**

13⁰⁰-13²⁵ Görföl Tamás, Győrössy Dorottya és Csorba Gábor

Denevérszisztematikai és -virologiai kutatások a Magyar Természettudományi Múzeum Molekuláris Taxonómiai Laborjában

13²⁵-13⁵⁰ Győrössy Dorottya, Görföl Tamás és Csorba Gábor

Genetikai kutatások az MTL-ben, különös tekintettel a denevérekre

13⁵⁰-14¹⁵ Szatmári Lajos, Nyíri Virág, Sramkó Gábor és Cserkész Tamás

Magyarországi hörcsög állományok konzerváció genomikai vizsgálata

14¹⁵-14⁴⁰ Sramkó Gábor és Cserkész Tamás

A magyar szöcskeegérhez kapcsolódó genetikai és genomikai hazai kutatások

14⁴⁰-15⁰⁵ Neparáczki Endre

Humán archeogenetikai kutatások módszertana

15⁰⁵-15³⁰ Neparáczki Endre

A mikroarray típusú szekvenálás felhasználási területei

Integratív megközelítés hangyaboglárka fajok példáján

Bereczki Judit

Molekuláris Taxonómiai Laboratórium, Magyar Természettudományi Múzeum, 1083 Budapest, Ludovika tér 2-6.

Az elmúlt fél évszázadban a molekuláris módszerek intenzív fejlődésének köszönhetően a különböző genetikai markerek egyre elterjedtebbeké váltak a biodiverzitás vizsgálatában. Az egyes markereknek számos felhasználási lehetősége van: alkalmasak lehetnek a fajok azonosítására, a fajok közötti vagy a fajokon belüli leszármazási kapcsolatok tisztázására, de akár még az egyedek közötti rokoni kapcsolatok feltárására vagy egyedi szintű azonosításra is. A módszerek kombinálása révén pedig rendkívül komplex képet alakíthatunk ki az adott kutatási kérdés vonatkozásában.

Ilyen komplex kutatást végeztünk két, igen speciális életmódú lepkefaj, a *Phengaris alcon* és a *Ph. arion* különböző fenológiai formái esetében. A modern morfometria és a genetika változatos eszköztárát felhasználva, különböző DNS régiók, számos enzim-és mikroszatellit lokusz párhuzamos vizsgálatával sikerült olyan kutatási kérdéseket megválaszolnunk, amelyek régóta foglalkoztatták a kutatókat. Így például elsőként igazoltuk a magashegyi Hirschke-féle rebeli genetikai különállóságát a *Ph. alconon* belül, illetve fényt derítettünk a *Ph. arion* eltérő formáinak eredetére.



Növényi populációgenetikai vizsgálatok – együttműködés a kezdetektől napjainkig

Engloneer Attila

Ökológiai Kutatóközpont, 1113 Budapest, Karolina út 29.

Az előadás bemutatja a Magyar Természettudományi Múzeum DNS laborjával annak alapítása óta tartó szakmai együttműködést, valamint a közel húsz éves kooperációnak köszönhető néhány kiemelt tudományos eredményt.

A Major Ágnessel közös vizsgálatok még az Eötvös Loránd Tudományegyetemen indultak, majd az elkezdett munka a Múzeumban folytatódott vele, valamint Tuschek Máriával, később Krizsik Virággal. Valójában a kiépülőben levő labor műszereink beüzemelése nagyrészt az előadásban bemutatandó növényi mintákkal történt. A vizsgálatok eredményeiből később számos közös tudományos cikk született.

A növényökológiai kutatások kiterjedtek többek között a nád kolonizációjával és pusztulásával kapcsolatos, az élőhely hidrológiai adottságaitól függő genetikai diverzitás változásokra, valamint különböző hínárfajok populáció genetikai vizsgálataira. Utóbbiak jelenleg is folynak Bereczki Judittal való együttműködésben.

A kutatásoknak köszönhetően nem csak növényökológiai eredmények születtek, hanem a különböző genetikai módszerek eredményeinek kiértékelése például egy új többváltozós matematikai adatelemző módszer kifejlesztését is elősegítette.

Gombagénbank a Magyar Természettudományi Múzeumban

Locsmáncsi Csaba és Vasas Gizella

Gombagyűjtemény, Növénytár, Magyar Természettudományi Múzeum, 1087 Budapest, Könyves Kálmán körút 40.

Szaprotrof gombafajok ex situ megőrzésére hosszú távon a gombák izolátumainak kontrollált lefagyasztása, és folyékony nitrogénben, -196°C -on történő elhelyezése a legbiztonságosabb módszer.

A Magyar Természettudományi Múzeum Növénytárában már az 1950-es években elkezdődött gombák izolálása. Az akkori tenyésztésgyűjtemény főleg természetbe vonható fajokat tartalmazott, melyeket agar táptalajon, időszakos áttöltéssel tartottak fenn. 1990-ben a munkaigényes és a befertőződés veszélyét is magában hordozó periodikus áttöltések helyett áttértünk a tenyészetek folyékony nitrogénben, -196°C -on történő tárolására. Ezt az időpontot tekintjük a Génbank létrehozásának. Célul tűztük ki a Kárpát-medencében található korhadékbontó gombafajok izolálását és krioprezervációját, különös tekintettel a gyakori, a termesztési vagy egészségvédelmi szempontból fontos, valamint a ritka és a magyarországi védett fajokra.

A Génbankban elhelyezett gombafajok és azok izolátumainak száma gyűjtőmunkánk révén folyamatosan bővül.

Jelenleg 348 szaprotróf gombafaj 1376 izolátumát tartjuk fenn, háromszoros ismétlésben. A fajok makro- és mikromorfológiai bélyegek segítségével történő meghatározása mellett, 2024-ben elkezdtük a Génbankban tárolt gombafajok genetikai, ITS-szekvencia alapú azonosítását is.

A Génbankban elhelyezett, lefagyasztott tenyészetek korlátlan ideig felhasználhatók, mutációktól és fertőzésektől mentesek, biztos genetikai alapot jelentenek az élettani és ökológiai kísérleti munkákhoz, továbbá lehetőséget teremtenek a ritka, veszélyeztetett vagy kihalással fenyegetett gombafajok természetes élőhelyükre való visszatelepítésére is.

Zuzmók DNS-alapú azonosításának lehetőségei a Magyar Természettudományi Múzeum zuzmógyűjteményében

Varga Nóra¹, Lőkös László¹ és Farkas Edit²

¹ Zuzmógyűjtemény, Növénytar, Magyar Természettudományi Múzeum, 1087 Budapest, Könyves Kálmán krt. 40.

² HUN-REN Ökológiai Kutatóközpont, Ökológiai és Botanikai Intézet, 2163 Vácrátót, Alkotmány u. 2-4.

A zuzmókat miniatűr ökoszisztémáknak tekintjük, hiszen többféle rendszertani kategóriába tartozó közösség kölcsönhatása határozza meg és alakítja ki a jellemző megjelenési formájukat. A zuzmótelep fő tömegét alkotó gombapartner obligát módon, néhány kivétellel, csak zuzmó formában él, ezért ezt a komponenst vesszük alapul a rendszertani besoroláshoz. Jelen ismereteink szerint közel 950 zuzmófaj ismert Magyarországról, melyek három kivétellel, a tömlősgombák közé tartoznak.

Molekuláris genetikai azonosításhoz a gombák körében elfogadott, univerzális vonalkódrégiót, az ITS régiót használjuk a zuzmóképző gombák vizsgálatára. A fajok azonosítása, a zuzmóhatározás azonban minden esetben komplex feladat, mert az élőhelyi, kémiai és morfológiai jellemzőket is figyelembe kell venni a genetikai információ mellett. Maga a szekvenciaadat tapasztalataink és a nemzetközi megítélés szerint nem elegendő az azonosításhoz, ám a kriptikus fajok kimutatásának fő módszere.

Vannak olyan csoportok, mint pl. a *Cladonia* nemzetség, ahol az ITS nem minden esetben alkalmas a faji szintű elkülönítésre, erre az RPB2 gén részleges szekvenciája alkalmasabb.

A gombák mellett egyre hangsúlyosabb az algapartner szerepe, de jelen tudásunk szerint ugyanaz az algafaj több gombafajjal is együtt élhet. Azonosításukhoz ITS és RBCL régiók alkalmazhatók.

Az MTM Molekuláris taxonómiai laboratóriumában több zuzmópéldányt vizsgáltunk és azonosítottunk, tehát már rendelkezünk szekvenciákkal. A vizsgálatok leginkább limitáló tényezői a minták kora és állaga, valamint a rendelkezésre álló hiteles szekvencia adatok száma különböző nemzetközi adatbázisokban.

Európai és dél-koreai televényféreg fajok molekuláris taxonómiája

Nagy Hajnalka¹, Felföldi Tamás^{2,3}, Yong Hong⁴,

Dózsa-Farkas Klára⁵

¹ Rákok és egyéb vízi gerinctelenek gyűjteménye, Talajzoológiai gyűjteménycsoport (Gilisztagyűjtemény), Állattár, Magyar Természettudományi Múzeum, 1088 Budapest, Baross utca 13.

² Mikrobiológiai Tanszék, ELTE Eötvös Loránd Tudományegyetem, 1117 Budapest, Pázmány Péter sétány 1/C.

³ Vízi Ökológiai Intézet, HUN-REN Ökológiai Kutatóközpont, 1113 Budapest, Karolina út 29.

⁴ Mezőgazdasági Biológia Tanszék, Jeonbuk Nemzeti Egyetem, Jeonju 54896, Dél-Korea.

⁵ Állatrendszertani és Ökológiai Tanszék, ELTE Eötvös Loránd Tudományegyetem, 1117 Budapest, Pázmány Péter sétány 1/C.

Az enchytraeidák családja a gyűrűsféreg (Annelida) törzsén belül a nyeregképzők (Clitellata) osztályába tartozik. A televényféregek kistestűek, általában fehéres színűek. Az enchytraeidák igen elterjedtek, lényegében bármilyen élettérben előfordulnak, mint például sarkkörü élőhelyek, trópusok, gleccserek által borított hegyek vagy tengerek. Kutatásunk során célul tűztük ki a kevésbé ismert dél-koreai televényféreg fauna feltárását és az európai televényféreg közösség tanulmányozását, különös tekintettel a tudományra nézve új fajok leírására és a fajokon belüli kriptikus diverzitás felfedésére. 16 különböző dél-koreai hegy talajmintáiból izoláltunk televényféregket, továbbá ausztriai és magyarországi mintavételi helyszínek mintáiból is gyűjtöttünk egyedeket. A példányokat a pontos azonosítás érdekében alapos, sok karakterre kiterjedő morfológiai vizsgálatnak vetettük alá, és DNS-alapú molekuláris biológiai módszerek segítségével filogenetikai elemzéseket végeztünk velük. A filogenetikai analízishez a mitokondriális COI gén, a nukleáris H3 gén és a nukleáris ITS régió szekvenciáit használtuk, az új genus-jelölt egyedek esetében a mitokondriális 12S és 16S rRNS gén, valamint a nukleáris 18S és 28S rRNS gén bevonásával egészítettük ki a molekuláris elemzést. A morfológiai és a molekuláris vizsgálatok eredményei alapján 15 új televényféreg fajt írtunk le Dél-Koreából, amelyek kilenc genusba tartoznak. Ezen genusok közül egy újnak bizonyult a tudomány számára, ezt *Decimodrilus*-nak neveztük el. Három új fajt Magyarországról írtunk le, amelyek mindegyike a *Fridericia* genus tagja. 12 olyan fajt találtunk, amelyek a dél-koreai faunára nézve új fajok, ezek egy kivételtől eltekintve Európában is jelen vannak, ahol széles elterjedéssel bírnak. A filogenetikai elemzés eredményei alapján ezen fajok koreai és európai példányai ugyanazon faj képviselői, de sok esetben jelen van bennük a kriptikus genetikai diverzitás.

Kételtűek és hüllők populációgenetikai, filogeográfiai és természetvédelmi célú genetikai és genomikai vizsgálata az MTM Molekuláris Taxonómiai Laboratóriumában 2006 óta

Vörös Judit

Hal-, kételtű- és hüllőgyűjtemény, Állattár, Magyar Természettudományi Múzeum, 1088 Budapest, Baross utca 13.

A Molekuláris Taxonómiai Laboratórium megalakulása óta a hazai kételtű- és hüllőfauna jelentős része valamilyen téma keretében feldolgozásra került múzeumi projektben. Multilókusz vizsgálatok alkalmazásával a Magyarországon előforduló hat farkos kételtűfaj (foltos szalamandra, alpesi gőte, pettyes gőte, tarajos góték) molekuláris taxonómiai, populációgenetikai/genomikai és filogeográfiai vizsgálatát végeztük el kárpát-medencei populációkon, két tudományra vagy faunára új alfajt azonosítva. A farkatlan kételtűek közül hat békafajt vizsgáltunk, filogeográfiai vagy hibridizációs elméleteket tesztelve (vöröshasú és sárgahasú unka, barna varangy, zöldbéka komplex). A Vertebrates Genome Project keretében elkészítettük a barna ásóbéka referenciagenomját. Hüllők közül a mocsári teknős és a lábatlangyík genetikai változatosságát kutattuk a Kárpát-medencében, pontosítva a két lábatlangyík alfaj elterjedését és hibridzónájuk elhelyezkedését. Osztrák-magyar együttműködés keretében genomikai elemzést (ddRADSeq) végeztünk a kaszpi haragossikló teljes eurázsiai elterjedési területén. A vadbefogott és tenyésztett rákosi viperaállományok természetvédelmi célú genetikai elemzése a labor megalakulása óta a múzeum egyik fő kutatási témájának számít. Major Ágnestől átvéve a vadbefogott állományok genetikai vizsgálatának koordinálását, 2022-ben leközlöttük a faj genetikai változatosságáról szerzett ismereteinket. Az ERGA Pilot Project keretében elkészítettük és publikáltuk a rákosi vipera referenciagenomját, és spanyol kutatókkal együttműködésben 16 viperaminta (*Vipera ursinii* és közeloikonai) teljes genom szekvenálásával pontosítottuk ismereteinket a közöttük lévő filogenetikai kapcsolatokról. A múzeumi példányok teljes mitogenomjának elemzésével kihalt populációk genetikai változatosságát tárhattuk fel.

Kifejlesztettük a barlangi vakgőte (*Proteus anguinus*) környezeti

DNS-en (eDNS) alapuló kimutatását, és sikeresen alkalmaztuk horvátországi barlangokból származó vízmintákon. A barlangi vakgőte populációgenetikai jellemzéséhez tíz variábilis mikroszatellita lókuszt fejlesztettünk, és segítségével elemeztünk 4 horvátországi vakgőte állományt.

Leírtuk a kételtűeket pusztító gombabetegség, a kitridiomikózis kórokozóját Magyarországról, Erdélyből, Thaiföldről, és feltérképeztük előfordulását a hazai kételtűfajokon. Sikeresen izoláltuk a hazánkban előforduló kitridgomba-vonalat a Bakonyból származó sárgahasú unkákról, ami hozzájárult a gomba eredetének felderítéséhez.

Denevérszisztematikai és -virologiai kutatások a Magyar Természettudományi Múzeum Molekuláris Taxonómiai Laborjában

Görföl Tamás^{1,2}, Győrössy Dorottya^{2,3} és Csorba Gábor²

¹ *Virologiai Nemzeti Laboratórium, Szentágothai János Kutatóközpont, Pécsi Tudományegyetem, 7624 Pécs, Ifjúság útja 20.*

² *Emlősgyűjtemény, Állattár, Magyar Természettudományi Múzeum, 1088 Budapest, Baross utca 13.*

³ *Biológia Tudományi Doktori Iskola, Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem, 2100 Gödöllő, Páter Károly utca 1.*

Az MTM MTL kiváló alapot nyújt a különböző múzeumi gyűjteményekben folyó molekuláris biológiai vizsgálatok, így az MTM Emlősgyűjteményhez kapcsolódó kutatások végzéséhez is. A denevérszisztematikai kutatásoknak ma már szinte elengedhetetlen részét képezik a genetikai vizsgálatok, új fajok leírása, taxonómiai revíziók csak különleges esetekben publikálhatók névszavakban ilyen eredmények nélkül.

Az Emlősgyűjtemény több tucat publikációja közül kiemelünk néhány példát, melyekhez a laboratóriumban végeztük a genetikai vizsgálatokat: először közöltünk szekvenciákat a Délkelet-Ázsiában előforduló *Hypsugo macrotis* denevérfajból, filogenetikai elemzéseket végeztünk az általunk leírt *Hypsugo dolichodon* denevér és rokonai körében, elemeztük az újonnan leírt *Glischropus bucephalus* filogenetikai viszonyait, integratív taxonómiai módszerekkel tisztáztuk a *Falsistrellus* nemzetség egyes tagjainak hovatartozását, illetve elkülönítettünk és leírtunk egy új denevérnemzetséget.

A denevérek igen érdekes vírusok rezervoárjai, ezért a virológusok célkeresztjébe kerültek. A vírusok gazdáiként nagyon fontos filogenetikai és filogeográfiai kérdések is felmerülnek, melyek tisztázására szintén számos lehetőség nyílik a laboratóriumban.

Természetesen az MTL nagy segítséget jelent az expedícióink eredményeként és nemzetközi együttműködések során az Emlősgyűjteménybe bekerülő emlőspéldányok és minták azonosításában is. Az MTM MTL keretében működik a Genetikai Erőforrások Gyűjteménye, mely a Kárpát-medence élővilágát tekintve a legnagyobb lefedettségű mintagyűjteménynek számít. A gyűjtemény néhány állat- és növénycsoportot tekintve világszinten is kiemelkedő fontosságú.

Genetikai kutatások az MTL-ben, különös tekintettel a denevérekre

Győrössy Dorottya^{1,2}, Görföl Tamás^{2,3} és Csorba Gábor²

1 Biológia Tudományi Doktori Iskola, Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem, 2100 Gödöllő, Péter Károly utca 1.

2 Emlősgyűjtemény, Állattár, Magyar Természettudományi Múzeum, 1088 Budapest, Baross utca 13.

3 Virologiai Nemzeti Laboratórium, Szentágotthai János Kutatóközpont, Pécsi Tudományegyetem, 7624 Pécs, Ifjúság útja 20.

A genetikai kutatások rohamos fejlődése alapvetően átalakítja a tudományos szférát és számos területen megjelenik a genetikai módszerek alkalmazása, különböző szinteken. Az elmúlt évek során a Molekuláris Taxonómiai Laboratóriumban genetikai kutatásokat végeztünk, melyek közül néhány kiemelkedő fontosságút szeretnénk bemutatni. Az Emlősgyűjtemény fejlesztése során a barcoding alapú fajazonosítási módszert alkalmaztuk, mely lehetővé teszi a nem meghatározott, vagy bizonytalan emlős fajok azonosítását. Ugyancsak ezzel a módszerrel azonosítottunk vietnámi denevéreket is, és így a hozzájuk kapcsolódó hangokat hozzá tudtuk rendelni egy-egy biztosan meghatározott fajhoz. Ennek eredményeként létrejött az egyik legátfogóbb, trópusi denevéreket érintő hangadatbázis, mely segít a denevérek hang alapú fajhatározásában a biodiverzitás krízis által egyik leginkább érintett trópusi területen. Populációgenetikai vizsgálatokat is végeztünk a laboratóriumban mikroszatellita lókuszek alapján.

Ez a kutatás a fokozottan védett hosszúszárnyú denevér (*Miniopterus schreibersii*) hazai és környező országok közötti populációs kapcsolatait célozta meg egy vírusfertőzés potenciális terjedési útvonalai után kutatva. Ezeken kívül részt veszek különböző filogenetikai vizsgálatokban is, melyek során mitokondriális és/vagy nukleáris markerek segítségével vizsgáljuk a fajok közötti evolúciós kapcsolatokat. Az egyik ilyen kutatás célja a Megadermatidae (Álvámpírok) család egyik alfajának faji rangra való emelése, melyet összehasonlító morfológiai vizsgálatok, sokváltozós statisztikai elemzések és filogenetikai fa rekonstrukció támaszt alá. A másik jelentős kutatás pedig a *Myotis sicarius* denevérfajhoz és a „taxonómia szürke zónájához” kapcsolódik, ahol kiemeljük a mitokondriális és nukleáris markerek együttes használatának kulcsfontosságú szerepét a taxonómiai-szisztematikai kutatásokban. A kutatómunka mellett a Genetikai Erőforrások Gyűjteményét is kezeltem, illetve gyarapítottam az elmúlt pár évben. Kidolgoztam, majd a kollégákkal megosztottam egy gyűjtési és tárolási protokollt. A gyűjtemények közötti együttműködésnek köszönhetően közel 33.000-re nőtt a genetikai minták száma, melyek az MTL-ben vannak tárolva -80°C-on. Az ilyen méretű génbankoknak nélkülözhetetlen szerepe van a jövőbeni kutatásokban, hiszen ezek a genetikai források biztosítják az alapanyagot a további genetikai és molekuláris biológiai vizsgálatokhoz, elősegítve ezzel az innovációt és az új felfedezéseket a tudományos közösség számára.

Magyarországi hörcsög állományok konzerváció genomikai vizsgálata

Szatmári Lajos¹, Nyíri Virág², Sramkó Gábor^{2,3}

és Cserkész Tamás¹

¹ Emlősgyűjtemény, Állattár, Magyar Természettudományi Múzeum, 1088 Budapest, Baross utca 13.

² Debreceni Egyetem TTK Növénytan Tanszék, Evolúciós Genomikai Kutatócsoport, 4032 Debrecen Egyetem tér 1.

³ HUN-REN-UD Természetvédelmi Biológiai Kutatócsoport, 4032 Debrecen Egyetem tér 1.

A mezei hörcsög 2020-ban nem veszélyeztetett kategóriából a kritikusan veszélyeztetett kategóriába sorolódott át az IUCN értékelése szerint. A 2020-ban még stabilnak tűnő magyarországi hörcsög állomány is gyors ütemű csökkenésnek indult az utóbbi években. Egyedül a kisalföldi populációt jellemezi stagnáló-növekvő állománydinamika. Ezért a hörcsög védelme érdekében genomikai kutatások váltak szükségessé. A kutatásokhoz szükséges mintaanyag gyűjtése érdekében 2023-ban gyakorlatilag az összes ismert hazai populációt megmintáztuk. Ennek eredményeként közel kétszáz minta gyűlt össze. Ezen túlmenően a Bécsi Természettudományi Múzeumból és a Cseh Genetikai Szövetmintatárból is kaptunk minta anyagot, míg szerb, román, cseh és orosz kutatókollégák közreműködésével közel ötven további mintát szereztünk be. A hazai hörcsög populáció genetikai szerkezetének feltárása érdekében csökkentett genomreprezentálású (RAD-seq) technikán alapuló vizsgálatot végeztünk. Az első szekvenáló könyvtárban 82 egyed genetikai anyagát olvastuk le. Elsődleges elemzések szerint a Duna két részre osztja a hazai populációt. Az alföldi area részen egy dél-észak irányú terjedés rajzolódik ki, kikerülve a Kiskunság homokos talajú területeit. Az egyes állományokra jellemző heterozigótasági mutatók egyöntetűen alacsonynak adódtak, az adott populációra jellemző állománydinamikától függetlenül. A továbbiakban tervezzük még egy szekvenáló könyvtár összeállítását, egy alacsony olvasási mélységű úgynevezett újraszekvenálási könyvtár összeállítását, valamint folyamatban van egy, a Pannon leszármazási vonalba tartozó egyed referencia szintű teljes genom összeállítása.

A magyar szöcskeegérhez kapcsolódó genetikai és genomikai hazai kutatások

Sramkó Gábor^{1,2} és Cserkész Tamás³

¹ Debreceni Egyetem TTK Növénytan Tanszék, Evolúciós Genomikai Kutatócsoport, 4032 Debrecen Egyetem tér 1.

² HUN-REN-UD Természetvédelmi Biológiai Kutatócsoport, 4032 Debrecen Egyetem tér 1.

³ Emlősgyűjtemény, Állattár, Magyar Természettudományi Múzeum, 1088 Budapest, Baross utca 13.

A magyar szöcskeegér genetikai kutatása a 2000-es évek elejére nyúlik vissza. Ekkor határoztuk meg – az újra felfedezett erdélyi állománnyal együtt – a borsodi állomány mitokondriális DNS-alapú filogenetikai pozícióját. Már ekkor sejthető volt, hogy egy különálló taxonról van szó, amelyet később a teljes nukleáris citokróm-B gén és IRBP-gén szekvenciák alapján sikerült bizonyítanunk, miután a teljes rokonsági kört lefedő mintákat gyűjtöttünk eurázsiai expedíciók során. Ezzel párhuzamosan a Bükki Nemzeti Park Igazgatóság támogatásával mikroszatelliteket fejlesztettünk erre a fajra, amelyekkel sikerült feltárni a borsodi-mezőségi állomány alapvető konzervációgenetikai tulajdonságait. Ez alapján a magyar szöcskeegér genetikai diverzitása alacsony, de nem katasztrófálisan alacsony; inkább a középmezőnybe tartozik. Sajnos a mikrosatellitek nem adtak kellő felbontást a borsodi populáción belüli genetikai struktúra feltárásához. Részben ezért is kezdtünk genomi szintű vizsgálatokba. A genomi vizsgálatok a 2010-es évek végére datálódnak. Először egy csökkentett genomreprezentálású megközelítéssel, RADseq-el végeztük el az utolsó ismert borsodi populáció populációgenetikai, illetve -genomikai szerkezetének feltárását. Az adatokból megállapítottuk, hogy egy nagy, a teljes területre kiterjedő populációt látunk. Itt már a szubpopulációk között is találtunk genetikai különbségeket (azaz láttunk némi földrajzi izolációt a területen keresztül folyó csatorna két oldalán), ezek azonban nem voltak statisztikai értelemben szignifikáns különbségek. A csökkentett genomreprezentálású megközelítés magabiztosságát nagyban javítja, ha referencia genomot használunk az elemzések során. Részben ez, részben pedig a veszélyeztetett faj genomjának megismerésének szükségessége vezetett a magyar szöcskeegér teljes genomjának összeszereléséhez.

Ezt első körben a Magyar Természettudományi Múzeumban futó LIFE projekt támogatásával, Illumina szekvenciák alapján, úgynevezett rövid olvasatókból raktuk össze. Ez lehetővé tette a teljes mitokondriális genom magas minőségű összeszerelését, de – a genom szerkezetéből adódóan – a kapott referencia genom meglehetősen fragmentált volt. Éppen ezért szükségét éreztük további genetikai adatgenerálásának a teljes genom magasabb minőségű összeszereléséhez. A sejtmagi genom kevésbé fragmentált összeszerelésére elsősorban Oxford Nanopore cég által gyártott szekvenátoron előállított hosszú olvasatok segítségével próbálkoztunk. A Debreceni Egyetem által támogatott hosszú olvasatokat generáló kísérletek sikeresen zárultak, mert jelentősen javult az összeszerelt genom fragmentáltsága, tehát kevésbé fragmentált genomot kaptunk ezen kísérletek után. Mindazonáltal további hosszú olvashatók hozzáadására van szükség ahhoz, hogy egy úgynevezett magas minőségű referencia genomot kapjunk. Ez jelenleg folyamatban van, az ilyen irányú kutatást a Biodiversity Genomics Europe konzorcium támogatja.

Humán archeogenetikai kutatások módszertana

Neparáczi Endre

Magyar Természettudományi Múzeum, 1083 Budapest, Ludovika tér 2-6.

Az emberiség régóta foglalkozik a múlt megismerésével és az evolúcióval kapcsolatos titkok feltárásával. Az evolúcióbiológia születése előtt a kutatás főként morfológiai elemzésekre összpontosított. Az 1980-as évektől az archeogenetika megjelenése új lehetőségeket nyitott a múltbeli események feltárására. Az ásatag DNS vizsgálata, mely 1984-ben kezdődött, forradalmasította a kutatást, lehetővé téve közvetlen bizonyítékok szerzését az evolúciós eseményekről. A PCR és más molekuláris biológiai eszközök fejlődése további lendületet adott az ásatag DNS vizsgálatoknak, lehetővé téve a nagyobb mennyiségű és jobb minőségű adatok előállítását.

Az archaikus DNS kutatása multidiszciplináris megközelítést igényel, és számos tudományágat érint, beleértve a régészetet, az antropológiát és a genetikát. Újabban a vizsgálatok az archaikus genom teljes körű elemzésére összpontosítanak, ami új területként a paleogenomikának vagy archeogenomikának nevezett.

Az egykor élt egyén örökítőanyagának vizsgálata lehetővé teszi az egyén rokonsági kapcsolatainak pontos rekonstrukcióját, mely fontos szerepet játszhat a személyazonosítás esetén. Az archaikus és ma élő népeiségek populációgenetikai vizsgálata során pedig az öröklődő genetikai változatosságot tanulmányozzuk ezekben a csoportokban, azért hogy feltárjuk a közös őssökkel való kapcsolatokat és az evolúciós folyamatokat. Az ilyen vizsgálatok segítenek megérteni az emberi faj sokszínűségét, migrációs mintáit és az egyes csoportok közötti genetikai kapcsolatokat.

A mikroarray típusú szekvenálás felhasználási területei

Neparáczi Endre

Geneo Services Kft., 1045 Budapest, Berlini utca 47-49.

Napjainkban számos DNS-szekvenálási módszer terjedt el, melyek lehetővé teszik az organizmusok genetikai információjának gyors és olcsó meghatározását. Ezek az új generációs szekvenálási technikák radikálisan különböznek a hagyományos Sanger-szekvenálástól, mivel nagy mennyiségű DNS-mintával dolgoznak, és lehetővé teszik a nagy skálájú genomikai vizsgálatokat.

A mikroarray típusú szekvenálás egy hatékony és gyors módszer, amelyben a DNS-minták felületre kikötve kerülnek vizsgálatra. Ez a technika különösen jól alkalmazható humán populációgenetikai vizsgálatokban, betegségek kockázatának meghatározásában, farmakogenetikai analízisekben, agrogenomikai kutatásokban és mikrobiológiai fajok jelenlétének kimutatásában.

A Geneo Services Kft. az örökítőanyagban rejlő egyéni változatosság meghatározására specializálódott mikroarray technológiával. A vállalkozás együttműködik a Magyar Természettudományi Múzeum Molekuláris Taxonómiai laborjával. Előadásom célja, hogy a jövőben projekt szintű együttműködések alakítsunk ki annak érdekében, hogy a piaci alapú szolgáltatásokon felül, aktívan hozzájáruljon a Geneo tudományos kutatásokhoz és fejlesztésekhez is.