



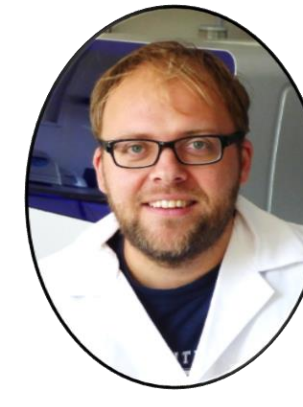
Márton Orsolya^{1,2}



Dr. Bálint Miklós²



Dr. Martin Jansen²



Dr. Carsten Nowak²



Claudia Wittwer²



Berardino Cocchiararo²

¹MTA ATK Talajtani és Agrokémiai Intézet, ²Senckenberg Research Institute and Natural History Museum Frankfurt
✉ marion.orsolya@agrar.mta.hu

B
E
V
E
Z
E
T
É
S

Az 1966-tól vetített Star Trek sorozat egyik jelenetében Spock egy Tricorder nevű készülékkel térképezi fel egy addig ismeretlen bolygó élőhelyeit. A szerzők keveset sejtettek arról, hogy a sci-fi technológián alapuló módszer, úgy is mint egy élőhely vizsgálata és leírása az ott megtalálható, sokszor „láthatatlan” élőlények által hátrahagyott molekuláris nyomok alapján, 50 év elteltével valóságosá válik.



Környezeti DNS marker gén vizsgálatával **nagy területen, sűrű mintavételezéssel és standardizálható módon** válnak nyomon követhetővé különböző élőhelyek állapotában, biodiverzitásában bekövetkező változások.

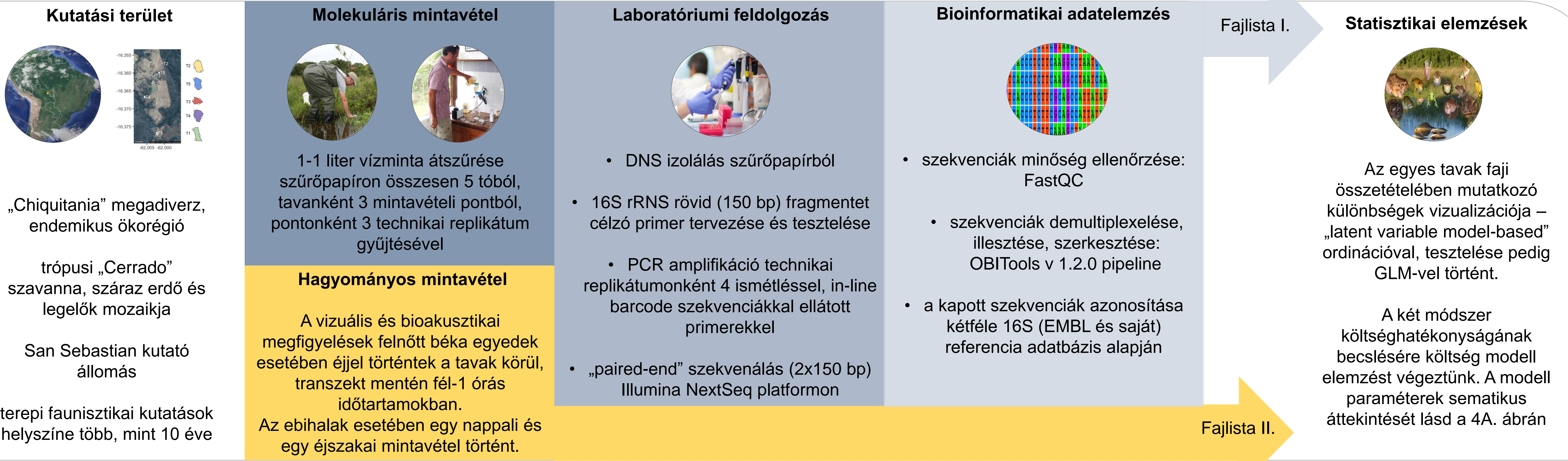
Jelen kutatásban trópusi száraz erdei kétélű közösség felmérését végeztük **nem invazív, molekuláris („eDNA metabarcoding”) és hagyományos** (vizuális megfigyelés és bioakusztika) **adatgyűjtési módszerekkel** Bolíviában.

① **környezeti DNS** (environmental DNA, eDNA): élőlények kultakarója, kiválasztószerve stb. által azok környezetébe (pl. víz, talaj) kibocsátott, erősen degradált, fragmentált DNS molekula keverék, melynek kinyerésével adott fajok jelenléte közvetett módon, azok észlelése nélkül is detektálhatóvá válik.

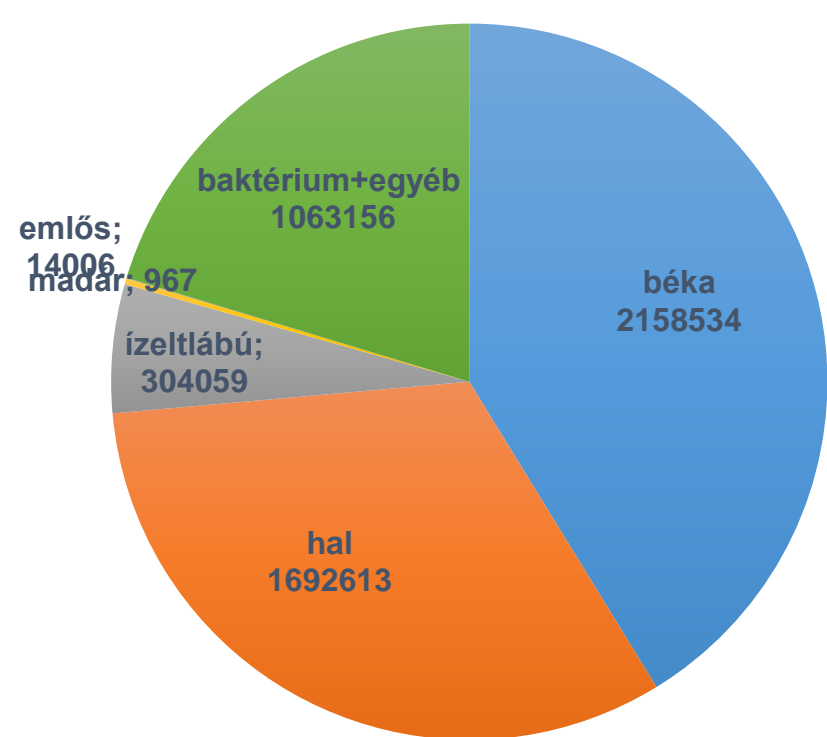
Főbb **kérdéseink** a következők voltak:

- alkalmas-e a molekuláris módszer megbízható faunisztikai adatok generálására?
- a kétféle módszerrel kinyerhető adatok kiegészítik vagy helyettesítik egymást?
- milyen körülmények között költséghatékonyabb egy adott módszer?

A
N
Y
A
G
É
S
M
Ó
D
S
Z
E
R



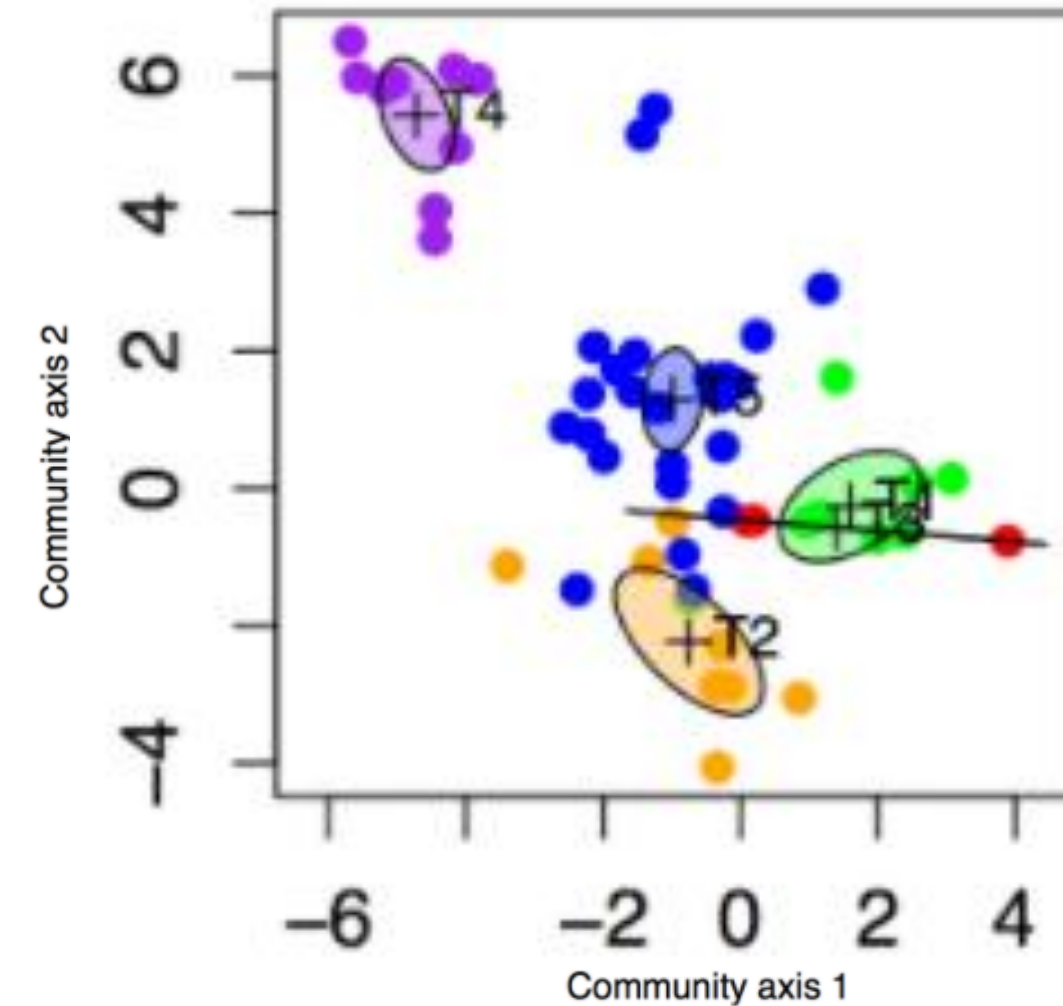
E
R
E
D
M
É
N
Y
E
K
É
S
É
R
T
É
K
E
L
É
S



1. ábra – A szekvenálás során kapott szekvencia read-ek számának megoszlása nagyobb élőlénycsoportok között

A szekvenálás eredményeként 12,7 millió szekvencia read-et kaptunk. A bioinformatikai feldolgozás után ebből 5,8 millió szekvenciát használtunk taxonómiai azonosításhoz.

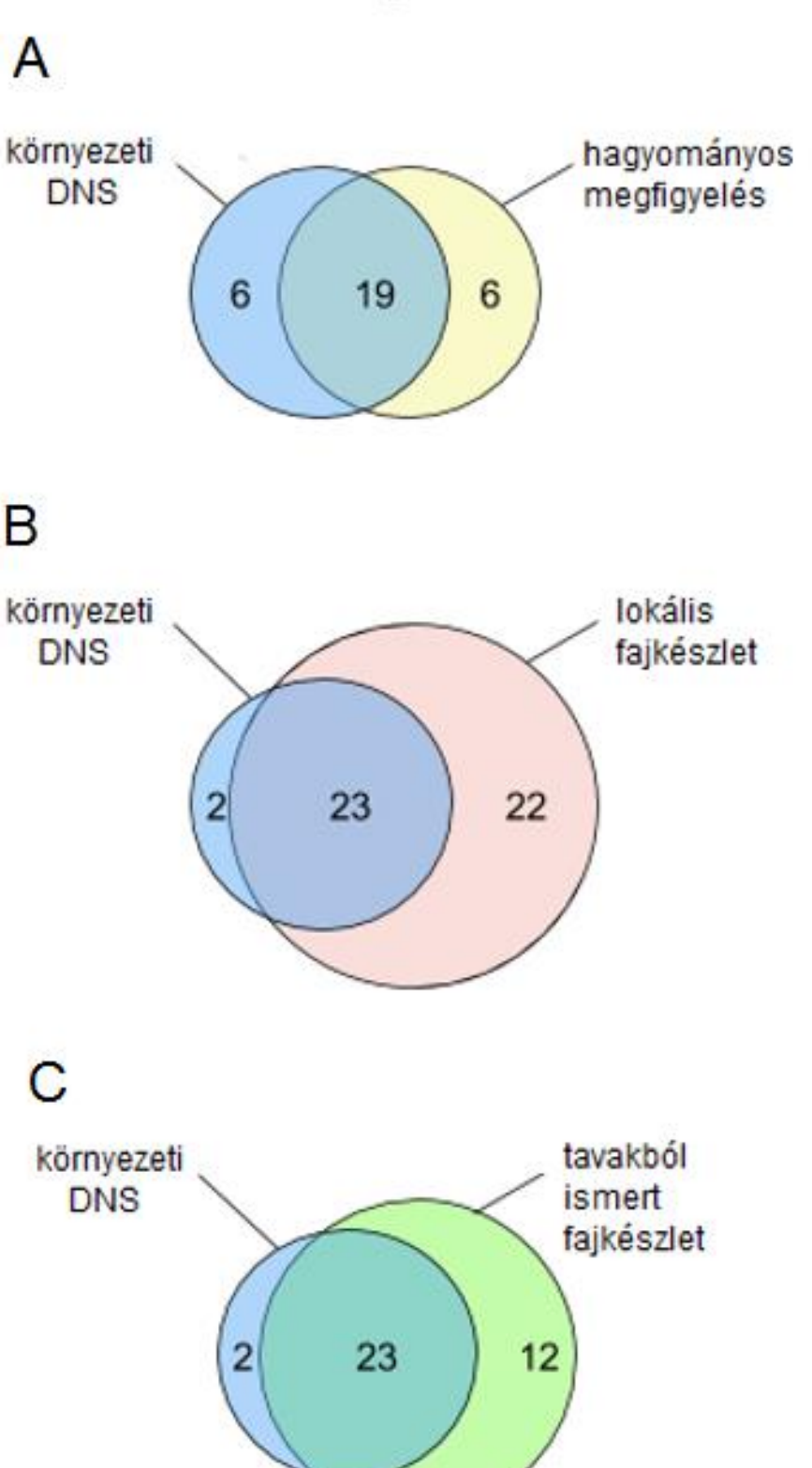
Az 1. ábrán látható, hogy még egy ilyen rövid marker gén használatával is, a **kétélű közösségen túl számtalan, az adott élőhelyen előforduló, nem célzott taxon azonosítására is volt lehetőség.**



3. ábra – A tavakból vett minták ordinációja a fajok szekvencia számai alapján

Az azonos tavakból gyűjtött mintavételi pontokból származó szekvencia adatok változatosan alakultak, így a mintavételi ismétlések száma, ill. annak mélysége igazoltnak látszik az adott élőhely reprezentatív jellemzéséhez.

Az egyes tavak béka közösségei összetételükben szignifikánsan elkülönülnek egymástól (kivéve T1 és T3 tavakat, 3. ábra), így a módszer nem csupán a közösség jellemzésére alkalmas, hanem **jelzéseket adhat a háttérben ható, a közösség szerkezetét alakító folyamatokról is.**



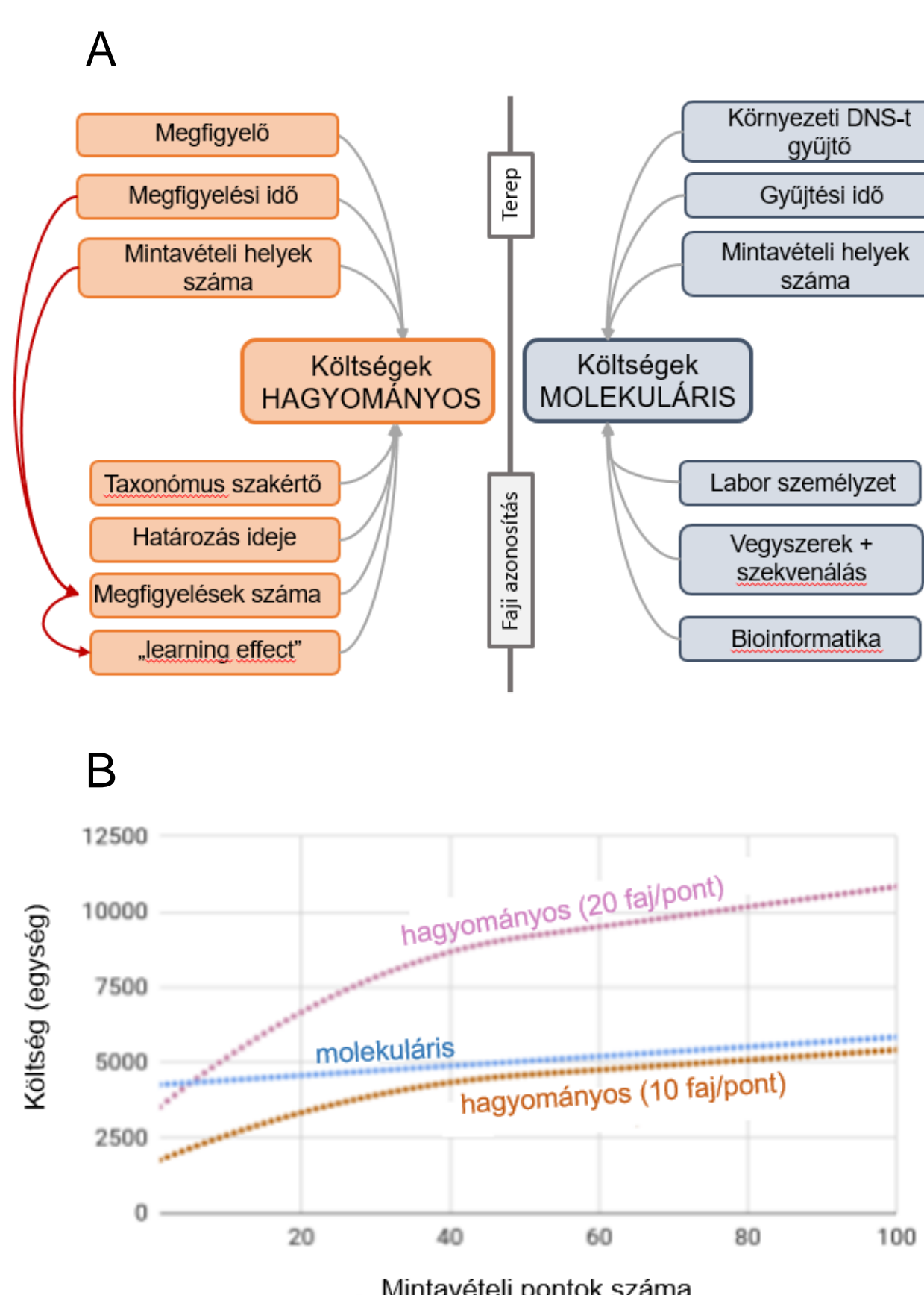
2. ábra – A különböző módszerekkel kapott fajszámok összehasonlítása

A molekuláris módszer egyszeri mintavétellel képes volt a **lokális fajkészlet több, mint felét, ill. a tavakból ismert fajok több, mint 2/3-át kimutatni** (2B, C ábra).

Az „elszalasztott” fajok (2A ábra) detektálásának nem technikai korlátai voltak, a „sikertelenség” ezen fajok speciális életmenet ill. élőhelyhasználati jellegzetességeiből fakadt (pl. föld alatti habfészkek építés, vízzel való ritka érintkezés, már lecsengett szaporodási időszak).

6 fajról csak környezeti DNS útján szereztünk információt, ezek feltehetően kis egyedszámban, csak ebihal formájában voltak jelen és/vagy nem mutattak akusztikus aktivitást.

A legtöbb itt vizsgált faj IUCN szerinti besorolása kérdéses a nemrégiben tisztázott rendszertani státuszuk ill. a hiányos elterjedési adataik miatt. A környezeti DNS módszere a jövőben megbízható adatokat szolgáltatathat hasonlóan diverz, de viszonylag ismeretlen fajközösségekről.



4. ábra – Költségmodell elemzés sematikus ábrája a vizsgált paraméterekkel (A), összehasonlító költségelemzés a molekuláris és 2-féle lehetséges hagyományos módszer között (B)

Fontos különbség a két módszer között, hogy míg a **hagyományos módszer költségei a mintavételi helyek számától és a fajszámtól is függenek** (minden fajról felvétel készül), addig a **molekuláris módszer esetében ez csak a mintavételi pontok számának függvénye** (4B ábra).

Néhány mintavételi pont esetében a hagyományos módszernek alacsonyok a kezdeti költségei, a pontok számának növelésével viszont meredek emelkedés látható addig, amíg az adott fajcsoportot vizsgáló taxonómus gyakorlottá nem válik a regionális fauna határozásában. Ezzel szemben a molekuláris módszer bekerülési költsége viszonylag magas, viszont ez esetben a mintavételi pontok számának növekedéséhez képest a költségek emelkedése elhanyagolhatóan mondható.

Fajgazdag régiókban, magas minta elemszám gyűjtése esetében a molekuláris módszer költséghatékonyabbnak bizonyul a hagyományos módszerrel szemben.

