

# A HAJDANI SOKASÁGTÓL A BIZONYTALAN JÖVŐIG

**Európában a mezei nyúl állománya sok régióban drasztikusan lecsökkent, és a faj hosszú távú jövőjével kapcsolatban talán még sohasem merült fel ennyi kérdőjel. Míg Magyarországon a múlt század hetvenes éveiben legalább másfél millióhoz közelített a számuk, az 2016-ban már nem érte el a 87 ezret!**

Az élőlények populációinak genetikai állományát egyre-másra alakítja, formálja az evolúció. Az evolúciós változások legnagyobb hatású folyamatai a természetes kiválasztódás, a génáramlás és a genetikai sodródás. A természetes kiválasztódás, más néven természetes szelekció során azok a gének, génváltozatok (allélek) terjednek el a populációban, melyek növelik a túlélés és a szaporodás esélyét. Génáramlás során a gének vándorolnak akár a populáción belül, akár az egyes populációk között, akár segítve is a már említett kedvezőbb változatok elterjedését. A genetikai sodródás pedig az allélgyakoriság véletlenszerű megváltozását jelenti, mely a szaporodás során bekövetkező véletlenszerű mintavétel következménye. Ezáltal még a túlélés és szaporodás szempontjából legelőnyösebb génváltozatok is könnyen „kieshetnek” a populációból vagy éppen káros mutációk rögzülhetnek. Értelemszerűen minél kisebb az adott szaporodási közösség, annál nagyobb a genetikai sodródásnak való kitettsége, ami által romlanak hosszú távú fennmaradásának kilátásai.

A természetes populációkra ható tényezők változásai folyamatos mozgásban tartják a populációk egyedszámát is, és ennek fényében folyamatosan változik, hogy az említett mechanizmusok közül melyik érvényesül jobban, s melyik kevésbé. A populáció létszámának időleges leszűkülése a genetikai változatosság csökkenéséhez, bizonyos részének

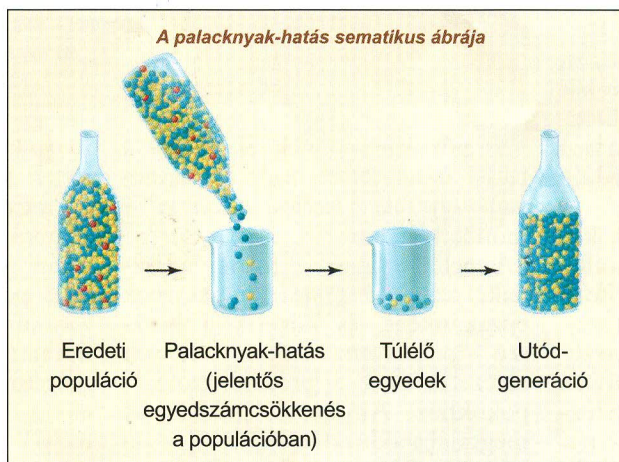
végleges elvesztéséhez vezet. Ezt a folyamatot szemléletes példával *palacknyak-hatásnak* nevezik, s következtében genetikailag egységesebb állomány jön létre, ami a populációra nézve inkább káros folyamatnak tekinthető. Palacknyak-hatást idézhet elő még a génáramlás megváltozása, amit például a bevándorlás csökkenése okozhat. Szintén ez a jelenség játszódik le, amikor alapítói hatásról vagy a populáció részpopulációkra való szakadásáról beszélünk.

A mezei nyúl európai állományainak kialakulása során is ezek a hatások érvényesültek, de a folyamatok mértékének, irányának és idejének

a hazai faunának, gazdasági szempontból pedig az élőnyúl-export, a vadásztatás és a lőtt vad értékesítése jelentős bevételt jelent a nemzetgazdaságnak. Ugyanakkor amíg Magyarországon a múlt század hetvenes éveiben még az 1,5 millió példányhoz közelített az évente hasznosított nyúlállomány (azaz az egy év alatt terítékre került és a vadászterületről befogott, élőnyúlként értékesített állatok összessége), 2016-ban ez a szám már nem érte el a 87 ezret. A populációik több évtizede tartó csökkenő iránya Európaszerte tapasztalható. A faj egyedszámát az időjárási tényezők, a betegségek és paraziták jelenléte, a potenciális ragadozók létszáma, továbbá az élőhely és az antropogén hatások együttesen befolyásolják.

Az eddigi vizsgálatok azt támasztják alá, hogy a mezei nyúl egyedszámcsökkenésében meghatározó jelentőségű volt a környezet átalakulása a mezőgazdasági termelés nagyüzemi viszonyainak kialakulása miatt. E változásokon belül a legfontosabb elemek a nagytáblás, monokultúrás művelési módok elterjedése, valamint ezzel párhuzamosan az élőhelyek feldarabolódása voltak. Egy ilyen fragmentált élőhely kisebb populációt tud eltartani.

A populáció méretének csökkenése azért jelent különösen nagy veszélyt, mert minél kisebb, annál sérülékenyebb, veszélyeztetettebb a genetikai változatosság csökkenése, a demográfiai és a környezeti változások által. Egy kritikus szint alatt ezek a folyamatok egymást erősítik és az



meghatározása részletes kutatásokat igényel. A következőkben összefoglaljuk a témával kapcsolatos eddigi ismereteket, különös tekintettel saját vizsgálataink előzetes eredményeire.

## Drasztikus változások

A mezei nyúl szinte az egész világon megtalálható, Európában a legelterjedtebb és az egyik legfontosabb apróvadfajnak tekinthető. Fontos tagja

állományméret csökkenése nehezen visszafordíthatóvá vagy egyenesen visszafordíthatatlanná válik.

Felvetődik a kérdés, hogy ha ilyen rövid idő alatt ilyen drasztikusan csökkent a hazai nyúlállomány, akkor miért folytatják továbbra is az állomány vadászati hasznosítását? Nos, a Körös-Maros Nemzeti Park területén végzett kutatások azt is igazolták, hogy a szakszerű vadászati hasznosítás nincs feltétlenül negatív hatással a populáció méretére. Ennek az a magyarázata, hogy vadászat hiányában az állományra más, természetes szabályozó tényezők (például betegségek, ragadozók, időjárási viszonyok) gyakorolnak majd erős hatást, ezáltal stabilizálva a populáció méretét a környezeti eltartóképeséggel összhangban. A jelenség egyébként nem ismeretlen, például a vörös róka esetében is megfigyelték már, hogy ha csökken egy területen a faj vadászata, akkor az állományméret szabályozásában felerősödik a betegségek szerepe, és nagyobb arányban hódít teret például a veszettséggel való fertőzöttség.

Mindezek tükrében tehát az erősen lecsökkent méretű mezei nyúl populációk megőrzése és fejlesztése csak tudományos alapokra épülő, okszerű gazdálkodás által kecsegtethet sikerrel. Ennek egyik sarokköve az élőhelyfejlesztés, de legalább ekkora jelentőségű a populációk genetikai változatosságának megismerése és nyomon követése is, hiszen egy diverzitásának nagy részét elvesztő populáció még a kedvező élőhelyi változások után is sokáig sérülékeny marad, hosszú távú fennmaradása pedig kérdéses lesz. Az ennek orvoslására szolgáló élőnyúl-áttelepítések tervezése, valamint a gazdálkodási tervek elkészítése során meghatározó jelentőségű, hogy alapos ismeretekkel rendelkezünk a populációk és az egész faj genetikai diverzitásáról, hiszen annak megőrzése a faj fenntartásának egyik alappillére.

### Európai körkép

Több korábbi tanulmány vizsgálta már a mezei nyulak populációit Európában és a Közel-Keleten, de ezek mintavételi hiányosságai miatt nem egy földrajzi régió maradt mindmáig feltérképezetlen, és ez különösen igaz Közép-Kelet-Európára. Ez az

információhiány megakadályozta, hogy átfogó képet kapjunk a faj genetikai sokféleségéről és filogeográfiai szerkezetéről.

Az európai mezei nyulakat eddig két fő csoportba sorolták, melyeket *európai* és *anatoliai/közel-keleti* néven említettek. Európában a kilencvenes évek végétől számos kutatást végeztek a mediterrán populációk közötti genetikai kapcsolatok tisztázásának céljából, azonban ezek még mindig nem magyarázzák teljes mértékben azokat a múltbéli eseményeket, amelyekből a jelenlegi genetikai állomány szerkezetek diverzitása fakad. Különösen igaz ez a földközi-tengeri szigetekre, ahol a helyi nyúlállományok zártabban fejlődtek.

Szemléletes példával szolgál Szardínia, ahol ezek az események gyökeresen átalakították a holocén eleji fauna összetételét. Kutatási eredmények alapján úgy tűnik, hogy a Szardínia szigetéről származó mezei nyulak genetikai szerkezetének mai képehez nagymértékben hozzájárult az emberi tevékenység. Jelenleg az észak-afrikai partokon élő nyulakkal sorolják őket egy csoportba, melyekhez morfológiailag és genetikailag leginkább hasonlítanak. Ha kizárjuk azt a feltételezést, hogy a szardíniai nyulak őshonosak Szardínián, arra alapozva, hogy a legrégibbi paleontológiai leletek egy késő bronzkori, illetve kora vaskori

lelőhelyről származnak, akkor a sziget populációja feltehetően néhány észak-afrikai őstől származik, amelyeket hajósok hozhattak magukkal. Egy másik elmélet szerint a szardíniai nyulak nem maradtak teljesen izoláltak, hanem kapcsolatba kerültek a kontinensen élő mezei nyúllal, amelyet illegálisan telepítettek a szigetre vadászati céllal. Mivel a nyúl Szardínián az egyik legfontosabb vadászott apróvad faj, néhány tenyésztelepet is kialakítottak. Így különösen életszerű, hogy a múltban végbement a szardíniai és az európai mezei nyulak keresztezése az előbbi szaporodási teljesítményének növelése érdekében. Érdekes módon a szardíniai nyulak anyai vonalán ennek ellenére sem tudták kimutatni az idegen faj hatását. A kontinensre áttérve, a vizsgálatok eredményei azt mutatták, hogy az Észak-Spanyolországból származó mezei nyulak különböző bevándorlási hullámban érkeztek az Ibériai-félszigetre.

### Zoológiai útkereszteződésben

Egy másik kutatócsoport a mezei nyulak mitokondriális DNS-szekvenciáit elemezte, hogy megtudja: a faj jelenlegi genetikai szerkezete kizárólag Európa Kis-Ázsiából és a Balkánról való jégkorszak utáni rekolonizációjának az eredménye-e, ahogy azt eddig feltételezték, vagy





(FARKAS PÉTER FELVÉTELEI)

esetleg valószínűsíthetők további eljegesedés alatti menedékek (refúgiumok) is.

A vizsgálat eredményei arra utalnak, hogy több refúgiumterület is volt, amelyek közül az egyik az Appennini-félsziget lehetett. Az olaszországi nyulakat a várt genetikai szerkezet jellemezte, míg a közép-európai mezei nyúl haplotípusok egyértelműen olyan szerkezetet mutatnak, ami a palacknyak-hatást szenvedett és utána demográfiai növekedésen átesett populációkra jellemző. Becslések szerint ez a populációnövekedés körülbelül 50–55 ezer évvel ezelőtt történt. Ismereteink szerint Európa utolsó jégkorszak alatti éghajlata és vegetációja a legtöbb területen kizárta a mezei nyulak előfordulását. Valószínűleg az éghajlat enyhülése és a késő pleisztocén-kori tundra vegetációja tette kedvező élőhellyé Közép-Európát a mezei nyúl számára. Kolonizálása a keleti és délkeleti sztyeppékről (valamint lehetséges, hogy Olaszországból és Délnyugat-Európából) kiindulva történhetett meg.

A faj Európába vezető útja során vesztethetett genetikai változatosságából is. A mai Bulgária területe az utolsó jégkorszak idején a mezei nyúl fő dél- és délkelet-európai menedékhelei közé tartozhatott. A késő pleisztocén korban ezt a régiót földnyelv kötötte össze Kis-Ázsiával, így az itt élő nyulak változatos géneket kaphattak a törökországi populációktól

is. Génáramlás történhetett és történnik ma is Görögországból és a Fekete-tengertől északra és keletre fekvő területekről. Tulajdonképpen ezt a délkelet-európai területet egy zoológiai útkereszteződésnek is tekinthetjük. Ezt látszanak alátámasztani azok az eredmények is, miszerint a közép-európai mezei nyulak esetében az emlősöknél megszokott mértéknél nagyobb volt a genetikai változatosság szintje.

#### Hazai viszonyok

A mezei nyúllal kapcsolatban született számos molekuláris genetikai tanulmány ellenére a közép-európai populációkról néhány osztrák és szerb példától eltekintve nem rendelkezünk információkkal. Fontos volt tehát a magyar populációk genetikai szerkezetének vizsgálata mind a faj kutatása, mind a magyar vadgazdálkodás szempontjából. A Magyarországon gyűjtött minták mitokondriális DNS-ének – azon belül is a D-loop régióinak – az elemzése során megállapítottuk, hogy az általunk észlelt haplotípus-diverzitás összhangban van a korábbi tanulmányok eredményeivel, melyek Európa különböző populációira vonatkoztak. Magas haplotípusszám és -diverzitásérték jellemezte a magyar állományokat is.

Ugyanakkor a korábbi eredmények azt mutatták, hogy a közép-európai populációkra kifejezetten alacsonyabb diverzitásértékek voltak jellemzők más európai területekkel összehasonlítva. Ausztriában és

Szerbiában, valamint északon, Dániában észleltek alacsonyabb haplotípus-diverzitásokat is. Amikor a magyar és szerb állományokat együtt vizsgáltuk, bár voltak hasonlóságok, határozottan el lehetett különíteni a két ország populációit. A Kárpát-medence mezei nyulainak eredete a mai napig nem tisztázott. Két fő elmélet létezik ennek magyarázatára. Egyes kutatók szerint Közép-Európába az Appennini-félszigetről érkeztek a nyulak az utolsó eljegesedés után, míg mások szerint balkáni eredetű populációkból. Az itáliai származást erősíti, hogy egyes tanulmányokban a magyar minták közelebbi rokonságot mutattak a német és olasz állományokkal, mint a térben sokkal közelebbi osztrák populációkkal. Ezt azonban az is magyarázhatja, hogy a XX. században többször telepítettek nyulakat Közép-Európából olyan európai területekre, ahol a túlzott vadászat miatt megfogyatkoztak az állományok.

A Bolyai János Kutatási Ösztöndíj támogatásával folyó munkánk első eredményei azt mutatják, hogy a magyar minták mind a szerb, mind a görög populációkhoz kapcsolódnak, ám ezek többsége egyértelműen elkülöníthető a többi földrajzi régióból származó szekvenciától. Ez azt jelzi, hogy mind a szerb, mind a magyar mezei nyúl esetében a Balkán-félsziget és Görögország lehetett a legfőbb glaciális refúgium terület. Jelenleg úgy tűnik, hogy erősebb bizonyítékok szólnak a balkáni eredet mellett a Kárpát-medence mezei nyulait illetően, azonban egyelőre túl kevés adat áll rendelkezésre ahhoz, hogy bármelyik elmélet mellett is állást foglalhassunk. Ahogy a hazai populációk közötti genetikai kapcsolatok pontos jellemzése, úgy ennek a kérdésnek az eldöntése is a jövő feladatai közé tartozik.

A mezei nyúlhoz hasonló, az élőhelyek zsugorodására érzékenyen reagáló fajok genetikai diverzitásával kapcsolatos vizsgálati eredmények hozzájárulnak a sikeres és fenntartható gazdálkodási tervek kialakításához, melyek nemcsak a vadgazdálkodás fenntarthatóságát, hanem végső soron az ember és a természet között megbomlott viszony egyensúlyának visszaállítását is szolgálják.

BAGI ZOLTÁN  
KUSZA SZILVIA