

Veszélyeztetett fajok és populációk megőrzésének genetikai szempontjai, különös tekintettel fás növényekre

Mátyás Csaba

*NyME, Erdőmérnöki Kar, Környezettudományi Intézet
9401 Sopron, Pf. 132, E-mail: cm@emk.nyme.hu*

Összefoglalás: A konzervációbiológia stratégiai feladatai közül a védelemre szoruló populációk kiválasztása és kezelése feltételezi a fajon belüli genetikai változatosság ismeretét. A megőrizni kívánt populáció fennmaradását az élőhely és a szükséges egyedszám megőrzése önmagában nem szavatolja. A kipusztulást a populáción belüli párosodás zavarai, a fajok közötti kölcsönkapcsolatok megszakadása (pl. beporzó vektor hiánya vagy megfogyatkozása) és a génkészlet erodálódása is kiválthatja. A genetikai szempontok figyelembevételét az is indokolja, hogy a faji areán belül általában evolúciósan kialakult térbeli genetikai mintázat létezik, amelynek fenntartása ugyanazon indokokkal támasztható alá, mint a faji diverzitásé. A konzerváció stratégiájának kidolgozása szempontjából a legkisebb életképes populációméret (LÉP) nagysága a legfontosabb paraméter. A LÉP nagyságát nem lehet sematikusán megadni, mert azt a fajra jellemző genetikai rendszer, továbbá a demográfiai viszonyok és a környezeti feltételek, illetve azok fluktuációja határozza meg.

Kulcsszavak: alkalmazkodóképesség, erdei fás növények, genetikai diverzitás, genetikai erőforrások, genetikai mintázat, génmegőrzés, legkisebb életképes populációméret

A genetika kialakulatlan helye a konzervációbiológiában

A biodiverzitás-védelem tengernyi irodalmában aránylag szerény helyet kapnak a genetikai szempontok. Még a legfrissebb állat- és növényfajok védelmével foglalkozó publikációk között is nem egy akad, amelyben a genetika említésre sem kerül, annak ellenére, hogy a veszélyeztetett fajok és populációk problémái döntően genetikai természetűek (fragmentáció, populációk közötti génáramlás elapadása, beltenyésztés, alkalmazkodóképesség csökkenése stb.).

A genetikai szempontok elhanyagolhatónak tűnő szerepe a konzervációbiológiai megfontolásokban több okra vezethető vissza. Egyrészt „tudománytörténeti fáziskésésben” van a genetika, hiszen csak az utóbbi 1–2 évtizedben jelentek meg olyan eredmények, amelyek igazolják fontosságát a természetes szabályozó folyamatokban. A genetikai eredmények nehéz hozzáférhetőségéhez a tudományterület enigmatikus eszköztára és nyelvezete is hozzájárul. A genetikai hatások ráadásul – az igen hosszú időperspektíva miatt – amúgy sem tartoznak az azonnal eredményt

hozó szempontokhoz. Kétségtelenül a legfontosabb szempont azonban a genetikai vizsgálatok idő-, illetve költségigénye, amely nem tette eddig lehetővé, hogy a konzervációs stratégiák tervezésénél általános legyen a genetikai információk felhasználása.

Az általános természetvédelmi biológiai elveken túl a genetikai szempontok figyelembevételét a következő okok indokolják: (1) A megőrizni kívánt populáció fennmaradását az élőhely és a szükséges egyedszám megőrzése önmagában nem szavatolja. A kipusztulást a populáción belüli párosodás zavarai, a fajok közötti kölcsönkapcsolatok megszakadása (pl. beporzó vektor hiánya vagy megfogyatkozása) és a génkészlet erodálódása is kiválthatják. (2) A populációk jól jellemezhető genetikai struktúrával (heterozigózis, allélgyakoriság) rendelkeznek, amelynek fenntartása a rátermettség és alkalmazkodóképesség megőrzése érdekében fontos. (3) A faji areán belül általában evolúciósan kialakult térbeli genetikai mintázat létezik, amelynek fenntartása ugyanazon indokokkal támasztható alá, mint a faji diverzitásé.

Ezen írás célja elsősorban arra felhívni a figyelmet, hogy a fajok, életközösségek védelme nem szűkíthető le a demográfia kérdéskörére, sőt az alkalmasint felmerülő genetikai elvek (legkisebb életképes populációméret, mint munkahipótezis) is árnyaltabb megközelítést kívánnak.

Nem fér hozzá kétség, hogy a veszélyeztetett életközösségek és fajok természetes körülmények közötti, hosszú távú megőrzése a biodiverzitás faji és genetikai szintű fenntartását egyaránt megkívánja. Csak a diverzitás által biztosított rugalmasság teszi lehetővé az alkalmazkodás, az evolúcióképesség, végső soron az ökoszisztéma működőképességének megőrzését. Nem véletlen, hogy a fajdiverzitás és a genetikai diverzitás között számos *analógia* fedezhető fel, amelyekből csak néhányat emelek ki: (i) Az élet-, illetve szaporodási közösség fő jellemzőinek hosszú távú alkalmazkodóképességét (stabilitását, rezilienciáját) az állandóan változó környezetben ugyanúgy a fajdiverzitás teszi lehetővé az ökoszisztémában, mint ahogy a faji adaptációs potenciál fenntartását a genetikai diverzitás (allélikus diverzitás) biztosítja. (ii) Az élőhely kiterjedésének és minőségének közismerten szoros a korrelációja a fajdiverzitással. Ugyanez a kapcsolat igazolható genetikailag a faj előfordulásai (populációméretek) szintjén is. (iii) Ugyancsak vitathatatlan a fajdiverzitás függése evolúciós, paleobiológiai (történeti) tényezőktől. Az intraspecifikus genetikai diverzitás szintjén a stochasztikus, történeti hatások fennmaradására ma már számos bizonyíték hozható. (iv) Nagyobb térségeket tekintve, a kardinális ökológiai tényezők változása jól kivehető tagolódást idéz elő az életközösségek szintjén (zonáció). Ugyanilyen tagolódás figyelhető meg a nagy areával rendelkező fajok genetikai strukturáltságában is (klínek, ökotípusok térbeli mintázata). (v) Az antropogén hatások a természetes rendszerekben fajsinten ugyanúgy

diverzitáscsökkenést idéznek elő, mint ahogy azt a fajon belüli genetikai diverzitás szintjén is ki lehet mutatni.

Az analógiák egyértelműen arra mutatnak, hogy a faji és genetikai diverzitás természetes szabályozó rendszerének működési elve hasonló, a két biológiai organizációs szint szétválaszthatatlanul összefügg.

Genetikai szempontok figyelembevétele a veszélyeztetett fajok, populációk védelmének tervezésekor

A konzervációbiológia gyakorlata a fajvédelem szintjén az alábbi fő stratégiai kérdésekre összpontosít: (1) az adott faj élőhelyének megőrzése, védelme; (2) a védelemre legmegfelelőbb populációk, illetve rezervátum-területek kiválasztása; (3) életképes populációméret fenntartása.

A felsoroltak közül az élőhelymegőrzés genetikai információt nem igényel. A megfelelő, védelemre leginkább rászoruló populációk kiválasztása már feltételezi a fajon belüli, populációk közötti genetikai változatosság ismeretét.

Az életképes populációméret meghatározása viszont, ahogy arra a későbbiekben részletesebben rátérünk, alapos tájékozottságot feltételez az adott faj genetikai viszonyairól, ami a legkritikább esetben áll rendelkezésre.

A genetikai jellemzők figyelmen kívül hagyását általában azzal indokolják, hogy az egyedszám és más demográfiai jellemzők impliciten a genetikai viszonyokra is kielégítően utalnak. Világosan látni kell azonban, hogy különösen veszélyeztetett, kisméretű populációkban a számba vehető egyedszám önmagában nem ad felvilágosítást a párosodási viszonyokról, az effektív populációméretéről, és a genetikai változatosságot befolyásoló véletlen hatások (sodródás, génáramlás, beltenyésztés) nagyságrendjéről.

A genetikai diverzitás fajon belüli adaptív és stochasztikus eredetű mintázatának védelme és megőrzése ugyancsak megkívánja a genetikai információkat. Hasonló a helyzet azon fajok esetében, amelyek közeli rokonai vagy domesztikált fajtái természetben vannak, és a génáramlás révén a védendő faj identitását introgresszióval veszélyeztetik.

* Az effektív populációméret (N_e) a párosodási feltételek sarkalatos jellemzője. Genetikai vonatkozásban a *reproduktívan effektív méret* értelmezésben használjuk. Ez alatt azt az elméleti populációméretet értjük, amely az utódnemzedékben tapasztalt genetikai jellemzőket (allélgyakorosság, beltenyésztettség stb.) hozza létre. Az effektív populációban tehát csak az utódnemzedék létrejöttéhez hozzájáruló egyedek szerepelnek, figyelembe véve hozzájárulásuk eltérő arányait is (Mátyás 2002).

Faj szintű genetikai jellegzetességek figyelembevétele

Egy adott faj megőrzése, változatosságának fenntartása szempontjából több körülmény mérlegelése lényeges, így a fajt alkotó populációk létszáma, a faj evolúciós múltja, valamint a faj szaporodásbiológiai jellegzetességei.

A *faj evolúciós múltja* a beltenyésztés, illetve a genetikai teher nagysága szempontjából játszik szerepet. Amennyiben a faj természetből diszperz előfordulású, valószínűleg kisebb életképes populációméret mellett is fenntartható.

A megőrzendő faj *szaporodásbiológiája* alapvetően meghatározza az alkalmazandó eljárást. E tekintetben elsősorban a populáción belüli párosodás módja, a génáramlás feltételei populáción belül, illetve populációk között, valamint esetlegesen fajok között (idegen faj hibridizálásának, introgressziójának lehetősége) érdemel fokozott figyelmet.

Az elterjedés és a faji genetikai rendszer** jelentőségét a genetikai változatosság szempontjából a továbbiakban fás növények példáján mutatjuk be. Az elemzés alapján megállapítható, hogy a szaporodás viszonyainak és az elterjedés mintázatának ismeretében bizonyos genetikai következtetésekre van mód akkor is, ha a tételes paraméterek nagyságáról nincsenek információk.

A *diverzitás különbségei* a földrajzi areanagyság és a párosodási típus tekintetében minden fontosabb genetikai paraméterre szignifikánsak (1. táblázat). Láthatólag ez az a két tényező, amely a fajon belüli diverzitásra a legnagyobb hatással van. Például az endemikus fajok genetikai diverzitása csak harmada a nagy areájú fajokénak.

A *párosodási rendszert* tekintve, az öntermékenyülő és a vegyes megporzású fajok diverzitása alacsony, csak töredéke az idegentermékenyülő fajokénak. A különbséget elsősorban a polimorf lókuszek számában mutatkozó eltérés okozza.

A *fajon belüli, populációk közötti különbségek* tekintetében is jelentős az *areanagyság* hatása. A populációk közötti különbségek okozta diverzitás-részarány (G_{ST}) határozottan nagyobb az endemikus és szűk elterjedésű fajok esetében, míg a közepes és nagy elterjedésű fajok G_{ST} értékei csekélyek. Az endemikus fajok esetében erre az adhat magyarázatot, hogy a populációk gyakorta kicsik és izoláltak, ami akadályozza a génáramlást és a drifthatás révén populációk között nagyobb különbségeket eredményez (1. táblázat).

Öntermékenyülő, vegetatívan is szaporodó, illetve apomiktikus fajok esetében populációk között nagyobb genetikai differenciáltságot feltételezhetünk, mint az idegentermékenyülőknél. A génáramlás gyengesége egyúttal a helyi alkalmazkodást is erősíti, illetve gyorsítja.

** Genetikai rendszer alatt a genetikai információ fajra jellemző szerveztségét, valamint a szaporodás, párosodás jellemzőit értjük.

Az elterjedési mintázat jelentőségére indirekt adatot szolgáltat a zonális előfordulás szerinti csoportosítás. A boreális fajok esetében ugyanis összefüggő elterjedésű, nagy létszámú populációk alkotják a faji areát, dél felé haladva a populációk mérete csökken, az előfordulások egyre diszperzebbek, végül a trópusokon az egyedsűrűség szélsőségesen alacsonnyá válik. A párosodó létszám csökkenésének következménye elsősorban a polimorfizmusban és az átlagos allélszámban mutatkozik meg (1. táblázat).

Hamrick és mtsai (1992) elemzése megerősíti, hogy a széles elterjedésű, nagy egyedsűrűségű, idegentermékenyülő, jó migrációs képességgel rendelkező fajok (pl. fenyők) fajon belüli diverzitása nagy, de a populációk közötti eltérések az erős génáramlás miatt kisebbek, mint más csoportokban. A rovarporzó fajok esetében kevésbé hatékony génáramlást feltételezhetnénk, de ezt Hamrick és mtsai adatai nem igazolják.

A rövid életű lágyszárúak és az erdei fafajok egybevetése (Mátyás 2002) azt mutatja, hogy a rövid élet és a kis termet kis effektív populációméretet, erősebb drifthatást, gyengébb migrációt eredményez. A magas termet önmagában is hozzájárul ahhoz, hogy a fás növények virágpóra nagy távolságokat képes megtenni.

1. táblázat. Hosszú életű fás növényfajok enzimlokuszokra számított diverzitása különböző csoportosításokban (Hamrick *et al.* 1992 nyomán, egyszerűsítve). Jelmagyarázat: N = a vizsgált fajok száma; P = polimorf génhelyek százaléka; A = génhelyenkénti átlagos allélszám; H_e = genetikai diverzitás; G_{ST} = a fajon belül, populációk között mért differenciáltság. Az alcímsorokban az osztályok közötti különbségek szignifikanciaszintje van feltüntetve (* = 5%, ** = 1%, *** = 0,1%; NSz = nem szignifikáns).

Kategória	N	P	A	H_e	G_{ST}
Elterjedés (area)		***	*	***	*
Endemikus	20	42,5	1,82	0,08	0,141
Szűk	45	61,5	2,08	0,17	0,124
Közepes	115	55,7	1,87	0,17	0,065
Nagy	11	67,8	2,11	0,26	0,033
Zonális előfordulás		**	**	NSz	
Boreális	26	82,5	2,58	0,21	
Mérsékelt övi	122	63,5	2,27	0,17	
Szubtrópusi	5	62,2	1,89	0,17	
Trópusi	38	57,9	1,87	0,19	
Párosodási típus		***	**	***	NSz
Öntermékenyülő	1	11,0	1,15	0,03	–
Vegyes / állat	11	29,9	1,51	0,08	0,122
Idegenporzó / állat	51	63,2	2,18	0,21	0,099
Idegenporzó / szél	128	69,1	2,31	0,17	0,077

Befejezésül emlékeztetni kell arra, hogy a fás fajok csoportosításához használt életmód-jellemzők a diverzitásban mutatkozó különbségek mindössze 34%-át magyarázzák fajszinten. A fennmaradó eltérések magyarázatát elsősorban a faj evolúciós múltjában kell keresni. Így azok a fajok, amelyek életmódjukhoz képest aránylag csekély diverzitást mutatnak fel, nagy valószínűséggel evolúciós „palacknyakon” mentek keresztül a geológiai múltban.

A szaporodásbiológiai szempontokból következik, hogy a génmegőrzés stratégiájának kidolgozásakor ismerni kellene az *effektív* és az *életképes populációméretet* is, amely hosszú távon fenntartható; ez adott esetben a populáció határain messze túlterjedő környezet figyelembevételét is szükségessé teszi.

A helyszínekiválasztás genetikai szempontjai

A termőhely változatossága összefügg a genetikai változatosság fenntarthatóságával. Szélsőségesen kedvezőtlen hatások beszűkítik, elszegényítik a génkészletet. Általában a kedvezőbb, változatos feltételek nagyobb, kedvezőtlenebbek kisebb diverzitás fenntartását teszik lehetővé (Mátyás 1986, 1996).

A teljes ökoszisztémát tekintve a *fajgazdagság* (fajdiverzitás) hasonló hatású, mint a termőhelyi változatosság, és a genetikai változatosság növelése irányába hat. Ennek az a magyarázata, hogy a kölcsönhatások sokrétűsége és kiszámíthatatlansága nagyobb változatosságot tart fenn. Ebben a fajt tápnövényként fogyasztó szervezetek (konzumensek), valamint kompetíciót jelentő növényfajok egyaránt szerepet játszanak. A társulás fajgazdagsága szerepet játszik a faj diszpergáltságának mértékében (egyedsűrűség, elegyarány), amely az egyedszám mellett a párosodási feltételekre is kihat.

A génmegőrzés szempontjából legkedvezőbb adottságok tehát aránylag kedvező, változatos termőhelyi viszonyok között tenyésző, nagy egyedszámú populációk esetében vannak meg, ahol nemcsak a faji sokféleség nagymértékű (ún. kompozicionális és trofikus diverzitás), hanem kedvezően változatos az életközösség térbeli struktúrája is (szinteztettség, mozaikosság).

Védendő populációk kiválasztásának genetikai szempontjai

A genetikai szempontok érvényesítéséhez kívánatos lenne nemcsak a fajon belüli változatosság, hanem a faj evolúciós/történeti hátterének ismerete. A kiválasztás szempontjai lehetnek: (1) A legfontosabb ökológiai tényezőkkel kapcsolatos adaptív mintázat feltétlen megőrizendő, pl. növények esetében azonosítandók a

genetikai klíneket, ökotípusokat képviselő populációk. (2) Törekedni kell a történetileg, pl. fajvándorlás, helyi génsodródás következtében kialakult, vagy természetes introgresszió hatását őrző térbeli genetikai mintázat fenntartására. (3) Különös figyelmet érdemelnek az area peremén, esetleg messze az összefüggő areaszegélyen kívül izolálódott populációk, amelyek gyakorta erős drifthatást, csökkent kompetitív készséget mutatnak, de különösen az előre jelzett környezetváltozáshoz alkalmazkodás szempontjából értékesek lehetnek. (4) A spontán antropogén hatásokat hordozó populációk általában alkalmazkodóképességüket korlátozó génerózió estek át, megőrzésük természetvédelmi szempontból nem különösebben indokolt. Más a helyzet a célzatos szelekciót átesett populációkkal – de ezek megőrzése inkább nemesítési-termesztési feladat.

Adaptívan egységes körzetek kijelölése a génmegőrzés tervezéséhez

A génmegőrzés egyik központi problémája (és ez nemcsak a fákra érvényes), hogy nagyon nehéz definiálni az area azon részterületeit, amelyeken belül megőrzési egységeket érdemes létrehozni. Erre a célra az adaptívan egységes körzetek elve a legalkalmasabb.

Adaptívan egységes körzet alatt azt a populációkollektívumot értjük, amelyen belül az alkalmazkodottságot meghatározó környezeti tényezők nagyjából egységesek, és feltételezhető, hogy a populációk génkészlete is hasonló. A körzetnagyság meghatározására legtöbbször genetikai markereket alkalmaznak, és a megállapítható genetikai távolság alapján határozzák meg azokat a populációkat, amelyek már eléggé eltérőek ahhoz, hogy külön gondoskodjanak megőrzésükről. Ez a módszer azonban nem feltétlenül célravezető, mert elsősorban a véletlen genetikai hatásokra érzékeny, az adaptív tulajdonságok változatossági mintázatával viszont alig van összefüggésben. A markerekkel kimutatott távolságok ezért inkább a lehetséges maximális körzetsméreteket érzékeltethetik.

A legkisebb életképes populációméret meghatározásának általános szempontjai

A legkisebb életképes populáció („LÉP”; MVP: *minimum viable population*) az az egyedszám, amely elegendő a populáció tartós fennmaradására egy adott élőhelyen (NRC 1991). Genetikai értelmezésben, ez magában foglalja az alkalmazkodóképesség hosszú távú fennmaradását is. A „LÉP” elegendő nagy kell legyen mind az evolúcióképességnek, mind pedig a genetikai diverzitásnak a megőrzésé-

hez. A legkisebb életképes populáció nagyságát a fajra jellemző genetikai rendszer, a demográfiai viszonyok és a sok tekintetben jósolhatatlan környezeti feltételek határozzák meg.

A legkisebb életképes populációméret (LÉP) levezetése genetikai adatokból

Az életképes populációméret meghatározása genetikai paraméterekkel többféle módon vezethető le, valamennyit elsősorban gyors generációváltást produkáló állatfajokra dolgozták ki (Loeschke *et al.* 1994). (1) Kiszámítható a heterozigózis csökkenése alapján (*beltenyésztési LÉP-méret, N_t*), amikor a heterozigóta egyedek fogyását vesszük figyelembe adott populáció-létszám mellett. (2) Kiszámítható a variancia, illetve diverzitás alapján (*variancia LÉP-méret, N_{var}*); ez a módszer az allélvesztést, a genetikai variancia fogyását veszi figyelembe. Amennyiben a cél a géndiverzitás megőrzése, ez a létszám az, amelyet figyelembe kell venni. (3) Kiszámítható a populáció fennmaradása, perzisztenciája alapján (*kihálási effektív méret, N_{ext}*); ez esetben a szegregáló, azaz még polimorfizmust felmutató lokuszok számának csökkenését vesszük alapul (ezt a lehetőséget a továbbiakban nem tárgyaljuk).

A többféle megközelítés hasonló eredményeket szolgáltat. Természetesen a körülményektől függ a diverzitás fogyás még elfogadható mértékének megállapítása. Általában a feltétlen megőrzendő allélok gyakorisági határát legfeljebb 5%-nál, megőrzésük valószínűségét 95–99%-nál szokás meghúzni. A beltenyésztettség generációnkénti növekedése pedig 0,5% alatt kell maradjon.

Meg kell azonban azt is említeni, hogy valamennyi esetben az érintett génhelyeket semleges hatásúnak tételezik fel. Ha adaptív hatású génhelyek változatosságára is kiterjed az értékelés, ez utóbbiak minden bizonnyal nagyobb súllyal kell latba essenek (pl. rezisztencia-lokuszok változatossága).

A LÉP-méret számításával kapcsolatban ki kell térni még arra is, hogy a populáció genetikai identitása megőrzésének az is feltétele, hogy a génkészletet külső genetikai hatások se torzítsák migráció, introgresszió révén. Mindazon fajok esetében, ahol a génáramlás számottevő, ezzel a tényezővel is komolyan számolni kell.

A LÉP-méret meghatározása a beltenyésztés alapján

A beltenyésztési koefficiens segítségével különböző populációméretekre kiszámítható a várható beltenyésztettség adott számú generáció múlva (2. táblázat).

2. táblázat. A beltenyésztési koefficiens (F) nagysága 10, illetve 100 generáció után az effektív populációméret (N_e) függvényében.

N_e	generáció után	
	10	100
5	0,65	0,99
10	0,40	0,99
25	0,18	0,86
50	0,09	0,63
100	0,05	0,39
250	0,01	0,18

Eszerint – szigorúan csak a beltenyésztést figyelembe véve – 10 generációra számolva már 100–200 egyed nagyságú effektív populáció elegendő különösen, ha számolhatunk külső eredetű génaáramlással is.

Az állattenyésztésben a heterozigózis csökkenésének figyelembevételével a minimális populációméretet megközelítőleg 200 körüli, egymással nem rokonságban álló egyednek adják meg. Ez esetben a beltenyésztettség elhanyagolható, mintegy 0,2%-os ütemben növekszik generációról generációra. A beltenyésztettség viszont már generációnként 0,5, 0,9, illetve 1,8%-kal növekszik, ha a populáció létszáma 100, 50, illetve 25 egyedre csökken (2. táblázat).

Terepi vizsgálatok a konzervációbiológiailag elfogadható minimum-létszámokra általában állatfajokra állnak rendelkezésre. Ezek a számok meglehetősen alacsonyak; a kanadai vadjuhra pl. már 100 egyed feletti létszámot megfelelőnek találtak egy 70 éves vizsgálatsorban, azonban genetikai elemzések nélkül (Standovár & Primack 2001). Ugyanez a forrás azonban ismerteti Lande eredményeit is, aki gerincesekre az 5000-es létszámot tartja hosszú távon valóban reálisnak, a természetből erősen hullámzó egyedszámú gerinctelen fajokra és egynyári növényekre pedig 10 000 darabot tart biztonságos egyedszámnak.

LÉP-méret meghatározása allélvesztés-valószínűség alapján

A populációban létrejövő utódnemzedék génkészlete a szülőnemzedék génkészletéből vett véletlen „genetikai minta”. Minél kisebb a populáció létszáma, annál inkább nő a „mintavételi hiba”, azaz a véletlen sodródás, allélvesztés valószínűsége. Az életképes populáció nagysága tehát levezethető az allélok elvesztésének statisztikai valószínűségéből is.

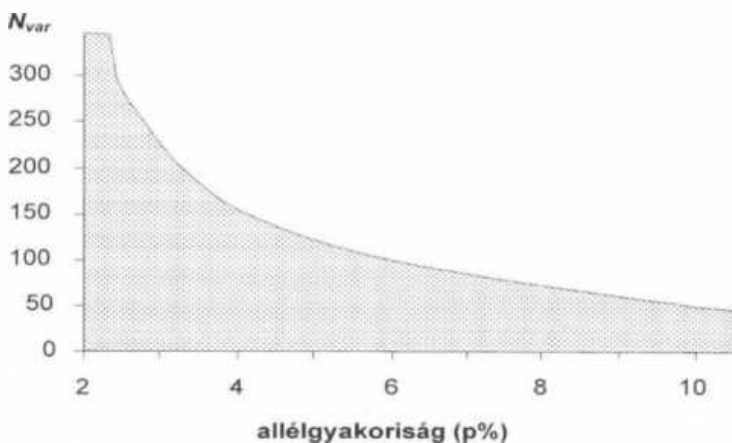
A hatásos génmegőrzéshez szükséges terület nagysága és a megőrzött genetikai változatosság közötti exponenciális kapcsolat lehetetlenné teszi a „teljes” variancia megőrzését. Látni kell azonban azt is, hogy ezt a természet sem teszi: a

természetes genetikai sodródás nem más, mint az elégtelen mintavétel okozta génkészlet-vesztés. Egy adott allél fenntartásához szükséges effektív populációlétszám az allélgyakoriság (p) csökkenésével exponenciálisan nő (1. ábra).

Krusche és Geburek (1990) szerint az allélvesztés- valószínűség alapján kalkulált legkisebb életképes populáció nagysága az $N_{var} = \log(1 - [1 - P]^{1/M}) / \log(1 - q)$ képlet szerint alakul (3. táblázat). A képletben $1 - P$ annak valószínűsége, hogy a mintában a q -nál gyakoribb allélek legalább egyszer előfordulnak; M a ritka allélek összege (valamennyi számításba vett génhelyen); és q a ritka allélek gyakorisági határa. A 3. táblázat alapján megállapítható, hogy aránylag szigorú feltételek mellett is néhány ezer egyed nagy számú ritka allél megőrzésére képes.

A többféle megközelítés alapján megállapítható, hogy a meghatározott kockázati tényezőktől és előfeltételektől függően, effektív populációméretben számítva is több százra tehető az életképes populáció minimum létszáma. Az effektív populációmérettel kapcsolatos számításokból tudjuk, hogy a kiegyensúlyozatlan párosodási feltételek miatt a figyelembe vehető effektív egyedszámok a tényleges (ivarérett) egyedszámnál egy nagyságrenddel kisebbek. *Ezért természetes populációk esetén a „LÉP”-nél egy nagyságrenddel nagyobb tényleges létszámmal célszerű számolni.*

Ehhez még hozzátehetjük a következőket: (i) a stratégia megválasztásánál tekintettel kell legyünk a génáramlás (migráció) mértékéből levezethető kiegyenlítő hatásra. Korlátozott génáramlás esetén a diszperz előfordulások között nagyobb genetikai differenciálódásra lehet számítani. (ii) A génáramlási adatok hiányában maga az elterjedés mintázata, az egyes populációk természetes egyedszáma is el-



1. ábra. Adott gyakoriságú allél egyetlen generáció alatti, 95%-os valószínűségű fennmaradásához szükséges életképes populáció effektív létszáma (N_{var}) (Mátyás 2002).

3. táblázat. Legkisebb életképes populációméret (N_{var}) meghatározása P allélvesztési valószínűségekre (Krusche & Geburek 1990). A táblázat három gyakorisági minimumra (q) adja meg az egyedszámot, eltérő számú ritka allél (M) esetére. Előfeltétel, hogy valamennyi genotípus homozigóta a populációban. Amennyiben Hardy–Weinberg-egyensúly áll fenn, az egyedszámok felezendők.

P	q	Egyedszám (N_{var})			
		$M = 1$	$M = 10$	$M = 100$	$M = 1000$
0,01	0,05	90	135	180	225
	0,01	459	687	919	1146
	0,005	919	1378	1837	2296
0,005	0,05	104	149	193	238
	0,01	528	757	986	1243
	0,005	1058	1516	1976	2435

igazítást adhat a fajban meglévő genetikai teher mértékéről. Erdei fákon végzett elemzések kimutatták, hogy természetből kis egyedszámban előforduló fajok genetikai terhe kisebb, és a rokonpárosodásra, beltenyésztésre kevésbé érzékenyek. (iii) A beltenyésztést, rokonpárosodást hatékonyan kizáró, obligát idegenbeporzó fajok általában nagyobb populációméretet kívánnak meg, a magas polimorfizmus, allélszám és diverzitás értékek megőrzése érdekében.

Az ismertetett összefüggések alapján megállapítható, hogy a genetikai viszonyok tekintetében a fajok között lényeges különbségek lehetnek. Ezért *az életképes populációméret nagyságát nem lehet a faj sajátosságainak ismerete nélkül, sematikusán meghatározni.*

Irodalomjegyzék

- Hamrick, J. L., Godt, J. W. & Sherman-Broyles, S. L. (1992): Factors influencing levels of genetic diversity in woody plants. – *New Forests* **6**: 95–124.
- Krusche, D. & Geburek, T. (1990): Überlegungen zur Erhaltung forstlicher Genressourcen unter besonderer Berücksichtigung der Stichprobengröße. – *Mitt. Bundesforsch. Anst. f. Forst- u. Holzwirtschaft. Hamburg* **164**: 67–81.
- Loeschke, V., Tomiuk, J. & Jain, S. K. (1994): *Conservation genetics*. – Birkhäuser Verl., Basel, 440 pp.
- Mátyás, Cs. (1986): *Nemesített szaporítóanyag-termesztés*. – Akadémiai Kiadó, Budapest, 136 pp.
- Mátyás, Cs. (szerk.) (1996): *Erdészeti ökológia*. – Mezőgazdasági Kiadó, Budapest, 312 pp.
- Mátyás, Cs. (2002): *Erdészeti-természetvédelmi genetika*. – Mezőgazda Kiadó, Budapest, 422 pp.
- NRC [National Research Council] (1991): *Managing global genetic resources of forest trees*. – National Academy Press, Washington D. C., 228 pp.
- Standovár, T., & Primack, R. (2001): *A természetvédelmi biológia alapjai*. – Nemzeti Tankönyvkiadó, Budapest, 542 pp.

Genetic aspects of the conservation of threatened species and populations, with special regard to forest trees

Mátyás, Cs.

Institute of Environmental Sciences, University of West Hungary
H-9401 Sopron, P. O. Box 132, Hungary

Abstract: The selection and management of threatened populations assume some knowledge of the within-species genetic variation conditions. Conservation of the habitat, as well as of a sufficient number of individuals does not warrant automatically the survival of a population. Extinction may be triggered by disturbances in the mating process, by the discontinuation of biotic interactions between species (e.g. disappearance of pollinating vectors), and erosion of genetic resources. The consideration of genetic aspects is further emphasised by the fact that the within-species (geographic) pattern of genetic diversity should be preserved on the basis of arguments that are identical with those concerning preservation of species diversity. Minimum viable population (MVP) size is a crucial parameter when planning strategy of conservation. However MVP numbers cannot be determined schematically because they depend strongly on the genetic system of the species, on demographic and environmental conditions and their fluctuation.

Key words: genetic resources, conservation genetics, genetic pattern, genetic diversity, adaptive potential, minimum viable population size, forest trees