

Bokán Kata: Genetika, beadandó dolgozat

Meglepően magas faji diverzitás a madagaszkári egérmakik (*Microcebus*) között

Morfológiai vizsgálatok, valamint az azonos területen élő állatok közti reprodukív izoláció alapján sikerült 5 új egérmaki fajt elkülöníteni, pontosabban 3 új fajt írtak le, és 2 fajt visszavontak a szinonimából. Ezzel megduplázódott az eddig elismert egérmakik fajszáma. Az itt bemutatott molekuláris adatok és filogenetikai analízis igazolja fenti új rendszertani elkülönítést, és a fajok leszármazási viszonyait történeti kontextusba is helyezi.

Az egérmaki családok feltűnő regionális endemizmust mutatnak, ezért is fontos a vizsgálat, hiszen a fokozott erdőirtás miatt 1-1 megszünte egyúttal akár egy alfaj eltűnését is jelentheti.

Egy új faj definíciója morfológiai, történeti, biológiai alapokon nyugszik. Viselkedésbeli, ökológiai, geográfiai akadályok együtt és külön-külön is eredményezhetnek genetikai izolációt, mely új faj keletkezéséhez vezethet. Így tehát szinte lehetetlen stabil fajfogalmat alkotni, és biztosan megállapítani, mikortól beszélhetünk már egy új fajról.

Ezidáig ezek a fajok a legkevésbé veszélyeztetettek közt voltak számontartva széles elterjedési körük miatt, és mert könnyen alkalmazkodnak a másodlagos vegetációhoz. Az IUCN (International Union for the Conservation of Nature) sem sorolja az egérmakikat a közvetlenül védendő fajok közé. Azonban ezek a besorolások a korábbi taxonómiai besorolást vették alapul, míg az új fajokkal kapcsolatban a helyzet már távolról sem ilyen megnyugtató. Ez a cikk azt támasztja alá, hogy az eddig ismerteknél több faj van, ám jóval szűkebb elterjedésűek és veszélyeztetettebbek, mint azt korábban gondolták.

Vizsgálati módszerek

Afaji hovatartozás miatt a kutatók először kikészített bőröket vizsgáltak morfológiai alapon (méret, alak, szín), és elkülönítették az alábbi három fajt (*M. tavaratra*, *M. sambiranensis*, *M. berthae*), illetve két további fajt különválasztottak a korábbi szinonimából (*M. myaxinus*, *M. griseorofus*). 34 állatnál vizsgálták a fogat, koponyát, szőrzetet, színezettséget, és további külső morfológiai jegyeket. Ezen kívül élő szövetből (máj, lép, vese) vettek DNS mintákat a vizsgálatokhoz. Ezekből kivonták a genomi DNSt, PCRrel sokszorosították a mintát, majd gél-elektroforézissel futatták.

Kezdetben azt a null-hipotézist választották, hogy a faj teljesen homogén. Ennek megfelelően egy mitokondriális DNS markert választottak, mely nagy valószínűséggel az intraspecifikus szintű genetikai variációt mutatja ki. Ehhez az emberi hipervariábilis (HV1) régióhoz megfelelő 500 bázispárból álló mitokondriális szakaszt választották ki, és ezt 116 egyedben szekvenálták. A megvizsgált minták genetikai variációja olyan fát eredményezett, melynek belső ágai olyan rövidek, hogy ezzel nem lehetett a keleti és nyugati populációk közti szétválást bizonyítani. Hogy hosszabb ágú fát kapjanak, újra mintát vettek, de ezúttal a szekvenáláshoz a citochrom oxidáz 2-t és a citochrom B-t használták, mivel ezek sokkal konzervatívabb fehérjék, nem mutatnak olyan variabilitást, mint a HV1.

Eredmények

A kapott adatokat többváltozós analízisekkel, diszkriminancia analízissel elemezték. Ez az analízis magában alkalmas morfológiai elkülönítésre, de nem ad történeti hátteret.

A megfelelő variábilis genetikai adatok filogenetikai analízisével megállapítható a faj keletkezéstörténete. AHV1 szekvenciákat analizálva 9 jól elkülöníthető csoportot - kládot - kapunk. AHV1, CO2 és citochrom B szekvenciák együttes analízisével ugyanúgy szignifikánsan elkülönül ez a 9 csoport. Ezek a kládok megegyeznek a morfológiai adatok többváltozós elemzéseiből kapott eredményekkel, pont úgy, ahogy ezt a biológiai fajkonceptió alapján elvárhatjuk. Tehát még azok a fajok is, melyek morfológiailag jobban hasonlítanak egymáshoz, filogenetikailag elég távol helyezkednek el egymástól.

A kombinált mitokondriális analízis (HV1, CO2, Cit B) alapján két fő klád különíthető el. Ez azért meglepőbb, mert a két fő ág egymáshoz közeli területről származik, és ez idáig egy fajként (Rufus) volt számontartva. Ugyanakkor közeli rokonságot mutat két, egymástól földrajzilag távol eső csoport (Kirindy, Mamamy).

A synpatrikusan (egy területen) előforduló populációk a génáramlás reprodukív gátját jelzik. Ez egybeesik azzal a már régóta dokumentált ténnyel, hogy a két faj nem szaporodik egymás közt. Ennek oka lehet az is, hogy bizonyos hímek pázás előtt használt hangja eltérő még morfológiailag és genetikailag homogén csapatokon belül is.

Az első izolációs tényezők a geológiai, környezeti tényezők lehetnek. Ez genetikai adatokkal is vizsgálható, ehhez a két ág közötti evolúciós ráta konzisztens kell, hogy legyen, és szükséges egy megbízható fosszilis lelet a kalibrációhoz. Ez a tanulmány az első kritériumnak megfelel, de a megfelelő fosszila hiányzik, mivel Madagaszkáron a feltételezett izolációs időszakból nem származik gerinces fosszília. Ebben az esetben egy

külső, jól kalibrált csoportot vonnak be az analízisbe, melynek jól ismert a fossziliája. Jelen esetben ez egy Eulemur faj volt. Ez alapján sikerült felállítani a 3. ábrán látható törzsfát, melyen már az elágazások ideje is jól kalibrálható.

A kapott adatokat rávetítve Madagaszkár térképére tovább lehetett vizsgálni, hogy igaz-e az a hipotézis, mely szerint különbség van a keleti nedves és a nyugati száraz területekhez adaptálódott makik közt. Azt várhatnánk, hogy a jelenlegi körülményeknek megfelelően történt az izoláció, de valójában egy régebbi időszakban, más környezethez alkalmazkodva történt a szétválás.

Az itt bemutatott filogenetikai analízis rávilágít az egérmakik erős lokális endemizmus mintázatára. Ebből következően néhány fajra jobban nehezedik a kihalás veszélye, mint ezelőtt ezt gondolták. Helyi szinten történő tarvágás nem csupán populációkat, hanem fajokat veszélyeztet a kihalással.