

Is the endangered Fennoscandian arctic fox (*Alopex lagopus*) population genetically isolated?

Love Dalen, Anders Göötherström, Magnus Tannerfeldt, Anders Angerbjörn

A fenti témát vadászati ökológia tantárgy keretében feldolgozta: Görömbei Szilárd IV. éves hallgató.

Genetikailag izolált-e a veszélyeztetett fennoscadiai sarki rókák populációja?

A sarki róka (*Alopex lagopus*) a Föld északi féltekének tundráin élő kistragadozó, ideértve Észak-Amerikát, Szibériát, Grönlandot, Izlandot, Svédországot, Finnországot és Norvégiát.

Fő prédája a lemming, amelyek populációja három-öt évente kiugró szaporodási csúcsot mutat és ezeket követik a sarki rókák populációinak változásai is. A rókák szaporodásukkal is alkalmazkodtak a fenti körülményekhez, amennyiben egy-egy szaporodási ciklusuk alomszáma elérheti a 19 db-ot is. Mindezek mellett a felnőtt állatok 50%-a a fiatalok nagy része elpusztul évente.

Bár mindkét nem akár 1000 km-t is elvándorolhat, a fennoscadiai állomány meglehetősen elszigeteltnek tekinthető a különböző földrajzi természetes határoknak köszönhetően.

Ezzel szemben a szibériai populáció egységesnek tekinthető, annak ellenére, hogy az ott élő lemmingeket, két folyó genetikailag is kimutathatóan két populációra osztja.

A vadászat hatására a fennoscadiai sarki róka populáció száma drasztikusan csökkent a 19.sz. végére. A 19.sz. vége és 1926 között számuk kb. 4700-ról 100-150 db-ra csökkent. Svédországban 1928 óta védelem alatt állnak, ennek ellenére sem nőtt a számuk az elmúlt 20 évben sem. Ez valószínűleg betudható annak, hogy a lemmingek populációjának sem volt megfigyelhető növekedése. Jelenleg Svédországban kb.40, Norvégiában 10 és Finnországban kb. 100-130 db sarki róka él a szibériai ezrekkel szemben.

Az alacsony példányszámú populációkban a bel tenyésztettség következtében alomszám csökkenés volt megfigyelhető egy róka farmon végzett kísérlet során.

Vadon élő rókák 1998-ban végeztek genetikai kutatásokat a mitokondriális DNS HVR 1-es szakaszát alapul véve. A mitokondriális DNS-ről azért tudunk kell, hogy nem teljesen tükrözi a sejtmagbéli DNS variabilitásának viszonyait. A kísérlet célja a szibériai és a fennoscadiai populációk genetikai összevetése volt.

A két populáció izolálódására három forgatókönyvet feltételeztek: **1.** A fennoscadiai és a szibériai populációk a terület lefűződése előtt már izolálódtak egymástól. **2.** A két populáció sem előtte sem utána nem izolálódott. **3.** A populációkat a földrajzi beszűkülés izolálta.

1989 és 1998 között, a Svéd Sarki Róka Program keretében 176 rókát vizsgáltak és jelöltek meg, és vettek mintát tőlük, emellé róka farmi mintákat is begyűjtöttek. 1994-ben a Svéd Sarki Kutató Titkárság szervezésében szibériában is gyűjtöttek 20 mintát.

A széklet és szövetmintákból megfelelő eljárásokkal kivonták a DNS-t. A mitokondriális DNS HVR 1-es szakaszának egy kb.350 bázis párat tartalmazó szakaszát vizsgálták. Az azonosított bázissorrendeket haplotípusokba sorolták, amelyeket eredetük után svéd(swe),

szibériai(sib), és farmi(ff) indexekkel jelöltek. Ha mindkettő eredetűnek találták (hol)-nak nevezték.

A populációk haplotípus és nukleotid diverzitásának vizsgálata számítógépes úton történt. Szintén számítógéppel vizsgálták az anyai génáramlás lehetőségét, a földrajzi paraméterek figyelembe vételével. A vizsgálat arra irányult, hogy a svéd és szibériai rókák között fel lehet-e genetikai különbségeket fedezni? Az anyai genetikai állományok áramlása megadhat egy teórikus számot, amely azt mutatja, hogy mennyi nőstény migrálódott a két populáció között. Egy 294 bázis pár hosszú szakaszt vizsgálva a 34 mintán 12 eltérő pozíciót találtak, amelyek 10 különböző mtDNS haplotípust határoztak meg. Három svéd, hét szibériai volt. A két farmról származó minta ugyanolyan közös haplotípusu volt(FF1). A legtöbbször előforduló haplotípus a Hol1 15 mintában volt, mind svéd mind szibériában. A többi haplotípus vagy csak egyikben vagy másikban volt.

Az AMOVA (analysis of molecular variance) vizsgálatok egy szignifikáns, de vékony különbséget mutattak ki a szibériai és svéd sarki rókák között. Ez nem azt támasztja alá, hogy a fennoscadiai állomány el lenne izolálva a szibériai állománytól. Az 1998-as norvég kutatás során talált három haplotípus azonos a Svédországban talált hárommal. Ezt a Hol 1-nek nevezett típust szibériában és Fennoscadián is megtalálták. A legérdekesebb része ennek a tanulmánynak, hogy négy haplotípust találtak Kola Peninsulán, ebből kettő nem található meg másutt Fennoscandián. Ezen eredmények azt sugallják, hogy kapcsolat van KolaPeninsulán, a Fennoscandián és a Szibériában élő populációk között.

A kísérletek megmutatták, hogy DNS-t lehet nyerni, és vizsgálni szövet, és székletmintákból.

A fent vázolt eredmények segíthetnek a fennoscadiai sarki rókák populációjának jövőbeli támogatásában. A vizsgálatok szerint bár sok genetikai információ elveszett a fennoscadiai állományból, az mivel alapvetően nem különbözik a többi populációtól, frissíthető a szibériai rókákkal. Az említett módon csökkenthető a beltenyésztettségből fakadó genetikai nyomás. Másik eredménye a tanulmánynak, hogy megmutatta, hogy a farmon nevelt rókák és a vadak genetikailag is elkülöníthetőek, bár egyelőre nem sikerült arra bizonyítékot találni, hogy a farmi rókák vadakkal keveredtek volna.