

NEMZETI BIODIVERZITÁS-MONITOROZÓ RENDSZER X.
Emlősök és a genetikai sokféleség monitorozása

NEMZETI BIODIVERZITÁS-MONITOROZÓ RENDSZER
kézikönyvsorozat kötetei

A sorozat szerkesztőbizottsága:

Horváth Ferenc
Korsós Zoltán
Kovácsné Láng Edit
Matskási István

- Horváth F., Rapcsák T. és Szilágyi G. (szerk.) (1997): Nemzeti Biodiverzitás-monitorozó Rendszer I. Informatikai alapozás. – Magyar Természettudományi Múzeum, Budapest. ISBN 963 7093 44 3
- Fekete G., Molnár Zs. és Horváth F. (szerk.) (1997): Nemzeti Biodiverzitás-monitorozó Rendszer II. A magyarországi élőhelyek leírása, határozója és a Nemzeti Élőhelyosztályozási Rendszer. – Magyar Természettudományi Múzeum, Budapest. ISBN 963 7093 45 1
- Kovácsné Láng E. és Török K. (szerk.) (1997): Nemzeti Biodiverzitás-monitorozó Rendszer III. Növénytársulások, társuláskomplexek és élőhelymozaikok. – Magyar Természettudományi Múzeum, Budapest. ISBN 963 7093 46 X
- Török K. (szerk.) (1997): Nemzeti Biodiverzitás-monitorozó Rendszer IV. Növényfajok. – Magyar Természettudományi Múzeum, Budapest. ISBN 963 7093 47 8
- Forró L. (szerk.) (1997): Nemzeti Biodiverzitás-monitorozó Rendszer V. Rákok, szitakötők és egyenesszárnyúak. – Magyar Természettudományi Múzeum, Budapest. ISBN 963 7093 48 6
- Merkl O. és Kovács T. (1997): Nemzeti Biodiverzitás-monitorozó Rendszer VI. Bogarak. – Magyar Természettudományi Múzeum, Budapest. ISBN 963 7093 49 4
- Ronkay L. (1997): Nemzeti Biodiverzitás-monitorozó Rendszer VII. Lepkék. – Magyar Természettudományi Múzeum, Budapest. ISBN 963 7093 50 8
- Korsós Z. (1997): Nemzeti Biodiverzitás-monitorozó Rendszer VIII. Kétéltűek és hüllők. – Magyar Természettudományi Múzeum, Budapest. ISBN 963 7093 51 6
- Báldi A., Moskát Cs. és Szép T. (1997): Nemzeti Biodiverzitás-monitorozó Rendszer IX. Madarak. – Magyar Természettudományi Múzeum, Budapest. ISBN 963 7093 52 4
- Csorba G. és Pecsénye K. (1997): Nemzeti Biodiverzitás-monitorozó Rendszer X. Emlősök és a genetikai sokféleség monitorozása. – Magyar Természettudományi Múzeum, Budapest. ISBN 963 7093 53 2

Készült a Biodiverzitás-monitorozó Program kialakítása Magyarországon című
PHARE HU 9203–W1/7/1992 PROJECT keretében,
a Környezetvédelmi és Területfejlesztési Minisztérium
Természetvédelmi Hivatalának gondozásában

NEMZETI BIODIVERZITÁS-MONITOROZÓ RENDSZER X.

Emlősök
és a genetikai sokféleség
monitorozása

Csorba Gábor és Pecsénye Katalin

Magyar Természettudományi Múzeum, Budapest
1997

Szerkesztette: Korsós Zoltán

Lektorálta: Varga Zoltán

Nyelvi lektor: Kemény Gábor

Borító: Németh János

Technikai szerkesztők: Lőkös László és Peregovits László

ISBN 963 7093 53 2
ISBN 963 7093 43 5 Ö

Minden jog fenntartva, beleértve a sokszorosítás, a nyilvános előadás,
a rádió- és televízióadás, valamint a fordítás jogát, az egyes fejezeteket illetően is.

© MTA Ökológiai és Botanikai Kutatóintézete, Vácrátót, 1997
Magyar Természettudományi Múzeum Állattára, Budapest, 1997
Kossuth Lajos Tudományegyetem Ökológiai Tanszéke, Debrecen, 1997
MTA Számítástechnikai és Automatizálási Kutatóintézete, Budapest, 1997

Tördelés, grafika: PARS Kft., Budapest
Nyomtatta a Diaprint Kft., Budapest

Tartalomjegyzék

Bevezetés: A Nemzeti Biodiverzitás-monitorozó Rendszer	7
Emlősök (<i>Csorba Gábor</i>)	
Emlősök monitorozása: általános megjegyzések	12
A kiválasztott fajok	17
A mintavételi módszerek	23
Az emlősök jelölése	31
Ajánlott irodalom	33
Állatpopulációk genetikai variabilitásának monitorozása:	
Lehetőségek és korlátok (<i>Pecsenye Katalin</i>)	
Elméleti háttér	36
A genetikai variabilitás megőrzésének feladatai az időskálán nézve	37
A genetikai variabilitás védelmének alapegysége	38
A genetikai variabilitás szintjei, monitorozásának lehetőségei	40
A DNS-szintű variabilitás vizsgálatára alkalmazott módszerek	44
Ajánlott irodalom	47

Bevezetés: A Nemzeti Biodiverzitás-monitorozó Rendszer

Kiadványsorozatunk a természetet ismerő (vagy megismerni akaró), szerető és féltő, megóvásáért cselekedni kész, elkötelezett embereknek készült. Szakmai mű, amely egy fontos feladat, a biológiai sokféleség (biodiverzitás) monitorozásának elvi, módszertani alapjait foglalja magába. A *monitorozás* valamilyen objektum kiválasztott sajátosságainak hosszú időn keresztül, rendszeres megfigyelésekkel vagy mintavételekkel történő nyomon követése. A *biodiverzitás-monitorozás* élőlénycentrikus, kiválasztott objektumai élőlények, élőlényegyüttesek (populációk, társulások, élőhelyek és élőhelyegyüttesek), amelyek a biológiai szerveződés egyed feletti (szupraindividuális) szintjeit képezik.

Az élővilág állapotának nyomon követése, hosszú távú megőrzése közös feladatunk. Rachel Carlson könyve, a „Néma tavasz”, már a hatvanas években sokkolta a közvéleményt az emberiség élővilágpusztító tevékenységének tételes felsorolásával. Azóta bizonyított tény, hogy az élővilág sokfélesége (a populációk szintjétől a társuláskomplexek szintjéig) egyre gyorsuló ütemben csökken, ezt a jelenséget bioszféra krízis névvel illetik. Az eltelt több mint három évtized alatt a folyamat megállítására alig tettünk erőfeszítéseket, biztató nemzetközi összefogás csak 1992-ben a Rio de Janeiróban aláírt „Egyezmény a Biológiai Sokféleségről” formájában született.

A természet és a „vadon” teremtményeinek sorsa egyre inkább az emberiség és a társadalom működésének közvetlen és közvetett hatása alatt áll. Azonban mi sem vonhatjuk ki magunkat a spontán természeti folyamatok hatásai és az emberi bolygatás visszahatásai alól. Ennek gyakran csak negatív (kellemetlen) jelenségeit vesszük észre, mint amilyen a szúnyoginvázió, a pollenallergia, a tölgypusztulás; máskor éppen előnyeit élvezzük: a vadvirágcsokrot, a madárdalt a kertben, vagy a „zöld turizmus” megélhetést teremtő bevételeit. De a legmélyrehatóbb változások lassan és alig észrevehetően következnek be, évtizedes tények gyermekkori emlékké fakulnak.

Ha nem rögzítjük őket pontosan, éppen az iránytűnket: viszonyítási alapjainkat veszítjük el örökre. Ezért *közös érdekünk* a vadon élő világ állapotának hosszú távon történő nyomon követése, *közös feladatunk* különleges természeti értékeink megőrzése és gazdagítása, *közös felelősségünk* a természet értékeivel történő tudatos gazdálkodás feltételeinek megteremtése.

A Nemzeti Biodiverzitás-monitorozó Rendszer a természetvédelmi információs rendszer részeként megbízható adatokat kell, hogy szolgáltatson az ország élővilágának, a különböző szerveződési szinteken létező sokféleségnek az állapotáról és változásairól, ezzel segíti a természetvédelmi szervek tevékenységét, az ország környezet- és természetpolitikáját, a döntéshozást, a biológiai erőforrásokkal történő gazdálkodást.

A *monitorozás célja* lehet az élővilág egységei (populációk, társulások, társuláskomplexek) sajátosságainak, viselkedésének természetes, vagy ma már inkább csak közel természetes állapotban történő nyomon követése, a természetes fluktuációk vagy trendek rögzítése (trend-monitorozás), amely viszonyítási alapot adhat a természetestől eltérő viselkedések felismeréséhez, értelmezéséhez. Gyakran azonban valamilyen ismert vagy

várt környezeti hatás az élővilág viselkedésére prognosztizált változásainak bekövetkezését kísérjük figyelemmel a komolyabb károsodások megelőzése céljából (hipotézistesztelő monitorozás).

A monitorozás precíz, türelmes és legtöbbször évtizedeken keresztül végzendő adatgyűjtést jelent, hiszen csak így tudjuk nyomon követni az egyed feletti organizációs szinteken zajló hosszú időtartamú eseményeket. Valószínű, hogy adott populáció, társulás, vagy élőhelymozaik monitorozásának feladatát stafétabotszerűen kell időközben egymásnak tovább adnunk.

Ahhoz, hogy a felgyülemelő adatsorok évtizedek múlva értékelhetők legyenek, igen pontosan betartott egységes mintavételi eljárások, pontos azonosítások, egységesített dokumentálás, adattárolás és adatkezelés szükséges. Ennek elősegítésére és biztosítására készült el a rendszer működéséhez szükséges kézikönyvsorozat. Európában is szinte egyedülálló vállalkozást jelentett egy hosszútávú, átfogó országos élővilágmonitorozó rendszer megtervezése, szervezeti és működési elveinek, egységesített módszertanának kidolgozása és a kézikönyvsorozat megjelentetése.

A sorozat első kötete a monitorozó program információrendszerének alapjait és használatának lehetőségeit dokumentálja, egyben irányt mutat az eredmények feldolgozásához és elemzéséhez. A második kötet a populációk alapvető létfeltételeit jelentő magyarországi élőhelyek rendszerét és részletes jellemzését tartalmazza. Újszerűsége és hiánypótló jellege abban áll, hogy minden lehetséges főbb élőhelytípusra kiterjed; így a mezőgazdasági művelésnek vagy egyéb emberi beavatkozásnak kitett, esetleg degradált élőhelyeket is magába foglalja. Az élőhelyek pontos azonosításában a részletes leírásokon, határozókulcsokon kívül fényképek segítenek. A további kötetek az országos rendszer keretében monitorozásra javasolt élőlénytársulások, társuláskomplexek, élőhelymozaikok és különböző élőlény csoportok – növények, emlősök, madarak, hüllők és kétélűek, bogarak, lepkék, egyenesszárnyúak, szitakötők, rágók – kiválasztott képviselőinek monitorozásával kapcsolatos tudnivalókat és az egyes élőlénycsoportokra adekvát módszereket tartalmazzák.

Kritikus feladat volt a monitorozásra javasolt taxonok, társulások, élőhelyek és a javasolt helyszínek kiválasztása. Az igen széles közreműködő szakembergárda számos szempontot kellett hogy mérlegeljen, ezek közül a legfontosabbakat emeljük ki.

Szükséges, hogy a monitorozandó objektumok megfelelően reprezentálják

- a ritka, különösen értékes védett élőlényeinket, társulásainkat. E természetvédelmi prioritásokat a nemzetközi egyezmények, európai és hazai Vörös Könyvek és Listák, az Európai Közösség igényei (Habitat Határozat, Natura 2000) alapvetően és kötelező érvennyel befolyásolják;
- a természetvédelmi törvénnyel összhangban Magyarország élővilágára, élőhelyeire általánosan jellemző közönséges, gyakori, az esetleg terjeszkedő invázió fajok populációit, társulásait, az ember által fenntartott vagy befolyásolt társulásokat, élőhelyeket;
- valamilyen emberi tevékenység vagy környezeti tényező közvetlen veszélyeztetésének kitett élőlényeket és élőlényegységeket.

Az induló objektumok kiválasztása széles szakmai konszenzuson alapult, a kézikönyvekben szereplő kidolgozott anyagokat mintaértékűnek kell tekinteni. A monitorozás megindulása után felgyülemelő tapasztalatok alapján a monitorozandó élőlénycsoportok körének bővítése lehetséges és kívánatos.

A monitorozás céljait, az objektumok jellegét és a résztvevők lehetőségeit figyelembe véve különböző *léptékekben* – országos, egy-egy régiót érintő, illetve lokális – szervezett

monitorozási projektek működtetésére teszünk javaslatot a kézikönyvekben, jelezve egyben azt is, hogy a monitorozásra javasolt populáció vagy társulás egy optimális – a szakmai igényeket és a személyi, anyagi lehetőségeket figyelembevevő – vagy egy minimális – további szűkítés esetén reprezentativitását elvesztő, de esetleg később fejleszhető – induló programnak a részét képezi. A kizárólag szakmai igények alapján összeállított maximális program a továbbfejlesztés irányát és lehetőségeit jelöli ki.

A tervezésnél és a majdani működtetésben különös figyelmet kell szentelnünk az egyéb hazai megfigyelőrendszerekkel (környezeti monitorozó rendszerek, Országos Meteorológiai Szolgálat, talajinformációs rendszer, madártani monitorozó rendszer, az erdők egészségi állapotát megfigyelő rendszer, a magyarországi fénycsapdahálózat), valamint a nemzetközi monitorozó és természeti információs rendszerekkel (CORINE Biotopes, Natura 2000, Biosphere Reserves Integrated Monitoring System) való szoros kapcsolatok, koordináció megteremtésének.

A Nemzeti Biodiverzitás-monitorozó Rendszer központi irányítással és koordinációval, regionális és helyi monitorozó egységek részvételével tudja majd feladatát ellátni.

Kovácsné Láng Edit
a PHARE
HU 9203–W1/7/1992
projekt vezetője

Emlősök

Emlősök monitorozása: általános megjegyzések

A Nemzeti Biodiverzitás-monitorozó Rendszer kiépítésével és működtetésével – természetesen nem csak az emlősök esetében – az alábbi célokat kívánjuk elérni: (1) a fokozatosan bővülő szakembergárda tapasztalatainak és potenciális lehetőségeinek figyelembevételével precíz, adekvát monitorozó módszerek kidolgozása, finomítása; (2) faunisztikai adatok, elterjedési mintázatok, populációnagyság minél pontosabb rögzítése; (3) az elterjedési és/vagy mennyiségbeli változásokat befolyásoló tényezők feltárása, elemzése. Ennek érdekében az optimális és maximális programokban az alapvető monitorozó módszerek használata (jelenlét–hiány, populációnagyság becslése) mellett fontosnak tartjuk az egyéb metodikák – élőhelyfelmérés, táplálékelemzés, egyedi jelölés, mozgáskörzet-vizsgálat – beépítését is.

A többi gerinces osztályhoz hasonlóan az emlősöknél is alapvető igény az összes, hazánkban honos faj elterjedésének monitorozása, vagyis a faunisztikai adatok folyamatos összegyűjtése (az alapállapot felvételezéséhez, majd az állandó frissítéshez) és annak térképi ábrázolása. Ez a program (nevezzük „elterjedés-monitorozásnak” BMP I.) értelem-szerűen *országos* szintű és az emlősfajok általános helyzetében bekövetkező változások trendjét célozza rögzíteni. Ismereteink és lehetőségeink jelenlegi szintjén a program az elterjedési adatok megjelenítéséhez a 10×10 km UTM rendszerű hálótérképet használja, de – és erre más csoportoknál van hazai példa, illetve emlősöknél külföldi – jóval informatívabb, ezért távlati cél az 5×5 , sőt 1×1 km-es felbontású térképi ábrázolás. Az összes faj esetében potenciálisan felhasználható információforrás a Magyar Emlőstani Társaság adatbázisa, denevéreknél a Magyar Denevérfaunisztikai Adattár és vadászható fajok esetében a vadgazdálkodási adatbázisok. Ez a típusú monitorozás a legegyszerűbb, itt az attribútum csupán az adott faj adott pontban való jelenléte vagy hiánya. Maga az országos monitorozás, az egyes fajok faunisztikai adatainak megszerzéséhez szükséges módszerek munkaigényességétől függően, a minimális vagy az optimális programban szerepelhet.

A másik program (BMP II.) az állatok és különösen az emlősök esetében a populáció-szintű monitorozás, hiszen társulásokról, közösségekről szigorúan vett ökológiai értelemben nemigen beszélhetünk. A populációk egyedszámváltozásainak és egyéb attribútumainak monitorozása jóval munkaigényesebb, a metodika is bonyolultabb, ezért szükség-szerűen szűkíteni kell a monitorozandó objektumok listáját. Ez a szelekció nemcsak az objektumokra, hanem a területre is vonatkozik – ez a szint nem országos programokat, hanem mintaterületeken történő, regionális és lokális vizsgálatokat jelent. Ami a biodiverzitás-monitorozás céltárgyait, a különböző fajok körének szűkítését illeti, első megközelítésben kevesebb figyelmet kaphatnak azok a fajok, melyeknél a populációk egyedszám-szabályozását jelentős mértékben az ember végzi (vadgazdálkodásunk legfontosabb alanyai, pl. a szarvasfélék, a muflon tartoznak ide). A populációszintű monitorozásban egyelőre szintén mellőzni javasoljuk a nehezen határozható, nehezen megfigyelhető emlősfajokat (pl. erdeiegek, több pocokféle). Hangsúlyozzuk azonban, hogy a biodi-

verzitás-monitorozás általános célkitűzésének (azaz az ország élővilágának reprezentációja) megfelelően ezek a fajok is szerepelnek a csupán az elterjedés monitorozását végző országos felmérésben. Azok a csoportok (pl. cickányok, erdeiegek), amelyeknél a minimális programba ajánlott bagolyköpet-elemzéssel mintegy melléktermék-ként is beszerezhető információk, az országos elterjedésmonitorozás minimális kategóriájába kerültek, míg a többi faj az országos optimális program része. Fontosnak tartjuk még megjegyezni, hogy a védett fajok monitorozása esetében az alábbi problémákkal kerülünk szembe: (1) ezek a fajok számos esetben fokozott kíméltre szorulnak; (2) ennek megfelelően speciális, esetleg gyakorlatilag szinte kivitelezhetetlen módszertani megoldásokat igényelnek; (3) gyakran alacsony egyedszámuk miatt az eredmények statisztikai megbízhatósága kérdéses. Így az alábbi taxonok esetében nem alkalmazható az egyedszámváltozások monitorozása:

- denevérek (*Chiroptera*): több védett, fokozottan védett denevérfajunk azért nem szerepel a kiválasztott fajok között, mert pl. erdőlakó denevérközösségként való vizsgálatuk szintén informatív, ugyanakkor a populációszintű monitorozástól eltérően kevésbé zavarja az állatokat (az első táblázatban már csak a tipikus erdőlakó fajok vannak felsorolva az egyedszámváltozásokat monitorozó programban);
- farkas (*Canis lupus*): nemzetközileg magas szinten védett faj, több területünkön állandóan előfordul, de az információk fő forrásai a vadászok, akik az adatszolgáltatásban nem érdekeltek, sőt ellenérdekeltek;
- európai nyérc (*Mustela lutreola*): bár vörös könyves faj, egyetlen bizonyított előfordulása sincs hazánkból, sőt a prémesállattelepekről kiszabaduló amerikai nyérctől (*Mustela vison*) terepen gyakorlatilag megkülönböztethetetlen;
- egyéb menyétféle ragadozók (*Mustelinae*): elevenfogó csapdázásuk nagyon pénz- és munkaerőigényes, alacsony hatékonyságú, vizuális detektálásuk pedig nagyon véletlenszerű;
- hiúz (*Lynx lynx*): több adata ismert ugyan az utóbbi évekből, és ezek nagyjából jól körvonalazható területek, de észlelése – rendkívül rejtőzködő életmódja miatt – nagyon esetleges;
- vadmacska (*Felis silvestris*): az adatlapos felmérések szerint erdeinkben szinte mindenhol előforduló faj, de a házimacskával való nagyfokú hibridizáció és a terepi összetéveszthetőség miatt eleve megkérdőjelezhető az információk;
- európai hód (*Castor fiber*): bár életnyomai alapján jól azonosítható (mint hód), zavart okoz, hogy a hazánkban szintén előforduló, bevándorló (és betelepített?) kanadai hódtól (*Castor canadensis*) terepen nem különböztethető meg;
- csíkos szöcskeegér (*Sicista subtilis*): előkerülése teljesen véletlenszerű, még ismert, és feltehetően még létező lelőhelyein is csak hatalmas mennyiségű bagolyköpet elemzésével van esély kimutatására.

1. táblázat. A magyarországi emlősfajok reprezentációja a hazai és nemzetközi védettségi listákon, illetve az országos és regionális-lokális monitorozási programban

Faj	Hazai védettség	Vörös Könyv	Báldi és mtsai 1995	Berni Egyezmény	IUCN	CORINE	BMP I.	BMP II.
keleti sün	V						opt.	
közönséges vakond	V						opt.	
erdei cickány	V			III			min.	min.
alpesi cickány	V			III			opt.	
törpecickány	V			III			min.	min.
keleti cickány	V			III			min.	min.
mezei cickány	V			III			min.	min.
közönséges vízicickány	V		X	III		X	min.	min.
Miller-vízicickány	V		X	III		X	min.	min.
kereknyergű patkósdenevér	V	AV	X	II		X	opt.	min.
kis patkósdenevér	FV		X	II		X	opt.	min.
nagy patkósdenevér	V		X	II		X	opt.	min.
közönséges denevér	V		X	II		X	opt.	
hegyesorrú denevér	V		X	II		X	opt.	
nagyfülű denevér	FV	KV	X	II		X	opt.	opt.
horgasszórú denevér	V		X	II		X	opt.	opt.
bajuszos denevér	V		X	II		X	opt.	opt.
Brandt-denevér	V		X	II		X	opt.	opt.
csanakfülű denevér	FV	KV	X	II		X	opt.	
tavi denevér	FV		X	II		X	opt.	opt.
vízi denevér	V		X	II		X	opt.	
barna hosszúfülű-denevér	V		X	II		X	opt.	opt.
szürke hosszúfülű-denevér	V		X	II		X	opt.	
pisze denevér	FV	KV	X	II		X	opt.	opt.
közönséges törpedenevér	V			III			opt.	
durvavitorlájú törpedenevér	V		X	II		X	opt.	
fehérszélű törpedenevér	V			II		X	opt.	
alpesi törpedenevér	V			II		X	opt.	
közönséges koraidenevér	V			II		X	opt.	opt.

Faj	Hazai védettség	Vörös Könyv	Báldi és mtsai 1995	Berni Egyezmény	IUCN	CORINE	BMP I.	BMP II.
óriás koraidenevér	V		X	II		X	opt.	opt.
szőrőskarú koraidenevér	V	AV	X	II		X	opt.	opt.
közönséges késeidenevér	V		X	II		X	opt.	
északi késeidenevér	V		X	II		X	opt.	
fehértorkú denevér	V		X	II		X	opt.	
hosszúszárnyú denevér	FV		X	II		X	opt.	opt.
üregi nyúl							opt.	
mezei nyúl							opt.	
közönséges mókus	V			III			opt.	
közönséges ürge	V		X	II			opt.	max.
közönséges hód	V	K		III		X	opt.	
kanadai hód							opt.	
mogyorós pele	V	AV	X	III		X	opt.	max.
erdei pele	V	AV	X	III		X	opt.	max.
nagy pele	V	AV		III			opt.	max.
csíkos szöcskeegér	FV	KV	X	II			opt.	
nyugati földikutya	FV	KV	X			X	min.	max.
közönséges erdeieger							min.	
sárganyakú erdeieger							min.	
kislábú erdeieger							min.	
pirók erdeieger							min.	
törpeeger							min.	
házi egér							opt.	
güzü egér							opt.	
házi patkány							opt.	
vándor patkány							opt.	
közönséges hörcsög				II		X	opt.	
pézsmapocok							opt.	
vöröshátú erdei pocok							min.	
közönséges kőszapocok							opt.	

Faj	Hazai védettség	Vörös Könyv	Báldi és mtsai 1995	Berni Egyezmény	IUCN	CORINE	BMP I.	BMP II.
mezei pocok							min.	
csalítjáró pocok	V						min.	
északi pocok	V	KV		III		X	min.	opt.
nyestkutya							opt.	
farkas	V	K		II	V	X	opt.	
aranysakál		K				X	opt.	
vörös róka							opt.	
barnamedve	V	K		II		X	opt.	
borz	V			III			opt.	
vidra	FV	AV	X	II		X	min.	max.
nyuszt	V			III			opt.	
nyest				III			opt.	
hermelin	V			III			opt.	
menyét	V			III			opt.	
közönséges görény				III			opt.	
molnárgörény	V						opt.	
vadmacska	V	AV	X	II		X	opt.	
hiúz	FV	K	X	III		X	opt.	
vaddisznó							opt.	
őz				III			opt.	
dámszarvas				III			opt.	
gímszarvas				III			opt.	
jávorszarvas	V			III			opt.	
muflon							opt.	
zerge	V	PV		III			opt.	

Jelmagyarázat: *Hazai védettség:* FV – fokozottan védett, V – védett; *Vörös Könyv (Rakonczay 1989):* K – kipusztult, KV – közvetlenül veszélyeztetett, AV – aktuálisan veszélyeztetett, PV – potenciálisan veszélyeztetett; *Báldi és mtsai 1995:* X – szerepel az idézett munka által felállított rangsor legveszélyeztetettebb 74 szárazföldi gerinces faja között; *Berni Egyezmény (1994):* szerepel a Berni Egyezmény II. vagy III. Függelékében; *IUCN Red List of Threatened Animals (1996):* V – „vulnerable” a Nemzetközi Vörös Könyv kategóriái szerint; *CORINE 1991, 1994:* X – szerepel a program által veszélyeztetettnek tartott fajok listáján; *BMP:* szerepel a biodiverzitás-monitorozás *min.* = minimális, *opt.* = optimális, illetve *max.* = maximális programjában.

A kiválasztott fajok

Az általános megjegyzésekben foglaltaknak megfelelően hazai emlősfajaink monitorozása két programban valósul meg. Az összes magyarországi emlősfajnál szükséges az elterjedés változásának országos léptékű nyomon követése, és annak 10 × 10 km-es UTM rácsban való ábrázolása. Ezek hazai és nemzetközi védettségi helyzetét, különféle természetvédelmi értékelését az 1. táblázatban foglaltuk össze. Az elterjedés-monitorozó programban való részvételük fontossági szempontok alapján rangsorolható (optimális, minimális). Ezen túlmenően, egyes kiválasztott fajoknál illetve fajegyütteseknél (regionális és lokális, populációsintű vizsgálatokkal) ennél részletesebb információkat kívánunk megtudni, illetve azok esetleges változását nyomon követni (2. táblázat). Az alábbiakban csak ezeket az objektumokat mutatjuk be a kiválasztás indokaival és a monitorozás szempontjából fontos sajátosságaikkal együtt, hangsúlyozva, hogy az elterjedés monitorozása, az országos programban való részvételük magától értetődő, itt külön már nincs felsorolva.

2. táblázat. A populációsintű monitorozáshoz kiválasztott emlősfajok és fajegyüttesek.

faj/közösség	attribútum	lépték	mintaterületek
cickányfélék	fajsám, fajszerkezet-változás	országos	
patkósdenevérek	fajsám, populációméret, korcsoporteloszlás	regionális	Aggtelek, Bükk, Gerecse, Budai-hegység, Pilis, Mecsek
erdőlakó denevérek	fajsám, diverzitás, populációméret	lokális	Felsőtárkány, Szalafő, Kőkapu, Sopron, a debreceni Nagyerdő, Galyatető, Tengelic
hosszúszárnyú denevér	populációméret, korcsoporteloszlás	regionális	középhegységek
közönséges ürge	populációméret, area-változások	lokális	Bugacpuszta
pelefélek	populációméret, habitatpreferencia	regionális	Mátra, Gödöllői-dombság
nyugati földikutya	populációméret, táplálékpreferencia	lokális	Hajdúbagos, Hajdúhadháztéglás
északi pocok	populációméret, habitatpreferencia, mozgáskörzet	regionális	Szigetköz, Kis-Balaton
vidra	mozgáskörzet, táplálko- zásökológia	regionális	Vas, Hajdú-Bihar, Balaton

A cickányok (Soricidae), patkósdenevérek (Rhinolophidae), erdőlakó denevérek és a pelefélek (Myoxidae) esetében az ide tartozó fajok küllemi és életmódbeli hasonlósága indokoltá teszi mind a taxonómiai, mind az ökológiai és mintavételezés-módszertani tekintetben való közös jellemzésüket.

Cickányok – Soricidae

Taxonómiai helyzet: Mammalia, Insectivora; a *Sorex*- (erdei cickány – *S. araneus*, törpecickány – *S. minutus*, alpesi cickány – *S. alpinus*) és *Crocidura*- (keleti cickány – *C. suaveolens*, mezei cickány – *C. leucodon*) fajok besorolása problémamentes, s bár a két európai *Neomys*- (közönséges vízicickány – *N. fodiens*, Miller-vízicickány – *N. anomalus*) faj különállósága sem vitatott, biztos elválasztásuk csak koponya-morfometriai módszerekkel lehetséges.

Elterjedés: Az Óvilág és Észak-Amerika, hazánkban mindenütt jelen vannak.

Élőhely: A *Crocidura*-fajok inkább a nyíltabb és szárazabb, a *Sorex*-fajok a nedvebb területek lakói, a *Neomys*-fajok pedig vízhez kötöttek.

A kiválasztás indokai: Könnyen határozhatók mind küllemi, mind pedig koponyabélyegek alapján, illetve baglyok táplálkozási maradványaiból. Minden biotópban megtalálható, gyakori fajok. Adott élőhelyen való előfordulásuk az összes bagolyfaj közül legnagyobb valószínűséggel a gyöngybagolyköpeteinek (*Tyto alba*) vizsgálatával bizonyítható (mely költőpároktól egész évben gyűjthető), így hatalmas adattömeg áll rendelkezésre; a köpetek gyűjtése különösebb szakértelmet nem igényel. A már folyó ilyen vizsgálatok miatt, megfelelő képzettségű szakemberek rendelkezésre állnak.

Attribútum: Fajsám, fajösszetétel-változás, relatív gyakoriság.

A monitorozás léptéke: Országos.

Mintavételezés: Állandó helyekről, meghatározott időközönként (optimálisan havonta) gyűjtött gyöngybagolyköpetek alapján.

A monitorozás célja, várható információk: A *Neomys*-fajok esetében újabb faunisztikai információk gyűjtése, az összes fajnál adatok a biotópváltozások és a kisemlősközösségek paraméterei változásának összefüggéséről. A feldolgozás során természetesen egyéb kisemlősfajok elterjedéséről, relatív gyakoriságáról, állomány nagyság-változásairól, valamint egyes területek kisemlős-diverzitásáról is képet kapunk.

Fontosság: A minimális programba javasoljuk.

Patkósdenevérek – Rhinolophidae

Taxonómiai helyzet: Mammalia, Chiroptera; az ide tartozó három hazai faj (kereknyergű patkósdenevér – *Rhinolophus euryale*, kis patkósdenevér – *R. hipposideros*, nagy patkósdenevér – *R. ferrumequinum*) besorolása stabil.

Elterjedés: A fenti három faj afrikai és palearktikus elterjedésű, hazánkban tipikusan a középhegységekben élnek.

Élőhely: Nyári szállásaik épületek padlásain, pincékben található, telelni barlangokba vonulnak vissza.

A kiválasztás indokai: Aktuálisan veszélyeztetett fajok, hazai karszterületeink jellegzetes denevérfajai. Érzékenyek a zavarásra, azt jól jelzik. Nyári és téli szállásaik egymáshoz közel található, így egy terület állománya minden évszakban vizsgálható. Az állatok szabadon lógnak, és jellegzetes testtartásuk alapján távolról (tehát zavarás nélkül) azonosíthatók, számlálhatók; az egyes fajok között nincs méretbeli átfedés, egyszerűen hatá-

rozhatók, így felmérésük kisebb szaktudással is elvégezhető. Legfontosabb hazai élőhelyeik évek óta megfigyelés, ellenőrzés alatt állnak.

Attribútum: Fajszaám, egyedszaám, populációméret, korcsoportelosztaás.

A monitorozás léptéke: Regionális, a legjobban ismert kolóniák esetében lokális.

Mintavételezés: A kolóniák számlálaása nyáron és télen, gyűrűzéssel mozgáskörzet, vándorláások, szálláshelycserék megállapítása; sávmenti számlálaás.

A monitorozás célja, várható információk: Az egyes kolóniák helyzetének figyelemmel kísérése, az egyedszaámváltozások tendenciájának megállapítása.

Fontosság: A minimális programba javasoljuk.

Erdőlakó denevérek

Taxonómiai helyzet: Mammalia, Chiroptera, Vespertilionidae; a Vespertilionidae családból az alábbi hazai fajok tipikusan erdőlakók: nagyfülű denevér (*Myotis bechsteini*), horgasszörű denevér (*M. nattereri*), bajszos denevér (*M. mystacinus*), Brandt-denevér (*M. brandti*), tavi denevér (*M. dasycneme*), barna hosszúfülű-denevér (*Plecotus auritus*), pisze denevér (*Barbastella barbastellus*), közönséges koraidenevér (*Nyctalus noctula*), óriás koraidenevér (*N. lasiopterus*), szőröskarú koraidenevér (*N. leisleri*); taxonómiai helyzetük tisztázott.

Elterjedés: A család az egész Földön – mindenütt nagy fajszaámmal – elterjedt, hazánkban a középhegységeken és dombvidékeken a lombhullató erdőkben mindenütt vizsgálhatóak.

Élőhely: Elsősorban a lombos erdők, s bár fiatal erdőkben is több faj fordulhat elő, igazán fajgazdag denevértársulás csak idős állományokban található.

A kiválasztás indokai: Monitorozásuk nemcsak a denevérek aktuális helyzetéről szolgáltat információkat, hanem az erdő általános biodiverzitásáról is. Egyes javasolt mintaterületek vizsgálata évek óta zajlik. Olyan fajok tartoznak ide, melyeknek talán a legerősebb európai állományai hazánkban élnek. Érzékenyen reagálnak a környezeti változásokra.

Attribútum: Fajszaám, diverzitás, populációnagyság.

A monitorozás léptéke: Lokális.

Mintavételezés: A szabvány mintavételi helyeken függönyhálózás, gyűrűzés, sávmenti számlálaás, *Nyctalus*-fajoknál territoriális hímek számlálaása.

A monitorozás célja, várható információk: Mintegy tíz denevérfajunk kötődik szorosan az erdőkhöz, így monitorozásukkal a hazai fajok csaknem feléről kaphatunk információkat – faunisztikai, diverzitás- és populációméret- adatokat.

Fontosság: Az optimális programba javasoljuk.

Hosszúszárnyú denevér – *Miniopterus schreibersii*

Taxonómiai helyzet: Mammalia, Chiroptera, Vespertilionidae; az európai állományok a törzsalakhoz tartoznak, az ázsiai populációk faji szinten történő elkülönítése bizonytalan.

Elterjedés: Az Óvilágban a mérsékelt és a trópusi területeken is szinte mindenütt előfordul. Hazánkban a hegyvidékeken él, ritka.

Élőhely: Hegyvidéki barlangok, nagyobb bányák.

A kiválasztás indokai: Állománya egész Európában rohamosan csökken, hazánk egy egységes közép-európai monitorozó program kezdeményezője és szervezője. Bizonyos barlangokra évtizedes (bár nem rendszeresen gyűjtött) adatsorok vannak. Kizárólagos barlanglakó, az emberi zavarásra rendkívül érzékeny faj.

Attribútum: Populációméret, korcsoporteloszlás, mozgáskörzet, vándorlás.

A monitorozás léptéke: Regionális.

Mintavételezés: A kolóniák számlálása nyáron és télen, sávmenti számlálás.

A monitorozás célja, várható információk: A konkrét veszélyeztető tényezők megállapítása, az egyes kolóniák szálláscseréjének nyomon követése.

Fontosság: Az optimális programba javasoljuk.

Ürge – *Spermophilus citellus*

Taxonómiai helyzet: Mammalia, Rodentia, Sciuridae; nálunk a törzsalak fordul elő, az alfajok között esetenként csak igen kis különbségek vannak.

Elterjedés: Közép- és Délkelet-Európa, hazánkban hegyvidéken és alföldön egyaránt előfordul.

Élőhely: Rövidfüvű puszták, rétek, legelők.

A kiválasztás indokai: Egyedszáma – részben ismeretlen okokból – folyamatosan csökken. A védett ragadozó madarak fontos tápláléka, a talajvízszint-változások indikátora. Nappali életmódú rágcsáló, ezért viszonylag könnyen vizsgálható, azonosítása egyszerű.

Attribútum: Populáció nagyság, areaváltozások.

A monitorozás léptéke: Lokális.

Mintavételezés: Légifényképes felmérés, lyukak térképezése, terepi megfigyelés, rádiotelemetria.

A monitorozás célja, várható információk: Az állományok létszámának becslése, az elterjedés és az élőhely mozaikossága összefüggéseinek feltárása, napi aktivitási mintázat.

Fontosság: A maximális programba javasoljuk.

Pelefélék – Myoxidae

Taxonómiai helyzet: Mammalia, Rodentia; mindhárom hazai faj (mogyorós pele – *Muscardinus avellanarius*, erdei pele – *Dryomys nitedula*, nagy pele – *Myoxus glis*) besorolása stabil.

Elterjedés: A család fajai Euráziában és Afrikában élnek, a Magyarországon élő fajok a dombvidékeken és a középhegységeken országszerte előfordulnak.

Élőhely: Leggyakrabban lombos erdők, cserjések, felhagyott gyümölcsösök, gyakran erdőszéli házak.

A kiválasztás indokai: Egyes területeinken mindhárom pelefaj együtt fordul elő, és az alapkérdések megválaszolásán felül izgalmas ökológiai kutatások potenciális alanyai. Vizsgálatukra már kidolgozott speciális módszerek és terepi tapasztalatokkal rendelkező szakembergárda áll rendelkezésre.

Attribútum: Populáció nagyság, habitatpreferencia.

A monitorozás léptéke: Regionális.

Mintavételezés: Mesterséges odútelepek ellenőrzése, speciális elevenfogó csapdák kihelyezése a lombkoronában különböző magasságokban, egyedi jelölés, foszforeszkáló festés, ideális esetben rádiós nyomkövetés.

A monitorozás célja, várható információk: Az alig ismert hazai populációkról adatok gyűjtése a megjelölt attribútumok vonatkozásában és a forrásfelosztás, niche-szegregáció, életmenet-stratégiák kérdésében.

Fontosság: A maximális programba javasoljuk.

Nyugati földikutya – *Nannospalax leucodon*

Taxonómiai helyzet: Mammalia, Rodentia, Muridae; a besorolás sokat változott (genus szinten is), a fajhatárok Kisáziában nehezen meghúzhatók, az alfaji besorolás bizonytalan.

Elterjedés: Az egykori Jugoszláviától Ukrajnáig, illetve Törökországig él; hazánkban töredék-állományok találhatóak a Duna–Tisza közén és két nagyobb populáció él a Tiszántúlon.

Élőhely: Kevésbé zavart legelők és gyepek, laza vagy félig kötött talajjal.

A kiválasztás indokai: Tipikus sztyeplakó faj, kizárólag a feltöretlen, magas diverzitású gyepekben és marhalegelőkön fordul elő, egyedszáma valószínűleg töredéke a fél évszázaddal ezelőttinek, és a földikutya-rezervátumban is (ismeretlen okok miatt) csökken.

Attribútum: Populációméret, táplálékpreferencia.

A monitorozás léptéke: Lokális.

Mintavételezés: A túrások térképre vitele, rendszeres bejárással, légifotók alapján; rádiós nyomon követés.

A monitorozás célja, várható információk: A szórványpopulációknál a megfelelő kezelés biztosítása, a két célterületen kromoszóma- és populációgenetikai vizsgálatok, táplálékválasztás, szaporodás kutatása.

Fontosság: A maximális programba javasoljuk.

Északi pocok – *Microtus oeconomus*

Taxonómiai helyzet: Mammalia, Rodentia, Muridae; a hazai populációk (patkányfejű pocok néven) a *M. o. méhelyi* alfajhoz tartoznak.

Elterjedés: Az alfaj Ausztriában, Szlovákiában és Magyarországon fordul elő, hazánkban a Szigetközben és a Kis-Balatonon van nagyobb állománya.

Élőhely: Többé-kevésbé állandó vízborítású zombékos nádszegélyek, nagy nádasok.

A kiválasztás indokai: Mindkét jelentős állományunkat közvetlenül befolyásolják és veszélyeztetik a vízrendezési munkálatok. Jégkorszaki reliktum emlősfajunk, a Kárpát-medencében endemikus alfajjal.

Attribútum: Populációméret, habitatpreferencia, mozgáskörzet.

A monitorozás léptéke: Regionális.

Mintavételezés: Bagolyköpet-elemzések, kijelölt területeken szabvány elevenfogó csapdászorokkal, illetve csapdahálóval, egyedi jelöléssel.

A monitorozás célja, várható információk: Az elterjedés pontos felmérése, ökológiai igények, egyedszám-ingadozások trendjének megállapítása, az elszigetelt állományokban mikroevolúciós változások detektálása (bagolyköpetekből remélhető csonttani anyag alapján).

Fontosság: Az optimális programba javasoljuk.

Vidra – *Lutra lutra*

Taxonómiai helyzet: Mammalia, Carnivora, Mustelidae; egész Európában a törzsalak fordul elő.

Elterjedés: Eurázsia hatalmas területein él, hazánkban csaknem minden víztípus és víz mellett előfordul(hat).

Élőhely: Kisebb-nagyobb folyó- és állóvizek, természetes és mesterséges vizek egyaránt.

A kiválasztás indokai: Egyedszámának, elterjedésének változása jól jelzi a környezet kémiai állapotát, zavartságát, Európában sok helyről már (csak részben ismert okok miatt) kipusztult. Monitorozására kidolgozott nemzetközi szabvány létezik, már több országos felmérés is volt a fajról. A vidra monitorozása főleg életnyomai (hulladék, lábnyom, stb.) alapján történik; ezek felismeréséhez rövid idő alatt megszerezhető gyakorlat is elegendő.

Attribútum: Mozgáskörzet, annak évszakos változása; táplálékpreferencia.

A monitorozás léptéke: Lokális.

Mintavételezés: Szabvány szinkron felmérés, egyedi (rádiótelemetriás) jelöléssel ellátott állatok nyomon követése, hulladék táplálkozástani elemzése.

A monitorozás célja, várható információk: A hazai állomány elterjedés- és egyedszám-változásainak kimutatása, a vidra gazdasági jelentőségének megállapítása, az első-sorban veszélyeztetett halastavi állományok érdekében.

Fontosság: A maximális programba javasoljuk.

A mintavételi módszerek

Az alábbiakban a kiválasztott taxonok regionális-lokális léptékű, populációsintű monitorozásához szükséges alapvető mintavételi módszereket mutatjuk be, egyetlen kivételleként kiegészítve a Nemzeti Biodiverzitás-monitorozó Rendszer minimális programjában szereplő vidra speciális mintavételi módszerével, az életnyomfelméréssel. A cickányok regionális-lokális vizsgálatához javasolt bagolyköpet-elemzés természetesen – mintegy melléktermékként – alapvető információkat szolgáltat legtöbb rágcsáló kisméltűnk elterjedésmonitorozásához is, melyek ezért automatikusan bekerültek az országos minimális programba. Néhány védett fajunk a fenti taxonokból (alpesi cickány – *Sorex alpinus*, csíkos szöcskeegér – *Sicista subtilis*) azért szerepel csak az országos elterjedés-monitorozó program optimális részében, mert olyan ritkák, illetve szűk elterjedésűek, hogy csak a minimális elváráson túllépő, célzott vizsgálattal remélhetők adatok.

Bagolyköpet-elemzés

Cél: Előfordulási adatok gyűjtése, fajok relatív abundanciájának, baglyok táplálékpreferenciájának vizsgálata.

Alkalmazhatóság: Faunisztikai kutatások, monitorozás, állapotfelmérés, diverzitásbecslés.

Időigény: Az elsődleges adatgyűjtésnél (köpetek összeszedése) minimális, azok feldolgozásakor igen nagy.

A terület kijelölése: Országos hálózat kiépítése javasolt, például természetvédelmi igazgatóságokként egy-egy mintaterületen, melyek lefednék az ország fő élőhelytípusait.

Mintavétel ideje: Egész évben, rendszeres időközönként, optimális esetben havonkénti gyakorisággal.

Mintavétel módja: A köpetek gyűjtése azok egyszerű összeszedését jelenti, mintánként külön azonosító számmal jelölve és szellőző vászonzacsókban tárolva. A célkitűzéseknek megfelelően elsősorban gyöngybagolyköpetek (*Tyto alba*) gyűjtése szükséges, de természetesen más bagolyfajok köpetei is fontos információkat hordozhatnak. Az adatgyűjtés második fázisa a köpetekben található zsákmányállat-maradványok meghatározása. Ehhez a köpeteket enyhén nedvesítve kell szétbontani (különben a szőrmaradványok légúti irritációt okozhatnak), majd a határozható maradványok (csontok, fogak, koponyák) levattázott üveg- vagy műanyagfiolában tárolhatók, köpetenkénti bontásban a határozásig. Ha a maradványok nehezen tisztíthatók, azokat híg NaOH-oldatban pár óráig lehet maceráltatni. A tiszta és száraz fogak, csontok sztereomikroszkóp alatt határozhatók. A határozás során mindig feljegyzendő, hogy az egyes köpetekből mennyi és milyen fajú zsákmányállat volt azonosítható.

3. táblázat. A regionális, illetve lokális populációsintű monitorozáshoz kiválasztott denevéreközösségek fajainak mintavételi módszerei. A = alkalmas, K = korlátokkal alkalmas, N = nem alkalmas.

Faj	hálózás, húrscapda	nyári kolóniák számlálása	telelő kolóniák számlálása	territoriális hímek számlálása	sávmenti számlálás detektorral
kereknyergű patkósdenevér	K	A	A	N	A
kis patkósdenevér	K	A	A	N	A
nagy patkósdenevér	K	A	A	N	A
nagyfülű denevér	K	K	K	N	A
horgasszőrű denevér	K	K	N	N	A
bajuszos denevér	K	K	N	N	A
Brandt-denevér	K	K	N	N	A
tavi denevér	K	A	N	N	A
barna hosszúfülű-denevér	K	K	K	N	K
pisze denevér	K	K	K	N	K
közönséges koraidenevér	K	K	N	A	A
óriás koraidenevér	K	N (K)	N	A	A
szőröskarú koraidenevér	K	K	N	A	A
hosszúszárnyú denevér	K	A	A	N	A

Denevérhálózás, csapdázás

Cél: A befogásokkal felmérhető az adott terület denevérfaunája, annak diverzitása, az egyes fajok relatív abundanciája.

Alkalmazhatóság: Állapotfelmérés, monitorozás.

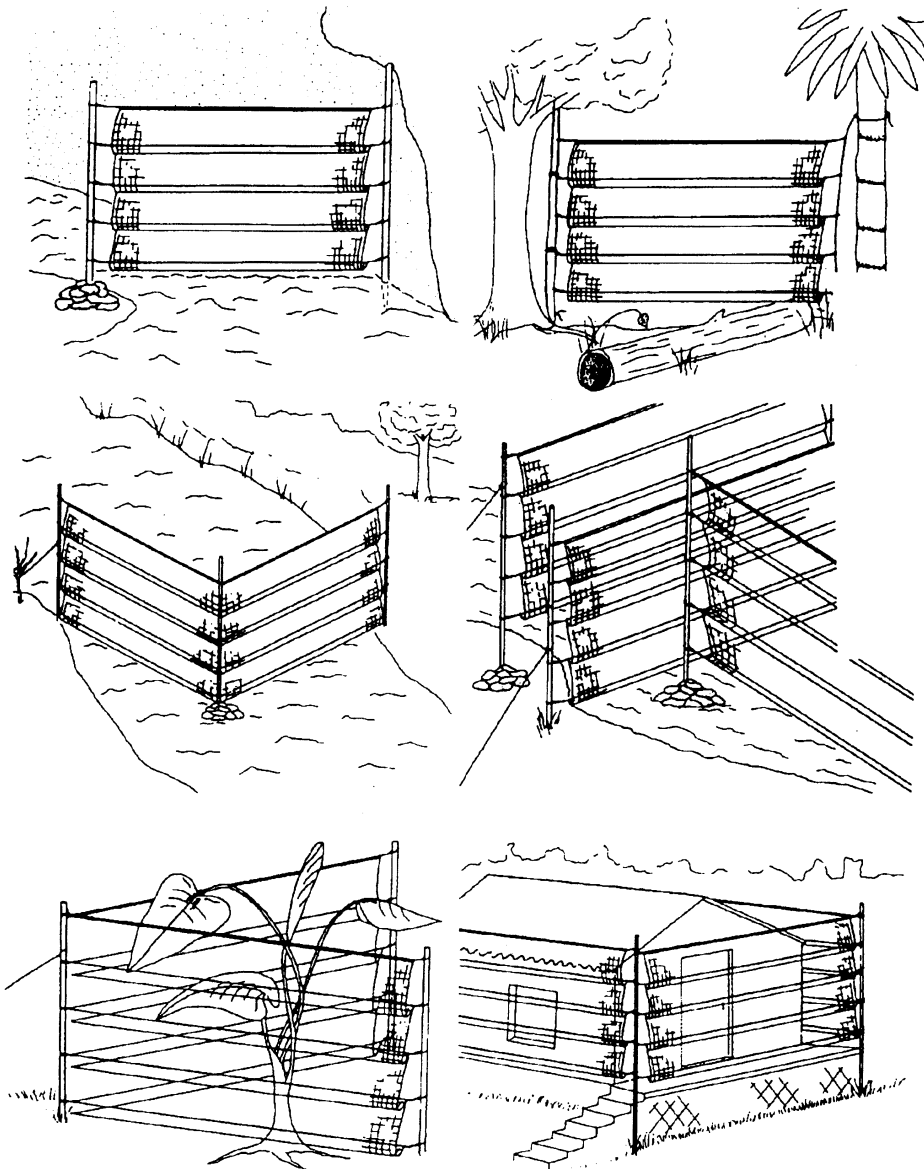
Időigény: A befogások során alkalmanként sötétedéstől legalább éjfélig, lehetőség szerint folyamatos, de legalább félóránkénti ellenőrzéssel.

A terület kijelölése: A hálózásokhoz és csapdázáshoz az erdőlakó denevéreközösségek esetében a javasolt lokalitásokban lehetőség szerint vízközeli területeken (tóparton, patak felett), illetve ösvényeken keresztül húzott állandó fogóállások használata szükséges.

A mintavétel ideje: Április 1-től október 31-ig. A mintavételek gyakoriságára nincs szabvány, de a fenti időszakban 4 alkalommal kb. másfél havonként alkalmanként 3 napig történő befogás javasolható. Mivel a denevérek egy területen való mozgása egyrészt évszakosan (a kölykezés, kóborlás, párzás, téliszállás-keresés éves ritmusának megfelelően), másrészt az időjárási körülményeknek megfelelően változik, a mintavételi terület mellett a mintavételi időszak, illetve a külső körülmények egységesítése is szükségszerű. Az eddigi vizsgálatok szerint rossz időjárási körülmények között vagy lokális táplálékhiány esetében az állatok általában nem keresnek fel más területeket, hanem kevesebbet mozognak. Az időjárási faktorok közül legnagyobb hatása (ebben a sorrendben) a csapadéknak, a hőmérsékletnek és a szélesebbésségnek van. Ezért statisztikailag kiértékelhető

szabvány hálózás esőmentes időben, 8 °C feletti hőmérsékletnél és a Beaufort-skála szerinti 3-asnál kisebb szélereősségnél végezhető.

A mintavétel módja: Az állatok befogására az engedélyezett eszközök (függönyháló, húrscapda) használhatók. A mintavételi területeken állandó hálóállások és állandó mennyiségű hálófelület használendő, ezek mértékét a terület nagysága, típusa szabja meg. A tapasztalatok alapján legjobban használható hálók (ebben a sorrendben) a lengyel, japán és angol függönyhálók, nem javasolt a finn és orosz hálók használata. A húrscapda hazai



1. ábra. Függönyhálók elhelyezésének lehetőségei denevérek befogására.

bevezetése 1996-ban történt meg, külföldi példák alapján módosított kivitelben. A csapda lényege egy fémkeret, melyre függőlegesen, egymástól 2,5 cm távolságban damilszálak vannak kifeszítve; a legegyszerűbb formában ezek csak egy sorban, további típusoknál 2, sőt három sorban egymás mögött. A damilszálaknak nekiütköző állatok a keret alján elhelyezett zsákba hullanak bele. A húrscapda előnye, hogy semmilyen sérülést nem okoz az állatnak, és nem igényel állandó felügyeletet. A hálószerű állások (a zavarás csökkentése végett) nem telepíthetők közvetlenül a denevérszállások, barlangkijáratok elé. Hazai tapasztalatok ugyan még nincsenek, de célszerűnek látszik az éjszaka megfogott állatokat a hálóbontásig vászonzacskóban tárolni, és csak utána együtt elengedni. Bár hazánkban a hálózás a faunisztikai vizsgálatokhoz használt leggyakoribb módszer, mivel a denevérek előbb-utóbb megjegyzi a helyszínt, illetve faj-, sőt korszpecifikus repülési képességeik, ultrahangos tájékozódásuk miatt különböző valószínűséggel foghatók meg, monitorozó vizsgálatokban csak más módszerekkel kiegészítve, korlátokkal alkalmazható.

A denevércolóniák számlálása

Cél: Az egyes kolóniák állomány nagyságának felmérése, annak változása az állatok életciklusával összhangban az év folyamán, illetve hosszú távon. Egyes számlálási módszerekkel (kirepüléskori létszámbecslés) információk nyerhetők a külső faktorok és a tanyahely elhagyása időpontjának összefüggéseiről.

Alkalmazhatóság: viselkedéskölögi kutatások.

Időigény: A kolóniák lokalizációjakor (első lépés) rendkívül időigényes, utána a szálláshely típusától (barlang, faodú, templompadlás stb.) függően alkalmanként csekély (egy óra) vagy sok (fél nap) is lehet.

A terület kijelölése: A szálláshelyek feltárása jelentős előkészítő munkát igényel, a szakirodalom, illetve az újabb kutatások eredményeinek összegyűjtése mellett a szűkebb szakmai körben (pl. erdészek, barlangászok között), illetve a tágabb publikum körében köröztetett kérdőívek módszerét is fel kell használni.

A mintavétel ideje: Telelő kolóniáknál értelem szerűen a téli hónapokban (november–február), két alkalommal; a nyári kolóniáknál május második felétől július végéig három alkalommal napközben, illetve a kirepüléskori számlálásnál ennél jóval nagyobb gyakorisággal (akár naponta) a sötétedéstől számított egy órán keresztül.

A mintavétel módja: Állománykímélési okokból az alábbi szabályok betartása minden számlálási módszernél kötelező: csak a szükséges minimális időtartamig tartózkodjunk a denevércolónia közelében, erős fényvel ne világítsunk sokáig és közvetlenül az állatokra, téli számláláskor ne leheljünk rájuk és ne karbidlámpát használjunk, semmiképpen ne érintsük őket. A körülményektől függően az alábbi módszerek használhatók: (1) egyedenkénti számlálás a tanyahelyen; nagyobb állomány esetében egy adott folton (pl. egy négyzetméteren) található példányok számlálása, mely azután kivetíthető a teljes területre; tíz (száz) példány leszámolása, és ennek kivetítése az adott területre. A módszer előnye, hogy alaposan szemrevételezhető a kolónia, az elrejtőzött példányok is felfedezhetők és a faji szintű azonosítás is könnyebb. Hátránya, hogy hosszabb időt vesz igénybe, és nagy zavarást jelenthet. (2) Videokamerával történő adatrögzítés a tanyahelyen. Előnye, hogy hamar elvégezhető, a nagy foltokban található állatok száma pontosabban megállapítható. Hátránya, hogy az elrejtőzött állatok nem szerepelnek a felmérésben, a faji azonosítás nem mindig lehetséges, és drága felszerelést igényel. (3) Kirepüléskori számlálás; vagy egyedenként, vagy nagyobb példányszámnál egységnyi idő alatt kirepü-

lő állatok számából következtetve (természetesen itt is használható videokamera). Előnye, hogy nem jelent zavarást, ezért gyakran ismételhető, hosszú adatsorokat lehet felvenni. Hátránya, hogy csak kis számú kirepülési útvonal esetében használható, általában rossz látási viszonyok mellett történik, ezért nem mindig pontos. (4) Létszámbecslés guanó alapján, a tanyahelyeken felhalmozódott ürülék mennyiségéből becsülve. Előnye, hogy semmiféle zavarást nem jelent, mert akár hetekkel a tanyahely elhagyása után is végezhető, és csekély szakértelem elegendő hozzá. Hátránya, hogy nagy a pontatlansága, és csak nagy kolóniák esetében kivitelezhető (ez a szóba jöhető fajok körét is meghatározza), ahol előzőleg már volt más típusú létszámbecslés, ami viszonyítási alapként szolgálhat.

A denevérek territoriális hímjeinek számlálása

Cél: Egyedszámbecslés.

Alkalmazhatóság: Monitorozó felmérések.

Időigény: Nagy, területenként és alkalmanként 3–4 óra.

A terület kijelölése: Előzetes információk (hálózás, sávmenti detektoros felvételezés) alapján nagyobb, potenciálisan számba vehető körzetek, erdőrészek jelölhetők ki.

A mintavétel ideje: Augusztus elejétől szeptember végéig, 3–6 alkalommal. Az időjárási körülmények a szabvány hálózásnál leírt módon hatással vannak a mintavétel sikerére.

A mintavétel módja: A koraidenevér- (*Nyctalus*-) és törpedenevér- (*Pipistrellus*-) fajok hímjei nyár végén-ősszel territóriumokat alakítanak ki, melyet védenek más hím példányoktól, s melyekben jellegzetes (a tájékozódási hangoktól eltérő) hangokkal csalogatják magukhoz a kölykező kolóniákat már elhagyó nőtényeket. Ezek a hímek számlálhatók meg, részben hallás alapján, részben pedig detektorral. Erre a célra olyan detektor ajánlható, melynek saját hangszórója van. A felmérés sávok mentén történik, az előzetes vizsgálatok alapján a területen található (fenti genuszokhoz, speciálisan a *Nyctalus* genuszhoz tartozó) fajok frekvenciatartományára beállított detektorral.

Sávmenti felmérés detektorral

Cél: Denevérfajlista, egyedszámbecslés, relatív abundancia, állománysűrűség.

Alkalmazhatóság: Monitorozás, élőhelyjellemzés.

Időigény: Sávonként és alkalmanként 2–3 óra.

A terület kijelölése: Az erdőlakó denevérközösségek vizsgálatára javasolt lokalitásokban, ösvények vagy akár erdei országutak mentén.

A mintavétel ideje: Áprilistól októberig havonta egyszer, egységesen, pl. a hónap utolsó hetében. Az időjárási körülmények a szabvány hálózásnál leírt módon hatással vannak a mintavétel sikerére.

A mintavétel módja: A mintavételi sáv hossza 5–15 km lehet, mely gyalogosan vagy kerékpárral is bejárható. A sáv mentén 20 ponton történik a detektorral történő számlálás és lehetőség szerint a fajok azonosítása, pontonként 5 percig. A módszer a legtöbb denevér faji szintű meghatározására is alkalmas, de a megfigyelőnek tekintettel kell lennie arra, hogy a fajok detektálhatósága eltérő – a *Nyctalus*-fajok akár 200 méterről is érzékelhetők, a *Myotis*-oknál ez kb. 40–50 méter, a *Plecotus* és *Barbastella* genuszoknál ennél is kevesebb. Ezért két ember együttes munkája ajánlott, a vizuálisan is észlelhető

példányok számlálásához. Olyan detektor (az ultrahangokat az emberi fül számára is érzékelhető tartományban hallhatóvá tevő, kb. zsebrádió méretű, elemekkel működő berendezés) ajánlott, amelyben mind a „heterodyning” mind pedig a „frequency division” funkció megtalálható, a meghatározhatóság, illetve a könnyebb érzékelhetőség kedvéért. A határozások későbbi pontosításához célszerű magnetofonnal összekötött készülék használata. A módszer hazai elterjedését lassítja a készülékek magas ára és (ennek folyamánként) azt használó szakemberek igen alacsony száma.

Lyuk- és túrásszámlálás

Cél: Populációnagyság, mozgáskörzet becslése.

Alkalmazhatóság: Monitorozás, viselkedésökológiai vizsgálatok.

Időigény: Nagy, az előkészítéshez 1–2 nap, folyamatos felmérésnél alkalmanként 1 nap.

A terület kijelölése: Ürge- és földikutyatelepeken (a fajok vizsgálatára kijelölt lokálisokban) a légifotók készítése előtt 50 × 50 méteres négyzetháló kijelölése, később a monitorozáshoz a lakott kijáratok és friss túrárok karókkal történő megjelölése.

A mintavétel ideje: Május elejétől október végéig, havonta.

A mintavétel módja: Előzetes légifelvételek, majd az azokból készült montázs alapján a lyukak és a túrárok térképre vitele. A földikutya esetében az első térképezés tavaszi eső után javasolt, amikor a friss túrárok mindjárt azonosíthatók. Befogott állatok egyedi jelölésével és ürge esetében a megjelölt példányok intenzív nappali figyelésével megállapítható a mozgáskörzet, a használt kijáratok száma. Így a továbbiak során a lyukak, túrárok számából következtetni lehet az állatok számára, illetve azok számának, elhelyezkedésének változásából a mikrohabitat változásaira (talajvízszint-változások, táplálékváltás a tápláléknövények vegetációs periódusához alkalmazkodva) és az esetleges emberi hatásokra.

Elevenfogó csapdázás

Cél: Elterjedési adatok gyűjtése, egyedi jelöléssel kombinálva mozgáskörzet, élőhelypreferencia, populációnagyság megállapítása.

Alkalmazhatóság: Monitorozás, állapotfelmérés, ökológiai kutatások.

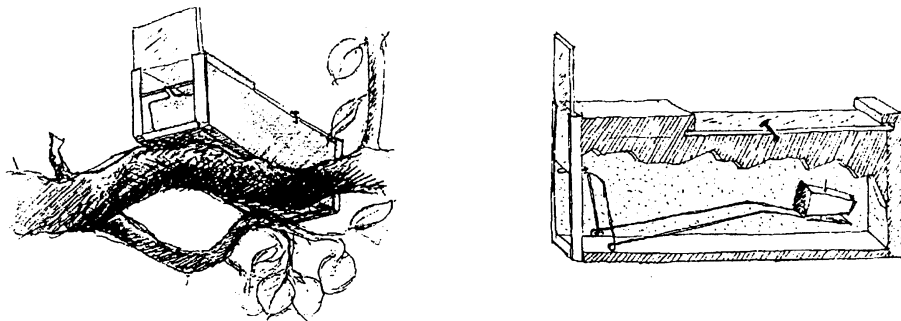
Időigény: Nagy, területenként és alkalmanként négy nap.

A terület kijelölése: A javasolt lokalitásokban az élőhely jellegétől függően a csapdávonal vagy csapdaháló (ez a szakértővel való terepbejárásakor dönthető el) állandóan használt pontjain alumínium jelölőszalagok használata javasolt, melyek segítségével az éjszakai ellenőrzés is könnyebb. A csapdák egymástól való távolsága 10–20 méter között változhat.

A mintavétel ideje: A kiemelt objektumok esetében, az északi pocoknál egész évben, a pelefajoknál május végétől október közepéig havonta négy nap. Mivel a kisemlősök mozgási aktivitását is befolyásolják a külső környezeti tényezők, a különböző évek eredményeinek összehasonlíthatósága céljából, a csapdázásokat esőmentes napokon, pelék esetében legalább 8–10 °C hőmérsékletű éjszakákon kell megejteni.

A mintavétel módja: A Magyarországon használt csapdatípusok közül a hagyományos üvegajtós vagy a Természetudományi Alapítvány és az MTM által közösen kifejlesztett fa dobozcsapda ajánlott. A későbbiekben – külföldi tapasztalatok alapján – a drótvázás,

2. ábra. Üvegajtós dobozcsapda szerkezete és kihelyezése pelék fogására.



illetve elől-hátul üvegajtós csapdák és az ELTE összecsuksukható favázás csapdájának ki-próbálása (és esetleg legyártatása) is javasolt. A különböző csapdáknál az alábbi szempontokat kell figyelembe venni: az összecsuksukható csapdák a könnyebb szállíthatóság miatt előnyösebbek, de stabilitásuk általában nem éri el a rögzített oldalú csapdákét, és bonyolultabb kioldószerkezetet igényelnek. A fémvázú csapdák téli használata azért okoz gondot, mert bennük az állatok hamar megfáznak vagy megfagynak; a tömőfalú dobozcsapdákkal szemben pedig bizalmatlanok. Ez utóbbi hatást csökkentik az elől-hátul üveg-falú vagy dróthálóból készült csapdák. Magas ára és a legújabb kritikák miatt nem ajánlható a Sherman-típusú összecsuksukható fémcsapda. A csapdák kihelyezése felcsalizás után (pocoknál napraforgómag és alma, peléknél gyümölcsök) a földre, a kisemlősök által preferált helyekre (buckák, tuskók tövébe, járataik közelébe), speciálisan peléknél a fákra, bokrokra különböző magasságba felhelyezve történik. Ha az elsődleges cél minél több állat megjelölése, illetve a helyi állomány létszámbecslése, ajánlható az előzetes betetés. Ebben az esetben a később is használt pontokon táplálékot helyezünk ki, ha mód van rá, a kirakott, de nem élesre állított (eltávolított ajtajú vagy rögzített kioldószerkezetű) csapdába téve. Vizsgálati területenként legalább 50 csapda használandó. A csapdák ellenőrzése minimálisan a sötétedés beállta után 1–2 órával, majd hajnalban történjen, de a kitérített célnak megfelelően (például aktivitásvizsgálat) óránkénti ellenőrzés is elképzelhető.

Vidraéletnyom-felmérés

Cél: Jelenlét vagy hiány megállapítása.

Alkalmazhatóság: Állapotfelmérés, monitorozás.

Időigény: Nagy.

A terület kijelölése: A vidrák által potenciálisan lakható állandó vizek (egészen kis partak is), de különösen az utak, hidak alatti átmenő vízfolyások és a tavak, víztározók közötti gátak.

A mintavétel ideje: A nyomok jobb észlelhetősége végett célszerű a kevésbé dús vegetációjú őszi–téli időszakban, novembertől áprilisig végezni a mintavételt. Ezalatt a jelenlét–hiány megállapítására a nemzetközi szabvány szerint egy vizsgálat is elegendő; ahol egy állandó állomány figyelemmel kísérése a cél, havonkénti ellenőrzés szükséges.

A mintavétel módja: A vizsgálati területnek legalább 600 méteres szakaszát kell átvizsgálni, a folyóvíz partja mentén vagy az állóvíz körül. Az átvizsgálás során az alábbi három életnyomot kell keresni: lábnyom, zsákmánymaradvány, ürülék. Ezek biztonságos felismeréséhez szakember által irányított terepbejáráson hamar elsajátítható előzetes gyakorlat szükséges. A maximális programban szereplő egyik célkitűzéshez (táplálékpreferencia) a talált vidraürülékek 70%-os etil- vagy izopropil-alkoholban való fixálása szükséges, természetesen feltüntetve az azonosításhoz szükséges adatokat.

Az emlősök jelölése

A monitorozás optimális és maximális programjaiban számos esetben alapvető a példányok megjelölése, amely fontos információkat szolgáltat (1) nem egyedi jelölés esetében, mikor a jelölés–visszafogásnál a jelölt–nem jelölt egyedek arányából számolunk populációnagyságot; (2) nem egyedi jelölésnél, mikor egyes, a fajra jellemző etológiai, ökológiai sajátosságokat kívánunk vizsgálni bizonyos egyedek feltűnő jelölésével és nyomon követésével; (3) egyedi jelölésnél, mely hosszú távon alkalmas a példányok élettörténetének, napi aktivitásának, mozgáskörzetének stb. figyelemmel kísérésére.

Bundafestés

Általában nem egyedi jelölési módszer. Igen olcsó (akrilfesték, bőrfesték használható), mely gyorsan és tömegesen alkalmazható minden emlőscsoportnál, de nem tartós hatású, mert vedléseknél, illetve mozgás közben lekopik, kinövi az állat. Általában pár hetes időtartamon belül végzendő populációnagyság-bebecslésnél használható. Egyik speciális esete a foszforeszkáló festékekkel történő jelölés, amely éjszakai életmódú, de nem nagyon rejtőzködő fajok (pl. pelék, denevérek) mozgáskörzetének, éjszakai aktivitási mintázatának feltárására használható. A másik speciális eset a színes festékfoltok kombinációja teelők denevérek, főleg a magukat szárnyukkal beburkoló patkósdenevérek jelölésére. Ilyenkor a teelés alatti csak csekély (de jellemző) helyváltoztatások figyelemmel kísérése a cél.

Bundanyírás

Gyors eljárás, melynek során ollóval a megfogott állat hátán – annak méretétől függően – kisebb-nagyobb foltban rövidre vágjuk a szőrt. A módszert legtöbbször nem egyedi jelölésként alkalmazzák, de nagyobb gyakorlattal kialakítható olyan eljárás, melynek során az állat oldalán és hátán kilenc mezőt megkülönböztetve bináris kód szerint több mint kétszáz példány egyedi jelölése is lehetséges. A módszer pocokknál, egereknél alkalmazható, cickányoknál azonban nem (a rövidebb szőr miatt könnyen a bőrbe lehet vágni). A jelölés időtartama néhány hét, utána a szőrnövés, vedlés miatt nem használható.

Fülklipsz

Rágcsáló kisemlősök egyedi jelölésére használják, betűk és számok kombinációja alapján. A fém- vagy műanyag lapocska speciális eszközzel, a fülcimpa kilyukasztásával

helyezhető fel. Előnye, hogy olcsó, de hátránya, hogy több faj nagyon érzékeny rá, és a jelölést kikaparja a füléből.

Fülcsipkésítés

A kisméltóságok fülcsipkésítésének kódrendszer szerinti, ollóval történő csipkésését (egyedi jelölését) jelenti. Ma már nemigen használják. Hátránya, hogy nagy stresszt jelent az állatnak, továbbá a természetben is általánosan előfordul a fülek sérülése, ami megtevesztő.

Ujjpercleválás

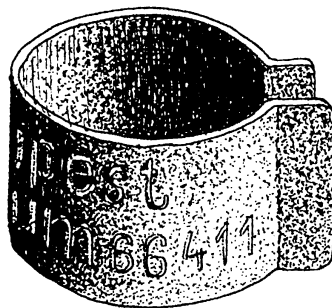
Az első és hátsó láb utolsó ujjpercének levágása elsősorban a rágcsálóknál elterjedt. Az egyed szempontjából nem jelent súlyosabb sérülést, ezért elfogadott, egyszerű és beruházást nem igénylő módszer. (Egyes országokban, pl. Angliában, ennek ellenére a közvélemény nyomására alkalmazását betiltották.) Az egyéneket itt is kódrendszer alapján jelölhetjük, lábanként egy ujjperc eltávolításával. A levágott ujjperceket az azonosításhoz szükséges adatokkal 70%-os alkoholban fixálhatjuk, ami a csöves csontok növekedési gyűrűi alapján történő (festés utáni) mikroszkópos kormeghatározáshoz felhasználható.

Tetoválás

Elektromos tetoválótűvel működő különleges gép segítségével terepen is elvégezhető, hosszú távú egyedi jelölésre alkalmas módszer. Nagyobb, csupasz bőrfelület esetén jól látható, ezért főleg denevérszárnyakon használható. Hátránya, hogy drága berendezést igényel.

Gyűrűzés

A madárgyűrűzéshez hasonló, a denevérekre kidolgozott jelölési módszer. A befogott állatok gyűrűvel való ellátása mindenkor a KTM Természetmegőrzési Főosztálya és a Magyar Denevérkutatók Baráti Köre által egyeztetett szabályok szerint történhet. A gyűrűk közül az angol, speciális alumíniumötvözetből készült gyűrűk rakhatók fel az állatok alkarjára, úgy, hogy az a szárnyon csúszni tudjon. A gyűrűzés ellen szóló komoly érv, hogy számos (nem kellő gondossággal elkészített) gyűrű helyi irritációt vagy akár vérzéssel járó sérülést okoz, és ehhez a kockázathoz képest (csakúgy, mint a madaraknál) nagyon alacsony a visszafogások aránya. Ma már tilos telelő állományok jelölése, de régen ez a gyakorlat (a zavarás miatt) szintén komoly veszteségeket okozott. A gyűrűzés mellett szóló érv ugyanakkor, hogy



3. ábra. Denevérgyűrű.

a legújabb gyűrűk (mint az ajánlott angol típus is) messzemenően teljesítik a technikai elvárásokat, a hálózaskor amúgy is kézbe vett állatok megjelölése további stresszt nem jelent, és segítségével olyan információk birtokába juthatunk (életkor, szálláshelycserék, vándorlások stb.), melyeket másképp nem, vagy csak jelentősen nagyobb költséggel szerezhetünk meg.

Mikrochip

Minden gerinces csoportnál használható modern egyedi jelölési módszer. A mikrochipet magába foglaló ampulla áramforrást nem tartalmaz (ezért miniaturizálható), hanem a leolvasókészülék által kibocsátott elektromágneses jelet veri specifikusan vissza. Előnye a kódok gyakorlatilag végtelen variációs lehetősége, az állat egész életére szóló, azt semmilyen tevékenységében nem zavaró jelölés (ritka kivételként említhető a betokozódás és kilökődés); hátránya a magas költség és az, hogy azonosításkor az állatot ismét kézbe kell venni.

Rádióadóval történő jelölés

Igen sokoldalúan használható. Lényege a testfelületre rögzített vagy bőr alá, testüregbe ültetett, saját áramforrással bíró, rádiójeleket sugárzó adó. A sugárzott jelek alapján földi vevőkészülék vagy műhold segítségével meghatározható az állat pillanatnyi helye, sőt speciális adókkal élettani paraméterek (testhőmérséklet, aktivitás, szívritmus) is mérhetők. Az adók élettartama és észlelési távolsága elsősorban a beépített áramforrás kapacitásától függ. Ennek növelése viszont az adó tömegének és térfogatának emelkedésével jár. Számtalan előnye ellenére hazai elterjedését a magas beszerzési költségek hátráltatják.

Ajánlott irodalom

- Báldi, A., Csorba, G. és Korsós, Z. (1995): *A magyarországi teresztris gerincesek természetvédelmi szempontú rangsorolása.* – Magyar Természettudományi Múzeum, Budapest, 59 pp.
- Berni Egyezmény (1994): *Convention on the Conservation of European Wildlife and Natural Habitats. Appendices to the Convention.* – Council of Europe, Strasbourg, T-PVS(94)2, 21 pp.
- Bihari, Z. (1996): *Denevérhatározó és denevérvédelem.* – Magyar Madártani és Természetvédelmi Egyesület, Budapest, 110 pp.
- CORINE (1991): *Checklist of threatened plants and animals of CORINE biotopes manual.* – World Conservation Monitoring Centre, Cambridge.
- CORINE-PHARE (1994): *Checklist of threatened plants and animals.* – World Conservation Monitoring Centre, Cambridge.

- Dobrosi, D. (1992): *A handbook for the conservation of bats in Hungary. A denevérek elterjedése és védelme Magyarországon.* – Magyar Denevérkutatók Baráti Köre, Budapest, 48 pp.
- Gjerde, L. (1995): *Methods in Monitoring Bat Populations. A provisional evaluation of methods developed by NØBI.* – Norde Øyeren Biological Station, Sorumsand, 17 pp.
- Görner, M. & Hackethal, H. (1987): *Säugetiere Europas.* – Neumann Verlag, Leipzig, 371 pp.
- IUCN (1996): *1996 IUCN Red List of Threatened Animals.* – IUCN, Gland, Switzerland, 368 pp.
- Rakonczay, Z. (szerk.) (1989): *Vörös Könyv. A Magyarországon kipusztult és veszélyeztetett növény- és állatfajok.* – Akadémiai Kiadó, Budapest, 360 pp.
- Ujhelyi, P. (1994): *A magyarországi vadonélő emlősállatok határozója (küllemi és csonttani bélyegek alapján).* – Magyar Madártani és Természetvédelmi Egyesület, Budapest, 189 pp.
- Wilson, D. E., Cole, F. R., Nichols, J. D., Rudran, R. & Foster, M. S. (eds) (1996): *Measuring and monitoring biological diversity. Standard methods for mammals.* – Smithsonian Institution Press, Washington, 409 pp.

**Állatpopulációk
genetikai variabilitásának
monitorozása:
Lehetőségek és korlátok**

Elméleti háttér

Az utóbbi évtizedekben az ember egyre intenzívebb tevékenysége a természetes életterek feldarabolódását és beszűkülését eredményezte. A szűkülő élettér magával hozta a különböző állatfajok populációinak nagymérvű csökkenését, a populációk fragmentálódását és elszigetelődését. Ezek a folyamatok szinte exponenciálisan növelték meg a veszélyeztetett állat- és növényfajok számát, aminek következtében a konzervációbiológiai szempontok különösen előtérbe kerültek a gyakorlati természetvédelmi munkában. A konzervációbiológia egyik fontos részterülete annak vizsgálata, hogy milyen evolúciós hatásokkal kell számolni a veszélyeztetett fajok populációiban, illetve hogy ezen hatások következtében hogyan változik a populációk genetikai variabilitásának szintje.

A populációméret csökkenése a genetikai variabilitás mértékére nézve jelentős változást eredményez. A kis, zárt populációkban két olyan evolúciós hatással kell számolni, melyek összességükben csökkentik a populációk genetikai variabilitását, és így veszélyeztetik fennmaradásukat hosszú és rövid távon egyaránt.

Genetikai sodródás (drift)

Kis populációkban az allélgyakoriság véletlen szóródása következtében jelentős genetikai változások mehetnek végbe anélkül, hogy ezek együtt járnának a populációk adaptációjának fokozódásával. Ebben az értelemben tehát a genetikai sodródás a populációk számára genetikai kockázatot jelent. A genetikai sodródás – és így a kockázat (bizonytalansági tényező) – mértéke függ a populáció méretétől. Egy kicsi populáció sokkal jobban ki van téve a „véletlenek játéknak”, mint egy nagy populáció. A folyamat végeredménye számos generáció elteltével az, hogy az allélok kiesése révén csökken a populáció genetikai variabilitása (csökken az alternatív allélok száma az érintett lókuszokon). A genetikai variabilitás csökkenése pedig azt eredményezi, hogy a populáció evolúciós flexibilitása csökken. A környezet állandó változásához ugyanis csak egy variábilis populáció képes alkalmazkodni.

Beltenyésztés

Kis populációkban még véletlenszerű szaporodás mellett is előfordulhat a származásilag rokon egyedek párosodása (beltenyésztés). A beltenyésztés foka (F) minden generációban $1/(2N)$ mértékben növekszik (N a populáció teljes egyedszáma). A beltenyésztés szintje tehát a populáció méretétől függ; egy kis elszigetelt populációban fokozottan kell a hatásával számolni. A beltenyésztés következménye, hogy az átlagos heterozigótaság, vagyis a populáció genetikai diverzitása csökken; ezzel párhuzamosan nő a homozigóták gyakorisága. A legtöbb populációban vannak káros recesszív allélok, melyek általában ritkák, és a heterozigótákban kevésbé éreztetik fitnessst (az életképességet v. a termékeny-

séget) csökkentő hatásukat. A beltenyésztés következtében azonban megnő a különböző káros allélokra homozigóta egyedek gyakorisága a populációban. Ha a beltenyésztés mértéke alacsony (nagy a populáció), akkor szelekció hatására ezek a recesszív homozigóta egyedek eliminálódnak, és a populáció átlagos rátermettsége jelentősen nem csökken. Ha azonban a beltenyésztés foka nagy (a populáció kicsi), akkor relatíve sok egyed viabilitása vagy fertilitása lesz alacsonyabb, mint az optimális genotípusé, így az egész populáció átlagos rátermettsége nagymértékben csökkenhet. Tekintettel arra, hogy a beltenyésztés hatása exponenciálisan nő a beltenyésztésnek kitett generációk számával, a beltenyésztés okozta fitness-csökkenés (beltenyésztéses leromlás) mértéke nemcsak a beltenyésztés fokától, hanem a beltenyésztett időszak hosszától is nagymértékben függ.

A genetikai variabilitás megőrzésének feladatai az időskálán nézve

Rövid távú feladat

A populációk fennmaradásának feltétele az, hogy az átlagos rátermettség csökkenése ne haladjon meg egy küszöbértéket. A populáció átlagos rátermettségét – vagyis az adott környezetben való túlélés valószínűségét – viszont a beltenyésztés foka nagymértékben befolyásolja. Az állattenyésztők tapasztalatai alapján a beltenyésztés maximális foka, amelyet egy vonal kipusztulás nélkül elvisel, 0,01/generáció. Ezt az empirikus adatot a természetes populációkra alkalmazva – ahol a beltenyésztés növekedése generációnként $1/(2N)$ – egy életképes populáció minimális nagysága $N_e = 50$, ahol N_e nem a tényleges egyedszám, hanem az effektív populációméret. Az effektív populációméret annak az ideális populációnak a mérete, amelyben az ivararány 1:1, az utódok megoszlása egyenletes a különböző nőtények között, és az egyedszám konstans generációról generációra. A reális populációkban általában egy vagy több feltétel nem teljesül ezek közül, aminek következtében a reális egyedszámhoz képest az effektív populációméret mindig sokkal alacsonyabb.

Az $N_e = 50$ -et mint kritikus egyedszámot azonban nem lehet minden faj esetében alapadatként elfogadni. Nem minden faj esetében van ugyanis közvetlen kapcsolat a beltenyésztés foka, vagyis a genetikai diverzitás csökkenése és a populáció átlagfitness-e között. Sok esetben nem sikerült a heterozigótaság mértéke és a fitnesszel korrelációt mutató jellegek (testméret, szimmetria foka) között egyértelmű összefüggést kimutatni. Ezért minden kritikus esetben (különösen veszélyeztetett fajoknál) ajánlatos megvizsgálni a fitness-komponensek és a genetikai diverzitás között meglévő tényleges összefüggést.

Hosszú távú feladat

A természetes populációk alkalmazkodásának a kulcsa variabilitásuk mértéke. A szelekció fundamentális tétele értelmében ugyanis a szelekció csak olyan mértékben képes a populáció genetikai összetételének megváltoztatására, amilyen mértékű additív genetikai

variációval rendelkezik a populáció az adott jellegre nézve. A genetikai variabilitás csökkenése tehát végső soron a szelekció hatékonyságát csökkenti a populációban. Ennek megfelelően egy populáció akkor képes szelekciós válaszra (vagyis arra, hogy evolúciós potenciálját megtartsa), ha a genetikai variabilitás stabilizálódik benne. A genetikai variabilitás stabilizálódásához a variabilitást fokozó és az azt csökkentő tényezőknek kell egyensúlyba kerülniük. A drift következtében a variabilitás (heterozigóta-gyakoriságban [H] kifejezve) $1/(2N)$ -ed részben csökken generációról generációra. Ugyanakkor – zárt populációk esetén – a variabilitás egyetlen forrása a mutáció. Mivel a természetes populációk genetikai variabilitásának mutációs inputja becslések szerint $\sim 10^{-3}$ /generáció, ezzel egyensúlyban a variabilitás genetikai sodródás okozta veszteségének mértéke is ennyi. Ebből következik, hogy egy evolúcióképes populáció effektív mérete minimálisan 500 egyed.

Ez a minimális evolúcióképes populációméret sem fogadható el azonban kritikátlanul minden veszélyeztetett faj esetében. A genetikai variabilitás (átlagos heterozigótaság) szintje ugyanis az állatvilágban igen változatos: a nagy emlősök $H = 0,02-0,03$ és a *Drosophila*-fajok $H = 0,12$ értéke között számtalan átmenet fordul elő. Ráadásul számos faj esetében a populációméret nem mutat korrelációt a polimorfizmus szintjével. A legtöbb faj esetében tehát a polimorfizmus szintjének pusztán megállapítása nem informatív a veszélyeztetettség szintjének becslése szempontjából. A genetikai variancia csökkenése viszont egyértelműen a populáció, illetve a faj veszélyeztetettségére utal. Következésképpen minden veszélyeztetett fajt egyedi esetként kell kezelni és önmagához kell mérni a konzervációs program kialakítása során.

A genetikai variabilitás védelmének alapegysége

Populáció

A faj a valóságban populációk rendszereként létezik. Ezen populációk genetikai állománya kisebb-nagyobb mértékben differenciálódott egymáshoz képest, ami részben az eltérő környezethez történő változatos alkalmazkodási folyamatok, részben pedig véletlen változások eredményeként alakult ki. Ugyanakkor az egy fajhoz tartozó populációk génkészlete többé-kevésbé kapcsolatban áll egymással a génáramlás révén. A fentieket összevetve tehát a populáció tekinthető a legkisebb alapegységnek mind evolúciós, mind pedig konzervációbiológiai szempontból. Bár a populáció definíciója (egy fajhoz tartozó egyedek csoportja, amelyek egymással szaporodási közösséget alkotnak, vagyis térben és időben együtt fordulnak elő) elméleti szempontból viszonylag egyszerű és egyértelmű, egy populáció kiterjedtségének a gyakorlatban történő megállapítása nem mindig kézenfekvő. Különösen igaz ez nagy kiterjedésű erdők, illetve korallzátonyok fajaira vagy éppen a metapopulációs struktúrával rendelkező fajokra.

A természetes populációk genetikai variabilitása strukturált szerkezetű. A teljes variabilitás részben populáción belüli, részben pedig populációk közötti összetevőkből áll. A genetikai diverzitás populáción belüli komponense a heterozigótaság mértéke. A populációk közötti diverzitás pedig a populációk genetikai differenciáltságának átlagos szintje. Bármely fajt alkotó populációk rendszere általában jellemezhető valamilyen geográfiai

hierarchiával. A hierarchia egyes szintjeinek megfelelően (pl. közelebbi populációk csoportja [régió] vs. totál) a populációk közötti genetikai variabilitás további komponensekre bontható. A populációk közötti diverzitás különböző szinteken való megoszlásának a meghatározásával a variabilitás földrajzi eloszlása jellemezhető. Ennek különösen nagy jelentősége van konzervációbiológiai szempontból, hiszen a veszélyeztetett fajok esetében a variabilitás minden szintjét meg kellene őrizni. A konkrét konzervációs stratégiák kidolgozásához tehát alapvető annak ismerete, hogy milyen a genetikai variabilitás megoszlása a populációkon belül és azok között, ill. hogy a populációk közötti differenciálódás a földrajzi hierarchia milyen szintjein jelentkezik.

Bizonyos esetekben (kihalással közvetlenül veszélyeztetett fajok, ill. populációk esetében) nemcsak a genetikai variancia populáción belüli átlagos szintjének a megállapítása fontos. Konkrét védelmi tervek kidolgozása során jelentősége lehet az egyedek közötti genetikai és viabilitási, illetve fertilitási különbségek megismerésének is. Igen kicsi, zárt populációkban a genetikai variabilitás eróziójának csökkentése ugyanis csakis irányított szaporodás révén, a beltenyésztés káros hatásainak kiszűrésével lehetséges. Ilyen szituációkban párhuzamosan kell vizsgálni az egyedek életképességét, ill. szaporodási sikerét és genomjuk változatosságát, hogy meg lehessen állapítani, mely egyedek párosítása kívánatos optimális genetikai diverzitású és rátermettségű utódok születéséhez.

Faj

A faj fogalma még ma is vitatott biológiai, evolúciós és filozófiai szempontból egyaránt. A különböző taxonok *species*, *semispecies* vagy *subspecies* szinten való elkülönítése pedig a taxonómusok, szisztematikuskok és ökológusok között szinte mindennapos vita tárgya. A taxonok divergenciájának szintje jól mérhető genetikai differenciálódásuk mértékével. A genetikai differenciálódás mérőszámai függetlenek maguktól a vizsgált taxonoktól, ami kettős előnnyel jár:

- a taxonok genetikai differenciálódásának foka lényegében azonos módszerrel mérhető minden állatcsoportban, és így objektívebb, mint a klasszikus morfológiai módszerek;
- hasonló szintű taxonok differenciálódásának mértéke összehasonlítható a különböző állatcsoportokban.

Így tehát a védendő és az azzal rokon taxonok genetikai differenciálódásának szintje fontos információ a természetvédelem számára, hiszen ezzel pontosan jellemezni lehet a védendő taxon genetikai integritását, vagyis azt, hogy milyen szinten különül el a rokon taxonoktól, és milyen evolúciós kapcsolatban áll azokkal. Sok esetben az is fontos kérdés lehet a természetvédelem számára, hogy a védendő taxon (izolált populáció, alfaj v. esetleg faj) milyen mértékig hibridizál a rokon taxonokkal, és így genetikai integritása milyen fokon veszélyeztetett.

A genetikai variabilitás szintjei, monitorozásának lehetőségei

A genetikai variabilitás több szinten jelentkezik, így monitorozására is számos lehetőség van. Minden variabilitási forma vizsgálata specifikus módszereket és eszköztárat igényel, és a változatosság minden szintje sajátos információt nyújt a genetikai variabilitás mértékéről. Ennek megfelelően minden módszer – és a segítségével nyert információ a változatosság szintjéről – rendelkezik előnyökkel, és megvannak a maga korlátai is.

Morfológiai szintű variabilitás

A morfológiai jelek variabilitásának mérése – az eszköztárat illetően – egyszerű és olcsó, specifikus előképzettséget (laboratóriumi ismereteket) nem igényel. Kezelésében azonban komoly nehézséget jelent, hogy a fenotípusos variancia (V_P) összetett, alkotói a genetikai variancia (V_G), a környezeti variancia (V_E) és a kettő kölcsönhatása (V_{GE}): $V_P = V_G + V_E + V_{GE}$. Ráadásul maga a genetikai variancia is komplex, részei az additív genetikai variancia (V_A), a dominanciakomponens (V_D) és a lokuszok közötti interakciót tükröző komponens (V_I): $V_G = V_A + V_D + V_I$. Így a fenotípusos variancia még akkor is nehezen kezelhető jelleg, ha végül is az additív genetikai variancia a kiemelkedően legfontosabb komponense. A heritabilitás (h^2) éppen azt mutatja meg, hogy a fenotípusos variancia milyen hányadát teszi ki az additív genetikai variancia. Bár a heritabilitás értéke az adott jelleg szülő–utód megoszlásának elemzésével megállapítható, ez az érték egyedi lesz (populáció- és környezetfüggő), és nem használható általánosságban.

A nehézségek ellenére sem lehet azonban a mennyiségi jelek tanulmányozását mellőzni a természetvédelmi monitorozás során. Számos bizonyíték van ugyanis arra, hogy a különböző fenotípusos jelek evolúciójában a kvantitatív jeleket meghatározó géneken bekövetkező kis hatású mutációk akkumulációja sokkal jelentősebb, mint az egyénes jeleknél bekövetkező, relatíve nagy hatású mutációk. Ebből következik, hogy a mennyiségi jeleket meghatározó gének variabilitásának szintje várhatóan igen magas, vagyis a kvantitatív jelek változatossága a populáció teljes genetikai variabilitásának igen jelentős részét alkotja. Számos növény- és állatfaj populációiban tapasztalták, hogy a morfológiai változatosság mértéke messze meghaladta pl. az enzimpolimorfizmus szintjét.

A genetikai variabilitás monitorozása során a mennyiségi jelek változatosságának a következő megközelítése lehetséges:

- A fenotípusos variancia nagyságának összehasonlítása a veszélyeztetett faj különböző populációiban vagy az adott faj és a hozzá közel rokon fajok populációi között. A fenotípusos variancia hosszabb időn át való nyomon követésével a variancia stabilitása vagy degradációja is megállapítható.

- A fenotípusos variancia komponenseinek (populáción belüli vs. populációk közötti) összehasonlítása. Hierarchikus populációstruktúra esetén a fenotípusos variancia populációk közötti komponense tovább bontható a hierarchia különböző szintjeinek megfelelően.

Kromoszómapolimorfizmus

A kromoszómaszámban (B-kromoszómák), illetve a kromoszómaszerkezetben (pl. inverzió) tapasztalt változatosság ismert ugyan a természetes populációkban, ezek jelentősége azonban az adaptáció folyamatában még nincs tisztázva. Ráadásul az egyes kromoszómák vagy kromoszómaszakaszok rutinszerű azonosítása komoly előtanulmányokat igényel minden faj esetében. Így a kromoszómális polimorfizmus vizsgálata a genetikai variabilitás monitorozásában korlátozott jelentőségű. Egy több fajra kiterjedő nagyobb volumenű monitorozási program ugyanis nagyon sok speciális szakember képzését igényelné, tekintettel arra, hogy a természetvédelmi szempontból jelentős fajok nagy részét korábban még nem vizsgálták kariológiai szempontból. Ugyanakkor azoknál a taxonoknál, ahol korábbi eredményekre és jól bevált módszerekre lehet alapozni, a metafázisos kromoszómák megfelelő sávttechnikával történő vizsgálata hasznos támpontot nyújthat fajok, esetleg alfajok elkülönítésére, a fajok v. alfajok közötti hibridzónák kiterjedtségének megállapítására.

Enzimpolimorfizmus

Az enzimpolimorfizmus vizsgálata azon alapul, hogy elektromos térben a különböző töltésű fehérjék elkülöníthetők vándorlási sebességük alapján. A gélelektroforézist követően, az azonos genetikai lokuszok által meghatározott allélikus enzimváltozatok specifikus hisztokémiai módszerekkel megfesthetők, és így a géntermékek közvetlenül vizsgálhatók. Mivel az alloenzimek (fehérjeváltozatok) kodomináns öröklődést mutatnak, a különböző genotípusok fenotípusosan is elkülöníthetők. A populációban gyűjtött egyedek mintáinak elektroforézisével és az azt követő specifikus festési eljárásokkal tehát a genotípus-gyakoriságok közvetlenül meghatározhatók, ennek megfelelően a heterozigotáság szintje is egyértelműen mérhető a vizsgált genetikai lokuszokon. A módszer további nagy előnye, hogy egyetlen egyedből, különböző receptúrák (elektroforetikus és a festési eljárások) alkalmazása révén, több enzim is kimutatható. Az enzimpolimorfizmus rutinszerű vizsgálata során egyedenként 10–15 genetikai lokusz tesztelését végzik a populációkban.

A genotípus és allélgyakoriságok ismeretében számos statisztikai módszer és az azoknak megfelelő programcsomagok alkalmazhatók a variabilitás elemzésére. Pontosán meg lehet határozni a genetikai diverzitás populációkon belüli és populációk közötti megoszlását. A Wright-féle F-statisztika, illetve a Nei-féle genetikai diverzitási index segítségével a populációk átlagos differenciáltságának mértékét lehet megállapítani, amit felhasználhatunk – az allélok neutrális jellegének feltételezése mellett – a populációk közötti migráció átlagos nagyságrendjének becslésére is. A populációs minták hierarchikus elrendezése lehetővé teszi, hogy a populációk közötti teljes genetikai differenciáltságot komponensekre tagoljuk a hierarchia szintjeinek megfelelően. Populációpáronként gene-

tikai távolságot lehet számolni, és klaszteranalízis alkalmazásával a populációk genetikai divergenciája dendrogramok megalkotásával tehető szemléletessé. Mindezen eredmények segítséget nyújthatnak a veszélyeztetett faj(ok) genetikai varianciájának feltérképezésében, a populáció(k) izoláltságának vizsgálatában és a genetikai sodródás hatásának kimutatásában. A heterozigótagyakoriság további részletes analízise (heterozigótahiány mértéke és eloszlása) révén becsülhetjük a vizsgált populációk beltenyésztettségének fokát, illetve képet kaphatunk a populációk struktúrájáról (homogén vs. szubpopulációs szerkezet). A genetikai lokuszok közötti „linkage disequilibrium” becslése révén felismerhetünk koadaptálódott allélkombinációkat, melyek segítik a populációt az adott környezethez való tökéletesebb alkalmazkodásban. Látható tehát, hogy az enzimpolimorfizmus elektroforézises vizsgálata a hozzá kapcsolódó statisztikai analízisekkel együtt nagyon hatékony eszköztárat jelent a veszélyeztetett fajok, alfajok vagy populációk genetikai variabilitásának tanulmányozására.

Meg kell azonban említeni a módszer hiányosságait is. Az enzimpolimorfizmus vizsgálatával a tényleges genikus változatoknak csak kisebb hányadát (30%) lehet kimutatni. A valószínű genetikai varianciát tehát messze alulbecsüljük ezzel a módszerrel. Így lehetséges az, hogy bizonyos fajok (elsősorban nagyemlősök) genetikai variabilitása olyan alacsony szintű, ami megnehezíti (adott esetben lehetetlenné teszi) a statisztikai eszköztár megbízható alkalmazását. Ez vezet továbbá ahhoz a diszkrpanciához is, amit számos állatfaj populációiban tapasztaltak a genetikai diverzitás mértékének összehasonlítása során a variabilitás különböző szintjein (morfológiai változatosság vs. enzimpolimorfizmus). Az elméleti problémák mellett gyakorlati nehézséget jelent az, hogy a populációs minták begyűjtésénél különösen ügyelni kell arra, hogy a mintákban (egyed, szerv, szövet) az enzimaktivitást megőrizzük. Ezért a begyűjtött mintákat azonnal le kell fagyasztani, ami sok esetben komoly nehézséget okoz.

Mindezen nehézségek ellenére az enzimpolimorfizmus alkalmazása a veszélyeztetett fajok (különösen rovarfajok) genetikai variabilitásának monitorozására hangsúlyozottan ajánlott módszer. Az enzimpolimorfizmus vizsgálata speciális laboratóriumokat (alapvető műszerek, laboreszközök, számítógép és szakképzett személyzet) igényel, melyek száma hazánkban ma még meglehetősen korlátozott. További, kis számú rutinlaboratórium létesítése nem illúzió, hiszen a kezdeti befektetés nem túlzott mértékű (~ 7–8 millió Ft, amennyiben magát a laboratóriumi helyiséget nem kell felépíteni), és a laboratórium folyamatos működtetése (elsősorban a munkabér és a vegyszerek költsége: ~ 2,5–3 millió Ft/év egy kutatóval + egy laboránssal számolva) sem jelent kiugró anyagi terheket. Ugyanakkor a lehetőségek (elsősorban a pénzügyek) beszűkült volta miatt alaposan meg kell vizsgálni és korlátozni kell azon fajok körét, amelyeknél a genetikai variabilitás ismerete alapvető és nélkülözhetetlen információt nyújthat a konzervációs stratégia kidolgozása szempontjából.

Variabilitás a DNS szintjén

A polimorfizmus vizsgálatához felhasznált DNS lehet mitokondriális és nukleáris eredetű. Minden DNS-szakasznak megvannak a speciális jellemzői, melyeket a vizsgálatok során messzemenően figyelembe kell venni, mert az adott szakasz variabilitására vonatkozó eredmények interpretálását befolyásolhatják.

A *mitokondriális DNS* (mtDNS) nagy evolúciós rátával rendelkezik, így magas szintű polimorfizmus jellemzi. Kiválóan használható tehát a természetes populációk variabilitá-

sának tanulmányozására. A mtDNS maternálisan öröklődik, és így alkalmas a populáción belüli anyai vonalak feltárására. A populációk közötti differenciálódás mértékének vizsgálatára szintén jó eszköz a mtDNS variabilitásának tanulmányozása, hiszen a legtöbb faj esetében az mtDNS totális populációs diverzitásának legnagyobb komponense éppen a populációk közötti diverzitás. A mtDNS variabilitása tanulmányozásának viszont komoly hátrányai is vannak. A genetikai diverzitásnak a mtDNS variabilitása alapján becsült mértékszámai nagy szórásúak. Ráadásul az mtDNS relatíve gyors evolúciója konvergenciát eredményezhet a bázissorrendben, ami további zavaró tényező lehet az eredmények interpretálásában.

A *genomikus DNS* nem homogén sem a bázisösszetétel, sem pedig az evolúciós sebesség szempontjából. A genomikus DNS különböző funkcionális és szerkezeti egységeinek egy lehetséges felosztása a kódoló régiók és a nem kódoló régiók elkülönítése.

A *kódoló régió* struktúrgénjei lehetnek egyediek, alkothatnak génklasztereket vagy előfordulhatnak több példányban, tandem módon ismétlődve. Ez utóbbi típusát a kódoló régióknak sokan a mérsékelten repetitív szekvenciák közé sorolják.

A *nem kódoló régiók* legnagyobb részben repetitív szekvenciákból állnak, melyeknek két fő típusa ismert: mérsékelten repetitív és erősen repetitív szekvenciák. A *mérsékelten repetitív szekvenciák* néhány száz és ezer között változó számú nukleotidból állnak, melyeknek kópiaszáma tízes vagy százas nagyságrendű, és az egész genomban szétterjedtek. Az *erősen repetitív szekvenciák* egy rövid alapszekvenciát („core” szekvencia) tartalmaznak, amelynek akár tízezres nagyságrendű ismétlődése is előfordulhat a genom egy adott pontján. Az erősen repetitív szekvenciákat szokták szatellit DNS-ként is emlegetni. A szatellit DNS-nek további két fajtáját különböztethetjük meg: miniszatellit és mikroszatellit. A miniszatellitek alapszekvenciája 10–15 bázispárból áll, míg a mikroszatellitek „core” szekvenciája mindössze 2–3 bázispárból épül fel. Mivel egy adott alapszekvencia tandem ismétlődései a genom egy meghatározott pontján találhatóak, ezért a különböző alapszekvenciákat tágabb értelemben genetikai lokuszoknak tekinthetjük. Ezek a lokuszokon számos alternatív allél fordul elő, melyek az alapszekvencia ismétlődési számában különböznek egymástól. Tekintettel az alternatív allélok sokaságára, ezeket a lokuszokat hipervariábilis lokuszoknak is szokták nevezni („variable number tandem repeats” = VNTR). A populációk DNS-szintű variabilitásának tanulmányozására ezek a lokuszok a legalkalmasabbak. A miniszatellitek és a mikroszatellitek nem kódoló régiók, aminek két előnyös következménye is van a variabilitás tanulmányozása szempontjából. Egyrészt a mutációk akkumulációja révén a variabilitás sokkal magasabb szintje alakulhatott ki ezeken a lokuszokon, mint az enzimlokuszokon, melyeken a szelekciós nyomás korlátozza az alternatív allélok megjelenését. Másrészt az itt jelentkező alternatív változatok valóban neutrálisnak tekinthetők a szelekció szempontjából. Ez azért jelentős, mert szinte minden genetikai statisztikai módszer az allélok neutrális voltának feltételezésén alapszik.

A DNS-szintű variabilitás vizsgálatára alkalmazott módszerek

RFLP (restriction fragment length polymorphism)

Az RFLP alkalmazásával tulajdonképpen azt lehet vizsgálni, hogy milyen szintű a variabilitás a populációban egy kiválasztott DNS-szakaszon egy adott restriktív enzim hasítóhelyeinek számát illetően, vagyis hány, ill. milyen hosszúságú DNS-molekula keletkezik a restriktív enzimmel történő hasítás után. Az RFLP vizsgálata a természetes populációkban azt mutatta, hogy a különböző DNS-szakaszokon (lokuszokon) nagyon változatos képet mutat a genetikai variabilitás szintje. Ezen lokuszok között is akadnak monomorfak, illetve a polimorf lokuszokon általában 2–4 allél fordul elő. Összességében azonban elmondható, hogy a legtöbb populáció esetében (különösen a nagyemlősök populációiban) az RFLP révén feltárható változatosság magasabb szintű, mint az enzimpolimorfizmus mértéke.

Az RFLP vizsgálata során kulcskérdés a kiválasztott DNS-szakaszból származó darabok azonosítása a gélen. Erre két lehetőség van:

- Hibridizációs technika: A kiválasztott DNS-szakasz radioaktív próba formájában folyamatosan alkalmazható a megfelelő DNS-darabok azonosítására. Ilyenkor az „azonosítási művelet” az enzimes emésztés, az elektroforézis után történik a radioaktív próbával való hibridizáció révén.
- „Polimerase Chain Reaction” (PCR): Ez a technika lehetővé teszi, hogy csak a specifikus DNS-szakasz szintetizálódjon, aminek sokszoros, egymás utáni ismétlése révén az adott DNS-szakasz mennyisége exponenciálisan nő. Az ilyen módon felszaporított DNS-szakasz koncentrációja a mintában kiugróan magas lesz a genomikus DNS egyéb szakaszaihoz képest, és így az enzimes emésztéssel belőle származó darabok azonosítása gélelektroforézis után nem jelent nehézséget.

„Ujjlenyomatmódszer” (fingerprinting)

Az ujjlenyomatmódszer tulajdonképpen egy speciális RFLP, aminek a specialitását a kiválasztott DNS-szakasz (próba) adja. A „fingerprinting”-hez miniszatellit lokuszokat alkalmaznak próbaként, ennek megfelelően rendkívül nagy mértékű változatosság tárható fel a módszer alkalmazásával.

A többlokuszos „fingerprint”-hez alkalmazott próbák nem fajspecifikusak, így széles körben alkalmazhatók a különböző állatfajokra. A DNS-töredékek mintázata rendkívül gazdag, gyakorlatilag egyedi változatosságot mutat, ezért a módszer kiválóan alkalmas a populáción belüli párosodási viszonyok pontos feltérképezésére.

Az egylokuszos „fingerprinting” esetében lokuszspecifikus próbákat alkalmaznak, melyeknek segítségével minden kétséget kizáróan meghatározhatók az egyetlen lokuszhoz tartozó alternatív allélok, és így lehetővé válik a genetikai variabilitás mérőszámainak becslése.

Szekvenálás

A szekvenálás eredményeként a kiválasztott DNS-szakasz bázissorrendjét pontosan megismerjük és így lehetővé válik a populáció különböző egyedeiből származó DNS-szakaszok (allélok) bázissorrendjének összehasonlítása. Tekintettel arra, hogy ez a módszer különösen munkaigényes, kevés adat áll rendelkezésre a természetes populációk DNS-szekvencia szintű változatosságát illetően. Az eddigi eredmények azt mutatják, hogy gyakorlatilag minden vizsgált allél egyedi, és minden egyed heterozigóta.

A DNS-szintű variabilitás rutinszerű vizsgálatához tehát a szekvenálás rendszeres alkalmazása kicsit olyannak tűnik, mintha ágyúval akarnánk verebet löni. Ennek a módszernek elsősorban az evolúciós kutatásokban van nagy jelentősége, és nem pedig a gyakorlati természetvédelmi munka genetikai megalapozásában.

Mikroszatellitek polimorfizmusa

A mikroszatellitek polimorfizmusának vizsgálati módszere a PCR-technikán alapszik. Specifikus primerek segítségével a vizsgálni kívánt mikroszatellit DNS felszaporítható a mintában, és így közvetlenül elektroforetizálható. Ilyen módszerrel a lokusz azon alléljai mutathatók ki a populációban, amelyek különböző hosszúságúak. A módszer érzékeny, így már egy bázispárnyi különbséget is észlelni lehet. Az eddigi vizsgálatok azt mutatják, hogy a mikroszatellitek rendkívül variábilis lokuszok, és ezért segítségükkel a populációk genetikai variabilitásának finom struktúrája is feltárható.

A mikroszatellitek vizsgálata tehát technikai szempontból relatíve egyszerű, és ennek megfelelően a kevésbé drága módszerek közé tartozik a DNS-technikák közül. További előnye, hogy igen kis mennyiségű szövetmintát igényel az egyedekből. Bár a módszer még új, a jelenleg ismert DNS-technikák közül a mikroszatellitek vizsgálata ígérkezik a leghasznosabbnak a populációszintű variabilitás tanulmányozására.

RAPD (random amplified polymorphic DNA)

A RAPD szintén PCR alapú módszer a DNS-szintű polimorfizmus tanulmányozására. Ebben a vizsgálatban véletlen összetételű oligonukleotidokat alkalmaznak primerként, így tehát a genom ismeretlen szakaszai szaporodnak fel a mintában. Technikai vonatkozásban egyébként nagyon hasonló a mikroszatellitek vizsgálatához. Az alapvető különbség az, hogy a RAPD analízise során igazában nem ismert, hogy milyen lokuszok polimorfizmusát vizsgáljuk.

Ennek a valóságos genetikai „vakrepülés”-nek megvannak az előnyei és a hátrányai egyaránt. Előnye, hogy nem igényel előtanulmányokat, ugyanis a vizsgált lokusz(ok) genetikai ismerete nem előfeltétele a módszernek. Komoly hátránya viszont az, hogy a ka-

pott DNS töredékmintázatának értékelése nehéz. A RAPD segítségével ugyan több lokusz párhuzamosan vizsgálható egyetlen gélen, de minden lokuszon csak két allél fordul elő, melyek domináns-recesszív öröklődésűek. Így az allélgyakoriságokat csak becsülni lehet a populációkban, továbbá nem alkalmazhatók azok a statisztikai módszerek, melyek genotípus-gyakoriságokon alapulnak.

A természetes populációk DNS-szintű variabilitásának vizsgálata a legtöbb módszer esetében tehát lényegében két lépésből áll:

- A kiválasztott DNS-szakasz (lokusz) klónozása révén a hibridizációhoz szükséges próba előállítására, továbbá a természetes populációkban előforduló allélokra a restriktív enzimek hasítóhelyeinek meghatározása, illetve a különböző genotípusok beazonosítása (RFLP, „fingerprinting”). A PCR-technikák alkalmazásán alapuló módszerekhez pedig a kiválasztott DNS-szakasz szekvenálására és a szekvencia alapján a primerek megtervezésére van szükség. Ezek a munkák kifejezetten molekuláris laboratóriumban végzendő, meglehetősen idő- és munkaigényes feladatok.
- Az előtanulmányok alapján a populációk rutinszerű tesztelése és az eredmények (genotípus- és allélgyakoriságok) statisztikai értékelése. Ezen vizsgálatokhoz egy relatíve egyszerűbb DNS-labor szükséges, melynek műszerállománya viszonylag kevésbé költséges a molekuláris laborok speciális és igen drága műszereihez és laboratóriumi eszközeihez képest.

A DNS-szintű variabilitás vizsgálatának legtöbb módszere tehát végül is a DNS egy adott szakaszán („genetikai lokusz”) alternatív változatok („allélok”) kimutatására alkalmas. Így a legtöbb módszer révén genotípus-, illetve allélgyakoriságot lehet számolni, és alkalmazni lehet az előző fejezetben (Enzimpolimorfizmus) említett statisztikai módszereket. Tekintettel arra, hogy a DNS-szintű variabilitás mértéke nagyobb (több lokuszon vannak alternatív allélok, a lokuszokon számos allél fordul elő), így a populációk genetikai struktúrája sokkal részletesebben jellemezhető, mint az enzimpolimorfizmus vizsgálata révén. Ráadásul DNS-vizsgálatokhoz szükséges minták begyűjtése és tárolása nem igényel speciális körülményeket, így még régi, múzeumi anyagok is alkalmasak lehetnek DNS-vizsgálatokra.

A DNS-technikákon alapuló módszereknek azonban van néhány hátrányuk is. Elméleti szempontból az a legjelentősebb korlátjuk, hogy – részben az előkészítő munka (könyvtárkészítés, klónozás, az adott DNS-szakasz [lokusz] és változatainak [allélok] beazonosítása, szekvenálása) nehézségeire, részben pedig a nagy költségekre való tekintettel – a legtöbb esetben a populációk DNS-szintű variabilitásának vizsgálata csak néhány genetikai lokuszon végezhető rutinszerűen. A genetikai variabilitás struktúrájáról viszont akkor kapunk hiteles képet, ha minél több genetikai lokuszt vizsgálunk. Itt azonban ki kell emelni, hogy a mikroszatellit vizsgálat kivételes DNS technikának tekinthető, mert – az előkészítő tanulmányok alapján – relatíve egyszerűbb módszerek alkalmazásával több mikrosatellit lokusz párhuzamos vizsgálatára is lehetőség van. További nehézséget jelent, hogy a DNS-technikákhoz szükséges műszerek, ill. laborszerek rendkívül költségesek, és a folyamatos munka során alkalmazott vegyszerek (izotópok, restriktív enzimek, Taq polimeráz... stb.) is drágák. Így a jelen gazdasági helyzetet figyelembe véve nincs annak realitása, hogy természetvédelmi céllal DNS-laboratóriumok létesüljenek. Ugyanakkor a jövőre nézve – kedvezőbb gazdasági feltételek esetén – nem tűnik irreálisnak kisszámú DNS-laboratórium létesítése, melyekben néhány kiválasztott faj populációjában a variabilitás rutinszerű vizsgálata folyik egyszerűbb és relatíve olcsóbb DNS-technikák segítségével. Jelenleg is előfordulhat azonban, hogy néhány kriti-

kus esetben a megfelelő konzervációs stratégia kidolgozásához fontos lenne a veszélyeztetett faj, ill. populáció DNS-szintű variabilitásának ismerete. Ilyen esetben megbízás adható egy – már meglévő – DNS-laboratórium számára az adott konkrét feladat elvégzésére.

Ajánlott irodalom

- Avise, J. C. (1993): *Molecular markers, natural history and evolution*. – Chapman and Hall, New York, London, 520 pp.
- Falconer, D. S. & Mackay, T. F. C. (1989): *Introduction to quantitative genetics*. 4th ed. – Addison Wesley Longman, Essex, 438 pp.
- Hanski, I. A. and Gilpin, M. E. (eds) (1997): *Metapopulation biology: Ecology, genetics and evolution*. – Academic Press, San Diego, London, 512 pp.
- Hedrick, P. W. (1985): *Genetics of populations*. – Jones & Bartlett Publishers, Boston, 629 pp.
- Hillis, D. M., Moritz, C. & Mable, B. K. (eds) (1996): *Molecular systematics*. 2nd ed. – Sinauer Associates, Sunderland, Massachusetts, 620 pp.
- Hoelzel, A. R. (ed.) (1992): *Molecular genetic analysis of populations: A practical approach*. – IRL Press, Oxford, 315 pp.
- Jarne, P. & Ladoga, P. J. L. (1996): Microsatellites, from molecules to populations and back. – *TREE* **11**: 10.
- Nei, M. (1975): *Molecular population genetics and evolution*. – North-Holland Publishing Company, Amsterdam, Oxford, 288 pp.
- Soule, M. E. (1987): *Viable populations for conservation*. – Cambridge University Press, Cambridge, 250 pp.
- Weir, B. S. (1996): *Genetic data analysis II. Methods for discrete population genetic data*. 2nd ed. – Sinauer Associates, Sunderland, Massachusetts, 445 pp.
- Wright, S. (1978): *Evolution and the genetics of populations. Vol. 4. Variability within and among populations*. – Chicago University Press, Chicago, London, 580 pp.