

VESZÉLYEZTETETT FAJOK VÉDELMENEK GENETIKAI SZEMPONTJAI

MÁTYÁS CSABA

ÖSSZEFOGLALÁS

A konzervációbiológia stratégiai feladatai közül a védelemre szoruló populációk kiválasztása és kezelése feltételezi a fajon belüli genetikai változatosság ismeretét. A megőrizni szándékozott 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 áréán 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 sematikusan megadni, mert azt a fajra jellemző genetikai rendszer, továbbá a demográfiai viszonyok és a környezeti feltételek, ill. azok fluktuációja határozza meg.

KULCSSZAVAK: genetikai erőforrások, génmegőrzés, genetikai mintázat, genetikai diverzitás, alkalmazkodóképesség, legkisebb életképes populációméret

Genetic aspects of conservation of endangered species

ABSTRACT

From among the strategic tasks of conservation biology, the selection and management of threatened populations assumes some knowledge of the within-species genetic variation conditions. Conservation of the habitat, as well as of a sufficient number of individuals do 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 emphasized by the fact that the within-species (geographic) pattern of genetic diversity should be preserved on the basis of arguments identical with those about 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, and on demographic and environmental conditions and their fluctuation.

KEYWORDS: genetic resources, conservation genetics, genetic pattern, genetic diversity, adaptive potential, minimum viable population size

GENETIKA ÉS A KONZERVÁCIÓBIOLÓGIA VISZONYA

A biodiverzitás-védelem tengernyi irodalmában aránylag nagyon 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 megfontolások emellett az igen hosszú időperspektíva miatt nem tartoznak az azonnal eredményt hozó szempontokhoz. Kétségtelenül a legfontosabb szempont azonban a genetikai vizsgálatok idő- ill. 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:

- A megőrizni szándékozott 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.
- A populációk jól jellemezhető genetikai struktúrával (heterozigózis, allélgyakoriság) rendelkeznek, amelynek fenntartása a rátermettség és alkalmazkodóképesség megőrzése érdekében fontos.
- A faji áréán 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 munkahipotézis) 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 evolúcióképeség, 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:

- Az élet- ill. 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.

- Az élőhely kiterjedésének és minőségének közismerten szoros a korrelációja a fajdiverzitással. Ugyanez a kapcsolat igazolható genetikailag a faj előfordulásai (populációméret) szintjén is.
- Ugyancsak vitathatatlan a fajdiverzitás függése evolúciós, paleobiológiai (történeti) tényezőktől. Az intraspecifikus genetikai diverzitás szintjén a stochasztikus, történeti hatások fennmaradására ma már számos bizonyíték hozható.
- Nagyobb térségeket tekintve, a kardinális ökológiai tényezők változása jól kivehető tagolódást idéz elő az életközösségek szintjén (zonáció). Ugyanilyen tagolódás figyelhető meg a nagy áréával rendelkező fajok genetikai struktúráltóságában is (klínek, ökotípusok térbeli mintázata).
- 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 VÉDELMEK TERVEZÉSEKOR

A konzervációbiológia gyakorlata a fajvédelem szintjén az alábbi fő stratégiai kérdésekre összpontosít:

- az adott faj élőhelyének megőrzése, védelme;
- a védelemre legmegfelelőbb populációk ill. rezervátum-területek kiválasztása;
- életképes populációméret fenntartása.

A felsoroltak közül az élőhely-megőrzés genetikai információt nem igényel. A megfelelő, védelemre leginkább rászoruló populációk kiválasztása viszont 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 implicite 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 populációméretéről¹, 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.

¹ 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 (allélgyakoriság, 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 ill. a genetikai teher nagysága szempontjából játszik szerepet. Amennyiben a faj természettől diszperz előfordulása, 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 ill. populációk között, valamint esetlegesen fajok között (idegen faj hibridizálásának, introgressziójának lehetősége) érdemel fokozott figyelmet.

Az elterjedés és a faji genetikai rendszer² 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 áreanagyság 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. Pl. az endemikus fajok genetikai diverzitása csak harmada a nagy áreájú fajokénak.

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

A *fajon belüli, populációk közötti különbségek* tekintetében is jelentős az *áreanagyság* 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.

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

Az *elterjedési mintázat* jelentőségére indirekt adatot szolgáltat a zonális előfordulás szerinti csoportosítás. A boreális fajok esetében ui. összefüggő elterjedésű, nagy létszámú populációk alkotják a faji áreát, 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 allélszámokban mutatkozik meg (1. táblázat).

Hamrick és tsai (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

² Genetikai rendszer alatt a genetikai információ fajra jellemző szervezettségét, valamint a szaporodás, párosodás jellemzőit értjük.

kisebbségek, mint más csoportokban. A rovarporzó fajok esetében kevésbé hatékony génáramlást feltételezhetnénk, de ezt Hamrick adatai nem igazolják.

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

Befejezésül emlékeztetni kell arra, hogy a fás fajok csoportosításához használt életmód-jellemzők a diverzitásban mutatkozó különbségek mindössze 34 százalékát 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 HELYSZÍN-KIVÁLASZTÁS 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 (szintezettség, 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:

- a legfontosabb ökológiai tényezőkkel kapcsolatos adaptív mintázat feltétlen megőrizendő, pl. növények esetében azonosítandók a genetikai klíneket, ökotípusokat képviselő populációk;

- törekedni kell a történetileg, pl. fajvándorlás, helyi génsodródás következtében kialakult, vagy természetes introgresszió hatását őrző térbeli genetikai mintázat fenntartására;
- különös figyelmet érdemelnek az área peremén, esetleg messze az összefüggő áreaszegélyen kívül izolálódott populációk, amelyek gyakorta erős drifthatást, csökkent kompetitív készséget mutatnak, de különösen az előre jelzett környezetváltozáshoz alkalmazkodás szempontjából értékesek lehetnek;
- 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 GÉNMEGŐRZÉS TERVEZÉSÉHEZ

A génmegőrzés egyik központi problémája (és ez nemcsak a fákra érvényes), hogy nagyon nehéz definiálni az área 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 a 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 körzetméreteket 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 megőrzéséhez.* 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).

- Kiszámítható a heterozigózis csökkenése alapján (*beltenyésztési LÉP-méret, N_f*), amikor a heterozigóta egyedek fogyását veszik figyelembe adott populáció-létszám mellett.
- Kiszámítható a variancia ill. 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.
- Kiszámítható a populáció fennmaradása, perzisztenciája alapján (*kihalási effektív méret, N_{ext}*); ez esetben a szegregálódó, azaz még polimorfizmust felmutató lokuszok számának csökkenését veszik 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-locuszok 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 populáció-méretekre kiszámítható a várható beltenyésztettség adott számú generáció múlva (2. táblázat).

Eszerint -- szigorúan csak a beltenyésztést figyelembe véve -- 10 generációra számolva már 100-200 egyed nagyságú effektív populáció elegendő, különösen ha számolhatunk külső eredetű génáramlással 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 százalékos ütemben növekszik generációról generációra. A beltenyésztettség viszont már generációnként 0,5, 0,9, illetve 1,8 százalékkal 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 és Primack, 2001). Ugyanez a forrás azonban ismerteti Lande eredményeit is, aki gerincesekre az 5000-es létszámot tartja hosszú távon valóban reálisnak, a természettől erősen hullámzó egyedszámú gerinctelen fajokra és egynyáriakra pedig 10.000 darabot tart biztonságos egyedszámnak.

LÉP-MÉRET MEGHATÁROZÁSA ALLÉLVESZTÉS-VALÓSZÍNŰSÉG ALAPJÁN

A populációban létrejövő utódnemzedék génkészlete a szülő-nemzedék 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), ahol

$1 - P$ = 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 számolhatunk.*

Ehhez még hozzátehetjük a következőket:

- 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;
- génáramlási adatok hiányában maga az elterjedés mintázata, az egyes populációk természetes egyedszáma is eligazítást adhat a fajban meglévő genetikai teher mértékéről. Erdei fákön végzett elemzések kimutatták, hogy természettől kis egyedszámban előforduló fajok genetikai terhe kisebb, és a rokonpárosodásra, beltenyésztésre kevésbé érzékenyek.
- a beltenyésztést, rokonpárosodást hatékonyan kizáró, obligát idegenbeporzó fajok általában nagyobb populációméretet kívánnak meg, a magas polimorfizmus, allélszám és diverzitás értékek megőrzése érdekében.

Az ismertett 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, sematikusan 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: 9-124
- 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
- Mátyás Cs. 1986. *Nemesített szaporítóanyag-termesztés*. Akadémiai Kiadó, Budapest
- Mátyás Cs. (szerk.) 1996. *Erdészeti ökológia*. Mezőgazda Kiadó, Budapest
- Mátyás Cs. 2002. *Erdészeti – természetvédelmi genetika*. Mezőgazda Kiadó, Budapest
- 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

1. táblázat. *Hosszú életű fás növényfajok enzimlókuszokra számított diverzitása különböző csoportosításokban* (Hamrick et al. 1992 nyomán, egyszerűsítve). *Genetic diversity of long-lived woody species based on isoenzyme loci*

Kategória	N		P	A	H _e	G _{ST}
Elterjedés (área)			**	*	***	*
Endemikus		*		1,	0,08	0,141
Szűk	20		42 82		0,17	0,124
Közepes		,5		2,	0,17	0,065
Nagy	45		61 08		0,26	0,033
Zonális	15	1 ,5		1,		
előfordulás		,7	55 87		NSz	
Boreális	11		67 11	2,	0,21	
Mérsékelt övi		,8			0,17	
Szubtrópusi				**	0,19	
Trópusi	26		**	2,		
Párosodási típus	22	1 ,5	82 58		***	NSz
Öntermékenyülő		,5	63 27	2,	0,03	—
Vegyes/állat	5		62 89	1,	0,08	0,122
Idegenporzó/állat	38	,2		1,	0,21	0,099
Idegenporzó/szél		,9			0,17	0,077
	1	*	**	**		
	11	,0	**	1,		
	51	,9	15	1,		
	28	,2	11 51	2,		
		,1	29 18	2,		
			63 31			
			69			

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).

2. táblázat. *A beltenyésztési koefficiens (F) nagysága 10, ill. 100 generáció után az effektív populációméret (N_e) függvényében. Magnitude of inbreeding coefficient (F) after 10, respectively 100 generations, for different effective population sizes (N_e)*

N_e	10	100
	generáció után	
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

3. táblázat. *Legkisebb életképes populációméret (N_{var}) meghatározása P allélvesztési valószínűségekre. Minimum viable population size (N_{var}) for two allele loss probabilities (P) at different levels of allele frequency minimum (q), and rare allele numbers (M) respectively (Krusche — Geburek 1990)*

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	916	1146
	0,00	919	1378	1837	2296
5	0,00	104	149	193	238
		528	757	986	1243
5	0,00	105	1516	1976	2435
5		8			

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.

ábraszövegek:

1. ábra. *Adott gyakoriságú allél egyetlen generáció alatti, 95%-os valószínűségű fennmaradásához szükséges életképes populáció effektív létszáma (N_{var}). Size of minimum viable population (N_{var}) for maintaining an allele in one generation with 95 % probability at various frequency levels (p) (Mátyás, 2002)*

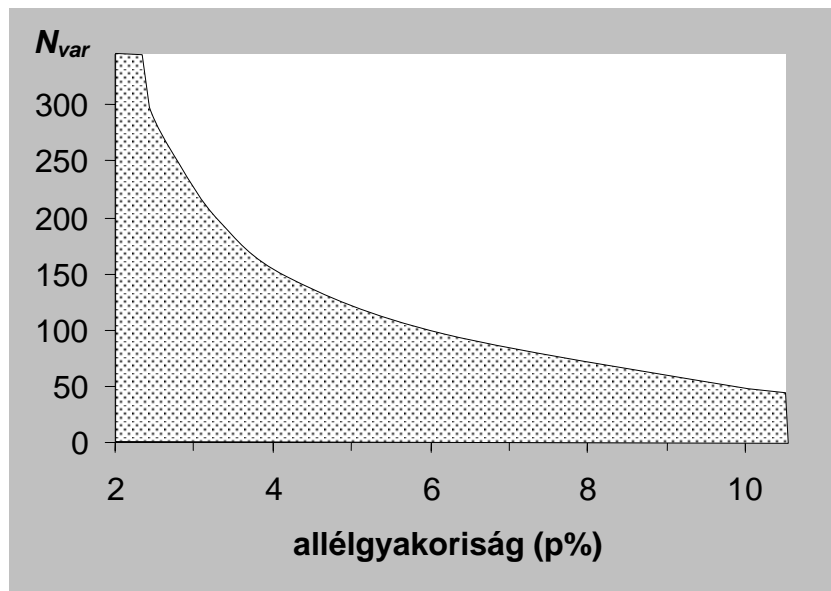
2. táblázat. *A beltenyésztési koefficiens (F) nagysága 10, ill. 100 generáció után az effektív populációméret (N_e) függvényében. Magnitude of inbreeding coefficient (F) after 10, respectively 100 generations, for different effective population sizes (N_e)*

N_e	10	100
	generáció után	
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

3. táblázat. Legkisebb életképes populációméret (N_{var}) meghatározása P allélvesztési valószínűségekre. Minimum viable population size (N_{var}) for two allele loss probabilities (P) at different levels of allele frequency minimum (q), and rare allele numbers (M) respectively (Krusche — Geburek 1990)

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	916	1146
	0,00	919	1378	1837	2296
5	0,05	104	149	193	238
	0,01	528	757	986	1243
	0,00	105	1516	1976	2435

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.



2. táblázat. *A beltenyésztési koefficiens (F) nagysága 10, ill. 100 generáció után az effektív populációméret (N_e) függvényében. Magnitude of inbreeding coefficient (F) after 10, respectively 100 generations, for different effective population sizes (N_e)*

N_e	10	100
	generáció után	
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

3. táblázat. *Legkisebb életképes populációméret (N_{var}) meghatározása P allélvesztési valószínűségekre. Minimum viable population size (N_{var}) for two allele loss probabilities (P) at different levels of allele frequency minimum (q), and rare allele numbers (M) respectively (Krusche — Geburek 1990)*

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	916	1146	
	0,00	919	1378	1837	2296	
5	0,00	0,05	104	149	193	238
		0,01	528	757	986	1243
		0,00	105	1516	1976	2435
5	5	8				

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.