

Európai kapcsolat?

Az aranysakál genetikai struktúrája és terjeszkedése Európában és a Kaukázusban

Heltai Miklós és Szabó László

Szent István Egyetem, Vadvilág Megőrzési Intézet

Bevezetés

Az aranysakál európai terjedésével párhuzamosan a fajjal kapcsolatos kutatások is lendületet vettek. Ennek eddigi leglátványosabb eseménye a szerbiai Veliko Gradiste-ben, 2014 októberében megrendezett 1. Nemzetközi aranysakál szimpóziium volt. Ezen az eseményen mindenki részt vett, aki érdeklődik a fajjal kapcsolatos kutatások iránt. Az előadások közben természetesen új szakmai és baráti kapcsolatok keletkeztek. a beszélgetések visszatérő témája volt egy közös kutatási program kialakítása és mihamarabbi megalapozása. Ennek jegyében az elmúlt évben folyamatos volt az együttműködés a csatlakozó kutatók között. A közös munkák három nagyobb csoportba sorolhatók: a faj élőhelyhasználatával, táplálkozásával és populáció genetikai vizsgálatával foglalkozók. Mostanra a legnagyobb eredményt ez utóbbiban sikerült elérni. Az összesen 11 ország (Lengyelország, Szlovénia, Görögország, Szerbia, Észtország, Ukrajna, Magyarország, Románia, Örményország, Grúzia és Litvánia) 20 neves kutatója által jegyzet, a sakál európai terjedésének módjára is válaszokat adó vizsgálat eredményei 2015. november 5-én jelentek meg az egyik legelfogadottabb online tudományos folyóiratban (Plos One - <http://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0141236>)

A vizsgálatok tudományos háttere

A napjainkban alkalmazott molekuláris genetikai módszerek segítségével sokkal jobban megérthetjük az egyes fajok biológiai, szaporodási, populációs és terjeszkedési sajátosságait. Ezeken túl pontosabb ismereteket kaphatunk az élőhely feldarabolódás, az elszigetelődés, vagy éppen a biológiai invázió populációra gyakorolt hatásáról is. Az aranysakál esetében az elmúlt 100 évben e hatások mindegyike megjelenhetett, ráadásul a napjainkban tapasztalt rendkívül gyors térhódításának háttere is jórészt ismeretlennek tekinthető.

A megértéshez szükséges genetikai sajátosságokra irányuló kutatások a sakál esetében messze elmaradnak a többi európai nagyragadozóhoz viszonyítva. Az eddig ismert eredmények alapján nagyon alacsony a genetikai változatosság Szerbiában, Bulgáriában, Horvátországban és Olaszországban. Ezzel szemben a Dalmát és kismértékben az olasz állományok genetikai háttere változatosabb volt. Ezek az adatok a sakál „lépőkő-szerű”, kis távolságokra érő terjeszkedési

karakterisztikáját mutatták, sejtették. Azaz az új populációkat, a legközelebbi forráspopulációkból származó, kisebb-nagyobb földrajzi távolságokat megtevő egyedek alapítják. Ennek köszönhető az alacsony diverzitás (láncszerű terjedés) és az alapító gének (a mindenhol megtalálható, minden egyed génállományában jelenlévő DNS darabok) nagyarányú jelenléte.

Ugyanakkor ezek a vizsgálatok szűk térségekben, kis mintaszámok alapján és sokszor eltérő módszerekkel folytak, amik együttesen az összehasonlítást és a nagyobb következtetések levonását is akadályozták. Azaz mivel nem készült kontinensnyi léptékű vizsgálat, így a sakál európai történelme ismeretlen előttünk. Pedig fontos kérdés, hogy miként volt képes a faj - napjainkban is tapasztalható mértékű expanzióra a 20. és 21. század fordulóján, és melyek lehettek a forráspopulációk (Közép-Kelet, Ázsia, Kaukázus... stb.). Felmerül, hogy a mediterrán térségben élő állományoknak milyen szerepe volt ebben. Mennyire valósult meg a génkicserélődés az ázsiai populációkkal, és az Európán belüli egymástól elszigetelt populációk között? Szintén ismeretlen, hogy az európai populáció alacsony diverzitása a fragmentáció és az izoláció következménye-e (jelentős élőhelyvesztés és drasztikus állomány- és areacsökkenés a 20. század első felében), vagy inkább a jelenlegi gyors terjeszkedésnek és az alapító hatásnak tudható be?

A tanulmány célja volt, hogy megadja az első lehetséges válaszokat a fenti kérdésekre. Ezért a mintagyűjtés a Közép-Európai és Balkáni területek mellett kiterjedt Pelopponészoszra (Dél-Görögország) – amely valószínűleg neolitikum eredetű populáció, a Kis-Ázsia partjaihoz közeli Samosz-szigetre (amely az első izolált populáció), és a Kaukázusra is, amely szintén forráspopuláció lehet. Mindezek mellett kísérletet tettünk arra is, hogy a Baltikumban (Észtország, Litvánia) megjelent sakálok eredetét felfedjük.

Végül összesen öt földrajzi régióból gyűjtöttünk aranysakál szövetmintát, összesen 97 egyedből:

I. Dél-Kelet-Európából (Románia: 5, Horvátország: 2, Szlovénia: 2, Ukrajna: 12, Szerbia: 25, Magyarország: 10, Görögország észak: 1), II. Kaukázusból (Karabak-hegység, Örményország, Grúzia: 14), III. Baltikumból (Litvánia, Észtország: 5), IV. Görögországból (dél: 11) és V. Görögországból (Samosz-sziget: 10). A mintákból genom DNS vizsgálatot végeztünk 15 mikroszatellit lokusz vizsgálatával. Ez a markermennyiség alkalmas arra, hogy leírjuk a genetikai szerkezetet, illetve a populációk genetikai változatosságát.

Eredmények

A mintákból először mikroszatellita vizsgálatot végeztünk és az eredmények alapján két különböző módszertannal csoportokat képeztünk. A 97 sakálból 15 polimorf mikroszatellita lokuszon összesen 102 allélt azonosítottunk (1.05 allél/egyed). A legtöbb lokuszon a polimorfizmus mérsékelt volt (5-11 allél). A heterozigotitás értéke leggyakrabban 0.60 volt, csak 3 lokuszon érte el a 0.70-es értéket. Az első elemzési módszer alapján a vizsgált egyedeket három csoportba lehetett sorolni: Baltikum és

Kaukázus; Közép- és Dél-Kelet Európa (beleértve Pelopponészoszt is), valamint a Samos szigetek-i Görög populációra. Már ez az elemzés is megmutatta, hogy az a korábbi feltételezés, hogy a görög tengerparti populációk a lakott területek és a hegyvidék miatt elszigeteltek a kontinens többi részétől, nem igazak.

A következő elemzés finomította a képet. Eszerint 4 genetikai csoportot lehet elkülöníteni egymástól, melyek között nagyon minimális a keveredés. A geográfiai régiók közötti különbség szignifikáns. A Samos szigeti populáció itt is jelentős különbséget mutatott minden más mintától, de itt már a görög szárazföldi populáció is önálló csoportot alkotott, a közép-és dél-európai, valamint a kaukázusi és balti mellett. Ez utóbbi három csoport között a különbség mindig kisebb volt, mint a Samos-szigeti és a többi populáció között.

A második elemzés során a csak anyai vonalon öröklődő mitokondriális DNS vizsgálatát végeztük el. A 93 mintából 4 különböző haplotípust tudtunk elkülöníteni. A haplotípus-diverzitás és a nukleotid-különözőség is alacsony volt. A Baltikumon kívül régióként 2 haplotípust azonosítottunk. A legmagasabb fokú haplotípus különbség a Görög szárazföldi populációnál, míg a legnagyobb változatosság a Kaukázusi állományban mutatkozott.

Következtetések

Eredményeink legfontosabb tanulsága, hogy a korábbi kutatásokhoz képest magasabb genetikai változatosságot találtunk az európai sakálpopulációkban. Ez alól helyzetéből adódóan kivételt képez a Samos-sziget. Az előző tanulmányokkal szemben nem 1, hanem 4 haplotípust tudtunk megkülönböztetni. Ennek oka lehet az természetesen, hogy nagyobb vizsgálati terület és mintaszám lett bevonva a vizsgálatba, mint az eddigi programokban. Görögországban mindhárom új haplotípus (H2, H3, H4) megjelent. A legnagyobb haplotípus változatosságot a Pelopponészoszon találtuk. Az európai sakálpopulációk genetikai változatossága kisebb, mint más kutyaféléké a kontinensen (pl. róka, farkas), és az izraeli állományok genetikai háttere is változatosabb, mint európai fajtársaiké. Az európai sakálok alacsony genetikai változatossága tehát nem fajspecifikus jellemző, sokkal inkább utal a sakálok egységes eredetére, azaz közös forrás populációból való származására, a kontinensen.

A korábbi tanulmányok kiemelik a korlátozott mértékű genetikai strukturáltságot az európai sakálállományban. Leginkább a horvát (Dalmát) szárazföldi populáció különözőségét állapították meg a többi balkáni mintához viszonyítva. Ezek alapján azt lehet mondani, hogy ez a többé-kevésbé izolált populáció már a középkorban vagy esetleg még hamarabb megjelent Dalmácia déli részén. Szintén korábbi vizsgálatok bizonyították, hogy a bulgár, szlavón és szerb sakálok genetikailag nagy hasonlóságot mutatnak. A pelopponészoszi minták különözősége felveti annak lehetőségét, hogy egy ősi görög populáció túlélte a mai napig a régióban, s találkozott/keveredett egy keletről, Ázsiából származó populációval, új típusal. A korai Holocénből származó Dalmát és Görög sakál-leletek

alapján is elmondható, hogy csak ez a két terület mutat magasabb genetikai változatosságot kelet-Közép Európában, további megerősítést adva az ősidők óta a mediterrán térségben lévő sakálók jelenlétének.

A genetikai tesztek folyamatos, napjainkban is tartó génáramlást sugallnak a Kaukázus és Európa között. Ezt igazolja az az eredmény, mely szerint volt néhány példány a Dél-Kelet-Európai régióból, amelyek nagy valószínűséggel a Kaukázusból származnak. Meg kell említeni, hogy szintén a DélKelet-európai régióból 1 egyed H4 haplotípusként (ami a Peloponnészosz-félszigeten gyakori) azonosítottunk, amely Kaukázusi vagy kevert Kaukázusi-Samos szigeti eredetre utal. Az említett szigeti populáció egyébként nagyban különbözött az összes többitől, ami a vizsgálat leginkább várt eredménye volt és a szigeti léttel egyértelműen magyarázható. Sajnos nem tudtunk vizsgálni Törökországból származó mintát, így nem egyértelmű, hogy a sziget és a szárazföld közötti génkicserélődésnek valóban akadályt jelenthet-e a tenger. Mindenesetre a genetikai elemzés megmutatta, hogy a Samos-sziget és a Görögország északi része között volt kapcsolat, hiszen a Chalkidiki minta a Samos-klaszterből származott.

A Balti államok közül elsőként Észtországban figyeltek meg aranysakált 2011-ben. Az ezt követő években tudunk megfigyelésekről, közúti gázolásról, elejtésről Lettországból és Litvániában is. A genetikai vizsgálatok azt mutatják, hogy az észti minták kaukázusi eredetűek, míg litvánok dél-kelet európaiak. Ez a kettős forrás nem erősíti azt a feltevést, mely szerint a sakál emberi segítséggel (behurcolással) került volna a Baltikumra. Mellesleg a szlovák, ukrán és a lengyel megfigyelések is mind az északi irányú terjeszkedést igazolják. Meg kell említeni, hogy az észak-ukrán mintában kaukázusi eredetű géneket is találtunk, amely szintén megerősíti a természetes terjeszkedést Ukrajnán át Észtország felé.

Bár az előző tanulmányok a „lépő-kő” modellel jellemezték a sakál terjedését, a mi eredményeink a nagy hatótávolságú szétterjedést bizonyítják. Példaként néhány eset ez utóbbi jelenséget igazolja, amikor is 1-1 megfigyelés jelentős távolságra volt az addig ismert legközelebbi populációtól: 1952 Szlovénia elejtés (~200km Dalmácia); 1998 Németország elejtés, 2012 fotó (~270-430 km Fertő-tó, Magyarország); 2011 Svájc fotó (450km Olaszország); 2014 Ukrajna elejtés (430 km Moldova); 2012 Belorusszia elejtés (410 km Magyarország); 2015 Belorusszia közúti gázolás (610 km Magyarország); GPS jelölt sakál 12 nap alatt 220 km megtett táv, (Magyarország).

Összegezve tehát a fentiek alapján elmondható, hogy a faj északi irányú terjeszkedése bizonyítható, ahogy az is, hogy ennek a terjedésnek két iránya és forrása van: 1. Ukrajnán keresztül a Kaukázusból, 2. Dél-kelet Európából.

Érdekesség még, hogy több esetben nem 1 egyedet figyeltek meg az új területeken, hanem falkát. Ez pedig alátámaszthatja azt a felvetést, mely szerint a csoportos kolonizáció növeli a faj sikerességét a terjeszkedésben.

A Balti államok egységesen invazív idegen fajnak nyilvánították a sakált a területükön. Ez kissé furcsa, hiszen nem felel meg az ehhez köthető kritériumoknak. Elsősorban a predációt, a háziállatokban történt károkozást emelik ki negatív hatásként, amit még nem is tapasztaltak, főleg nem bizonyítottak ezeken a területen. Említik még a parazitafertőzést, mint lehetséges veszélyforrást, de e szempontból a róka és a farkas kiemeltebb szerepet tölt be az ökológiai rendszerben.

Eltekintve a fenti aggodalmaktól, vádaktól, a faj intenzív terjeszkedése, kolonizációja mindenképpen felvet gazdálkodási, megőrzési kérdéseket. Tekintettel e gyors és országokon átívelő folyamatra, nemzetközi összefogásra, megoldási lehetőségek keresésére van szükség!