

## A SÜLLŐ (*Sander lucioperca*) POPULÁCIÓGENETIKAI VIZSGÁLATA MIKROSZETALLIT MARKEREKKEL

Kánainé Sipos Dóra<sup>1,2</sup>, Bakos Katalin<sup>1,2</sup>, Szücs Réka<sup>3</sup>, Bercsényi Miklós<sup>3</sup>,  
Urbányi Béla<sup>1</sup>, Kovács Balázs<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup> Szent István Egyetem, Mezőgazdaság- és Környezettudományi Kar; Környezet-  
és Tájgazdálkodási Intézet; Halgazdálkodási Tanszék, Gödöllő

<sup>2</sup> Szent István Egyetem Környezetipari Regionális Egyetemi Tudásközpont,  
Gödöllő

<sup>3</sup> Pannon Egyetem, Georgikon Kar, Állattudományi és Állattenyésztési  
Tanszék, Keszthely

### Kivonat

A süllő (*Sander lucioperca*) nem csupán hazánkban, hanem egész Európában elterjedt, kedvelt étkezési és sport hal. Mivel a természetes szaporulat, valamint a tógazdasági tenyésztés nem tudja a fogyasztói igényeket kielégíteni, ezért Európa-szerte folynak olyan kutatások, amelyek célja a faj intenzív tenyésztési technológiájának hatékonyabbá tétele és a termelés folyamatosságának biztosítása. Ennek részét képezi a faj genetikai hátterének megismerése, annak vizsgálatára, nyomon követésére alkalmas genetikai markerek kifejlesztése.

Ezért munkánk során 24 új mikroszatellit markert fejlesztettünk ki, melyek közül tízzel 3 természetes és 1 tenyésztett állomány populációgenetikai analízisét végeztük el. A vizsgálandó egyedekből származó szövetminták Németországból a Duna felső szakaszáról (Ge), a Balatonból (HuB), Dalmandról (HuD), valamint Romániából a Duna torkolatából (Ro) származnak.

Összesen 168 egyedet vizsgáltunk. A 4 populáció várt heterozigotitás értékei 0,3778 - 0,5118-ig terjedtek, a megfigyelt heterozigotitás értékei pedig 0,3698 - 0,4903 között alakultak. A legmagasabb átlagos allélgazdagságot a Ro populációban figyeltük meg ( $Ar_{mean} = 3,998$ ), de HuB és a HuD populációk is hasonlóan magas allélgazdagsággal rendelkeznek. A 4 populáció együttes vizsgálatából a Weir és Cockerham szerinti Fst érték 0,2073, ami a 4 populáció jelentős differenciáltságára utal. Ugyanezt a paramétert páronként vizsgálva a legnagyobb differenciáltság a Ge és a HuB populációk között van (Pairwise Fst = 0,3037), azonban a legnagyobb Nei-féle genetikai távolságot a Ge és a Ro populációk között tapasztaltuk ( $Da_{Nei} = 0,3466$ ), ahogyan a földrajzi távolság is ezek között a populációk között a legnagyobb.

A kifejlesztett genetikai markerek a populációgenetikai analízisen túl más célokra is felhasználhatóak, mint például származás-ellenőrzésre, vagy egyedi azonosításra, de alkalmasak tenyésztési és szelekciós programok ellenőrzésére is.

A munka OTKA (PD 79177), TÁMOP-4.2.2.B-10/1-2010-0011 és Bolyai pályázatok támogatásával készült.