

## Az aransakál (*Canis aureus*) magyarországi előfordulása, genetikai térképezésének fontossága és génbankjának felhasználási lehetőségei

Zs. B. Nagy – A. Rzepiel –  
Á. Szabára – M. Heltai –  
S. Csányi – P. Lehotzky –  
L. Ózsvári:

The occurrence of golden jackal in Hungary and importance of gene mapping and use of its gene bank

Nagy Zsolt B.<sup>1, 5\*</sup>, Rzepiel Andrea<sup>2, 5\*</sup>, Szabára Ágnes<sup>3</sup>, Heltai Miklós<sup>4</sup>, Csányi Sándor<sup>4</sup>, Lehotzky Pál<sup>1</sup>, Ózsvári László<sup>3</sup>

1] Genetikával az Egészségért Egyesület, Vak Bottyán u. 37. H-1165 Budapest.

E-mail: dr.nagy.zsolt@gmail.com

2] SZIE-MKK, Állattenyésztés-tudományi Intézet, Állatnemesítési, Sertés-, Baromfi- és Hobbállat-tenyésztési Tanszék, Gödöllő

3] SZIE-ÁOTK, Állat-egészségügyi Igazgatástani és Agrárgazdaságtani Tanszék, Budapest

4] SZIE-MKK, Vadvilág Megőrzési Intézet, Gödöllő

5] NAGY GÉN Kft., Budapest

**Összefoglalás.** A szerzők, irodalmi adatok alapján, bemutatják az aransakál délkelet-európai elterjedését, állományának változását, valamint – a vadászati adatok tükrében – magyarországi dinamikus visszatelepülését. A biobankoknak a jövő vadgazdálkodásában fontos szerepet tulajdonítanak, elsősorban a fajazonosítás, az egyedazonosítás, az ivar meghatározása és a genetikai tisztaság védelme terén, ezért 2012-ben, 50 egyed mintái alapján, magyarországi aransakálgénbankot alakítottak ki. A mintagyűjtemény, véleményük szerint, felhasználható kutya filogenetikai vizsgálatára, kutya és aransakál hibridek vizsgálatára, a vadászat során elejtett, sakálnak vélt egyedek genetikai azonosítására, az aransakál által háziállatokban okozott kárért való felelősség tisztázására, a kutya és az aransakál faji elkülönítésére az állatvédelmi jogszabályok által tiltott, kutyaaprémert érintő hatósági ügyekben.

**Summary.** The authors, based on literature data, present the spread and population dynamics of golden jackal in South-Eastern-Europe, furthermore – according to the recent hunting statistics and estimations – its rapid repatriation in Hungary. The bio banks can play important role in the future game management, primarily in the identification of species, individuals, gender and the protection of genetic purity, therefore, a Hungarian golden jackal DNA bank of 50 individual samples has been established in 2012. According to their opinion the gene bank can be used for conducting phylogenetic research of dog, testing dog-golden jackal hybrids, identifying the genetic makeup of jackals shot by hunters, determining the liability for damages in domestic livestock caused by golden jackals, as well as, for identifying jackals in official cases of illegal dog fur trade.

### Az aransakál elterjedése

Az aransakál (*Canis aureus* L., 1758) az emlősök (Mammalia) osztályának a ragadozók (Carnivora) rendjéhez, ezen belül a kutyafélék (Canidae) családjához tartozó faj. Az aransakál széles körben elterjedt, Afrikában, Ázsiában, az Arab-félszigeten és Délkelet-Európában is megtalálható. Állandó fajnak a Kaukázus, Görögország, Bulgária, Albánia és az Adriai-tenger keleti partjainál tekinthető (18, 19).

A XX. sz. második felére Délkelet-Európában az aransakál főként Bulgária területére szorult vissza, létszáma egyre csökkent, így 1962-ben védetté nyilvánították. A védelemnek köszönhetően egyedszáma emelkedni kezdett, és az 1980-as években sikeresen elterjedt Bulgáriában, ahol az éves terítke is jelentősen nőtt:

**Két évtizednyi védelem után a bulgáriai éves teríték 4–5 ezer aranyakál volt**

1983-tól már 4–5000 aranyakált ejtettek el évente. A védelmét 1984-ben megszüntették Bulgáriában, mivel a rohamos terjedésével mind a vad-, mind pedig a háziállat-állományt veszélyeztette (3, 18). Magyarországon az aranyakál soha nem volt védett. Macedóniában, az 1960-as években ugyan kiirtották, de 20 évvel később újból megjelent. Terjed Szerbiában, Szlovéniában, Olaszországban, Ausztriában és hazánkban is (12, 18, 32).

A jelentős változások és egyben a faj ökoszisztémákban betöltött szerepének fontosságát mutatja, hogy 13 éven belül két összegző tanulmány is megjelent állományhelyzetéről és elterjedéséről. 1997-ben a korábbi összeomlás utáni regeneráció első jeleit tapasztalták, így újbóli megtelepedését Szerbiában és Romániában (18). 2012-ben pedig már a Dél- és Közép-Európában rohamosan terjedő, sok helyen az előző évtizedben betelepülő ragadozó helyzetét mutatták be (3).

Az elterjedési területen belül, a változásokat észlelve, egyre több monitorozási és elsősorban az élőhelyhasználattal és a táplálkozással kapcsolatos kutatási program indult el.

**Az aranyakálok diverzitása**

**A szerbiai állomány heterozigotizása kicsi**

ZACHOS és mtsai 121 aranyakálminta genetikai polimorfizmusát vizsgálták (33). Az aranyakálok 6 különböző mintavételi helyről származtak Szerbián belül, ill. egy kóbor ausztriai egyed elemzése is bekerült a tanulmányukba. Céljuk a genetikai variancia, differenciálódás és alapító hatás vizsgálata volt a szerbiai aranyakál-populációban. A kutatásban 10 genetikai lókuszt (rövid ismétlődő elem, short tandem repeat – STR-markert) vizsgáltak minden egyed esetében, amelyeket kutyavizsgálatoknál is használnak (34). A kutatás alapját ROY és mtsai munkája adta,

**Táblázat.** Az aranyakál éves terítéke Magyarországon 1995–2011 közt megyénként  
**Table.** Number of the golden jackals between 1995 and 2011 per counties in Hungary

Megye	1995	1996	1997	1998	1999	2000	2001
Baranya	2	4	4	16	19	25	31
Somogy	4	4	5	4	13	25	26
Bács-Kiskun		1	2	1	5	8	11
Békés						1	1
Tolna				1			
Csongrád							
Zala							
Fejér							
Pest							
Győr-Moson-Sopron		1					
Vas							1
Borsod-Abaúj-Zemplén							
Szabolcs-Szatmár					1		
Jász-Nagykun-Szolnok							
Hajdú-Bihar							
Veszprém							
Heves							
Komárom-Esztergom							
Nógrád							
Összesen	6	10	11	22	38	59	70
Érintett megye	2	4	3	4	4	4	5

Megjegyzés: \* r = átlagos exponenciális növekedési ráta; \*\* R = átlagos éves növekedési arány

**Vadászati tilalom hatására Izraelben a létszám jelentősen nőtt**

akik 1994-ben Kenyából származó aransakálok genetikai polimorfizmusát vizsgálták (23). Összehasonlítva a két kutatás eredményeit, a kenyai aransakáloknál sokkal nagyobb volt a heterozigotizáció, mint a szerbiai egyedeknél. Az ausztriai kóbor egyed az STR-markerek alapján genetikailag megkülönböztethetetlen a szerbiai egyedektől (33).

Izraelben 1964-ben programot indítottak, amelynek célja az aransakálok kiirtása volt, mivel az aransakálokat tartották felelősnek a veszettség terjedéséért. Ennek eredményeként csaknem a teljes állományt kiirtották, és a kis állomány méret miatt a genetikai diverzitás is nagymértékben csökkent. Később az INAP (Israel Nature and Parks Authority) közbelépése révén sikerült létszámot növelni. Így ma az aransakálok száma ismét jelentős. COHEN és mtsai ezt az újra nagy létszámú állományt vizsgálták, kontrollcsoportként az ott élő vörös rókat használták. A 88 aransakál és 89 vörös róka mintáin elvégzett vizsgálatok eredménye szerint mind az aransakál, mind a vörös róka izraeli populációjában jelentős genetikai diverzitást találtak. A földrajzi elkülönülést és a génáramlást is alátámasztották a vizsgálatok (7).

**Az aransakál magyarországi előfordulása**

**1940 és 1990 között hazánkban nem volt szaporodó pár**

Magyarországon az aransakál (toportyán, nádi farkas) őshonos ragadozó. A faj terjedésének északi határa a Kárpát-medence (3). Történelmi elterjedéséről, állomány nagyságáról keveset tudunk. Az 1800-as évek és az újbóli megtelepedés közötti időszakból csak nagyon kevés, a jelenlétet bizonyító forrás áll rendelkezésünkre (29). Mivel 1940 és 1990 közt hazánk területén nem találtak szaporodó párt, csupán néhány kóbor példányt, ezért az aransakált kipusztultnak nyilvánították. Emiatt került be a Vörös Könyvbe. Később az aransakál újból megtelepedett hazánk déli határvidékén. Baranya, Bács-Kiskun és Somogy megyében szaporodó, növekvő állományról számoltak be (15).

2002	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	Évek	r*	R**
33	25	32	36	69	169	167	204	272	381	17	0,31	36,2%
30	38	36	55	56	102	173	270	299	426	17	0,27	31,6%
15	22	20	44	34	50	57	115	115	155	16	0,32	37,1%
		1			2	2	9	8	18	8	0,27	31,6%
		1	1		7	14	21	31	67	8	0,60	82,3%
		1		2	2	1	7	13	10	7	0,33	38,9%
1			1	4	5	4	5	11	7	7	0,40	49,1%
		1	2		7	9	8	18	19	7	0,42	52,3%
			1	1	2	7	3	5	6	6	0,27	30,8%
1				1		1	4	8	6	6	0,52	68,2%
				4	10	20	11	15	6	6	0,26	30,3%
		2				4	1		1	4		
						3	3		2	4		
		1	1				1	1		4		
						2		5	5	3		
							3	1	6	3		
						3				1		
			1							1		
										0		
80	85	95	140	163	349	452	674	786	1129		0,31	36,1%
5	3	9	7	6	11	14	15	14	15			

**1995-től, a lelövési adatok alapján, az éves állomány-növekedés >30%**

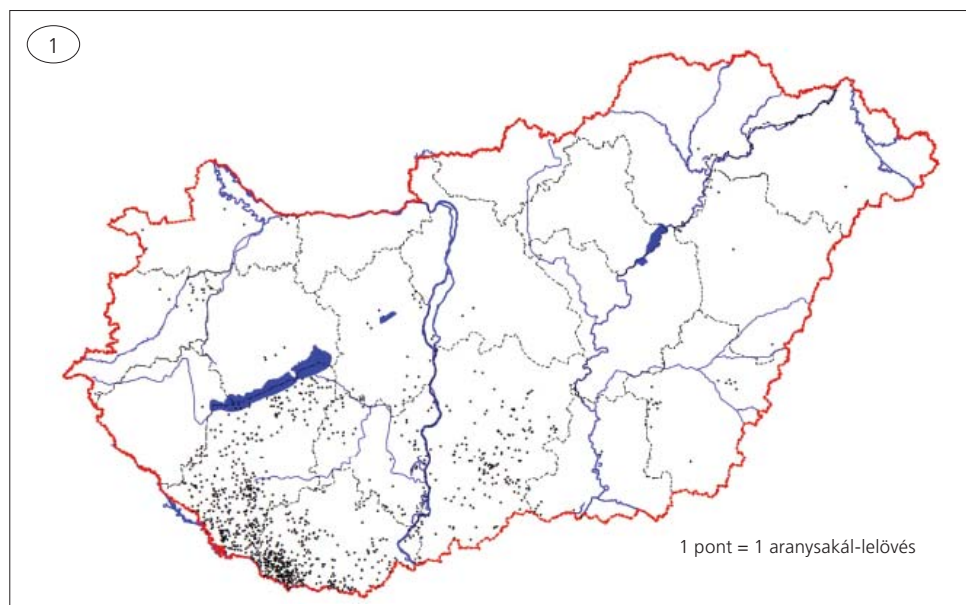
**Az aransakál országos elterjedése várható**

Az aransakál magyarországi terjeszkedése az éves vadászati lelövési statisztikák alapján követhető nyomon ( **táblázat**). Először az 1994/95. vadászati évben 6 példány lelövését jelentették Baranya és Somogy megyéből, amelyeket egy évvel később követett Bács-Kiskun megye. Az adatok alapján ez a három megye az aransakál elterjedésének fő területe, ahonnan a teríték zöme kikerült (2011-ben 85,2%). Jelentős terjeszkedése 2007-től kezdődően következett be, amikortól az érintett megyék száma 15-re nőtt. A terjeszkedés az előbbi három megyével szomszédos megyék esetében különösen látványos. A lelövési statisztikák alapján a populációnövekedés sebessége meglehetősen nagy, az országos összesített adatok alapján 36,1%/év. Az éves átlagos növekedési arány minden olyan megyében >30%, ahonnan aransakál-lelövést jelentettek és a folyamatos adatsor legalább 6 év hosszúságú.

A 2011/12. vadászati év lelövési adatait az **1. ábra** mutatja be. A terjeszkedés nem csupán lelövési adatok, hanem kérdőíves felmérések (14) és akusztikus állományfelmérések alapján is ismert (27). A hazai vizsgálatok első összegzésében HELTAI és mtsai (15) az aransakál magyarországi elterjedésének és az elfoglalt élőhelyek jellemzőinek bemutatását tűzték ki célul. 1993 és 2003 közt 32 egyedet egyértelműen azonosítottak, közöttük volt hím, nőstény, növendék és felnőtt példány is, így ezek együttesen a szaporodó állományok jelenlétét bizonyították. Megfigyelésekkel három területen, Somogy, Baranya és Bács-Kiskun megyében tudták bizonyítani az aransakál folyamatos jelenlétét (15). Mind a hazai, mind a külföldi tanulmányok gyors megtelepedést vetítenek előre (15, 19). Magyarországon számos élőhely megfelelő lehet az aransakál számára, talán csak a téli hideg lehet korlátozó tényező. A jövőben fel kell készülni arra, hogy az aransakál országszerte elterjed és az ebből adódó természetvédelmi és vadgazdálkodási hatásokra is számítani kell (15).

### **Biobankok, génbankok szerepe a vadgazdálkodásban**

A biobankok a biológiai mintákat és a mintákkal kapcsolatos adatokat tartalmazzák. Az élőlények alapján megkülönböztetünk humán, állati, növényi és egyéb biobankot, amely a biológiai minták mellett magába foglalja a mintához tartozó demográfiai és egyéb adatokat is. A nagy faj- és fajtagazdagságú állatvilág biobankjairól kevés tudományos közlemény született (4, 25), vadgazdálkodási biobankról, génbankról hazánkban sem jelent meg közlemény.



**1. ábra.** Aransakál-lelövések Magyarországon a 2011/12. vadászati évben  
**Figure 1.** Number of golden jackals shot between 2011 and 2012 in Hungary

---

**A vadállomány  
genetikai  
tisztaságának  
védelme  
molekulárbiológiai  
vizsgálatokat követel**

---

A világ számos országára vonatkozóan található adatsor az adott ország éves vagy más időszakra vetített vadállományának megközelítő létszámáról, ill. az éves terítékről. Magyarországon az Országos Vadgazdálkodási Adattár (OVA) létrehozását a vad védelméről, a vadgazdálkodásról és a vadászatról szóló 1996. évi (VI. 16.) LV. törvény rendelte el (48. §).

Az egyes vadászható fajok esetében a biobankok nyilvántartása és a tárolt adatoknak az Országos Vadgazdálkodási Adattárral való összekapcsolása logikus és szükséges lépés lenne.

A modern vadgazdálkodásban számos olyan elgondolás, tevékenység és gyakorlat jelent meg, amelyek hagyományos állattenyésztési vagy modern biotechnológiai módszerekkel megváltoztathatják egy-egy vadaskertben, térségben vagy akár országok szintjén az ott őshonosan előforduló vadállományok genetikai hátterét. Ilyen gyakorlatok a különböző vérfrissítések, az állomány kedvezőbb tulajdonságának elérése érdekében történő keresztezések (pl. wapitiXgímszarvas hibridek), szélsőséges esetekben pedig a mesterséges (farmi) környezetben végzett tenyésztés során előállított fajták (pl. új-zélandi barkásagancs-termelő szarvasok) szabad területen élő állományokba való bevitele. E módszerek közül a vérfrissítés eredményeként az európai őz- és szarvasállományok jelentős részében kimutathatók oda távolról bekerült gének, amik az illető állomány „genetikai mocsarasodását” okozzák. A vadgazdálkodásban és a vadászatban azonban az utóbbi időben jelentős szemléletváltás következett be, és a mértékadó vadászati szervezetek a trófeák manipulációját elítélik, a trófeákban való versengést háttérbe szorítják és a helyileg jellemző feno- és genotípusok védelmének igénye is megjelent. Ezek alapvető feltétele a vadászható fajok biobankjainak, génbankjainak a létrehozása, a hagyományos és a genetikai adatbázisok összekötése (pl. trófeabírálat), amire legmegfelelőbb alapot hazánk esetében az OVA nyújtja.

A vadállományok genetikai tisztaságának védelme és a vadászati célú genetikai manipulációk megelőzése érdekében a következő irányok tűnnek elsődlegesnek:

*Fajazonosítás.* Bármilyen DNS-t tartalmazó állati szövet (pl. bőr, izom, csont, vér, szőr, zsiger) igen kevés mintája alapján az adott szövet bizonyítja annak faji hovatartozását.

*Egyedazonosítás.* Kettő vagy több minta vizsgálatánál meghatározható, hogy azok azonos vagy más-más egyedből származnak-e.

*Ivarmeghatározás.* Megesik, hogy az elejtett vad ivarát tévesen adják meg, és a vizsgálat során pl. azt kell bizonyítani, hogy az elejtett egyed hím és nem nőtény.

*„Genetikai tisztaság” vizsgálata.* KutyaXaransakál hibridek felderítése. (Emellett nem aransakálra vonatkozó információ, de vadgazdaságilag fontos szempont a vaddisznó esetében a házisertéssel való keresztezés kizárása, de ezzel a módszerrel a különböző vérfrissítések és trófeaminőséget „javítani” szándékozó manipulációk genetikai hatásai is kimutathatók.)

## **Aransakálgénbank kialakítása és felhasználása**

---

**50 elejtett  
aransakálból  
származó mintából  
genomi DNS-t  
nyertek**

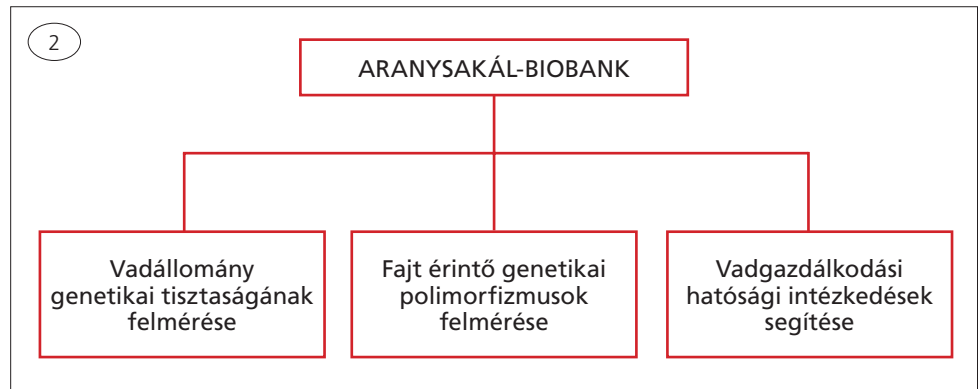
---

Az aransakálgénbank kialakítását 2012 júniusában kezdtük el és 2012 októberében 50 egyedet tartalmazott a mintagyűjtemény (28 kan, 22 szuka). Az elejtett aransakálegyekből hatósági állatorvos szőr- és vérmintát vett. Minden minta egyedi azonosítószámot kapott. A mintákat szöveti formában tároljuk, valamint minden mintából genomi DNS-t is nyertünk ki a ZR Genomic DNA kit (Zymo Research) segítségével. A tisztított genomi DNS mennyiségi és minőségi ellenőrzését NanoDrop spektrofotométerrel (NanoDrop) határoztuk meg. A tisztított genomi DNS-t –20 °C-on tároljuk.

Az aransakálbiobank adatbázisát, ill. az ennek felhasználásával kialakuló módszertant a következő kérdésekben tartjuk használhatónak (**2. ábra**):

- kutya filogenetikai vizsgálatának elősegítése;





2. ábra. Arany sakál-biobank felhasználási lehetőségei  
 Figure 2. Use of golden jackal biobank

**A génbanki adatok**  
 – faji  
 – egyedi  
 – ivari azonosításra  
 alkalmasak

- kutyaXarany sakál hibridek megkülönböztetése tudományos vizsgálatokban, pl. a hibridizáció esetleges gyakoriságának meghatározása érdekében;
- vadászat során elejtett, sakálnak vélt egyedek genetikai azonosítása (hibridek, ill. kutya faj megkülönböztetése) az érintett vadász egyéni kezdeményezésére (trófea hitelesítése);
- háziállatokban okozott károk esetén az arany sakál és a kutya (esetleg más fajok, pl. farkas, hiúz) mint a kárt okozó faj azonosítása a hatósági eljárásban és az esetleges jogvitákban;
- a kutya és az arany sakál faji elkülönítése az állatvédelmi jogszabályok által tiltott, kutyaprémét érintő hatósági ügyekben.

**Az arany sakál génbank szerepe a kutya filogenetikai kutatásaiban**

Számos tanulmány foglalkozik a kutya filogenezisének a vizsgálatával, mivel a szürke farkas és az arany sakál merül fel a kutya lehetséges őseként (8). A különböző vizsgálatokban más fajokat is bevontak (30).

*A mitokondriális genom szerepe a filogenetikai kutatásokban*

Az eukarióta sejtek nukleáris genomjuk mellett extrakromoszomális DNS-t is tartalmaznak: mitokondriális DNS-t (mtDNS), amely méretét és géntartalmát tekintve jelentős eltéréseket mutat a különböző eukarióta élőlénycsoportokban. Az emlősök mtDNS-e a kisméretű mitokondriális genomok közé tartozik. A mtDNS felhasználási területei között szerepel a populációgenetika csakúgy, mint a filogenetikai kutatások (2, 5, 17, 22, 24, 30, 35). Emellett a mitokondriális DNS fontos szerepet játszik a törvényszéki nyomozások területén, humán és állati vonatkozásban is (21).

**Filogenetikai vizsgálatokkal a kutya közvetlen őse pontosan meghatározható**

Az mtDNS-t számos előnye miatt alkalmazzák a genetikai elemzésekben a nukleáris genommal szemben. A mtDNS 100–1000-szer nagyobb mennyiségben van jelen az adott mintában, mint a nukleáris DNS (6), ezáltal jóval kisebb mennyiségű mintából lehet vizsgálatokat végezni. Ennek az oka, hogy 800–1000 mitokondrium található sejtenként, és az egyes mitokondriumokban 2–4 mtDNS-molekula van. ANDREASSON és mtsai real-time PCR segítségével megállapították, hogy az mtDNS lényegesen nagyobb koncentrációban van jelen akár az elhullajtott vagy kitépelt szőrmintában, mint a nukleáris DNS (1).

Az mtDNS egyik fő jellemzője, hogy anyai ágon öröklődik, ami a fajhibridek vizsgálatánál problémát okozhat. Számos mitokondriális gén vagy régió (gén) van, amelyeket fajták azonosítására lehet használni, ilyen pl. a *citokróm b* (CYTB), *citokróm oxidáz-1* (CO1), 12S rRNS és 16S rRNS, valamint a hipervariábilis vagy kontrollrégió (mtDNS-HV) (20). A fajok azonosítására a legtöbb esetben a *citokróm b* gént használják (16, 20, 21). A *citokróm b* az egyetlen citokróm gén,

amelyet az mtDNS kódol. A *citokróm b*-t gyakran használják populációgenetikai kutatásokban.

### A *citokróm b* gén szerepe a *Canis* fajok filogenezisében

A Canidae család filogenetikai fáját 2 Kb hosszú mtDNS szekvenciaelemzése alapján tudták felállítani. A vizsgált mtDNS-szakasz a *citokróm b*-, *citokróm c-oxidáz I* és *citokróm-oxidáz II* gént kódolja (31). Egy 2011-es filogenetikai kutatás eredménye szerint az egyiptomi sakál/egyiptomi farkas (*C. a. lupaster*), a korábbi feltételezésekkel ellentétben, nagyobb hasonlóságot mutat a szürke farkassal (*C. lupus*), mint az aransakállal (*C. aureus*). A *citokróm b* gén vizsgálata alapján elmondható, hogy az egyiptomi sakál/egyiptomi farkas és a szürke farkas közt 4% a különbség azonos szekvenciafragmentek esetében (24).

A *Canis* fajok mtDNS-szekvenciájának elemzése azt igazolja, hogy a kutya őse a szürke farkas. De vajon a nukleáris markerek alátámasztják-e a közeli kapcsolatot a farkas és a kutya között? Ha egy hím aransakál párzik egy nőstény kutyával, nem regisztrálható a mitokondriális haplotípus az ivadékknál, hiszen a mitokondriális genom az emlősöknél anyai öröklődésű. Ugyanakkor az egyes tanulmányok által használt markerek (allozim-, mikroszatellitadatok) alátámasztják, hogy a farkas a kutya őse. Egy 10 STR-helyet vizsgáló tanulmány szerint, a genetikai távolság a kutya és a szürke farkas közt mindig kisebb, mint köztük és a prérifarkas (coyote, *C. latrans*) vagy az aransakál közt (9).

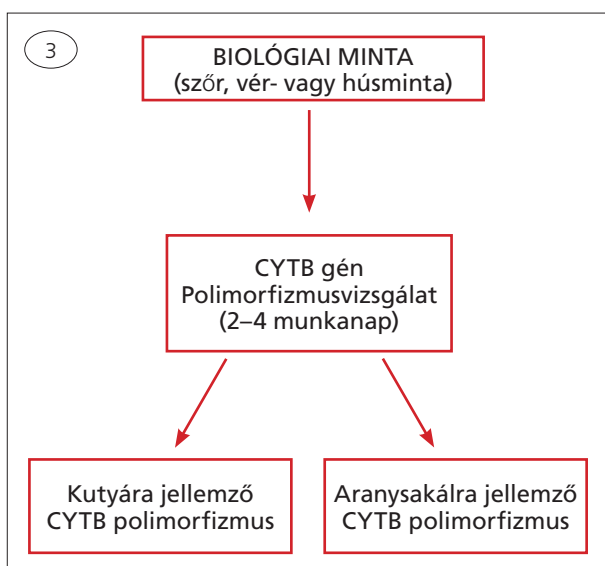
A *citokróm b* gén 736 bp hosszú szakaszának filogenetikai vizsgálata azt mutatja, hogy a szürke farkas az egyetlen egyenes őse a kutyának. A prérifarkas és az etióp farkas a következő legközelebbi rokon faj a kutya és a farkas esetében (32). A *citokróm b* gén PCR-alapú vizsgálatával a felszaporított szakaszok mérete alapján különbséget lehet tenni a kutya és az aransakál között (**3. ábra**). A kutya esetében 434 bp hosszú, míg az aransakál esetében 332 bp a *citokróm b* génről felszaporított PCR-szakasz. Ez a méretbeli különbség agarózgél-elektroforézissel is igazolható.

### A biobank, génbank szerepe a kutya és az aransakál keresztezéséből született hibridek megkülönböztetésében

A kutya és az aransakál természetes és/vagy mesterséges hibridizációjának lehetősége nem zárható ki, ennek mértékét és jelentőségét párhuzamosan végzett morfológiai és genetikai vizsgálatokkal lehet értékelni. Ezek a vizsgálatok részben indokoltak a terjeszkedő aransakál-állományok genetikai jellemzőinek, egyes esetekben az elejtett hibrid-jegyeket mutató sakálok származásának felderítésére. Amennyiben genetikai módszerekkel az esetleges kutya $\times$ aransakál hibridek előfordulási gyakorisága megbecsülhető, ennek természetvédelmi és állományszabályozási hatásai igen jelentősek lehetnek.

### A biobank szerepe az aransakál által okozott kárért való felelősség megállapításában

A vad által okozott kár megtérítése iránti igény érvényesítése esetén az elsődleges feladat annak megállapítása, hogy a kárt vad okozta-e. A vadkár nem jelenti a vad által okozott valamennyi kárt, hanem a vadon élő állatok azon körének károkozását, amelyhez a vadászati törvény megtérítési kötelezettséget ír elő. Ez alapján vadkár a gímszarvas,



**3. ábra.** A biológiai minta felhasználása az aransakál és a kutya elkülönítésére

**Figure 3.** Use of the tissue for discrimination of golden jackal and dog

a dámszarvas, az őz, a vaddisznó, valamint a muflon által a mezőgazdaságban, az erdőgazdálkodásban, továbbá az őz, a mezei nyúl és a fácán által a szőlőben, a gyümölcsösben, a szántóföldön, az erdősítésben, valamint a csemetekertben okozott kár. A mezőgazdaságban okozott kár a föld terményeiben okozott valamennyi kár, függetlenül a földművelés céljától és attól, hogy a kárt külterületen vagy belterületen okozták a vadak.

A megtérítendő vadkár tartalmára nézve a vadászati törvény speciális szabályokat nem tartalmaz, ezért arra a polgári jog általános szabályait kell alkalmazni, vagyis a Polgári Törvénykönyv (Ptk.) vonatkozó előírásait. A kártérítés címén a károkozó körülmény folytán a károsult vagyonában beállott értékcsökkenést és az elmaradt vagyoni előnyt, továbbá azt a kárpótlást vagy költséget kell megtéríteni, amely a károsultat ért vagyoni és nem vagyoni hátrány csökkentéséhez vagy kiküszöböléséhez szükséges.

A vadkár megtérítésére az köteles, aki a kárt okozó vad vadászatára jogosult, és akinek vadászterületén a károkozás bekövetkezett, ill. akinek a vadászterületéről a vad kiváltott. Bár a vad az állam tulajdonában van, azonban az elejtett, elfogott, elhullott vad a vadászatra jogosult tulajdonába kerül, ezáltal a vadból származó hasznokból a vadászatra jogosult részesedik. Ez az indoka annak, hogy a vad által okozott károkért való felelősség – kártelepítési szabály által – a vadászatra jogosultat terheli. Amennyiben a károkozás a jogosult vadászterületén történt, a kártérítési felelősség egyértelműen megítélhető. Nehezebb a helyzet abban az esetben, amikor a vadászati törvénynek „ahonnan a vad kiválthatott” rendelkezése alapján kell megítélni az esetet. E károk tekintetében nem alkalmazható a vadászati tv. 75. § (2) bekezdése, hiszen az kifejezetten a vadkár vonatkozásában irányadó. Ebben az esetben a kártérítésre „jogosult” személyének meghatározása a vadászati törvény 9. § (3) bekezdése alapján történik. Vagyis a nem vadászterületen bekövetkezett kárért az a vadászatra jogosult felel, akinek a vadászterületéről a vad odakerült, kétség esetén pedig a felelősnek a károkozás helye szerinti legközelebbi vadászterület jogosultját kell tekinteni. Amennyiben a kárt vadászterületen kívül okozza a vad, a kártérítési felelősség a károkozó egyed nyomainak DNS-vizsgálatával egyértelműbben megítélhető.

Az aranyakál károkozása leggyakrabban házijuhok elpusztítása vagy összemarcangolása miatti kár (vesztés) formájában jelentkezik, ami gyakran a vad kiváltását követően, sokszor olyan területeken következik be, amely nem tartozik vadászterülethez. A vadászati tv. értelmében az aranyakál által a háziállatokban okozott kár nem minősül vadkárnak. Ez a kár a vagyoni káron belül részben a felmerült kár (*damnum emergens*), részben pedig az elmaradt jövedelem (*lucrum cessans*) csoportjába tartozik. A felmerült kár esetén a károsult vagyonában beállott értékcsökkenés azzal az értékkel egyenlő, amelytől a károsult az aranyakál által elpusztított állat folytán elesett. Az elmaradt haszon az az érték, amellyel a károsult vagyona gyarapodott volna, ha a károsító magatartás nem következik be.

A Ptk. szerint aki másnak jogellenesen kárt okoz, köteles azt megtéríteni. A vadászati tv. 75. § (3) bekezdése szerint a vadászatra jogosult a Ptk. fokozott veszéllyel járó tevékenységekre vonatkozó szabályai szerint köteles megtéríteni a vad – példánkban az aranyakál – által a mezőgazdaságon és az erdőgazdaságon kívül okozott kárt. A veszélyes üzem működéséből eredő károkozásra irányadó rendelkezéseket a Ptk. 345–346. §-a tartalmazza. A jogszabály ezzel a rendelkezéssel szigorú felelősségi szabályt állapít meg a vadászati jog gyakorlójára is, a vadállat tartójához hasonlóan. A Ptk. 351. §-a szerint a „vadállat tartója úgy felel, mint az, aki fokozott veszéllyel járó tevékenységet folytat”. Aki fokozott veszéllyel járó tevékenységet folytat, köteles az ebből eredő kárt megtéríteni. A 345. § szerint viszont mentesül a felelősség alól, ha bizonyítja, hogy a kárt olyan elháríthatatlan ok idézte elő, amely a fokozott veszéllyel járó tevékenység körén kívül esik. Tehát a Ptk. szabályait kell alkalmazni mind a mentesülés és a károsult magatartásának értékelésekor, mind a kár megtérítésének mértékére, módjára is. Meg kell azonban jegyezni, hogy sem a Ptk., sem más hatályos joganyag nem



tisztázza egyértelműen, hogy mi jelenthet elháríthatatlan okot, így ennek bizonyítása a gyakorlatban rendkívül nehéz.

Az elpusztított háziállat és annak környezete vizsgálata során, hagyományos vizsgálati eljárással, egyértelműen nem ítéltető meg, hogy a támadást aranyakál vagy kóbor eb okozta-e, vagyis a jogi felelősség tisztázásához az okozati összefüggés a magatartás és a kár között hiányzik. Ilyen esetekben a kárt okozó faj meghatározása a faj genetikai azonosítását lehetővé tevő minták (pl. szőr, ürülék) alapján történhet. Egy megfelelően kialakított genetikai aranyakál-adatbank létrehozásával egyértelműen elkülöníthetővé válik, hogy aranyakál vagy kutya okozta-e a támadást, ezáltal a felelősség pontosan tisztázható, a jogi kérdés egyértelműen megítélhető.

## A génbank szerepe a kutyaprémét érintő állatvédelmi esetekben

Az aranyakálgénbank segítséget nyújthat az állatvédelmi hatóságnak is abban, hogy az állatvédelmi törvény által tiltott, de forgalomba hozott kutyaprémét elkülönítsék az aranyakál prémjétől, hiszen ezeket egyes esetekben szabad szemmel nagyon nehéz vagy akár lehetetlen egymástól megkülönböztetni morfológiai vizsgálatokkal.

### Köszönetnyilvánítás

Ezúton mondunk köszönetet DR. KOLLÁR KORNÉL állatorvosnak a biobank bővítésében nyújtott elengedhetetlen segítségéért.

## IRODALOM

1. ANDREASSON, H. – NILSSON, M. et al.: Nuclear and mitochondrial DNA quantification of various forensic materials. *Forensic Sci. Int.*, 2006. *164*. 56–64.
2. ARDALAN, A. – KLUETSCH, C. F. C. et al.: Comprehensive study of mtDNA among Southwest Asian dogs contradicts independent domestication of wolf, but implies dog–wolf hybridization. *Ecol. Evol.*, 2011. *1*. 373–385.
3. ARNOL, J. – HELTAI, M. et al.: Current status and distribution of golden jackals (*Canis aureus* L., 1758) in Europe. *Mammal Rev.*, 2012. *42*. 1–11.
4. AUSTIN, M. A. – HARDING, S. – MCELROY, C.: Genebanks: a comparison of eight proposed international genetic databases. *Comm. Genet.*, 2003. *6*. 37–45.
5. BATAILLE, M. – CRAINIC, K. et al.: Multiplex amplification of mitochondrial DNA for human and species identification in forensic evaluation. *Forensic Sci. Int.*, 1999. *99*. 165–170.
6. BELLIS, C. – ASHTON, K. J. et al.: A molecular genetic approach for forensic animal species identification. *Forensic Sci. Int.*, 2003. *134*. 99–108.
7. COHEN, T. M. – KING, R. et al.: Genetic characterization of populations of the golden jackals and the red fox in Israel. *Conserv. Genet.*, 2012. Published online 03 November 2012. DOI 10.1007/s10592-012-0423-1
8. COPPINGER, R. – SCHNEIDER, R.: Evolution of working dogs. In: SERPELL, J. (ed.): *The Domestic Dog. Its Evolution, Behaviour and Interactions with People*. Cambridge University Press. Cambridge, 1995. 21–47.
9. GARCÍA-MORENO, J. – MATOCQ, MD. et al.: Relationship and genetic purity of the endangered Mexican wolf based on analysis of microsatellite loci. *Conserv. Biol.*, 1996. *10*. 376–389.
10. GIANNATOS, G. – MARINOS, Y. et al.: The status of the golden jackal (*Canis aureus* L.) in Greece. *Belg. J. Zool.*, 2005. *135*. 145–149.
11. GIRMAN, D. J. – KAT, P. W. et al.: Molecular genetic and morphological analyses of the African wild dog (*Lycaon pictus*). *J. Hered.*, 1993. *84*. 450–459.
12. GITTLEMAN, J. L.: Carnivore group living: comparative trends. In: GITTLEMAN, J. L.: *Carnivore Behavior, Ecology, and Evolution*. Cornell University Press. New York, 1989. 183–207.
13. GOTTELI, D. – SILLERO-ZUBIRI, C. et al.: Molecular genetics of the most endangered canid: the Ethiopian wolf *Canis simensis*. *Mol. Ecol.*, 1994. *3*. 301–312.
14. HELTAI M. – SZEMETHY L. – LANSZKI J. – CSÁNYI S.: Returning and new mammal predators in Hungary: the status and distribution of the golden jackal (*Canis aureus*), racoon dog (*Nyctereus procyonoides*) and racoon (*Procyon lotor*) in 1997–2000. *Jagd Wildforsch.*, 2001. *26*. 95–102.
15. HELTAI M. – SZÜCS E. – LANSZKI J. – SZABÓ L.: Az aranyakál (*Canis aureus* Linnaeus, 1758) új előfordulásai Magyarországon. *Állattani Közlemények*, 2004. *89*. 43–52.
16. HSIEH, H. – CHIANG, H. et al.: Cytochrome *b* gene for

- species identification of the conservation animals. *Forensic Sci. Intern.*, 2001. 122. 7–18.
17. KLÜTSCH, C. F. C. – SEPPÄLÄ, E. H. et al.: Regional occurrence, high frequency but low diversity of mitochondrial DNA haplogroup d1 suggests a recent dog-wolf hybridization in Scandinavia. *Anim. Genet.*, 2011. 42. 100–103.
  18. KRYSZTUFK, B. – MURARIU, D. – KURTONUR, C.: Present distribution of the Golden Jackal *Canis aureus* in the Balkans and adjacent regions. *Mammal Rev.*, 1997. 27. 109–114.
  19. LAPINI, L. – MOLINARI, P. et al.: Reproduction of the Golden Jackal (*Canis aureus moreoticus* I. Geoffroy Saint Hilaire, 1835) in Julian Pre-Alps, with new data on its range-expansion in the High-Adriatic Hinterland (Mammalia, Carnivora, Canidae). *Boll. Mus. St. Nat. Venezia*, 2009. 60. 169–186.
  20. LINACRE, A. – TOBE, S. S.: An overview to the investigative approach to species testing in wildlife forensic science. *Invest. Genet.*, 2011. 2. 2–19.
  21. MATSUDA, H. – SEO, Y. et al.: Identification of DNA of human origin based on amplification of humanspecific mitochondrial cytochrome *b* region. *Forensic Sci. Int.*, 2005. 152. 109–114.
  22. NAKAKI, S. – HINO, D. et al.: Study of animal species (human, dog and cat) identification using a multiplex single-base primer extension reaction in the cytochrome *b* gene. *Forensic Sci. Int.*, 2007. 73. 97–102.
  23. ROY, M. S. – GEFFEN, E. et al.: Patterns of differentiation and hybridization in North American wolflike canids, revealed by analysis of microsatellite loci. *Mol. Biol. Evol.*, 1994. 11. 553–570.
  24. RUENESS, E. K. – ASMYR, M. G. et al.: The Cryptic African Wolf: *Canis aureus lupaster* is not a Golden Jackal and is not endemic to Egypt. *Plos One*, 2011. 6. 16385.
  25. RZEPIEL A. – HORVAI-SZABÓ M. – MONOKI SZ. – ÓZSVÁRI L. – LEHOTZKY P. – NAGY Zs. B.: A hazai komondorálomány DNS biobankjának létrehozása és felhasználási területei, *Magy. Állatorv. Lapja*, 2012. 134. 620–627.
  26. SPASSOV, N. – MARKOV, G.: Biodiversity of large mammals (Macromammalia) in the Eastern Rhodopes (Bulgaria). In: BERON, P. – POPOV, A. (eds): Biodiversity of Bulgaria. 2. Biodiversity of Eastern Rhodopes (Bulgaria and Greece). Pensoft Nat. Mus. Natur. Hist., Sofia, Bulgaria, 2004.
  27. SZABÓ, L. – HELTAI, M. – LANSZKI, J.: The growth of the distribution area and population of the golden jackal in Hungary in the last decade. *J. Vet. Behav.*, 2009. 4. (2.) 64–65.
  28. SZABÓ, L. – HELTAI, M. – SZÜCS, E. – LANSZKI, J. – LEHOCZKI, R.: Expansion range of the golden jackal in Hungary between 1997 and 2006. *Mammalia*, 2009. 73. 307–311.
  29. TÓTH, T. – KRECSÁK, L. – SZÜCS, E. – HELTAI, M. – HUSZÁR, Gy.: Records of the golden jackal (*Canis aureus* Linnaeus, 1758) in Hungary from 1800th until 2007, based on a literature survey. *North-Western J. Zool.*, 2009. 5. 357–363.
  30. VILÁ, C. – MALDONADO, J. E. – WAYNE, R. K.: Phylogenetic relationships, evolution, and genetic diversity of the domestic dog. *J. Heredity*, 1999. 90. 71–77.
  31. WAYNE, R. K. – GEFFEN, E. et al.: Molecular systematics of the Canidae. *Sys. Biol.*, 1997. 46. 622–653.
  32. WAYNE, R. K. – JENKS, S. M.: Mitochondrial DNA analysis implying extensive hybridisation of the endangered red wolf *Canis lupus*. *Nature*, 1991. 351. 565–568.
  33. ZACHOS, F. E. – CIROVIC, D. et al.: Genetic variability, differentiation, and founder effect in golden jackals (*Canis aureus*) from Serbia as revealed by mitochondrial DNA and nuclear microsatellite loci. *Biochem. Genet.*, 2009. 47. 241–450.
  34. ZENKE, P. – EGYED, B. – ZÖLDÁG, L. – PÁDÁR, Z.: Population genetic study in Hungarian canine populations using forensically informative STR loci. *Forensic Sci. Int. Genet.*, 2011. 5. 31–36.
  35. ZHANG, H. – CHEN, L.: The complete mitochondrial genome of dhole *Cuon alpinus*: phylogenetic analysis and dating evolutionary divergence within Canidae. *Mol. Biol. Rep.*, 2011. 38. 1651–1660.

Közlésre érkező: 2012. dec. 7.



## SAJTÓKÖZLEMÉNY

**„Praziquantel és pirantel hatóanyagokat tartalmazó állatgyógyászati készítmény továbbfejlesztése a pályázó által kifejlesztett új ízfedési technológiával bevont praziquantel hatóanyag felhasználásával” c. kutatás-fejlesztési program sikeres befejezéséről**

Kivitelezés befejezésének időpontja: 2012/10/31  
Projektazonosító: KMOP1.1.4-11/B-2011-0205

**Jelen projektben a Lavet Kft. a cég által kidolgozott, a gyógyszer-hatóanyagok keserű ízének elfedésére alkalmazott új ízfedési technológiával bevont praziquantel hatóanyag felhasználásával féregellenes tabletták továbbfejlesztett változatait fejlesztette ki és kidolgozta azok sorozatgyártásának technológiáját.**  
**A továbbfejlesztett féregellenes tabletták a rendkívül keserű ízű praziquantel hatóanyagot viaszszerű anyagba beágyazva, ízfedetten tartalmazzák. Ennek következtében a tablettákat az állatok önként, szívesen elfogyasztják.**

LAVET Gyógyszergyártó és Szolgáltató Kft.  
Cím: 1161 Budapest Ottó u. 14.  
Telefon: +36 (1) 405-7660, +36 (1) 405-7670  
E-mail: lavet@t-online.hu ■ Honlap: www.lavet.hu  
www.ujszechenyiterv.gov.hu



A projektben az Európai Unió támogatásához nyújtott támogatásból nyújtott támogatás.