

# Animal welfare, etológia és tartástechnológia



## Animal welfare, ethology and housing systems

Volume 7

Issue 4

Különszám

Gödöllő  
2011



## RAGADOZÓ HALFAJOK GENETIKAI VARIABILITÁS VIZSGÁLATÁNAK MEGALAPOZÁSA

*Kánainé Sipos Dóra<sup>1,2</sup>, Bakos Katalin<sup>1,2</sup>, Müller Tamás<sup>1</sup>, Urbányi Béla<sup>1,2</sup>, Kovács Balázs<sup>1,2</sup>*

<sup>1</sup>Szent István Egyetem, Mezőgazdaság- és Környezettudományi Kar; Környezet- és Tájgazdálkodási Intézet; Halgazdálkodási Tanszék, 2100 Gödöllő, Páter Károly u. 1.

<sup>2</sup>Szent István Egyetem Környezetipari Regionális Egyetemi Tudásközpont, 2100 Gödöllő, Páter Károly u. 1.  
[Kanai.Dora@mkk.szie.hu](mailto:Kanai.Dora@mkk.szie.hu)

### Összefoglalás

Magyarországon a ragadozó halfajok egyre inkább keresettek értékes és ízletes húsuiknak köszönhetően. Meghatározó halfaj az afrikai harcsa, amely jelenleg is több mint 90%-át adja az intenzív termelésnek. A főként tógazdasági haltermelésből származó egyéb ragadozók jelentősége és előállított mennyisége szintén növekedésnek indult - nemcsak hazánkban, de külföldön is. Ennek köszönhetően a közeljövőben várhatóak olyan nemesítési, „fajta” és hibrid előállítási programok, amelyek tovább növelik a termelést. Genetikai információk azonban csak nagyon csekély mennyiségben állnak rendelkezésre ezekről a fajokról.

Munkánk célja olyan genetikai markerek - mikroszatellitok - fejlesztése afrikai harcsából (*Clarias gariepinus*), süllőből (*Sander lucioperca*) és sügérből (*Perca fluviatilis*), melyek segítségével megismerhető a hiányzó genetikai háttér. Ezek a lókuszok felhasználhatók populáció vizsgálatokra, géntérkép készítésére, egyedek azonosításra, szülő-utód kapcsolatok igazolásra, vagy nagyhatású kromoszóma régiók azonosítására (QTL) tenyésztési és nemesítési, valamint szelekciós programokban egyaránt.

A kutatáshoz szükséges szövetmintákat afrikai harcsa esetén tenyésztett egyedekből, süllő esetén a Balatonból, a sügér mintákat Dunaföldvárról gyűjtöttük. Mindhárom faj genomialis DNS-éből ismétlődésben dúsított könyvtárakat hoztunk létre Glenn és Schable (2005) módszerének módosított változatával. A genomialis könyvtárakból eddig összesen 645 klónt vizsgáltunk, amelyből 351 inszert szekvenciáját határoztuk meg. Ezek között 321 különböző mikroszatellit szekvenciát találtunk. Eddig az afrikai harcsából 8, süllőből 4 új mikroszatellit markert fejlesztettünk ki és teszteltünk a korábban gyűjtött szövetmintákból származó DNS mintákon. További 139 mikroszatellit tesztelése folyamatban van.



A jövőben folytatjuk a markerek izolálását és elkezdjük a rendelkezésünkre álló populációk genetikai vizsgálatát, a genetikai alapú nemesítés alapozását mindhárom vizsgált faj esetén.

A munka OTKA (PD 79177) és Bolyai pályázatok támogatásával készül.

## Fundamental basis for the genetic variability tests of carnivorous fish

### Abstract

Carnivorous fish started to become more and more popular in Hungary for their valuable, tasty flesh. The most popular is the African catfish making up about 90% of intensive production. Other carnivorous species from pond fish cultures also started to gain ground in Hungary and abroad. As a result of these, in the near future selection and breeding/hybrid production programmes will be developed, increasing production further. However available genetic information on these species is scarce.

Our aim was to develop genetic markers-microsatellites-for the African catfish (*Clarias gariepinus*), pike-perch (*Sander lucioperca*) and perch (*Perca fluviatilis*) that enable to disclose the missing genetic information. These loci will be appropriate tools for population studies, genome mapping, individual identification, discovering kinships, identifying powerful genetic regions (QTLs), breeding or selection programmes.

African catfish tissue samples were taken from bred individuals, while pike-perch samples were collected from the Lake Balaton and perch from Dunaföldvár. Repeat-enriched genomic libraries were established from all species according to a modified protocol of Glenn and Schable (2005). Altogether 645 clones were examined and the sequence of 351 inserts was determined. 321 different microsatellite sequences were found. Until now, 8 African catfish and 4 pike-perch specific microsatellites have been developed and tested on the DNA of previously collected samples. Testing of another 139 markers is in progress.

We plan to continue with marker isolation, start population examinations and establish the genetic basis of breeding programmes for these species.

This work has been supported by OTKA (PD 79177) and the János Bolyai Research Scholarship.