

A GENETIKAI VARIABILITÁS SZERKEZETE A SZÜRKÉS HANGYABOGLÁRKA FAJCSOPORT KÁRPÁT-MEDENCEI POPULÁCIÓIBAN

Bereczki Judit

Debreceni Egyetem, Evolúciós Állattani és Humánbiológiai Tanszék
juditb@delfin.unideb.hu

Pecsenye Katalin

PhD, Debreceni Egyetem, Evolúciós Állattani és Humánbiológiai Tanszék

Varga Zoltán

DSc, Debreceni Egyetem, Evolúciós Állattani és Humánbiológiai Tanszék

Bevezetés

Az utóbbi évtizedekben egyre intenzívebben jelentkező antropogén hatások a természetes életterek beszűkülését, feldarabolódását, egyes fajok populációméretének csökkenését, a populációk fragmentálódását és izolációját eredményezték. Ezek a folyamatok nagymértékben hozzájárultak a veszélyeztetett növény- és állatfajok számának drasztikus növekedéséhez. Ennek következtében a gyakorlati természetvédelem számára kiemelkedő jelentőségűvé váltak a konzervációbiológiai kutatások, melyek egyik fontos részterülete annak a vizsgálata, hogy a veszélyeztetett fajok populációiban milyen evolúciós erők hatnak, és ezek hogyan befolyásolják a populációk genetikai variabilitását.

A hangyaboglárka fajok egész Európában védettek, illetve veszélyeztetettek, ami előhelyeik beszűkülésének és igen speciális életmódjuknak köszönhető. A megtermékenyített nőtények a specifikus tápnövény

virágbimbóira és virágaira, valamint a virágok közelében levő levelek felszínére rakják le petéiket, majd az ezekből kikelő lárvák az első három lárvastádiumban a tápnövény éretlen magvaival táplálkoznak. Ebben a szakaszban a lárvák végleges testtömegüknek mindössze 5-10%-át érik el. A negyedik lárvastádiumtól a kikelésig fullánkos vöröshangyák (*Myrmica* fajok) fészkeiben fejlődnek, ahol a hangyalárvák viselkedését, illetve feromonjait utánozva a hangyadolgozókkal tápláltatják magukat („kakukk” fajok – ezek közé tartoznak az általunk vizsgált fajcsoport képviselői is), vagy magukkal a hangyalárvákkal táplálkoznak (predátor fajok). A hangyaboglárka lárvák tehát a hangyafészkek speciális parazitáinak tekinthetők, bár ez a parazitizmus nem teljesen egyoldalú, hiszen a dolgozók édes váladékot kapnak „cserébe” a hernyóktól.

A szürkés hangyaboglárka fajcsoporton belül általában két fajt különítenek el: a lápi (*Maculinea alcon*) és a karszti hangyaboglárkát (*Maculinea rebeli*), mégpedig iniciális

tápnövényeik (kornistárnics – *Gentiana pneumonanthe* vszent László-tárnics – *Gentiana cruciata*) és hangyagazdáik alapján (lápi hangyaboglárka – *Myrmica scabrinodis*, karszti hangyaboglárka – *My. scabrinodis*, *My. sabuleti*, *My. lonae*, *My. specioides*). Ennek megfelelően a lápi hangyaboglárka mocsaras réteken és nedves kaszálákon fordul elő, míg a karszti hangyaboglárka száraz és félszáraz gyepekben, illetve hegyi legelőkön. Más szerzők azonban alfajokként, illetve egyszerűen ökológiai rasszokként definiálják őket.

Vizsgálataink célja a szürkés hangyaboglárka fajcsoport populációi közötti genetikai differenciálódás mintázatának tanulmányozása volt.

Anyagok és módszerek

1999 és 2003 között Közép-Európa öt nagy földrajzi régiójából 40 mintát gyűjtöttünk 27 populációból (1. ábra), melyek közül 13 populáció egyede a kornistárnicsot (1. ábra: 1-

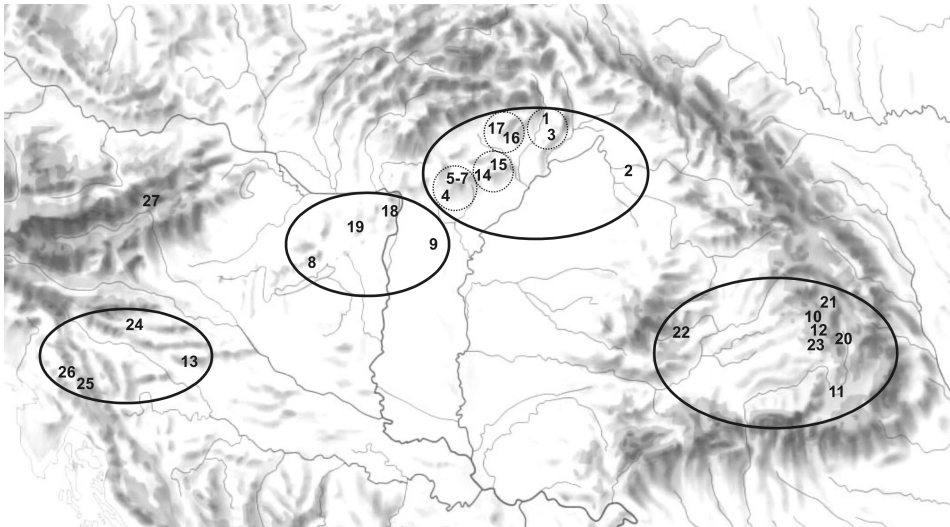
13), 14 pedig a Szent László-tárnicsot (1. ábra: 14-27) használja iniciális tápnövényként. A földrajzi mintázat részletesebb elemzéséhez Észak-Magyarország öt szubrégiójából származó populációk adatait használtuk fel.

Poliakrilamid gélelektroforézis segítségével tizenhat különböző enzimlókuszot vizsgáltunk meg, melyek közül tizenegyet a torból, ötöt pedig a potrohából nyertünk ki.

A megfigyelt enzimmintázatok alapján azonosítottuk az egyedek genotípusát.

A teljes genetikai variancia megoszlását komplex módon analizáltuk: felosztottuk mintákon belüli, egy populációból származó minták közötti és populációk közötti komponensekre. A populációk közötti komponenst tovább bontottuk tápnövények közötti, illetve földrajzi régiók közötti alkomponensekre. Az analíziseket az Arlequin 2.000 programcsomaggal (Schneider et al., 2000) végeztük.

A populációk allélgyakoriságai alapján főkomponens-analízist hajtottunk végre, amelynek során lecsökkentettük a változók



1. ábra • A lápi és karszti hangyaboglárka gyűjtőhelyei 1999 és 2003 között. Tápnövény: kornistárnics (1-13); Szent László-tárnics (14-27). Régió: Észak-Mo. (1-7, 14-17) [Szubrégió: Zempléni-hegység (1, 3); Mátra (4-7); Aggteleki-karszt (16, 17); Bükk (14, 15); Fülesd (2)]; Közép-Mo. (8, 10, 18, 19); Erdély (9, 11, 12, 20-23); Szlovénia (13, 24-26); Alpok (27).

számát, és a kevesebb változó által meghatározott úgynevezett faktortérben vizsgáltuk, hogy a populációk mennyire különböznek el egymástól. Az analízist R4.0 programcsomaggal végeztük (Casgrain – Legendre, 2001).

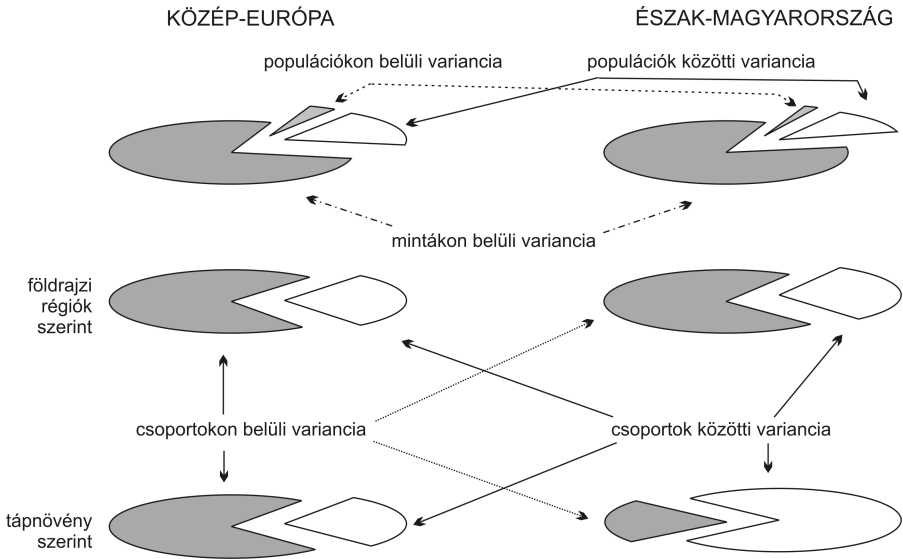
Eredmények és értékelésük

A teljes genetikai variancia legnagyobb hányadát – kisebb (észak-magyarországi) és nagyobb (közép-európai) földrajzi léptékben egyaránt – a mintákon belüli komponens magyarázta (2. ábra). Az egy populáción belüli, minták közötti varianciához (2. ábra) a generációk közötti különbségekből adódik, ami a genetikai sodródás (drift) hatásának és a generációnként fellépő, ismétlődő palacknyak-effektusoknak tulajdonítható. Ezek a tényezők a rendkívül speciális életciklusra vezethetők vissza, amelynek során véletlen események sorozata játszódik le. Mivel a tápnövény-kolóniák és a hangyafészkek eloszlása véletlenszerű és egymástól független, valamint a petezés során a tápnövény

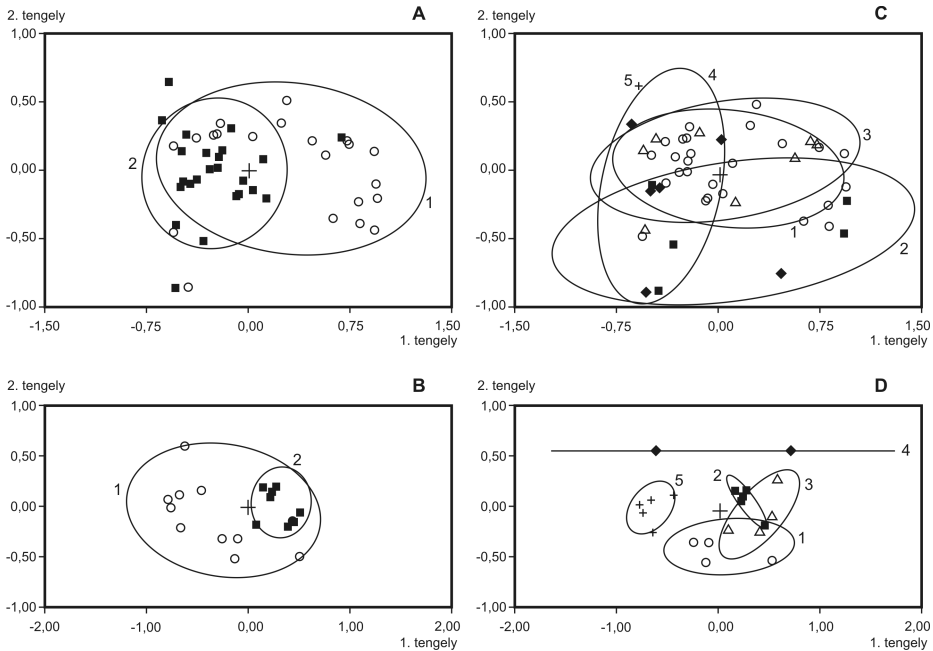
minősége a kulcsinger a nőstények számára, ezért a lárvák nagy részét a hangyadolgozók nem találják meg, így azok elpusztulnak (drift hatás). Ha az adott lárvá mégis bekerül a megfelelő hangyafészekbe, akkor sem biztos, hogy kifejlődik. Egy fészekben ugyanis több tíz „kakukk” lárvá is fejlődhet, így erőteljes versengés lép fel a zsúfoltság és a hangyadolgozók kis létszáma miatt, ami a túlélési ráta drasztikus csökkenéséhez vezet. A hangyák csak néhány hemyót találnak meg, így gondozás hiányában sok lárvá elpusztul (palacknyak-effektus).

A következő lépésben megvizsgáltuk, hogy a populációk közötti variancia hogyan oszlik meg a tápnövények, illetve a földrajzi régiók között észak-magyarországi és közép-európai skálán egyaránt.

A populációk genetikailag sem kisebb, sem nagyobb földrajzi léptékben nem különböztek el egymástól az iniciális tápnövény tekintetében (2. ábra). A fajokat reprezentáló pontfelhők jelentős átfedésben vannak egymással (3. a, 3. b ábra).



2. ábra • A teljes genetikai variancia megoszlása



3. ábra • A főkomponens-analízis eredményei (minden pont egy mintát reprezentál a változók redukált terében). **A** – A 95 %-os ellipszisek a közép-európai minták tápnövények szerinti mintázatát mutatják. 1: kornistárnics; 2: Szent László-tárnics. **B** – A 95 %-os ellipszisek az észak-magyarországi minták tápnövények szerinti mintázatát mutatják. 1: kornistárnics; 2: Szent László-tárnics. **C** – A 95 %-os ellipszisek a közép-európai minták földrajzi régiók szerinti mintázatát mutatják. 1: Észak-Magyarország; 2: Közép-Magyarország; 3: Erdély; 4: Szlovénia; 5: Alpok. **D** – A 95 %-os ellipszisek az észak-magyarországi minták szubrégiók szerinti mintázatát mutatják. 1: Zempléni-hegység; 2: Aggteleki-karszt; 3: Bükk-hegység; 4: Fülesd; 5: Mátra.

A Közép-Európa nagy régióiból származó minták földrajzi mintázata nem egyértelmű (2. ábra). A régiók közötti távolságok túl nagyok, így azok között kismértékű az egyedek vándorlása. Ennek következtében a génáramlás nem képes ellensúlyozni a populációkban fellépő véletlen hatásokat, amelynek eredményeként a populációk között genetikai különbségek halmozódnak fel (differenciálódás). Ebből adódóan a genetikai variabilitásnak nincs földrajzi mintázata (3. c ábra). Kisebb földrajzi léptékben – egy szubrégióon belül, a populációk között – az egyedek vándorlása és ezzel együtt a génáramlás is intenzívebb, így a szubrégiók

közötti genetikai különbségek jelentős mértékűek, olyan nagyok, mint a szubrégiókon belül, a populációk között, vagyis a genetikai variabilitás egyértelmű földrajzi mintázatot mutat (2. ábra). A fülesdi és mátrai minták teljesen elkülönülnek a másik három, egymással átfedésben levő szubrégió (Zemplén, Bükk, Aggteleki-karszt) mintáitól (3. d ábra).

Kimutattuk tehát, hogy a lápi és a karszti hangyaboglárka populációi között nincs genetikai differenciálódás (Bereczki et al., 2005), amelyet más kutatók morfológiai (Pech et al., 2004) és molekuláris vizsgálatai (Als et al., 2004) is megerősítettek.

Megállapítottuk, hogy a genetikai differenciálódás földrajzi mintázata léptékfüggő. Ez a jelenség egyértelműen magyarázható a

hangyaboglárka fajok életciklusából adódó genetikai sodródás és a génáramlás közötti egyensúllyal.

Kulcsszavak: *enzimpolimorfizmus, genetikai differenciálódás mintázata, lápi hangyaboglárka, karszti hangyaboglárka*

IRODALOM

- Als, T. D. – Vila, R. – Kandul, N. P. – Nash, D. R. – Yen, S. – Hsu, Y. – Mignault, A. A. – Boomsma, J. J. – Pierce, N. E. (2004): The Evolution of Alternative Parasitic Life Histories in Large Blue Butterflies. *Nature*. **432**, 386–390.
- Bereczki J. – Pecsénye K. – Varga Z. (2005): Pattern of Genetic Differentiation in the *Maculinea Alcon* Species Group (Lepidoptera, Lycaenidae) in Central Europe. *Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research*. **43**, 157–165.
- Casgrain, P. – Legendre, P. (2001): *The R Package for Multivariate and Spatial Analysis*. Version 4.0 D5 User's Manual. *Web Site* <http://www.bio.umontreal.ca/Casgrain/en/>
- Pech, Pavel – Fric, Z. – Konvička, M. – Zrzavý, J. (2004): Phylogeny of *Maculinea* Blues (Lepidoptera: Lycaenidae) Based on Morphological and Ecological Characters: Evolution of Parasitic Myrmecophily. *Cladistics*. **20**, 362–375. http://tomcat.bf.jcu.cz/aescu/cla_031.pdf
- Schneider, Stefan – Roessli, D. – Excoffier, L. (2000). *Arlequin Ver. 2.000: A Software for Population Genetic Data Analysis*. Genetics and Biometry Laboratory, University Of Geneva, Switzerland

