

DOKTORI (PH.D.) ÉRTEKEZÉS

BAGI ZOLTÁN

DEBRECEN

2018

DEBRECENI EGYETEM

ÁLLATTENYÉSZTÉSI TUDOMÁNYOK DOKTORI ISKOLA

Doktori Iskola vezető:

Dr. Komlósi István
egyetemi tanár, az MTA doktora

Témavezető:

Dr. Kusza Szilvia
tudományos főmunkatárs

**A BALKÁNI GERLE (*STREPTOPELIA DECAOCTO*) EURÓPAI
EXPANZIÓJÁNAK HATÁSA A FAJ GENETIKAI SOKFÉLESÉGÉRE**

Készítette:

Bagi Zoltán
doktorjelölt

Debrecen

2018

A BALKÁNI GERLE (*STREPTOPELIA DECAOCTO*) EURÓPAI EXPANZIÓJÁNAK HATÁSA A FAJ GENETIKAI SOKFÉLESÉGÉRE

Értekezés a doktori (PhD) fokozat megszerzése érdekében
az Állattenyésztési tudományok tudományágban

Írta: **Bagi Zoltán** okleveles természetvédelmi mérnök

Készült a Debreceni Egyetem Állattenyésztési Tudományok Doktori Iskolája
(Állatnemesítés-Génmegőrzés, Állatökológia programja) keretében

Témavezető:
Dr. Kusza Szilvia
tudományos főmunkatárs

A doktori szigorlati bizottság:

	név	fokozat
elnök:	Prof. Dr. Kovács András	DSc.
tagok:	Dr. Hidas András	CSc.
	Dr. Szendrei László	Ph.D.

A doktori szigorlat időpontja: 2017. május 31.

Az értekezés bírálói:

	név	fokozat	aláírás

A bírálóbizottság:	név	fokozat	aláírás
elnök:
tagok:

titkár:

Az értekezés védésének időpontja:

TARTALOMJEGYZÉK

1. BEVEZETÉS	1
Célkitűzés	3
2. IRODALMI ÁTTEKINTÉS	4
2.1. A balkáni gerle rendszertana és földrajzi elterjedése	4
2.2. A balkáni gerle ökológiája.....	9
2.3. A mitokondriális DNS (mtDNS), mint molekuláris genetikai marker.....	13
2.4. Molekuláris genetikai vizsgálatok invazív fajok esetében	15
2.5. Molekuláris genetikai vizsgálatok madárfajok esetében	17
2.6. DNS alapú fajazonosítás.....	19
2.7. A citokróm-oxidáz I (COI) gén vizsgálatán alapuló kutatások	21
2.8. Genetikai vizsgálatok mintagyűjtési lehetőségei madarak esetén	22
2.9. Hullatott toll, mint mintagyűjtési módszer	23
2.10. Morfometriai vizsgálatok a galambalakúak (<i>Columbiformes</i>) tollai esetében	24
3. ANYAG ÉS MÓDSZER	27
3.1. Genetikai vizsgálat	27
3.1.1. Mintagyűjtés	27
3.1.2. A genomiális DNS izolálása	28
3.1.3. PCR reakció, gélelektroforézis és szekvenálás	29
3.1.4. mtDNS adatelemzés.....	30
3.2. Morfometriai vizsgálat	34
3.2.1. Mintagyűjtés és méretfelvétel	34
3.2.2. Statisztikai értékelés.....	37
4. EREDMÉNYEK	39
4.1. mtDNS vizsgálat.....	39
4.1.1. Genetikai diverzitás mutatók	39
4.1.2. Genetikai szerkezet vizsgálat.....	44
4.1.2.1. A vizsgált populációk genetikai szerkezete.....	44
4.1.2.2. Klaszteranalízis	47
4.1.2.2. Térszerkezet analízis	48
4.1.2.3. Genetikai diszkontinuitás vizsgálat	50
4.1.2.4. Demográfiai változások.....	52
4.2. Morfometriai vizsgálat	54
4.2.1. Cséve átmérője (DC).....	54
4.2.2. Belső zászló szélessége (DIV)	56
4.2.3. Külső zászló szélessége (DOV).....	58

4.2.4. Cséve hossza (LC)	60
4.2.5. Teljes zászló hossza (LCV)	62
4.2.6. Belső zászló hossza (LIV)	64
4.2.7. Külső zászló hossza (LOV)	66
4.2.8. Tollgerinc hossza (LR)	68
4.2.9. Belső zászló szélessége (WCV).....	70
4.2.10. A legnagyobb magyarázóerővel bíró változók kiválasztása	72
4.2.11. A javasolt módszer leírása	74
5. KÖVETKEZTETÉS ÉS JAVASLATOK	75
6. ÚJ TUDOMÁNYOS EREDMÉNYEK.....	79
7. AZ EREDMÉNYEK GYAKORLATI HASZNOSÍTHATÓSÁGA	80
8. ÖSSZEFOGLALÁS	81
9. SUMMARY.....	83
10. IRODALOMJEGYZÉK	85
11. PUBLIKÁCIÓK AZ ÉRTEKEZÉS TÉMAKÖRÉBEN	104
12. NYILATKOZATOK.....	108
Nyilatkozat.....	108
13. MELLÉKLETEK.....	109
Rövidítések jegyzéke	109
Ábrák jegyzéke	111
Táblázatok jegyzéke	112
Mellékletek jegyzéke	113
Köszönetnyilvánítás.....	125

1. BEVEZETÉS

A balkáni gerle (*Streptopelia decaocto*) viszonylag rövid idő alatt (30-40 év) egzotikus vendégből az egyik leggyakoribb madárfajjává vált Magyarországon. Ugyanígy vette birtokba Európa jelentős területeit is, sőt tovább terjeszkedik az afrikai, az ázsiai és az amerikai kontinensen is (SNOW et al., 1998; CROOKS et al., 1999; ROCHA-CAMERERO és HIDALGO DE TRUCIOS, 2002; ERAUD et al., 2007). A jelenség nem egyedi. Ha lassabb ütemben is, de fajok tömegei hódítanak meg napjainkban is új területeket, melynek mértéke aggodalomra ad okot (HULME et al., 2009; BUTCHART et al., 2010; GALLARDO et al., 2017). Az invazív fajok ugyanis jelentős hatást gyakorolhatnak a biológiai sokféleségre, amely csökkenésének és a fajok kihalásának egyik fő, egyre jelentősebbé váló okát képviselik (IUCN, 1999; BELLARD et al., 2016). Az új környezetben való hirtelen megjelenésükkel felboríthatják az adott terület életközösségének egyensúlyát. Eredményes kompetítorok a forrásokért folytatott versengésben gyakran új betegségek és paraziták terjesztői (BERNDT et al., 2014). Ebben a helyzetben felértékelődik az efféle fajokra összpontosító kutatások jelentősége. A balkáni gerle Kis-Ázsiából kiindulva rendkívüli gyorsasággal hódította meg európai élőhelyeit (GLUTZ és BAUER, 1980; CRAMP, 1985; FUJISAKI et al., 2010). Emiatt, és mert európai terjeszkedése jól dokumentált, valamint számos ökológiai tanulmány is született megtelepedésének hatásairól, kitűnő modellállata a gyors ütemben terjeszkedő fajoknak (HUDSON, 1972; COOMBS et al., 1981; HENGEVELD, 1988; ROBERTSON, 1990; KASPAREK, 1996; ROMAGOSA és LABISKY, 2000; ERAUD et al., 2007). A korábbi eredmények rávilágítottak a genetikai vizsgálatok szükségszerűségére (LEE, 2002, TSUTSUI et al., 2003) is az ilyen fajok esetében, azonban a balkáni gerle esetében hiányosak az ezirányú ismereteink. Kimondottan a fajra összpontosító genetikai vizsgálatok nem történtek meg eddig. Nem ismert, hogy az európai populációk milyen mértékben egyeznek genetikailag a faj géncentrumában ma élő populációkkal, továbbá azt sem tudjuk, hogy Európán belül léteznek-e olyan populációk, melyek genetikailag izolálódtak az expanzió után, és ha igen, akkor ezek a populációk mutatnak-e szignifikáns genetikai különbséget, vagy pedig egy egységes szuperpopulációnak kell tekintenünk ezeket az állományokat.

A vizsgálathoz egy ún. neminvazív módszert, a vedlett tollak felhasználását választottuk elsődleges mintagyűjtési módszerünknek. Alkalmazása során azonban egyes esetekben bizonytalanul volt azonosítható a toll. Kiderült, hogy még a gyakorlott szemű

szakemberek számára is gondot okozhat bizonyos esetekben a balkáni gerletoll és a méretében, színében hozzá nagyon hasonló, elvadult házigalamb vedlett tollainak elkülönítése. Különösen, amikor egy-egy egyedtől csak néhány toll állt rendelkezésre. Mivel a mintagyűjtési helyeken (elsősorban urbánus környezet) a házigalambok is nagy számban látogatják ugyanazokat az élőhelyeket (parkok, kertváros), amiket a balkáni gerlek, nagy volt a házigalamb tollak bekerülésének esélye a minták közé. A tévesen azonosított tollak vizsgálatban való felhasználása pedig a rendelkezésre álló források felesleges pazarlását, esetlegesen téves eredmények megszületését jelentette volna, ezért szükséges volt a kockázatok lehető legalacsonyabb szintre szorítása. Miután az irodalomban nem találtunk alkalmas módszert, úgy döntöttünk, hogy a gyakorlatban is egyszerűen és gyorsan használható, olcsó, a fajok azonosítását a vedlett tollak alapján is lehetővé tevő egzakt módszert fejlesztünk, amit genetikai vizsgálatunk esetében is hasznosíthatunk. Kezdetben több metodikai megközelítést is alkalmaztunk, végül a morfometriai adatfelvétel bizonyult a legjobb eredményt adó és a fenti kritériumoknak is megfelelni tudó megoldásnak. Jelen dolgozat második része ezzel a módszerfejlesztéssel foglalkozik.

CÉLKITŰZÉS

Munkám során az alábbi célkitűzéseket követtük:

- Az európai, illetve a világ más területeiről származó balkáni gerle szekvenciák haplotípusainak kimutatása a mitokondriális genomon belül a citokró-m-oxidáz I (COI) régió 658 bp szakasza által (KX372273 szekvencia 3651-4309 szakasza).
- A faj különböző területeken élő populációi közötti genetikai diverzitás mértékének megállapítása.
- A balkáni gerle és a házigalamb (*Columba livia domestica*) deoxiribonukleinsav (DNS) izolálásra leginkább felhasználható tollainak morfológiai jellemzése, adatbázis építése.
- Módszerfejlesztés a balkáni gerle és a házigalamb genetikai vizsgálatokban alkalmazható vedlett tollainak azonosítására, faji szintű elkülönítésére.

2. IRODALMI ÁTTEKINTÉS

2.1. A balkáni gerle rendszertana és földrajzi elterjedése

A galambalakúak (*Columbiformes*) rendjébe két család és 313 faj tartozik. Az egyik család a dodófélék (*Raphidae*), mely két nemet és két fajt foglalt magában, azonban ez a XVII. és XVIII. század során kihalt, feltételezhetően az emberi tevékenység (vadászat, ragadozók betelepítése, erdőirtás) miatt (TURVEY és CHEKE, 2008). A dodófélék elkülönítését a feltűnő alkat- és életmódbeli különbözőségre alapozták, de a mitokondriális DNS (mtDNS) két régiójának (citokróm-b (cyt-b) és 12S rRNS) vizsgálatával azt kapták, hogy valójában a délkelet-ázsiai sörényes galamb (*Caloenus nicobarica*) közeli rokonságába tartoztak (SHAPIRO et al., 2002), tehát a galambfélék (*Columbidae*) családjába sorolás lenne pontosabb. A másik családot a galambfélék (*Columbidae*) alkotják, mely 311 fajt, öt alcsaládot és 42 nemet foglal magában.

A balkáni gerle (*Streptopelia decaocto*) pontos rendszertani besorolása a következő:

Ország: Állatok (*Animalia*)

Törzs: Gerinchúrosok (*Chordata*)

Altörzs: Gerincesek (*Vertebrata*)

Osztály: Madarak (*Aves*)

Rend: Galambalakúak (*Columbiformes*)

Család: Galambfélék (*Columbidae*)

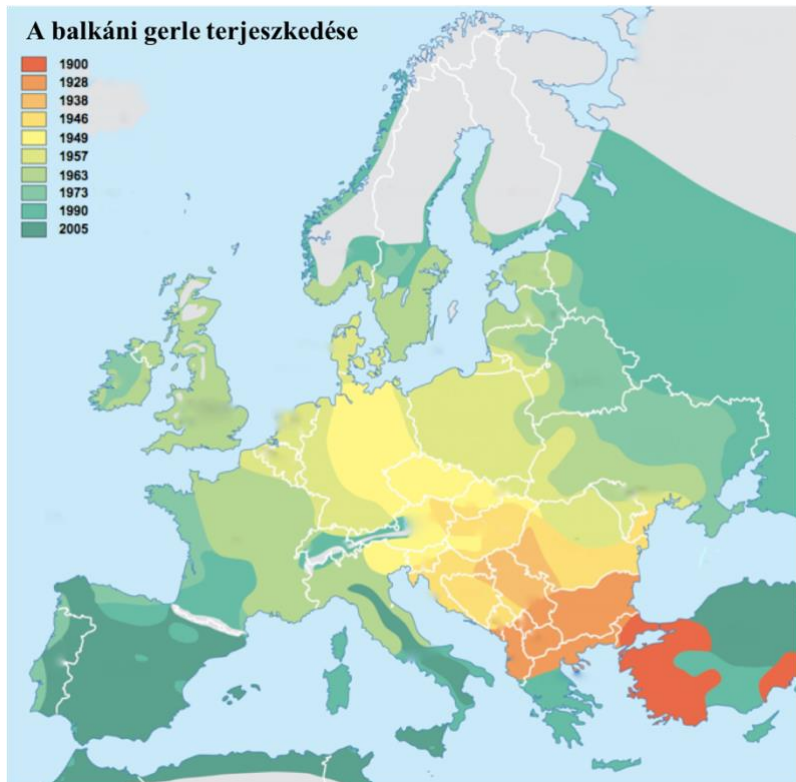
Alcsalád: Galambformák (*Columbinae*)

Nem: *Streptopelia*

Faj: *Streptopelia decaocto*

A fajt két további alfajra bontják (DEL HOYO et al., 1997). A *S. d. decaocto* Kis-Ázsiában, Közép-Keleten, Arábia északi részén át keleten Afganisztánig, Pakisztánig, Nepálig és Észak-Indiáig terjed. A *S. d. xanthocyclus* a délkelet-ázsiai területeken (Mianmar és Dél-Kína) fordul elő, és a szemgyűrű bőrének élénk sárga színe könnyen megkülönböztethetővé teszi. Korábban elkülönítettek két további alfajt is. A *S. d. stolonczkae* Kirgizisztánban, Délkelet-Kazahsztánban és Északnyugat-Kínában honos

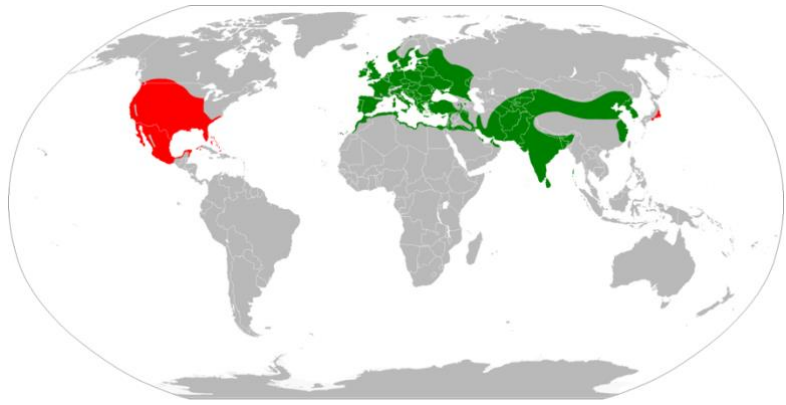
(FARAGÓ, 2012). A *S. d. intercedens* pedig Dél-Indiában és Srí Lankán fordul elő (CRAMP, 1985). Ezen további két alfaj létezésére napjainkban nincs bizonyíték, ezért az említett területek balkáni gerléit is *S. d. decaocto* alfajhoz sorolják (DEL HOYO et al., 1997). Az irodalmi források alapján a balkáni gerle eredetileg szubtrópusi faj, mely India, Srí Lanka és



1. ábra: Az európai expanzió lefolyását bemutató térkép (Forrás: II)

Mianmar mai területén honos. A *S. d. decaocto* alfaj volt az, amely a XX. században Európát kolonizálta, de betelepítették Kínába, Koreába és Japánba (GLUTZ és BAUER, 1980; CRAMP, 1985). Az Indiából induló expanziójának pontos kezdete nem ismert, annyi azonban bizonyos, hogy a XVI. században már leírják Törökország területén (STRESEMANN és NOWAK, 1958; SMITH 1987; GORSKI, 1993; ROMAGOSA és MCENEANEY, 1999; FUJISAKI et al., 2010). HUDSON (1965) szerint elterjedési területe az 1930-as évek elején még csak Törökországra és a Balkánra korlátozódott. A közel-keleti és európai kolonizáció az elmúlt 50-60 évben fejeződött be (SNOW et al., 1998; CROOKS et al., 1999; ROCHA-CAMERERO és HIDALGO DE TRUCIOS, 2002; ERAUD et al., 2007). FUJISAKI et al. (2010) az elmúlt évtizedre datálja az európai expanzió végét, mivel a faj ekkor érte el azokat a távoli területeket, amelyek egyben a potenciális éghajlati niche-ének határait is jelentik. Az európai expanzió lefolyását az 1. ábra szemlélteti. A faj megjelenését Eurázsia és Afrika területein természetes terjeszkedésnek kell tekintenünk, azonban a világ más részeire emberi közvetítéssel jutott el (CALOGERO et al., 2003; THÉVENOT et al., 2003). Az amerikai kontinensen

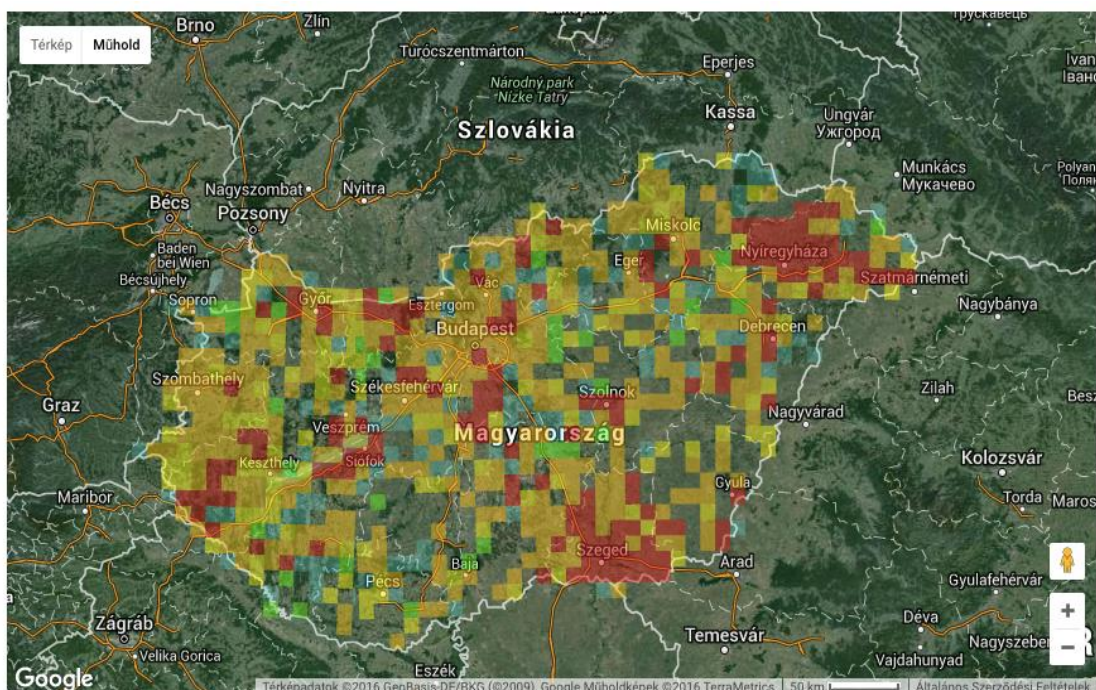
továbbra is folytatja terjeszkedését, és mint invazív fajt tartják számon (ROMAGOSA és MCENEANEY, 1999; ROMAGOSA és LABISKY, 2000; MOALI et al., 2003; HOOTEN és WIKLE, 2008; FUJISAKI et al., 2010; BLED et al., 2011). Az amerikai kontinensen való



2. ábra: A balkáni gerle jelenlegi elterjedési területe a Földön - zöld: természetes elterjedés, piros: betelepítés általi elterjedés. (Forrás: I2)

megjelenéséről SMITH (1987) ad tájékoztatást. Eszerint a faj behurcolása egy tévedésre vezethető vissza, ugyanis egy nassaui (New Providence, Bahamák) állatkereskedés tulajdonosa 1974-ben megkérte Hollandiába utazó ismerősét, hogy küldjön neki haza kacagó gerléket (*Streptopelia risoria*). Az ismerős azonban nem tudott különbséget tenni a külsőre egyébként nagyon hasonló két faj között, és tévedésből balkáni gerléket (*Streptopelia decaocto*) szállított le. Később egy betörés következtében mintegy 50 egyed kiszabadult a kereskedésből. A következő évben már fészkelésüket is megfigyelték, majd leszármazottjaik eljutottak a környező szigetekre, végül Floridánál a kontinensre is (HENGEVELD, 1993). Nem sokkal később a különböző helyi monitoring megfigyelések megerősítették a jelenlétét az USA egész területén, valamint Közép-Amerikában (GARRIDO és KIRKCONNELL, 1990; BARRÉ et al., 1996; BOHLEN, 1997; DRENNEN, 1997; BECKETT et al., 2007; ALMAZÁN-NÚÑEZ, 2014). Becslések szerint a faj jelenlegi elterjedési területe összesen 93.400.000 km², világállománya pedig 60.000.000-110.000.000 egyed között lehet (2. ábra) (BIRDLIFE INTERNATIONAL, 2016). A BIRDLIFE INTERNATIONAL adatai szerint a populáció világviszonylatban növekvő tendenciát mutat, ugyanakkor számos országban ennek ellenkezője jelentkezik (BIRDLIFE INTERNATIONAL, 2015).

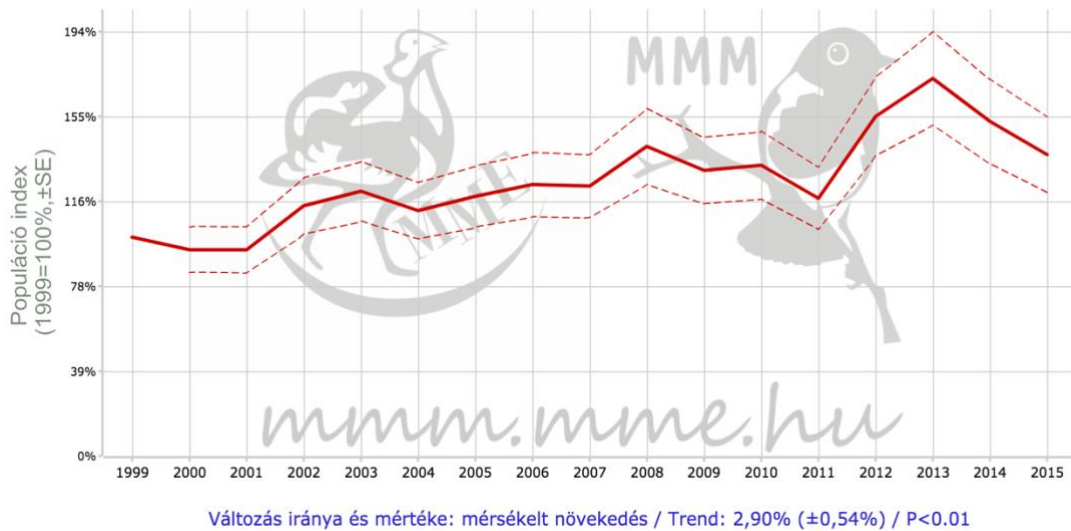
Az európai állományt 7.910.000-14.300.000 költőpárra, illetve 24.000.000-43.000.000 egyedre teszik (BIRDLIFE INTERNATIONAL, 2016). Magyarországon állandó madár és rendszeres fészkelő. Fészkelő állománya 290.000-380.000 párra tehető (MAGYAR MADÁRTANI ÉS TERMÉSZETVÉDELMI EGYESÜLET, 2017). Hazai elterjedése a 3. ábrán látható. A faj magyarországi állománya növekvő tendenciát mutat (4. és 5. ábra). A 2013/2014. vadászati évben a balkáni gerle teríték 76.432 példány volt, ami 13,4%-os csökkenés a megelőző időszakhoz képest (CSÁNYI et al., 2014). Állandó madárnak tekinthető, legfeljebb kisebb téli migrációja figyelhető meg (FARAGÓ, 2012).



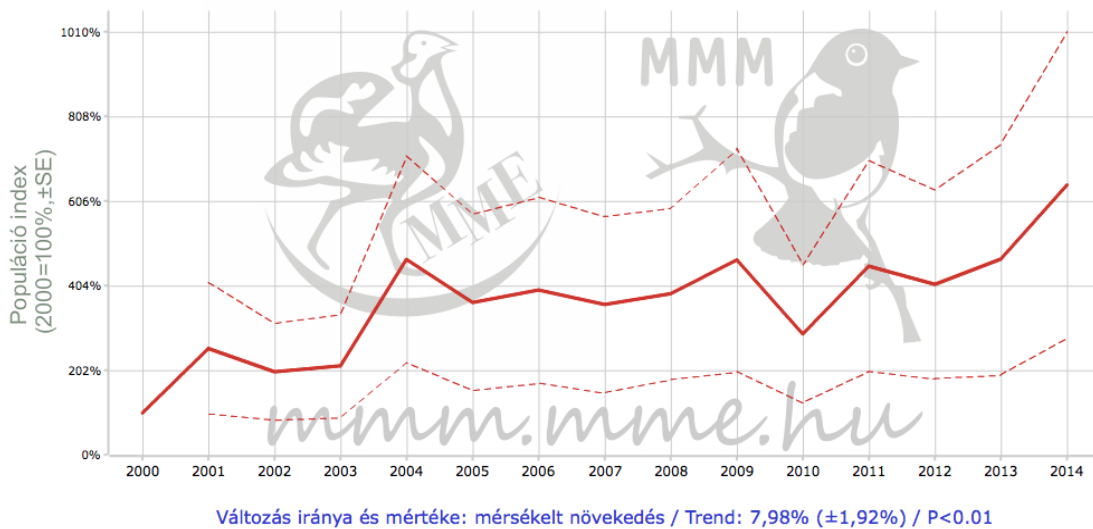
A négyzetek (UTM 10*10 km) színezése a térképen (legerősebb FV kódok)



3. ábra: Balkáni gerle megfigyeléseken alapuló elterjedési térképe Magyarországon (Forrás: MAGYAR MADÁRTANI ÉS TERMÉSZETVÉDELMI EGYESÜLET, 2017)



4. ábra: Balkáni gerle állomány méretének alakulása fészkelési időszakban 1999 és 2015 között Magyarországon (Forrás: MAGYAR MADÁRTANI ÉS TERMÉSZETVÉDELMI EGYESÜLET, 2017)



5. ábra: Balkáni gerle állomány méretének alakulása telelési időszakban 1999 és 2014 között Magyarországon (Forrás: MAGYAR MADÁRTANI ÉS TERMÉSZETVÉDELMI EGYESÜLET, 2017)

2.2. A balkáni gerle ökológiája

FISHER (1953) az egyik legsikeresebben terjeszkedő szárazföldi gerinces fajnak tartotta, nem alaptalanul. A XX. században lezajlott rendkívül gyors expanziója számos kutató érdeklődését felkeltette. A legtöbb tanulmány központi kérdése volt a sikeres terjeszkedést eredményező tényezők feltárása. Az évek során több ilyen azonosítottak, vagy legalábbis valószínűsítettek. Ezek közül számos az emberi tevékenységekkel is kapcsolatba hozható (ROMAGOSA és LABISKY, 2000). A leggyakrabban említett tényezők a kivándorlástól független állománysűrűsége, az antropogén élőhelyekhez való nagyfokú alkalmazkodóképessége, a generalista étrendje, a nagy reprodukciós teljesítménye és az évenkénti költségek magas száma (ROMAGOSA és LABISKY, 2000).

A terjedés mintázatának leírása és a további expanziók előrejelzése szintén népszerű téma volt. Európában az expanzió általában észak-nyugati irányban folyt. Kimutatták, hogy az új területeken először kisebb gócpontokat foglaltak el a faj egyedei, majd a helyi populáció bővülésével ezek a gócpontok növekedtek, végül kitöltötték a közöttük lévő üres területeket. Ezt ugrásszerű szétterjedésnek („jump”-diszperzál) nevezzük (HUDSON, 1972; ROMAGOSA és LABISKY, 2000). KASPAREK (1996) fontos tényezőre hívja fel a figyelmet a faj expanziójával kapcsolatban. Elemezve nyugat-törökországi/balkáni, valamint a floridai terjeszkedést, megállapította, hogy a populációdensitás mindkét esetben alacsony volt, ami kizárja a sűrűségfüggő szétterjedést. További párhuzam a két kontinensen történt kolonizáció között, hogy a megtelepedés a partmenti területeken volt a legkiterjedtebb, míg a szárazföld belseje felé a folyóvölgyek jelentenek természetes ökológiai folyosót számára (HUDSON, 1972; ROMAGOSA és LABISKY, 2000). Az antropogén hatásnak kitett élőhelyek fontosságát szinte minden, a faj expanziójával foglalkozó tanulmány megemlíti, függetlenül attól, hogy a világ mely részén készült. ROBERTSON (1990) a faj gyors terjedésének okát kutatva jutott arra a megállapításra, hogy az antropogén környezetben jelenlévő üres niche elfoglalása játszotta a legfontosabb szerepet, míg az interspecifikus verseny nem jelentős. Az ember és a balkáni gerle között fennálló kommenzalizmusra jó példa, hogy Nagy-Britanniában a faj elterjedése szorosan kötődik az emberi településekhez, elsősorban az elővárosi kertekhez és városi parkokhoz, ahol fák, bokrok és emberi építmények számára kedvező elegyét találja (COOMBS et al., 1981; HENGEVELD, 1988). ERAUD et al. (2007) a balkáni gerle szétterjedésének térbeli és időbeli dinamikáját vizsgálta Franciaországban. A regionális sajátosságokra vonatkozó

eredményeik a kolonizáció valószínűségével és a helyi kihalások időbeli változásával kapcsolatban, összhangban vannak az inváziós és metapopulációs elméletek követelményeivel. Felhívják a figyelmet az észlelési valószínűség helyes becslésének fontosságára a faj térbeli és időbeli kolonizációs mintázatának leírásában. Az általuk pontosított metodika alapján bizonyították, hogy szemben az addigi ismeretekkel és a „Nemzeti Atlasz” felmérés eredményeivel, a faj populációja továbbra is növekszik Franciaországban. Egy másik vizsgálatban (ERAUD et al., 2011) azt is kimutatták, hogy a fiatal gerlek túlélési valószínűsége magasabb a vidéki területeken. Ezek az eredmények arra utalnak, hogy a faj elterjedési területének kiterjesztése gyorsabban kell végbemenjen azokon a területeken, ahol az urbánus területek kisebbek, de közelebb helyezkednek el egymáshoz.

HENGEVELD (1993) az észak-amerikai populáció felépítését és a várható kolonizációs hullám terjedési sebességét vizsgálta. Megállapította, hogy a balkáni gerle képes lesz elérni Észak-Amerika északi régióit is. ROMAGOSA és LABISKY (2000) a faj floridai terjeszkedését vizsgálta tíz éven keresztül az 1980-as és 1990-es évek során, majd eredményeit összevetette az európai tapasztalatokkal. Ezek az eredmények gyors ütemű terjeszkedésről számolnak be, ugyanis míg 1986-ban a madármegfigyelő helyek mindössze 4%-án jegyezték fel a faj jelenlétét, addig 1996-ra ez az érték 82%-ra emelkedett. A szerzők számára is egyértelmű volt, hogy ez az expanzió nem fog megállni Florida határainál. A jóslatok beigazolódtak, és a balkáni gerle az USA-ban kevesebb, mint 25 év alatt elérte a kanadai határt és a nyugati partot is (DUNN és ALDERFER, 2006; HOOTEN és WIKLE, 2008), sőt az area bővülése Kanadában is folytatódik (SYROTEUK, 2008). Észak-Colorado mezőgazdasági tájain hasonlóan kedvező környezetet talált a faj, mint Európában (BECKETT et al., 2007). Floridában szintén az ember által átalakított tájakhoz kötődik (BONTER et al., 2010). FUJISAKI et al. (2010) a balkáni gerle jelenlétét és abundanciáját vizsgálta a környezettel és az ember által befolyásolt tájjal összefüggésben. Eredményei azt mutatták, hogy a legközelebbi populációtól való földrajzi távolság volt az elsődleges magyarázó tényező a faj jelenlétével kapcsolatban, nem pedig a populációsűrűség. Minél nagyobb volt a távolság a populációtól, annál valószínűbb volt, hogy a faj nincs jelen a területen. Az éves átlagos minimum hőmérséklet szintén fontos befolyásoló tényezőnek mutatkozott. Az észleléseinek mindössze 3%-a származott olyan helyről, ahol az éves átlagos minimum hőmérséklet az elmúlt 10 évben 0 °C alatt volt. A csapadék viszont nem befolyásolta előfordulását. Az eddigi adatok arra utalnak, hogy a balkáni gerle elterjedésében az éves

átlagos középhőmérséklet kulcsfaktorként szerepelhet. Korábban már említésre került, hogy a faj a XVI. században bizonyíthatóan jelen volt Törökországban, azonban viharos gyorsaságú európai expanziója a XIX. század végén kezdődött meg (SMITH, 1987; GORSKI, 1993; ROMAGOSA és MCENEANEY, 1999). Ezt a közel három évszázados „megtorpanást” nem lehet földrajzi okokkal magyarázni. Mind az európai, mind az amerikai tapasztalatok azt mutatják, hogy kedvező feltételek megléte esetén az expanzió néhány évtized alatt lezajlik, akár kontinensnyi területeken is, függetlenül a domborzati vagy vízrajzi adottságoktól. A terjeszkedés megállására, vagy legalábbis jelentős lassulására viszont magyarázattal szolgálhat az Európában „kis jégkorszak”-ként jelölt időszak, melyet hagyományosan 1550 és 1850 közé szoktak datálni (JONES és BRADLEY, 1992). Ebben az időszakban az európai klímát a mainál 1 °C-szal alacsonyabb átlagos évi középhőmérséklet jellemezte (HUGHES, 2010). Ez a jelentős lehűlés komoly hatással volt a mezőgazdaságra. A termésátlagok csökkentek, sokszor be sem tudott érni a termés. Az emberi populáció az éhínségek és járványok következtében csökkent, ami megint csak a művelt területek csökkenését vonta maga után. A környezet kedvezőtlen megváltozásával jelentősen csökkent a balkáni gerle számára elfoglalható niche kiterjedése is. Azonban a hőmérséklet emelkedésével a kedvezőtlen folyamatok megfordultak, a mezőgazdaság virágzásnak indult, és jelentősen bővült az agrár élőhelyek kiterjedése. A balkáni gerle számára pedig elhárult az akadály, hogy folytassa észak-nyugati irányú expanzióját. Ugyanerre az időszakra (XIX. század első fele) esett számos más mediterrán faj (pl.: *Emberiza caesia*, *Lanius nubicus*, *Hippolais olivetorum*, *Sylvia m. melanocephala*, *Erythropygia galactotes syriacus*, *Hirundo daurica rufula*, *Clamator glandarius*) hasonló irányú terjeszkedése is a Balkánon (MAKATSCH, 1955). SCHEIDT és HURLBERT (2014) eredményei megerősítették, hogy a klíma és a földhasználat módja egyaránt jelentős hatással vannak a balkáni gerle populáció növekedési rátájára. Márpedig a földhasználatot elsősorban a klíma határozza meg. Ezt a feltevést tovább erősíti, hogy CALDERÓN et al. (2016) a vadgerle (*Streptopelia turtur*) elterjedésével összefüggésben az éves átlagos középhőmérsékletet jelöli meg kulcsfaktorként.

BOZSKO és JUHÁSZ (1984) egy sajátos szétszóródási mechanizmust figyeltek meg a balkáni gerle esetében, ami azonban inkább lokális szinten értelmezhető. A fajra jellemző, hogy a telelési időszakban nagyobb csapatokba verődve a városi területekre húzódik. Ennek részleteiről a későbbiekben még szó lesz. A költési időszakban azonban az így megnőtt állománysűrűség már nem tartható fenn, mivel a hímek territoriális

viselkedést mutatnak. Ilyenkor a populáció szétszóródása figyelhető meg, mely során a marginális városi és a városon kívüli területeket foglalják el a párok. Ezzel kiküszöbölhető a területekért és fészkelőhelyekért vívott verseny a hímek között, biztosítottá válik az erőforrások optimális felosztása, végső soron pedig lehetővé teszi a sikeres szaporodást (BOZSKO és JUHÁSZ, 1984). Az etológiai megfigyelések sorát ROBERTSON (1990) folytatta, aki három éven keresztül tanulmányozta a balkáni gerlek viselkedését költési szezonban az egyesült-királyságbeli Oxfordshire-ben. A szerző nyomon követte a fészkelési jellemzőket és a költési sikert, majd eredményeit ázsiai és közép-európai adatokkal vetette össze. Az eredmények azt mutatták, hogy a vidéki Britanniában egy hónappal hamarabb kezdődik és végződik a szaporodási időszak, mint hasonló szélességi fokon Kelet-Európában, holott a populációk elkülönülése kevesebb, mint 50 évvel korábban történt meg. A szerző nem tudta megmagyarázni a jelenség okát. Valószínű azonban, hogy az éghajlatbeli különbségek, a terület nagyobb fokú urbanizációja és a faj nagyfokú alkalmazkodóképessége állhat a háttérben. CROOKS et al. (1999) is leírja, hogy a növekvő urbanizáció és/vagy a klímaváltozás a szaporodási időszak kitolódásához vagy eltolódásához vezethet az idegen honos fajok esetében.

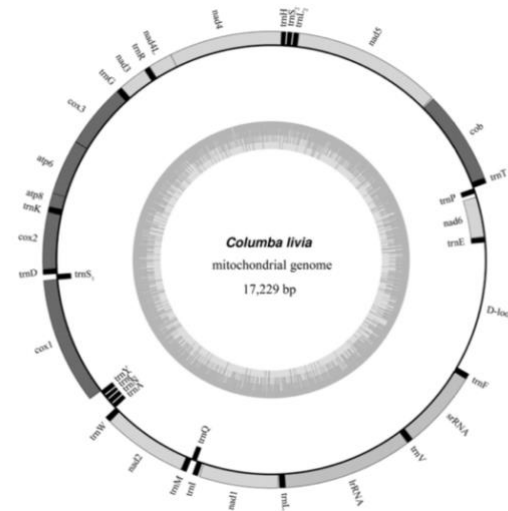
Fontos kérdés a faj megjelenésével kapcsolatban, hogy milyen hatással van az őshonos életközösségekre, ezen belül elsősorban az avifaunára. ABSI et al. (2015) az Algériában egyre nagyobb területeket elfoglaló pálmaligetekben hasonlította össze a balkáni gerle és a vadgerle reprodukciós eredményeit. Megállapításai szerint a költés sikerességében és túlélési rátákban is hasonló értékek jellemzik a két fajt, versengésre utaló jeleket nem talált. Magyarországon sokáig tartotta magát a hipotézis, miszerint a vadgerle állománycsökkenésének háttérben a balkáni gerle megjelenése és terjedése áll, mivel utóbbi faj kiszorítja a vadgerlet élőhelyéről. Ez a feltételezés mára megdőlt, hiszen egyértelmű, hogy a két faj különböző élőhelyeket használ. Míg a balkáni gerle kedveli az antropogén élőhelyeket, és előszeretettel húzódik be a településekre, addig a vadgerle inkább kerüli az embert, és az emberi hatásnak kevésbé kitett élőhelyeket részesíti előnyben (HENGEVELD, 1993; ABSI et al., 2015). Észak-Amerikában sem sikerült bizonyítani ezt a jelenséget. POLING és HAYSLETTE (2006) nem talált bizonyítékot a kompetitív kizárásra a balkáni gerle és a honos madárközösség tagjai, például a sirató gerle (*Zenaida macroura*) között, mivel az agresszió és az élelemért folytatott verseny nem tűnt korlátozó tényezőnek a sirató gerle populációra nézve. Ugyanakkor elismerik, hogy mivel kevés tanulmány foglalkozott a témával, az információhiány miatt nem lehetséges egyértelműen állást foglalni a kérdésben. Érdekes adattal szolgál BONTER et

al. (2010), akik leírják, hogy Floridában párhuzamosan nőtt a balkáni gerle és négy másik gerlefaj abundanciája ugyanazokon a mintavételi helyeken a teljes mintavételi időszak alatt. A jelenséget itt is az eltérő élőhelyhasználattal magyarázzák, tehát a balkáni gerle elsősorban azokat az erősen emberi hatás alatt lévő élőhelyeket foglalta el, amelyeket a többi gerlefaj nem volt képes.

2.3. A mitokondriális DNS (mtDNS), mint molekuláris genetikai marker

A mitokondrium a sejt energia ellátásáért felelős sejtszervecske. Az állati sejtek az anyagcsere-folyamataikhoz szükséges energiát a tápanyagok, elsősorban zsírok és szénhidrátok lebontásából nyerik. A tápanyagok aerob, oxigén felhasználásával történő lebontása mitokondriumokban játszódik le (PÁLFIA és KRISTÓF, 2013). A mitokondriális oxidációs energia legnagyobb része ATP-szintézisére fordítódik, vagyis nagyenergiájú foszfátkötések formájában konzerválódik. A légzéshez kapcsolt ATP-szintézis folyamatsorát nevezzük oxidatív foszforilációnak, mely a mitokondriumok legfőbb funkciója (ATTARDI és SCHATZ, 1988). Emellett jelentős szerepük van egyes ionok, elsősorban a kalcium eloszlásának szabályozásában, a szervezet hőegyensúlyának fenntartásában és szintetikus folyamatokban (pl. a citrátkör köztes termékei zsírsav- és aminosav-szintézis kiinduló anyagai) (PÁLFIA és KRISTÓF, 2013). A mitokondriumok szinte minden eukarióta sejtben megtalálhatóak, akár több példányban is. Fonál vagy pálcikaszerű, néhány mikrométeres testek, melyek képesek a sejten belül elmozdulni, osztódni és fuzionálni (BEREITER-HANN és VÖTH, 1994). A sejtekben lévő mitokondriumok száma és mérete igazodik a sejt anyagcsere szintjéhez, emiatt nagy változatosságot mutat. Új mitokondrium csak a meglévők növekedésével és befűződéssel történő osztódása útján jöhet létre. Osztódásuk hasonlít a baktériumok hasadással történő osztódására és nagymértékben független a sejt saját osztódási ciklusától. Fontos tulajdonsága, hogy a megtermékenyítés során a spermiumból a mitokondriumok nem jutnak be a petesejtbe, mivel azok megsemmisülnek egy ubiquitin-függő mechanizmus révén (SUTOVSKY et al., 2000), ami azt jelenti, hogy a szervezet sejtjeinek mitokondriumai mind anyai eredetűek. A mitokondrium önálló genommal rendelkezik, melynek mérete fajonként változik. A balkáni gerlével legközelebbi rokonságú faj, melynek teljes mitokondriális genomját szekvenálták, a házigalamb őst is jelentő szirti

galamb (*Columba livia*). A 17.229 bp méretű genomot (6. ábra) KAN et al. (2010a) ismertette. A mitokondriális DNS és fehérjeszintetizáló apparátus, a DNS működése és molekuláris sajátosságai alapján, a prokarióták genetikai apparátusához hasonlóak. Ezt az endoszimbionta elmélettel lehet magyarázni. Az elfogadott nézet alapján a mitokondriumok őse valamilyen aerob anyagcserére



6. ábra: A *Columba livia* teljes mitokondriális genomja (Forrás: KAN et al., 2010a)

képes prokarióta szervezet lehetett, amely endocitózissal jutott be egy ősi eukariótába, közöttük tartós együttélés alakult ki (PÁLFIA és KRISTÓF, 2013). A mtDNS a mitokondrium fehérjéinek mindössze 5%-át kódolja. A fennmaradó részt a nukleáris DNS kódolja. Tartalmazza továbbá a mitokondriumokban önállóan folyó fehérjeszintézishez szükséges riboszóma RNS-ek (rRNS) és transzfer RNS-ek (tRNS) szerkezetéhez szükséges információkat is.

A mitokondriális és a nukleáris genom több tulajdonságban eltér egymástól. Ezek közé tartozik az intronok mérete és száma, a rekombináció foka, az öröklődés módja, a javító mechanizmusok és a mutációs ráta (SCHEFFLER, 1999). A genomiális genommal ellentétben a mitokondriális genomban nagyon rövid intronok találhatóak, mivel körülbelül 93%-a kódoló szekvencia. A mitokondriumból hiányzik az excíziós javító rendszer, mely a kialakult mutációkat javítaná (LI, 1997). A genomiális genomban csak minden ezredik bázis, a mitokondriális genomban minden századik bázis mutat eltérést. A mtDNS mutációs rátája jóval nagyobb, mint a genomiális DNS (gDNS) mutációs rátája. Előbbié egymillió évenként megközelítőleg 2%. A mitokondriális genom 37 gént hordoz, a gének hossza átlagosan 450 bázis. Hisztonok és egyéb fehérjék nem kötődnek a mitokondriális genomhoz, így a mutagén hatásokkal szemben kevésbé védett. A mtDNS szekvenciák szabályosabban változnak a morfológiai és a fiziológiai tulajdonságokhoz képest. Végül, a morfológiai és genetikai evolúciós ráták között korreláció mutatható ki bizonyos esetekben (BROWN et al., 1979; OMLAND, 1997).

A mitokondriális DNS az evolúciós állattani kutatások kedvelt molekuláris markere. Egyaránt alkalmas törzsfelődési és molekuláris evolúciós vizsgálatok elvégzésére, de a populációk szerkezetének és dinamikájának feltárására is (AVISE, 1994). A mtDNS átlagosan kb. ezer példányban található egy-egy szomatikus sejtben, de petesejtekben akár a 100.000 kópiát is elérheti (CHEN et al., 1995). A magas kópiaszámnak köszönhetően a súlyosan degradálódott, bomlott minták (pl. csontmaradványok, szőrképletek) elemzése során is képes annyi információt nyújtani, mely nukleáris DNS esetén már nem elérhető (BODZSÁR, 2012). A mtDNS szekvenciákat sikerrel alkalmazzák madár taxonok közötti filogenetikai kapcsolatok feltárására (GIBB és PENNY, 2010), valamint populációgenetikai és molekuláris evolúciós vizsgálatok során is (KAN et al., 2010b). Számos esetben találkozhatunk a *Columbidae* taxonon belüli alkalmazásával is (JOHNSON és CLAYTON, 2000a; JOHNSON és CLAYTON, 2000b; JOHNSON et al., 2001; SHAPIRO et al., 2002).

2.4. Molekuláris genetikai vizsgálatok invazív fajok esetében

A molekuláris genetikai módszerek megkerülhetetlen eszközei lettek akár a veszélyeztetett-, akár az invazív fajok vizsgálatának, mivel segítségükkel gyorsan és pontosan megállapítható a különböző populációk genetikai polimorfizmusa és a populációk közötti génáramlás mértéke, felderíthető az adott populáció populációgenetikai története. Napjainkban az egyik leggyakrabban alkalmazott módszer a kizárólag anyai ágon öröklődő mitokondriális DNS (mtDNS) és annak kontroll régiójának vizsgálata, amit számos gerinces fajnál használtak már fajon belüli populációs összehasonlításokra (RAWLINGS et al., 2002; LI et al., 2004; MARTÍNEZ-CRUZ et al., 2004). Szintén ezt a módszert használják a fajok utolsó eljegesedés alatti refúgium területeinek azonosítására, és az onnan történt kiáramlások irányának és időbeliségének rekonstruálására (KUSZA et al., 2014; FAHEY et al., 2015; PERKTAŞ et al., 2015).

Expanziójának jellemzői (elfoglalt terület nagysága, terjedés gyorsasága, emberi hatás) miatt érdemes áttekinteni a tilápia (*Oreochromis spp.*) fajok esetét is. OVENDEN et al. (2015) kutatása a tilápiák populációdinamikájára és terjedési útvonalaira fókuszált Kelet-Ausztrália vizeiben. A vizsgálat, melynek során mikroszatellitek és mtDNS szekvenciák adatait használták fel, ötvözi a tér- és időbeli, valamint genetikai ismereteket, ezáltal új információkhoz juthatunk a faj biológiájáról és terjedési történetéről. A módszerek segítségével kimutatható volt, hogy az öt vizsgált populáció az áttelepítések

ellenére is képes volt megőrizni genetikai karakterét, a természetes génáramlás pedig nem volt jelentős közöttük. Bebizonyosodott az ember meghatározó szerepe ennek az invazív fajnak a terjedésében, egyidejűleg bizonyossá vált, hogy megfelelő intézkedések foganatosításával kezelhetővé válhat a faj terjedése. A genetikai különbségek pedig felhasználhatóak az új betörések azonosítására és nyomon követésére. A kutatás jó példa arra is, hogy a genetikai diverzitás vizsgálatok eredményeit gyorsan és hatékonyan alkalmazhatja a gyakorlat is. TSUTSUI et al. (2000) mikroszetellitek segítségével mutattak ki palacknyak hatásból eredő genetikai diverzitás csökkenést az argentin hangya (*Linepithema humile*) populációknál. Érdekes módon a diverzitás csökkenésével párhuzamosan csökkent a fajon belüli agresszió is, ami szuperkolóniák létrejöttéhez vezetett az új területeken. Bár a genetikai palacknyak hatást általában károsnak tekintjük, ez az eset jó példája annak, hogy a genetikai diverzitás csökkenése elősegítheti a sikeres és széleskörű elterjedést is egy új ökoszisztémában. A vándorpatkány (*Rattus norvegicus*) esetében szintén molekuláris genetikai eszközök használatával sikerült bizonyítani a korábban vártnál nagyobb rekolonizációs képességet. TABAK et al. (2015) 12 mikroszatellit marker felhasználásával tárta fel a patkányok migrációs mintáit 12 falklandi sziget esetében, melyek egymástól való távolsága 230 métertől 112 kilométerig változott. Meglepő módon a patkányok képesek voltak akár 830 méteres távolságot is leúszni a jeges vízben, hogy átjussanak egyik szigetről a másikra. Ez megmagyarázta az egyes szigeteken korábban végzett patkányirtások eredménytelenségét és egyben jól példázza a molekuláris genetikai módszerek fontosságát az invazív fajok kutatása során.

Ahogy a fentiek alapján is látható, a szakirodalom számos esetben használja a "palacknyak hatás" fogalmát az invazív, vagy az új élőhelyeket elfoglaló és ott gyors demográfiai expanziót végrehajtó fajok esetében. Mások (BAKER és MOEED, 1987; ALLENDORF és LUNDQUIST, 2003; STEPIEN et al., 2005; DLUGOSCH és PARKER, 2008; PRENTIS et al., 2008) "alapító hatás"-ként definiálják a jelenséget. MÁTYÁS (2002) meghatározása alapján ezek ugyanazon jelenség, a genetikai drift (a populáció genetikai összetételének (allélgyakoriságának) véletlen hatására bekövetkező változása) eltérő körülmények közötti bekövetkezését írják le. Palacknyak hatás esetén a megfelelő genetikai változatossággal rendelkező populáció létszáma valamilyen ritka külső hatásra átmenetileg erősen lecsökken, ezáltal a géngyakoriság megváltozik és egyes allélok eltűnhetnek. Az alapító hatás esetében a hangsúly az új populáción van, amit egy új élőhelyen kisszámú egyed hoz létre, ezek pedig nagy valószínűséggel nem fogják hordozni az eredeti populáció minden allélváltozatát. Úgy vélem, hogy utóbbi

körülmények jobban illeszkednek a balkáni gerle demográfiai történetéhez, ezért a dolgozat további részében az alapító hatást fogalmát fogom használni a fajjal kapcsolatban.

2.5. Molekuláris genetikai vizsgálatok madárfajok esetében

A fajon belüli mtDNS vizsgálatok esetében jó példa a széncinege (*Parus major*), hiszen hasonló mértékű expanziót hajtott végre antropogén környezetben, mint a balkáni gerle. Az elmúlt 100 évben elterjedési területének határain, több helyen jelentős területi terjeszkedést és népességszám bővülést mutatott. KVIST et al. (2007) a *P. major* eurázsiai populációját vizsgálta a mitokondriális kontroll régió szekvenciái és mikroszatellitek segítségével. Eredményeik szerint az expanzió eltérő mintázatokat alakított ki a faj populációinak molekuláris sokféleségében. A molekuláris variabilitás mértéke összefüggésben állt azzal, hogy a kolonizált régiót korábban elfoglalta-e már egy másik alfaj, vagy nem. Amennyiben jelen volt már egy alfaj, úgy a múltbeli és a jelenkori génáramlás együtt növelte a variációt, míg a korábban lakatlan élőhelyeken élő populációk legfeljebb egy marker esetében mutattak eltérést.

Ahogy korábban már említésre került, a balkáni gerle állománymérete világszinten növekvő tendenciát mutat, vannak olyan területek, ahol ennek ellenkezője figyelhető meg (BIRDLIFE INTERNATIONAL, 2015). Előfordulhat tehát, hogy elszigetelt populációk alakultak/alakulnak ki. A mtDNS ilyen esetekben is hasznos eszköznél bizonyul, ahogy ezt BROWN et al. (2004) is bizonyította. A szerző madárpulációk (4 faj) genetikai diverzitását vizsgálta fragmentált erdei élőhelyeken. A mtDNS szekvenciák elemzésével megállapította, hogy az elmúlt évtizedekben végbement erdőirtás a nukleotid diverzitás jelentős csökkenéséhez vezetett. A vizsgált négy fajból három esetében jelentős populációs szintű differenciáltságot mértek egy viszonylag kis földrajzi területen belül. Az élőhelytöredékekben elszigetelt populációkban mért nukleotid variancia csökkenése jelezte, hogy erős genetikai drift hatása alatt állnak a populációk. Tehát ez a tanulmány is bizonyítja, hogy a mtDNS segítségével hatékonyan vizsgálhatóak akár a kis, izolált populációk genetikai jellemzői is. LOPES et al. (2007) a mitokondriális adatok mellett mikroszatellit lókuszt is bevont a vizsgálatba. A vizsgálat alanyai a brazil őserdőben élő gázlómadarak voltak. A szerzők mikroszatellit lókuszt segítségével vizsgálták a populációk közötti és populáción belüli genetikai variabilitást, mely fontos információkkal szolgál a populációk túlélési esélyeiről. A populációk demográfiai

történetének feltárására viszont a mtDNS bizonyult alkalmasabb eszköznek. Mivel a mtDNS haploid és csak anyai ágon öröklődik, elsősorban filogenetikai és demográfia történeti vizsgálatokhoz alkalmas. Ezzel szemben a mikroszatellit markernek magasabb a polimorfizmusa, ezáltal sokkal érzékenyebb, így alkalmasabb a fajok és populációik genetikai diverzitásának vizsgálatára (NUGROHO, 2002). Bár ezen módszerek eredményes alkalmazására számos példa szolgált már, állandó vita tárgyát képezi, hogy csupán egy, esetleg néhány marker felhasználásával hiteles képet kaphatunk-e a vizsgált faj vagy populáció változatosságáról. Logikus következtetés, hogy törekedni kell a lehető legtöbb marker alkalmazására, azonban a források végeessége nem teszi ezt mindig lehetővé. Ezért a kutatók folyamatosan keresik a leginkább megbízható módszereket.

A galambféléket (*Columbidae*) érintő vizsgálatokra áttérve GROSSO et al. (2006) az örvös galamb (*Columba palumbus*) esetében keresett földrajzi alapon is lehatárolható genetikai különbségeket. Az örvös galamb elterjedési területe a mediterrán térségtől Nyugat-Ázsiáig terjed, így volt létjogosultsága a kérdésnek. Munkája során a citokróm-b régiót használta fel markerként. Az eredmények azonban nem támogatták a hipotézist, a citokróm-b régió alapján nem lehetett ilyen elkülönülést kimutatni, ami arra utalhat, hogy tartósan fennálló génáramlás jellemzi a *C. palumbus* populációkat. Egy másik példa a citokróm-b régió alkalmazására a japán galamb (*Columba janthina*) nyolc populációjának genetikai struktúra és eloszlás vizsgálata volt. A projekt keretében felmérték a génáramlás mértékét a populációk között, ezek alapján pedig természetvédelmi prioritásokat állapítottak meg (SEKI et al., 2007). CIBOIS et al. (2014) a gyümölcsgalambformák (*Treroninae*) alcsaládjába tartozó *Ptilinopus* nembe tartozó fajok törzsfelődési viszonyainak és biogeográfiájának feltárásához egyaránt használtak mitokondriális és nukleáris markereket. BALL és AVISE (1992) hat, az észak-amerikai kontinensen széleskörűen elterjedt madárfaj filogeográfiai népségstruktúráját vizsgálta mtDNS marker felhasználásával. A mtDNS variabilitás nagysága és földrajzi mintázata jelentősen eltért a fajok között. A sirató gerle (*Zenaida macroura*) esetében kis mtDNS polimorfizmus és csekély filogeográfiai szerkezet mutatkozott. A faj méreteiben, élőhelyválasztásában és életmódjában is nagyon hasonlít a balkáni gerlére, így jó összehasonlítási alapot jelent. SANTIAGO-ALARCON et al. (2006) öt mikroszatellit markert használtak a galápagosi gerle (*Zenaida galapagoensis*) öt populációját érintő kutatásukban. A vizsgálat kiterjedt a populációk genetikai diverzitására, szerkezetére, a génáramlás mértékére és az effektív populációméret meghatározására. Eredményeik alapján a földrajzilag távolabb lévő populációk között genetikai értelemben nem

különböztek jobban egymástól, mint az egymáshoz közelebb esők, és a becsült génáramlás is magas volt. Nem volt szignifikáns különbség az allélgyakoriságban és a géndiverzitásban sem a populációk között. TANKSLEY (2000) mikroszatellit markerek segítségével vizsgálta az észak-amerikai fehérszárnyú gerle (*Streptopelia reichenowi*) populációk elkülönülését, azonban nem talált jelentős elkülönülésre utaló jeleket. Egy másik vizsgálatban azonban, amit mtDNS markerek felhasználásával végeztek, sikerült csekély mértékű, kelet-nyugati irányú differenciálódást kimutatni, ami azonban eltűnőben van a faj expanziója miatt (PRUETT et al., 2000). PRUETT et al. (2000) az expanziót az urbanizáció következményének tartja, mivel a faj ebben a környezetben könnyebben jut vízhez, élelemhez és fészkelőhelyhez. Mivel a *Columbiformes* rend tagjai jó repülők, és képesek nagy távolságok megtételére (GOODWIN, 1977; BAPTISTA et al., 1997), ezért néhány különleges körülmény fennállásának kivételével (leküzdhetetlen ökológiai barrierek) magas génáramlásra lehet számítani (SANTIAGO-ALARCON et al., 2006). Ugyanezért nem várható morfológiai különbségek megjelenése sem a populációk között.

JOHNSON et al. (2001) a *Streptopelia* nem filogenetikai kapcsolatait kutatta. Vizsgálatában két mitokondriális markert, a citokróm-b-t (cyt-b) és a citokróm oxidáz I-t (COI), valamint két nukleáris markert, a *NADH dehidrogenáz 2 alegység génjét* (ND2) és a *β-fibrinogén intron 7-et* (FIB7) használta. Annak ellenére, hogy a FIB7 szekvenciákon alacsonyabb homoplázia jelentkezik, a mitokondriális gének jobb felbontást nyújtottak a *Streptopelia* nem fejlődéstörténetének feltárásához. MAYR (1950) felveti a balkáni gerlek peremhelyzeti populációiban bekövetkező genetikai változásokat is, mint az expanzió esetleges kiváltó okát és motorját. HENGEVELD (1993) ennek bizonyításához vizsgálatokat javasol az elterjedési terület periferiáján és belsejében található populációk genetikai diverzitásának összehasonlítására, különös tekintettel az újonnan kolonizált régiókra. Ilyen vizsgálatra azonban napjainkig nem került sor.

2.6. DNS alapú fajazonosítás

A DNS-alapú fajazonosítás (DNA-barcoding), melyet gyakran neveznek az élet vonalkódjának is, az elmúlt években kedvelt módszere volt a madárközösségek vizsgálatának. Alapelve egyszerű. Egy olyan DNS-szakaszt kell választani, amely jelentős különbségeket mutat a fajok között, ugyanakkor fajon belüli variabilitása nem

teszi lehetetlenné az alkalmazását (HEBERT et al., 2003). Egy ilyen szekvencia vizsgálatával elvégezhető a vizsgált egyedek faji hovatartozásának megállapítása (RATNASINGHAM és HEBERT, 2007). A madarak (és általában a gerinces fajok esetében) a mtDNS citokróm-oxidáz I-es (COI) régiójának 650 bázispár hosszúságú szakaszát használják erre a célra. Madarakat érintő barcoding vizsgálatokat leggyakrabban azzal a céllal folytatnak, hogy egy meghatározott terület (ország, régió, város) madárközösségét leírják, esetleg múzeumi gyűjteményeket vizsgáljanak általa (SCHINDEL et al., 2011; LIJMAER et al., 2012; ALIABADIAN et al., 2013). Ezáltal a taxonómiai munkában is hasznos eszköznek bizonyul a leszármazási viszonyok tisztázásában és a korábbi besorolások felülvizsgálatakor (HEBERT et al., 2004; RUDNICK et al., 2007; FERRI et al., 2009; KHAN és ARIF, 2013). Ugyanakkor HAJIBABAEI et al. (2007) szerint a módszer alkalmas a fajok közötti genetikai diverzitás vizsgálatára is, hiszen az ilyen típusú vizsgálatokban rendszerint nagyszámú faj érintett. Ugyanígy alkalmasnak tartja a fajon belüli genetikai diverzitás vizsgálatára is, sőt, a nagy mennyiségű „DNS vonalkód” és kiegészítő információ felhalmozása további lehetőségeket kínál. Például az ökológiai és földrajzi adatokkal kiegészülve lehetővé válik a haplotípus diverzitás és az élőhelyek folytonosságának mérése, valamint a fajon belüli genetikai struktúra is jellemezhetővé válik egy adott földrajzi régióban. Mégis felmerül a kérdés, hogy a vizsgált szakasz konzervativitása, mely lehetővé teszi számos faj elkülönítését, nem korlátozza-e túlságosan a fajon belüli vizsgálatokban való alkalmazhatóságát. Ezt a problémát más, a mitokondriális genomon belüli markerek alkalmazásával lehet kiküszöbölni (KOCHER et al., 1989; MORITZ 1994). A „DNA-barcoding” mindenképpen hasznos eszköz a génbanki adatok gyarapítása szempontjából (BENSON et al., 2015), lehetővé téve a kutatók számára olyan információk gyűjtését is, amikhez egyébként nem, vagy csak nagy nehézségek árán férhettek volna hozzá. A módszer sok esetben nagyon leegyszerűsítette a taxonómiai munkát, de ennek is vannak korlátai, így a hagyományos fajmeghatározási módszereket nem lehet teljesen kiváltani vele. Kritika éri a módszert, mert csupán egyetlen régió vizsgálata alapján von le következtetéseket (SEBERG et al., 2003; LEE, 2004; MORITZ és CICERO, 2004; WILL és RUBINOFF, 2004; WILL et al., 2005; DASMAHAPATRA és MALLETT, 2006; MEIER et al., 2006; SHEARER és COFFROTH, 2008; BAKER et al., 2009). Ez például új fajok esetén nem feltétlenül elegendő, de akár a véletlen folytán is lehetnek egyezések két faj között a vizsgált szakaszon. Ugyanígy problémákat vet fel az introgresszió és a hibridizáció kérdése is. HEBERT és GREGORY (2005) észak-amerikai madárfajok

vizsgálata során kimutatta, hogy az esetek 96%-ában azonosítható volt az egyed faji hovatartozása DNS-vonalkódolással. Ugyanakkor az is igaz, hogy ezek nagy része hagyományos módszerekkel is elkülöníthető lenne. A fennmaradó 4% esetében azonban a faj kizárólag a DNS-szekvencián alapuló azonosítása sokak szerint elfogadhatatlanul magas hibaarányhoz vezethet. Meg kell azonban említeni, hogy az ismert és kutatott rendszertani csoportok esetében a tévedés lehetősége sokkal kisebb. A határozásbeli bizonytalanságok elsősorban kevésbé kutatott, esetleg még nem leírt fajok/rejtett fajok esetében jelentősek. Az adatbázisok fejlesztésével a bizonytalanság mértéke is csökkenthető (MEYER és PAULAY, 2005). BAKER et al. (2009) megállapításai szerint is az olyan rendszertanilag kiforrott csoportokban, mint az emlősök vagy a madarak, a fajok többsége jól elkülöníthető ezzel a módszerrel.

A balkáni gerléről genetikai információk a leggyakrabban az ilyen, a madárközösség molekuláris genetikai módszerekkel végzett jellemzésével kapcsolatos publikációkban fordulnak elő (KERR et al., 2007; JOHNSEN et al., 2010; SCHINDEL et al., 2011; ALIABADIAN et al., 2013; AWAN et al., 2013).

2.7. A citokróm-oxidáz I (COI) gén vizsgálatán alapuló kutatások

A mtDNS citokróm oxidáz gén I. (COI) alegysége több olyan sajátossággal is rendelkezik, melyek révén alkalmas eszköze lehet az evolúciós kutatásoknak (GENNIS, 1992). A COI részt vesz a membránon keresztül történő bonyolult elektrontranszportban és a hozzá kapcsolódó proton transzlokációjában. Számos funkcionális tartományt tartalmaz, mint például a ligandum helyeket, a proton csatorna alkotóelemeit, valamint az α -helikázt (SARASTE, 1990). Az aminosav maradványai, melyek a reakció központban erősen konzerválódtak, nem dominálnak a COI molekula központjában, lehetővé téve néhány régióban a nagymértékű variabilitást. A COI alegysége, a három mtDNS-t kódoló citokróm oxidáz alegység közül, az egyik legnagyobb régió (LUNT et al., 1996). A mtDNS kutatások alapján a COOH végen szignifikánsan több a variabilitás, mint a belső hurkokon, a külső hurkokon, a transzmembrán spirálon vagy az NH₂ végen. Szót kell ejteni a marker hátrányairól is. A mitokondriális markerekre általánosan jellemző, hogy maternális öröklődésűek, így csak az anyai leszármazási vonalak vizsgálhatóak velük (ARIF et al., 2011). Mivel az mtDNS öröklődése során nem történik rekombináció, így a szekvenciában bekövetkező változások kizárólag a fokozatosan felhalmozódó mutációknak köszönhetőek. Továbbá a COI gén központi régiójában (M5-

M8) alacsonyabb szintű a szekvencia variabilitás. Mindezeken túl, ahogy már a fentiekben is említésre került az mtDNS COI szekvencia kódoló régióban helyezkedik el, ami miatt szelekciós nyomásnak van kitéve. Ebből következően sokkal kevesebb mutáció tud felhalmozódni benne, mint például a nem kódoló és ezáltal hipervariábilis mitokondriális D-loop régióban. Mindezen hátrányok ellenére az mtDNS COI tökéletes eszköze az evolúciós kutatásoknak (GENNIS, 1992) és ezt a markert választották a molekuláris taxonómia és azonosítás standardizált eszközévé (RATNASINGHAM és HEBERT, 2007), melyet madárfajok esetében is elterjedten alkalmaznak (BAKER et al., 2009). A szirti galamb (*Columba livia*), mely a balkáni gerlével legközelebbi rokonságban álló, szekvenált mitokondriális genomú faj, COI génje 1.551 nukleotid hosszúságú (pozíciója: 5.381-6.931) és 516 aminosavat kódol. Kezdő kodonja GTG, stop kodonja pedig AGG (KAN et al., 2010a).

2.8. Genetikai vizsgálatok mintagyűjtési lehetőségei madarak esetén

A mintagyűjtési módszerek három fő csoportját VILI et al. (2007) ismertetik. A destruktív mintavétel során a teljes egyedtet felhasználják, ami természetesen az egyed pusztulásával jár. Ezt a módszert elsősorban gerinctelen szervezetek vizsgálatánál alkalmazzák. A következő nagy csoportot az invazív módszerek köre jelenti, mint például a vérvétel, biopszia, nyálkahártya vagy az ujjpercek lecsípése. Az említett két csoportba sorolt módszerek közös jellemzője, hogy jó minőségű DNS-hez lehet jutni általuk, azonban az egyedek elpusztítása, károsodása, valamint a zavarásuk okozta stressz sok esetben nem engedhető meg, valamint ebből adódóan a felhasználható minták száma is általában erősen korlátozott (TABERLET és LUIKART, 1999). Az ilyen módszerek alkalmazásakor kockázatot jelent a mintavevő gyakorlottsága is. Jó példa erre a magzati lepényboholy-, magzatvíz-, magzati köldökzsinórvér-, magzati szövetmintavétel, melyek a módszertől és a mintavevő jártasságától függően átlagosan 0,5–2% vetélskockázattal járnak (JACKSON és WAPNER, 1987; PAPP és PAPP, 2003; LÁZÁR et al., 2012). Azonban az etikai aggályok és gyakorlati nehézségek ellenére sokáig ezek a destruktív módszerek jelentették az egyetlen lehetőséget a molekuláris genetikai vizsgálatokhoz szükséges minták begyűjtésére. GROOMBRIDGE et al. (2000) például mauritiusi vércse (*Falco punctatus*) populációk vizsgálatokor bőrből izolált DNS-t használt. A legtöbb esetben azonban a vérvételt alkalmazták. ELLEGREN et al. (1996) vért használtak az örvös légykapó (*Ficedula albicollis*) vad populációiban az ivararány megállapításához.

Szintén vér mintavételezést alkalmazott egy hasonló jellegű vizsgálatban a széncinege (*Parus major*) esetében RADFORD és BLAKEY (2000). Sokáig gondot jelentett a vérminták hosszútávú tárolásának kérdése. Erre elhúzódó mintavétel, például egy populáció hosszútávú monitoringja esetén szükség lehet. A minta tárolása során azonban számos tényező (pl.: UV sugárzás, ózon, magas páratartalom, mikrobiális tevékenység) veszélyezteti a minta épségét. Ennek kiküszöbölésére alkották meg az FTA papírt, mely hosszú időn át képes megővni a vérmintát az említett károsodásokkal szemben, ráadásul tárolása nem igényel különleges körülményeket, és az emberre sem allergén (BURGOYNE és ROGERS, 1997; GUTIÉRREZ-CORCHERO et al., 2000). Ez a technika ugyan kibővítette a vérminták felhasználási lehetőségeit, mégis, mivel a molekuláris genetikai vizsgálatok többségében természetvédelmi oltalom alatt álló fajok, vagy nagy értéket képviselő tenyészállatok szerepelnek, a kutatók törekednek a nem destruktív mintavételi módszerek alkalmazására a mintavétel során (VILI et al., 2009).

2.9. Hullatott toll, mint mintagyűjtési módszer

A nem destruktív mintavételi eljárások során a vizsgálni kívánt állatok nagy valószínűséggel túlélnek, de jelentős stresszt kell elviselniük, ami tudományetikai és gyakorlati okokból is kifogásolható. Mivel a molekuláris genetikai módszereket leggyakrabban természetvédelmi és populációgenetikai vizsgálatokban alkalmazzák, nem fogadható el az egyedek ilyen mértékű zavarása, esetleges elhullása. Az ilyen kutatások esetében a megoldást a neminvazív mintagyűjtési módszerek jelentik (TABERLET et al., 1999; WAITS és PAETKAU, 2005), melyek során az állatok távollétében lehet a mintákhoz jutni olyan általuk hátrahagyott nyomokból, mint a szőr, pikkely, vedlett toll, nyál, ürülék, vedlett bőr vagy tojásbéj. A módszer előnyei közé tartozik, hogy a mintaszám jelentősen növelhető és viszonylag kis mennyiségű minta is elegendő genomális DNS-t tartalmazhat, ami a vizsgálatok alapfeltétele (VILI et al., 2009). A kis mennyiség miatt a minták gyűjtése, tárolása, szállítása is könnyebb és olcsóbb. Azonban a módszer hátrányai is elsősorban a kis mintamennyiségből fakadnak, ugyanis olyan esetek is gyakran előfordulnak, hogy nem megfelelő a DNS minősége és/vagy mennyisége, így a minták nagy része mégsem ad használható eredményt, emiatt jelentősen megnőhetnek a laborköltségek. Továbbá fennáll a minták szennyeződésének a veszélye is (TABERLET et al., 1999; MCDONALD és GRIFFITH, 2011).

A madarak esetében a legelterjedtebb neminvazív mintavételi módszer a hullatott tollakon alapul. A madártollból történő DNS izolálás lehetősége viszonylag régóta adott (PEARCE, 1997; TABERLET et al., 1999; EGUCHI és EGUCHI, 2000; BELLO, 2001; MALAGÓ, 2002). A tollak gyűjtése legtöbbször pihenő-, fészkelő-, etető- és itató helyek közelében végezhető sikerrel. A módszer kezdeti alkalmazásakor a tollszár pulpáját, illetve bazális hegyét használták forrásként a DNS-kivonáshoz, de ennél az eljárásnál a megbízható eredményhez egy egyedtől több, lehetőleg friss tollra van szükség (TABERLET és BOUVET, 1991), mivel a legfőbb problémát a tollakban található DNS szabad környezetben történő gyors degradációja jelenti (mikrobiális tevékenység, UV sugárzás miatt) (MCDONALD és GRIFFITH, 2011). A DNS izolálás hatásfokának jelentős javulása HORVÁTH et al., (2005) módszere által volt elérhető. Ez a tollszárban található magas vörösvérsejteket tartalmazó vérrögöt használja fel, így a kivont DNS elegendő a mikroszatellitákon alapuló DNS-ujjlenyomat meghatározásához, illetve mitokondriális DNS-szakaszok szekvenálásához (VILI et al., 2007). Szintén a hullatott tollakon alapuló módszer hátrányai között kell megemlíteni, hogy bizonyos esetekben a tollakat hátra hagyó faj azonosítása is bizonytalan lehet (BAGI és KUSZA, 2015). VILI et al. (2009) megállapították, hogy a neminvazív módon gyűjtött, vedlett tollból kivont minták a mtDNS analízisre alkalmasabbak voltak, mint a papírra vett vérminták. Mindent összevetve, a hullatott tollak alkalmazása valódi alternatívát jelent a hagyományos (vér, szövet) mintavételi módszerekkel szemben, mely egyúttal jelentősen kibővítette a molekuláris genetikai módszerekkel végzett természetvédelmi és populációgenetikai vizsgálatokba bevonható fajok körét (ritka, érzékeny, nehezen csapdázható és/vagy védett fajok).

2.10. Morfometriai vizsgálatok a galambalakúak (*Columbiformes*) tollai esetében

Galambalakúak (*Columbiformes*) tollainak morfológia vizsgálatát csak néhány esetben végezték el eddig. PASS (1995) áttekintő cikkében bemutatta a madártoll és bőr fejlődését valamint szerkezeti felépítését. A szemléltetéshez és a példákhoz a szirti galambot (*Columba livia*) használta. HINGEE és MAGRATH (2009) egy érdekes kutatásban használta fel a galambalakúak közé tartozó koronás galambot (*Ocyphaps lophotes*). Ők azt vizsgálták, hogy a veszélyt érző galamb felszállás közben különleges akusztikus jelet bocsájt ki szárnytollai segítségével, hogy ezzel riassza fajtársait. Hasonló jelenséget már COLEMAN (2008) is valószínűsít a sirató gerle (*Zenaida macroura*)

esetében, de ő még nem tudja egyértelműen bizonyítani. HINGEE és MAGRATH (2009) öt egymás melletti elsődleges evező helyzetét vizsgálta meg, és végzett akusztikai méréseket. Eredményeik azt mutatják, hogy a nyolcadik toll erősen módosult (keskenyebb), így a megriasztott állat felszállása közben hallható füttyülő hang nem csak a repülés melléktermékének tekinthető. Az elemzés azt is kimutatta, hogy egy igen komplex akusztikus szignálról van szó, amiben egyértelmű mintázat fedezhető fel. A lejátszási kísérletek pedig igazolták, hogy ez az akusztikus jel menekülési reakciót vált ki a csapat többi tagjából. MOLLER et al. (2009) az örvös galamb (*Columba palumbus*) és a héja (*Accipiter gentilis*) zsákmány-ragadozó kapcsolatát vizsgálták. Ehhez az örvös galambok evező- és kormánytollainak hosszúsági és szélességi méreteit vették fel. Megmérték a tollzászló és a cséve hosszúságát és szélességét, valamint a tollak tömegét is lejegyezték. A vizsgálatba bevonták még a zászlók területét és ágsűrűségét is. A tollakat két csoportra bontották. Az egyik csoportba azok kerültek, amiket zsákmányul ejtettek a héják. Ezeket a tollakat héjafészkek közelében gyűjtötték. A másik csoportba olyan galambok tollai kerültek, amelyek sikeresen túléltek a héják támadását. Az eredmények szerint eltérés volt a két csoportban az evezők cséveszélessége, területe és tömege, valamint a kormánytollak területe között. A sikeresen menekülő galamboknál kisebb volt a cséve szélessége és tömege, de a zászlók területe nagyobb volt. A túlélők kormánytollai is nagyobb területűek voltak. Ezzel igazolták a dán kutatók, hogy a héják jelentette irányított szelekció nagymértékben hat az örvös galambok repülési képességére. Ez pedig a repülésben fontos szerepet ellátó tollak morfológiájának alakulásában kimutatható. BACHMANN et al. (2007) szisztematikus összehasonlító vizsgálatot végeztek a gyöngybaglyok (*Tyto alba*) és a szirti galambok (*Columba livia*) szárnyán. Azért ezt a két fajt választották, mert méretük és tömegük körülbelül hasonló. A céljuk az volt, hogy megtalálják a gyöngybagoly rendkívül csendes röptének okait, azért, hogy a jövőben felhasználhassák az eredményeket a repülőgépiparban. Mindkét faj szárnyán 6-6 evező- és fedőtollat vizsgáltak meg. Méréseket végeztek makroszkopikus és mikroszkopikus szinten is, így számos paraméter alapján tudták elvégezni a kvantitatív elemzéseket. Összehasonlítva, a bagolytollak nagyobb területűek, vékonyabbak és finomabb szerkezetűek voltak a galamb tollaival szemben. A bagolytollak széleinek speciális fogazása is van, és a tollzászlót felépítő ágak, ágacsok és horgok méreteiben is nagyobb állandóság volt a baglyok esetében. BORMASHENKO et al. (2007) szintén a galambtollak mikroszkopikus szerkezetét vizsgálta. A kutatás arra kereste a választ, hogy mi okozza a tollak vízlepergető hatását. Az eredmények szerint a galambtoll kettős

szerkezete miatt jó víztaszító anyag. A zászlót alkotó ágak és ágacskák kettős rendszere olyan lapos érintkezési szöveget zár be, ami megakadályozza a folyadékcseppeket az áthatolásban. Azt is megfigyelték, hogyha a cseppek átmérője egy kritikus szint alá csökken a párolgás miatt, a kettős szerkezet már nem állja útját a folyadéknak, és az bejut a toll szerkezetébe. Így megváltoztatja a fényvisszaverés viszonyait. A balkáni gerle tollazatát BLASCO-ZUMETA és HEINZE (I3) is vizsgálták. Ők egy számos fényképet tartalmazó összeállítást készítettek, amiben az ivari és korcsoportokhoz kötődő határozókulcsokat mutatják be. Ez a meghatározás főleg a tollazat, az írisz és a lábak színe alapján történik, de inkább terepi határozónak használható, és csak a teljes egyed birtokában ad megbízható eredményt. Sajnos pontos méréseket, számadatokat nem közöltek. A galambalakúak esetében hullatott tollak morfometriai paramétereire alapozott taxonómiai vizsgálatot ismereteim szerint még nem végeztek. Más csoportok esetében is elmodnható, hogy a tollak morfológiai paramétereinek taxonómiai célú felhasználása eddig kevésbé volt jellemző. Ennek egyik lehetséges oka az lehet, hogy a legtöbb ornitológiai kutatásban a mintázott faj, vagy rokon fajok teljes egyedeit használják jellemzően, így egy-egy példánytól több információ áll rendelkezésre, ezáltal elkülönítésüket nem feltétlenül a tollak morfológiai paramétereire kell hogy alapozzák. Az ilyen vizsgálatok jellemzően a különböző testméreteket és a testtömeget kombináltan alkamazzák, míg a tollak esetében is inkább a teljes szárny morfometriai paramétereit rögzítik (TELLERÍA és CARBONELL, 1999; HU et al., 2000; WELLER és SCHUCHMANN, 2004; LIYANAGE et al., 2015). A hullatott tollas mintavétel bár nem nevezhető új módszernek, mégis az elmúlt években kap egyre nagyobb teret alkalmazása. Ebből következik, hogy szélesebb körű elterjedésével párhuzamosan a jövőben sor kerülhet majd olyan rokon fajok vizsgálatára amikor kizárólag tollak állnak a kutatók rendelkezésére a faj azonosításához.

3. ANYAG ÉS MÓDSZER

3.1. Genetikai vizsgálat

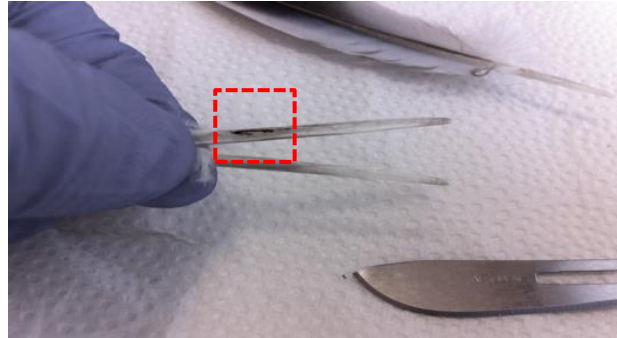
3.1.1. Mintagyűjtés

Összesen 14 országból gyűjtöttünk mintát (n=134) 2013 és 2015 között (1. melléklet). Bosznia-Hercegovinából 1, Ciprusról 1, Csehországból 6, Fehéroroszországból 1, Franciaországból 11, + 10 minta Guadeloupe tengeren túli megyéből, Hollandiából 4, Kubából 1, Lengyelországból 2, Magyarországról 62, Nagy-Britanniából 12, Olaszországból 1, Romániából 8, Spanyolországból 10, valamint Törökországból 4 minta érkezett. Elsősorban a hullatott tollakat részesítettük előnyben (HORVÁTH et al., 2005; VILI et al., 2007; VILI et al., 2009), de felhasználtunk izomszövetet, vért és tojáshéjat is. A tollak esetében a mintavétel fészkelő- és éjszakázóhelyek környékén történt, ahol a madarak legnagyobb eséllyel hullajtották el azokat. A módszerből fakadóan azonban nem volt lehetséges a tollat hátrahagyó egyedek azonosítása. Annak elkerülése érdekében, hogy egy egyedtől több toll is független mintaként kerüljön a vizsgálatba, egy mintavételi pontról egyetlen tollból izoláltunk gDNS-t. A vedlett tollak a földre kerülésüket követően viszonylag rövid idő alatt (néhány hónap) erősen degradálódnak, így a vizsgálatban felhasznált, gyengén vagy egyáltalán nem degradálódott tollakat legnagyobb valószínűséggel a begyűjtést megelőző néhány héten belül vedlették le a gerlek (VILI et al., 2009). A tollak a beérkezés és az izolálás között (1-4 hét) eltelt időben sötét, száraz helyen voltak tárolva, szobahőmérsékleten. A hullatott tollak szállítása postai úton történt (VILI et al., 2009). A mintagyűjtés során az evezőtollakat (elsődleges és másodlagos) és a kormánytollakat részesítettük előnyben, mivel a balkáni gerle egyéb tollai méretüknél fogva sem tartalmazhatnak elegendő vért az általunk használt izoláló módszerhez. Az izomszövet minták Magyarország területén vadászat során elejtett, vagy utak mentén elütött egyedekből származnak. Az izomszöveteket 96%-os etanollal töltött 1,5 ml-es eppendorf csövekben tároltuk -20 °C-on. A tojáshéjak tárolása az előzőekben leírtak szerint előkészített eppendorf csövekben történt. A vérminták a genomiális DNS izolálásáig -20 °C-on voltak tárolva (SEUTIN et al., 1991). Az elemzések során az NCBI adatbankból további 18 szekvencia állt rendelkezésünkre, melyeket az elemzések során bevontunk vizsgálatunkba (1. melléklet),

ezáltal olyan területekről származó mintákhoz jutva, amelyek számunkra nem voltak mintázhatóak.

3.1.2. A genomiális DNS izolálása

A tollak előkészítése során a VILI et al. (2009) által kidolgozott módszert alkalmaztuk. Ennek első lépésének megfelelően a tollak osztályozása és azonosítása történt meg. Az osztályozás során kiszűrtük a túlságosan degradálódott vagy szennyeződött tollakat, melyek



alkalmatlanok voltak a további munkára. Az azonosítás a balkáni gerle tollak közé esetlegesen bekerült, más fajtól származó tollak kiszűrését jelentette. Ez a fajra jellemző méret és szín adatok alapján történt. Ezt követően a genomiális DNS izolálásához a tollak felső köldökénél (*superior umbilicus*) lévő részt távolítottuk el szikepengével. A legtöbb esetben itt egy szabad szemmel is látható vérrög található (7. ábra), mely a tollfejlődés során visszahúzódó kötőszövet maradványa, mivel az azt tápláló artéria itt lép át a tollcsévén. Az ezen a helyen kialakuló zárványban lévő magas vörösvérsejtek általában (nagyobb tollak esetében) megfelelő mennyiségű és minőségű DNS-t tartalmaznak a vizsgálatokhoz (HORVÁTH et al., 2005). A kinyerhető DNS mennyiségének maximalizálása érdekében felhasználtuk a csévében található szöveteket és indokolt esetben (vér jelenléte) a cséve hegyét is.

7. ábra: A tollcsévében található, vérrögöt tartalmazó felső köldök (Debrecen, Állategenetikai Labor)

A gDNS-kivonáshoz a GeneJET Genomic DNA Purification Kit-et (Thermo Scientific, USA) használtuk. Ez a Kit alkalmas különféle állati szövetekből, baktériumsejtekből és vérből való DNS izolálásra is, ezért izomszövetből, vérből és tojásból is ennek segítségével izoláltunk DNS-t, azonos protokoll szerint. Mivel kifejezetten tollhoz való protokollt nem mellékeltek, az emlős szövet és rágcsáló farok gDNS tisztítására vonatkozó protokollt alkalmaztuk.

3.1.3. PCR reakció, gélelektroforézis és szekvenálás

A mitokondriális DNS COI génjének 749 bp hosszúságú szakaszait PCR (Polymerase Chain Reaction) segítségével amplifikáltuk. A felhasznált primerpár adatai a 1. táblázatban szerepelnek.

1. táblázat: A felhasznált primerek adatai

Szerző	Forward szekvencia	Reverse szekvencia	Amplifikált szekvencia hossza (bp)
Awan et al., 2013	5' TTCTCCAACCACAAAGACATTGGCAC 3'	5' ACGTGGGAGATAATTCCAAATCCTG 3'	749

A 10 µl-es reakcióelegy 1 µl dNTP-t (2mM) (Thermo Scientific, USA), 2 µl puffert (5u/µl) (Promega, USA), 2 µl MgCl₂-ot (2mM) (Promega, USA), 0,4 µl primert (10 pmol/µl) (Sigma, USA), 0,2 µl GoTaq polimerázt (1,25 U) (Promega, USA), 2,4 µl dH₂O-t és 2 µl DNS templátot tartalmazott.

A PCR reakciókörülmények a következők voltak:

94°C	5:00 perc	}	35 x
94°C	1:00 perc		
60°C	1:00 perc		
72°C	1:00 perc		
72°C	5:00 perc		
4°C	∞		

3 µl PCR terméket 2%-os agaróz gélen futtattunk (1 X TAE puffer (Thermo Scientific, USA), 0,5 mg/ml GelRed (Biotium, USA), 2%-os SeaKem agaróz (Lonza, USA), majd UV fény alatt ellenőriztük az eredményt. Az eredmények alapján alkalmasnak ítélt PCR termékeket előkészítettük szekvenáltatásra. A PCR termékeket postázásig -20 °C-on tároltuk. A szekvenálást a MacroGen Europe hollandiai laboratóriuma végezte.

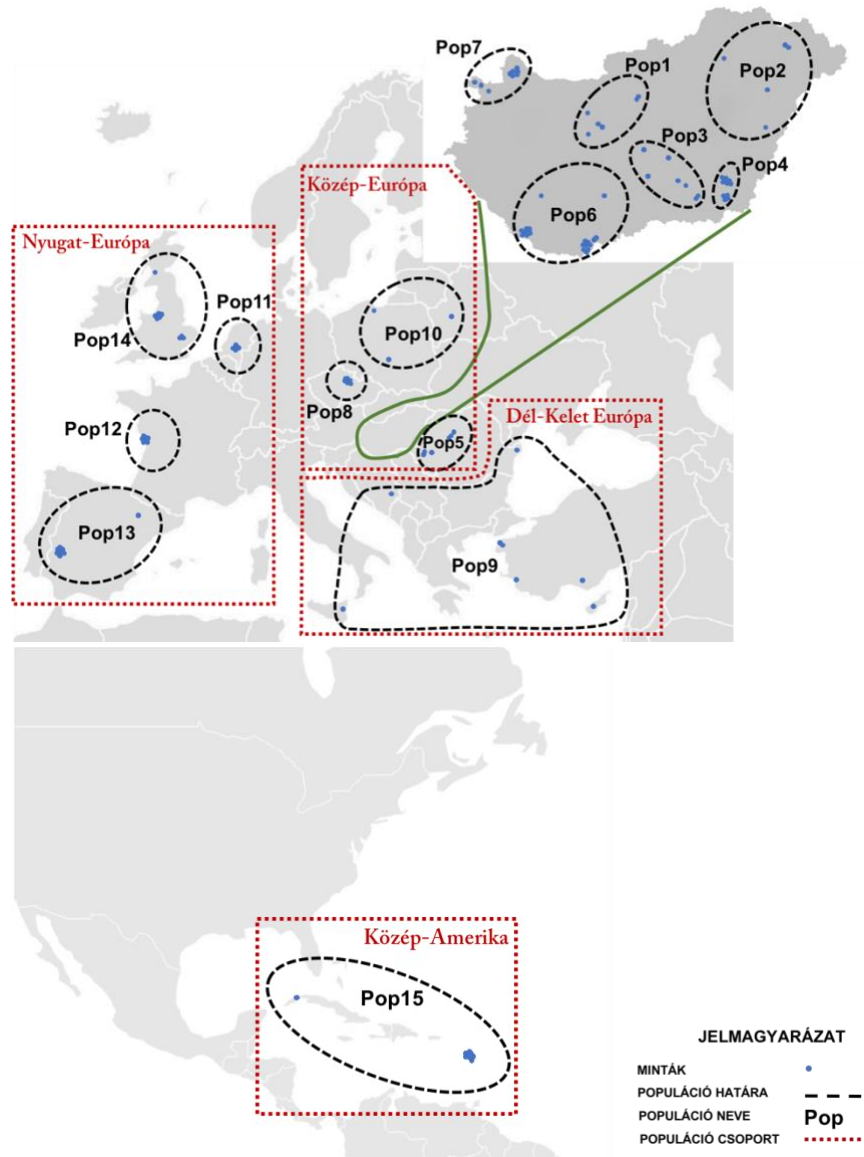
3.1.4. mtDNS adatelemzés

A szekvencia leolvasás eredményét minden esetben a MEGA6 (TAMURA et al., 2013) program segítségével ellenőriztük, és az esetlegesen előforduló hibákat manuálisan javítottuk. A szekvenciák illesztése CLUSTALW (LARKIN et al., 2007) programmal történt. A szekvenciák egyenlő hosszúságúra vágásához (658 bp) szintén a MEGA6 programot használtuk.

A vizsgált egyedeink között genetikai különbözőséget feltételeztünk azok földrajzi elhelyezkedésén alapulva, ezért közel azonos létszámot tartalmazó csoportokat (n=15), ún. priori populációkat hoztunk létre (8. ábra).

Minden csoportra, illetve később négy nagyobb földrajzi egységekre is diverzitás indexek (haplotípusok száma (Ht), haplotípus diverzitás (H_d), nukleotid diverzitás (π), In/Del pozíciók) meghatározása az

Arlequin 3.11 szoftver (EXCOFFIER et al., 2005) segítségével történt. A variábilis pozíciók meghatározása során az NCBI génbankból letöltött teljes mitokondriális *Streptopelia decaocto* genomot használtuk (KX372273). Az azonosított haplotípusaink további elemzése során felhasználtuk az NCBI génbankból letöltött minden elérhető



8. ábra: A populációk közötti divergencia vizsgálatához kijelölt priori populációk

Arlequin 3.11 szoftver (EXCOFFIER et al., 2005) segítségével történt. A variábilis pozíciók meghatározása során az NCBI génbankból letöltött teljes mitokondriális *Streptopelia decaocto* genomot használtuk (KX372273). Az azonosított haplotípusaink további elemzése során felhasználtuk az NCBI génbankból letöltött minden elérhető

balkáni gerle szekvenciát is (1. melléklet), annak érdekében, hogy meg tudjuk határozni a haplotípusok közötti kapcsolatot ázsiai területek bevonásával is. Az ábra Median-Joining Network analízissel, Hasegawa-Kishino-Yano (HKY) modellel készült a Network 4.6 (BANDEL et al., 1999) szoftver alkalmazásával.

Az általunk feltételezett (priori) populációk közötti molekuláris variancia térbeli elrendeződésének mérésére AMOVA (Analysis of Molecular Variance) (WEIR és COCKERHAM, 1984; EXCOFFIER et al., 1992) elemzést hajtottunk végre az Arlequin 3.11 szoftver segítségével (EXCOFFIER et al., 2005). A módszer az állományok különbözőségének vizsgálata során a gényakoriságok összehasonlítása mellett a mutációs különbözőségeket is figyelembe veszi. A vizsgálatban felhasznált, priori populációk kijelölése során figyelembe vettük a földrajzi távolságot és a lehetséges földrajzi barriereket (magasabb hegyvonulatok, nagy kiterjedésű vízfelület) meglétét. A COI haplotípusok genetikai távolságát bemutató bootstrap konszenzus fa a MEGA6 (TAMURA et al., 2013) szoftver segítségével készült a (HKY) modellen alapuló Maximum Likelihood módszerrel (HASEGAWA et al., 1985), mely során 1000 bootstrap ismétlést alkalmaztunk (FELSENSTEIN, 1985).

A populáció szerkezet, az azok közötti legvalószínűbb genetikai csoportosítások meghatározását a STRUCTURE 2.3.4 szoftverrel (FALUSH et al., 2003) végeztük el (admixture model), mely az egyedek allél mintázatait hasonlítja össze páronként, és sorolja a genotípusokat különböző csoportokba előfeltételezés nélkül. Ebben a vizsgálatban is a korábban kijelölt 15 populációt alkalmaztuk. Markov Chain Monte Carlo (MCMC) algoritmust alkalmaztunk, amely olyan Markov láncot (valószínűségi változók sorozata, melyek minden tagjának valószínűsége csak az előtte lévőtől függ) generál, amely konvergál a kívánt eloszláshoz. A konvergenciát gyorsítja, ha a kezdő állapot valószínűsége a kívánt eloszlásban nagy, így egy ún. burn-in fázis után vesszük a mintákat (BODZSÁR, 2012). Jelen vizsgálatban az MCMC algoritmust 100.000 ismétlésben alkalmaztuk, valamint 10.000 burn-in lépést és különböző K értékenként (K=csoportok száma) 10 iterációt állítottunk be. A STRUCTURE eredményeit a STRUCTURE Harvester (EARL és vonHOLDT, 2012) program segítségével dolgoztuk fel, melyben az Evanno módszert (EVANNO et al., 2005) alkalmaztuk a legvalószínűbb csoportosítás meghatározására. Ez a STRUCTURE által generált valószínűségi értékeken alapuló Delta K érték számítását jelenti. Az eredmények megjelenítéséhez DISTRUCT szoftvert (ROSENBERG, 2004) és annak alapbeállításait alkalmaztuk.

A főkoordináta analízishez (PCoA) és a területi autokorrelációs elemzéshez (Spatial Autocorrelation Analysis) a GenAlEx 6.501 (PEAKALL és SMOUSE, 2006, 2012) szoftvert használtuk. A főkoordináta analízis egy olyan ordinációs elemzési módszer, mely hatékony dimenzió-redukcióra törekedve megadja azokat koordináta tengelyeket, amelyek mentén az adataink leghatékonyabban ábrázolhatóak. A analízis során annyi ordinációs tengelyt állítunk elő, amennyi a távolságmátrixban lévő információ megtartásához szükséges, de ábrázolni legfeljebb 3 koordináta tengely mentén tudunk. A PCoA metrikus, mert az ordinációban megőrzi az objektumok közötti távolságviszonyokat (PODANI, 1997; ARI 2012). Az adatok haploid jellegéből fakadóan a vizsgált összes mintán belül nem volt lehetséges nagy biztonsággal populációk kijelölése, ezért a területi autokorreláció vizsgálata során a WILLIAMS et al. (2007) által alkalmazott eljárást használtuk, amivel a haploid adatok is felhasználhatóak voltak a vizsgálatban. Ennek lényege, hogy mivel nem lehetséges nagy biztonsággal populációk kijelölése, ezért a területi autokorreláció vizsgálata során egyetlen populációnak tekintettük az összes mintát. Ezáltal lehetővé vált, hogy minden egyed önálló egységként kezeljen a program és megvalósulhasson a genetikai és a földrajzi adatok közötti kapcsolat vizsgálata.

A genetikai diszkontinuitás vizsgálatát a BARRIER szoftver (MANNI et al., 2004) segítségével végeztük. A vizsgálatba bevontuk az NCBI gébankból letöltött szekvenciákat is. Az elemzéshez a minták földrajzi koordinátáit és a PCoA analízis során felhasznált genetikai távolság mátrixot használtuk fel. A megfelelő számú barrier kiszámításához egy bootstrap fázis szükséges, azonban a diploid adatok hiánya miatt ennek futtatása nem volt lehetséges. Mivel nem rendelkezünk előzetes információkkal azon földrajzi akadályok pontos számáról, amelyek esetleg akadályozzák a gerlek mozgását, a korábban meghatározott populációk számával megegyező barrier feltételeztünk, ami 14 darabot jelent (barrierék száma = populációk száma -1).

A demográfiai változások vizsgálatához négyféle mutatót alkalmaztunk. A Tajima- D (Tajima's test of selective neutrality) (TAJIMA, 1989) nullhipotézise, hogy a DNS polimorfizmus neutrális mutáció következménye. A modell különböző mintaelemszámokhoz különböző konfidencia intervallumokat rendel, és ha D adott konfidencia intervallumba esik ($P < 0,05$), szignifikánsan eltér 0-tól, akkor elvetjük a nullhipotézist, tehát a polimorfizmust nem neutrális mutáció okozza. Amennyiben nem neutrális a populáció, akkor az előjeltől függően az eltérő következtetéseket vonhatunk le. Ha D értéke negatív, akkor a populáció növekszik, pl. múltbeli palacknyak- vagy

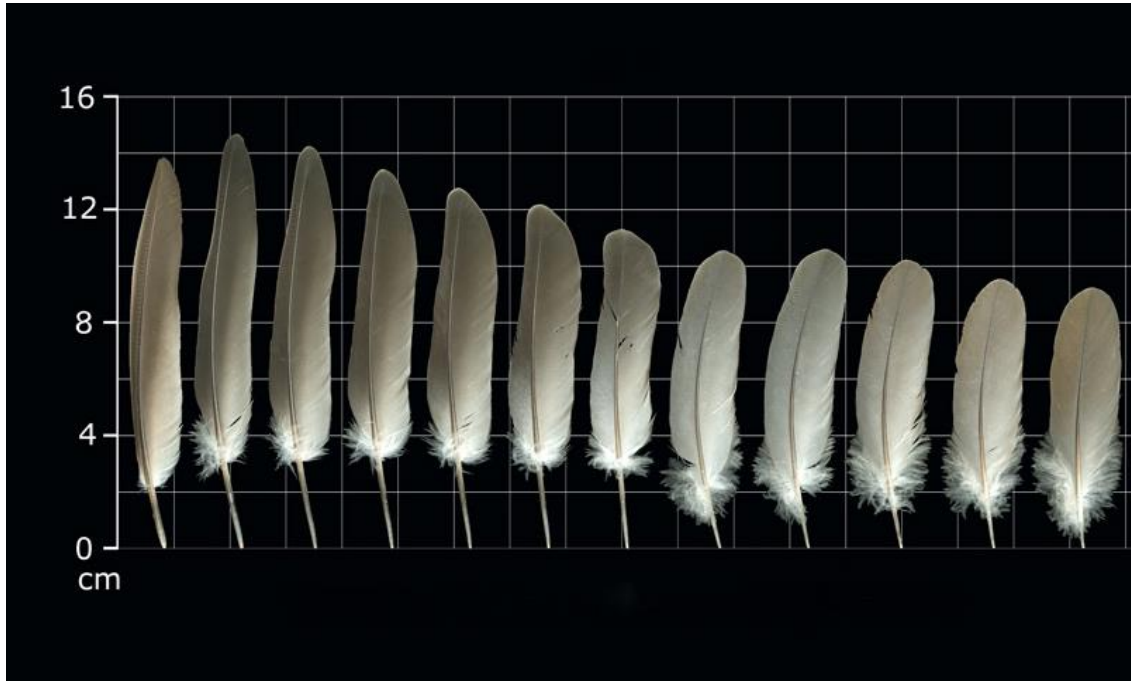
alapító hatást követően, mivel több polimorfizmus hely lesz alacsonyabb frekvenciával jelen, mint az elvárt szint. Ha D pozitív értéket vesz fel, akkor az természetes szelekcióra (esetleg csökkenő populáció méretre) utal. Ebben az esetben alacsony a kis és a nagyon nagy frekvenciával rendelkező polimorfizmusok aránya (TAJIMA, 1989). A mutató statisztikai érzékenysége kis mintaelemszámnál a legnagyobb. A Fu-féle F_s már a haplotípusok eloszlását is figyelembe veszi, ez az egyik legerősebb teszt a populáció növekedés kimutatására, de nagy mintaelemszám szükséges a megbízható alkalmazásához. Kis mintaszám esetében inkább a Tajima- D értékét érdemes figyelembe venni, míg nagyobbakra a Fu féle F_s a használhatóbb (LARSSON et al., 2013; TÓTH, 2014). A mismatch distribution vagy „különbözőségi eloszlásgörbe” (ROGERS és HARPENDING, 1992) a mintában található haplotípusok páronkénti különbségeiből számol eloszlási értéket, ezen felül a váratlan demográfiai, vagy térbeli expanzió számítására a legkisebb-négyzetek módszerét használja (SCHNEIDER és EXCOFFIER, 1999). Folyamatos demográfiai expanzióknál (akár alapító hatást követően) egy csúcsú a görbe és közel Poisson eloszlást mutat, míg a kettő vagy sok csúcsú görbe pedig a differenciált populációkra jellemző (SLATKIN és HUDSON, 1991; ROGERS és HARPENDING, 1992). A teszt nullhipotézise, hogy a genetikai minta állandó létszámú random párosodó populációból származik. A modell valószínűségének megadására a p (SSD) értéket használjuk. A Raggedness érték a mismatch görbe csúcsosságára utaló index (HARPENDING et al., 1993). A Tajima- D , a Fu féle F_s , a Raggedness és a mismatch eloszlás vizsgálata során 100.000-szeres ismétlést alkalmaztunk. Az analíziseket az Arlequin 3.11 szoftver (EXCOFFIER et al., 2005) segítségével futtatuk.

2. táblázat: A morfometriai vizsgálat során használt rövidítések

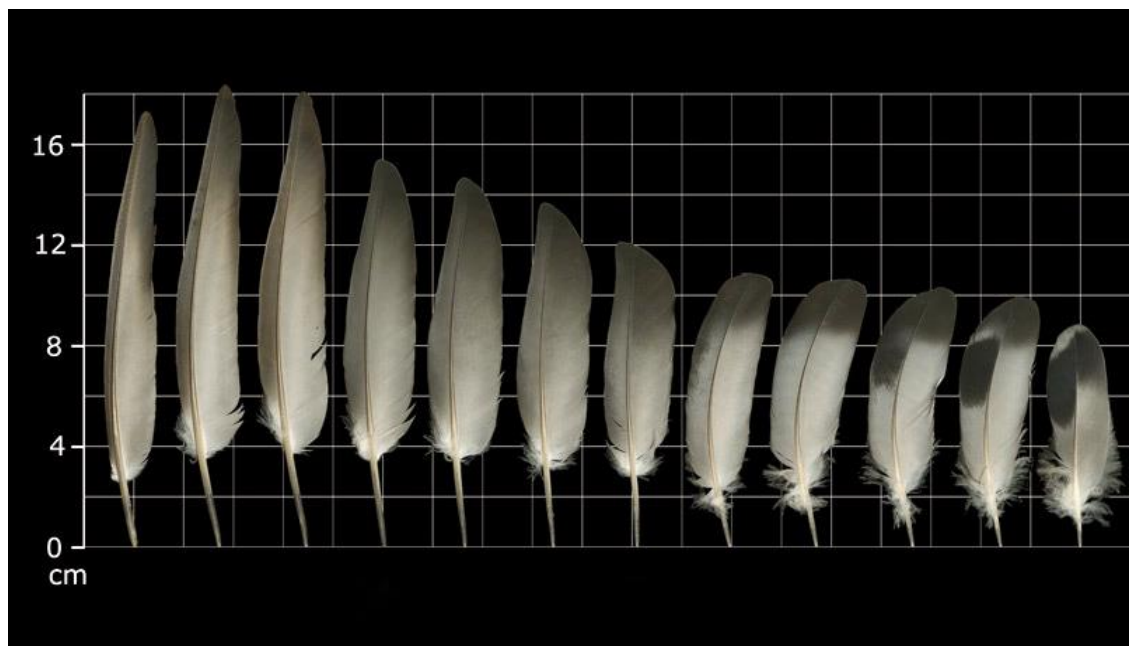
RÖVIDÍTÉS	JELENTÉS
P	elsődleges evező (primary)
PL1-PL10	elsődleges evező (primary), bal oldal (left)
PR1-PR10	elsődleges evező (primary), jobb oldal (right)
LR	tollgerinc hossza (length of rachis)
LCV	teljes zászló hossza (length of complete vane)
WCV	teljes zászló szélessége (width of complete vane)
LIV	belső zászló hossza (length of inner vane)
DIV	belső zászló szélessége (mélysége) (depth of inner vane)
LOV	külső zászló hossza (length of outer vane)
DOV	külső zászló szélessége (mélysége) (depth of outer vane)
LC	cséve hossza (length of calamus)
DC	cséve átmérője (diameter of calamus)

A tollak morfometriai adatait tolómérő (Digital Meßschieber 150 mm) és milliméterpapír segítségével vettük fel. Tollanként 9 méretfelvételi pontot határoztunk meg (9. ábra, 2. táblázat), melyek értékeivel jellemezhető az adott toll. A morfometriai méretek felvételekor kiemelt figyelmet fordítottunk a mérések standardizálására. A tollakat minden esetben vízszintes pozícióban, egyenes felületen, milliméterpapíron ugyanabba a pozícióba helyezve vizsgáltuk. A szélességi méreteket minden esetben a vizsgált paraméter legnagyobb szélességénél vettük fel.

A vizsgálatban felhasználtuk ugyanazon egyed mind a jobb, mind a bal szárnyáról származó tollakat, mivel azok a mintagyűjtés során is egyforma eséllyel fordulhatnak elő. Azonban minden toll pozíció és minden változó esetében egyedileg megvizsgáltuk, hogy a két oldal tollai mutatnak-e statisztikailag szignifikáns különbséget. Az esetek döntő többségében nem mutatkozott szignifikáns különbség a két oldal tollai között, ezért ezekben az esetekben összevonhatónak tekintettük a különböző oldalak tollaira vonatkozó adatsorokat és a továbbiakban egységes adatkészletként elemeztük őket.



10. ábra: Balkáni gerle (*Streptopelia decaocto*) evező tollak (Forrás: THE FEATHER ATLAS, 2016)



11. ábra: Házigalamb (*Columba livia domestica*) evező tollak (Forrás: THE FEATHER ATLAS, 2016)

3.2.2. Statisztikai értékelés

Az összevonnhatóság vizsgálatához párosított t-próbát végeztünk, mellyel az azonos pozícióból, de eltérő oldalról származó tollak változónkénti adatsorainak varianciáit hasonlítottuk össze. A változókon belül a két faj értékeinek statisztikai szempontú elkülönülésének vizsgálatához először Levene teszttel ellenőriztük a csoportok varianciáinak homogenitását, majd azonos varianciák esetében kétmintás t-próbát, eltérő varianciák esetében Welch próbát alkalmaztunk. Az utóbbi próbák megmutatják, hogy két csoport átlagai szignifikánsan különböznek-e egymástól. A változók fajokra jellemző értékeit leíró statisztikai elemzéssel kaptuk meg. Esetünkben a gyakorlati alkalmazhatóság szempontjából ezek közül a konfidencia-intervallum (valószínűségi intervallum) bír kiemelt jelentőséggel, mivel az intervallumbecslés során a minta alapján egy olyan intervallumot határoztunk meg, amely az előre megadott valószínűséggel tartalmazta a becsülni kívánt jellemzőt. Ezáltal olyan intervallumokat kaptunk, melyek adott szignifikancia szint mellett jellemzik az adott fajt. A gyakorlati alkalmazás szempontjából azonban fontos volt a fajok elkülönítéséhez használt változók számának csökkentése. Ezt a legnagyobb magyarázóerővel bíró változók kiemelésével érhetjük el, amihez két statisztikai próbát használtunk fel. Első lépésben a változók fajokhoz mért magyarázóerejét vizsgáltuk diszkriminancia-analízis segítségével. A diszkriminancia-analízis megfigyelési csoportok szétválasztására alkalmas módszer, több kvantitatív változó egyidejű figyelembevételével (FIDY és MAKARA, 2005). A változók legnagyobb magyarázóerőt biztosító kombinációjának kiválasztása pedig az optimális regressziós modell segítségével történt. Jelen vizsgálatban az optimális modell a binomiális logisztikus regresszió volt, mely esetében mennyiségi változók segítségével magyarázunk minőségi változókat. A logisztikus egy olyan regressziós modell, amelyben a függő változó kétértékű kategoriális (dichotóm) változó és a független változók bármilyen típusúak lehetnek: intervallum, ordinális, nominális (LÁZÁR, 2011). Vizsgálatunkban a függő változó két értékét a két faj jelentette, míg a független változókat a tollakon felvett méretek változói jelentették, melyek intervallum típusúak. A modell segítségével az arányskálán mért változók azon kombinációját tudjuk kiválasztani, amely a maximális magyarázóerőt biztosítja a minőségi változók esetében. A logisztikus regresszió a Maximum Likelihood becslést alkalmazza a függő változó logit változóvá transzformálása után. Ebben a vonatkozásban a logisztikus regresszió megbecsüli egy bizonyos esemény bekövetkezésének valószínűségét. Az elemzést Forward Stepwise

módszerrel végeztük. Az eljárás a megadott változók közül próbál mindig egy újabbat bevonni a modellbe (esetleg egy már bevontat el is hagyhat) az F-próba segítségével. Ha az F értéke nagyobb, mint a beállított érték, akkor megtörténik a változó bevonása, s kezdődik előlről az eljárás (FIDY és MAKARA, 2005). A statisztikai vizsgálatokhoz minden esetben az SPSS 21.0 szoftvert használtuk (IBM, 2012).

4. EREDMÉNYEK

4.1. mtDNS vizsgálat

4.1.1. Genetikai diverzitás mutatók

Az összes 134 mintát vizsgálva 171 polimorfizmust és 52 haplotípust találtunk. Az összes minta esetében a haplotípus diverzitás $0,843 (\pm 0,037)$, a nukleotid diverzitás értéke pedig $0,026 (\pm 0,013)$ volt. Az In/Del pozíciók száma 2 volt. A szekvenciák polimorf helyeit és a polimorfizmusokat a 2. számú melléklet mutatja be. A genetikai diverzitás és a genetikai szerkezet vizsgálatához 15 priori populációt jelöltünk ki az anyag és módszer fejezetben részletezett szempontok alapján. A törekvések ellenére néhány priori populáció elemszáma között nagy különbség alakult ki és egyes esetekben a diverzitás mutatóik is nagy szórást mutattak. Annak eldöntésére, hogy van-e statisztikailag is igazolható összefüggés a mintaszám és a variabilitás mértéke között, Pearson-féle korrelációs együttható segítségével korrelációs vizsgálatot végeztünk. A vizsgálat eredményeit a 3. táblázatban foglaltuk össze. Ebből kiolvasható, hogy az elemszám és a haplotípusok száma között egyenes arányú, magas korreláció áll fenn szignifikánsan. A többi diverzitás mutató tekintetében a korreláció szintje azonban gyenge kapcsolatot mutatott és az eredmények sem voltak szignifikánsak. Összegezve kijelenthetjük, hogy a priori populációk eltérő elemszamai a haplotípusok számának kivételével nem gyakoroltak jelentős torzító hatást a különböző diverzitás indexek értékeire.

3. táblázat: Az elemszámra és a diverzitás indexekre vonatkozó Pearson korreláció a priori populációk tekintetében

	Elemszám (n)	Szignifikancia szint
Polimorfizmusok száma	0,376	0,171
Haplotípusok száma (Ht)	0,891	0,000
Haplotípus diverzitás (H_d)	0,329	0,236
Nukleotid diverzitás (π)	-0,211	0,351

A 15 priori populáció genetikai diverzitás mutatói a 4. táblázatban kerültek bemutatásra. A legmagasabb haplotípus diverzitást a nyugat-magyarországi

populációban (Pop7) mértük (1,000), de a többi populáció esetében is magas értékeket kaptunk. A legalacsonyabb haplotípus diverzitás a holland populációban (Pop11) volt mérhető. Ebben csak a Ht1 haplotípus jelent meg. Az irodalmi adatok alapján Hollandiából származó karibi populációban a Ht1 frekvenciája (70%) szintén magas volt. A nukleotid diverzitás értéke mind a 15 populációban alacsony értéket mutatott. A későbbi eredmények indokoltá tették a populációk régiókba való besorolását is. Ezen régiók szekvenciáinak diverzitásmutatóihoz tartozó értékeiket, úgy mint, a polimorfizmusok számát, a haplotípusok számát (Ht), a haplotípusok diverzitás értékét (H_d), a nukleotid diverzitás értékeket (π), valamint az In/Del pozíciók számát szintén a 4. táblázatban foglaltuk össze. Nagyobb földrajzi régiókat is meghatároztunk, így Dél-Kelet-Európában 7 haplotípus és 117 polimorfizmus jelent meg. A haplotípus diverzitás 0,964-os ($\pm 0,077$), a nukleotid diverzitás 0,064-os ($\pm 0,036$) értéket vett fel. Közép-Európában 33 haplotípus, 118 polimorfizmus jelenlétét, valamint 0,871-os ($\pm 0,035$) haplotípus diverzitás- és 0,023-os ($\pm 0,012$) nukleotid diverzitás értékeket sikerült kimutatni. A nyugat-európai populációkban összesen 20 haplotípust találtunk 111 polimorfizmus mellett. A haplotípus diverzitás $0,836 \pm (0,061)$, a nukleotid diverzitás értéke pedig 0,023 ($\pm 0,012$) volt. A közép-amerikai populáció esetében 4 haplotípus mellett 82 polimorfizmust, 0,491-os ($\pm 0,175$) haplotípus diverzitás és 0,024-os ($\pm 0,013$) nukleotid diverzitás érték volt kimutatható. Összességében elmondható, hogy mind a populációk, a földrajzi régiók, mind az összes szekvencia együttes vizsgálata esetén, a minták számához viszonyítva magas a polimorfizmusok és haplotípusok száma. A közép-amerikai populáció esetében haplotípus diverzitás jelentősen alacsonyabbnak bizonyult a többi földrajzi régióéval összevetve, azonban még így is magas értéknek számít. Az eltérés oka valószínűleg azzal magyarázható, hogy az itteni populáció a legfiatalabb, mindössze az 1970-es évek óta van jelen a faj a régióban. A haplotípusok nagy száma nem egyedülálló jelenség a galambalakúak között. Korábban CALDERÓN et al. (2016) írt le hasonló arányokat, amikor 95 vadgerle citokróm-b szekvenciáinak vizsgálata során összesen 40 haplotípust talált. Ugyanígy jellemző szinten minden csoportosításra a magas haplotípus diverzitás mellett az alacsony nukleotid diverzitási érték, ami az egyik jellemzője a kis effektív populációméretből (palacknyak- vagy alapító hatás után) induló gyors demográfiai expanzióknak. A palacknyak hatás jeleit CALDERÓN et al. (2016) is felfedezte a vadgerle demográfiai történetének vizsgálata során. Ő egy jelentős és szélsőséges fluktuációról számol be az effektív populáció méret (N_e) esetében, melynek molekuláris genetikai jelei azonban ma már kevésbé észlelhetőek.

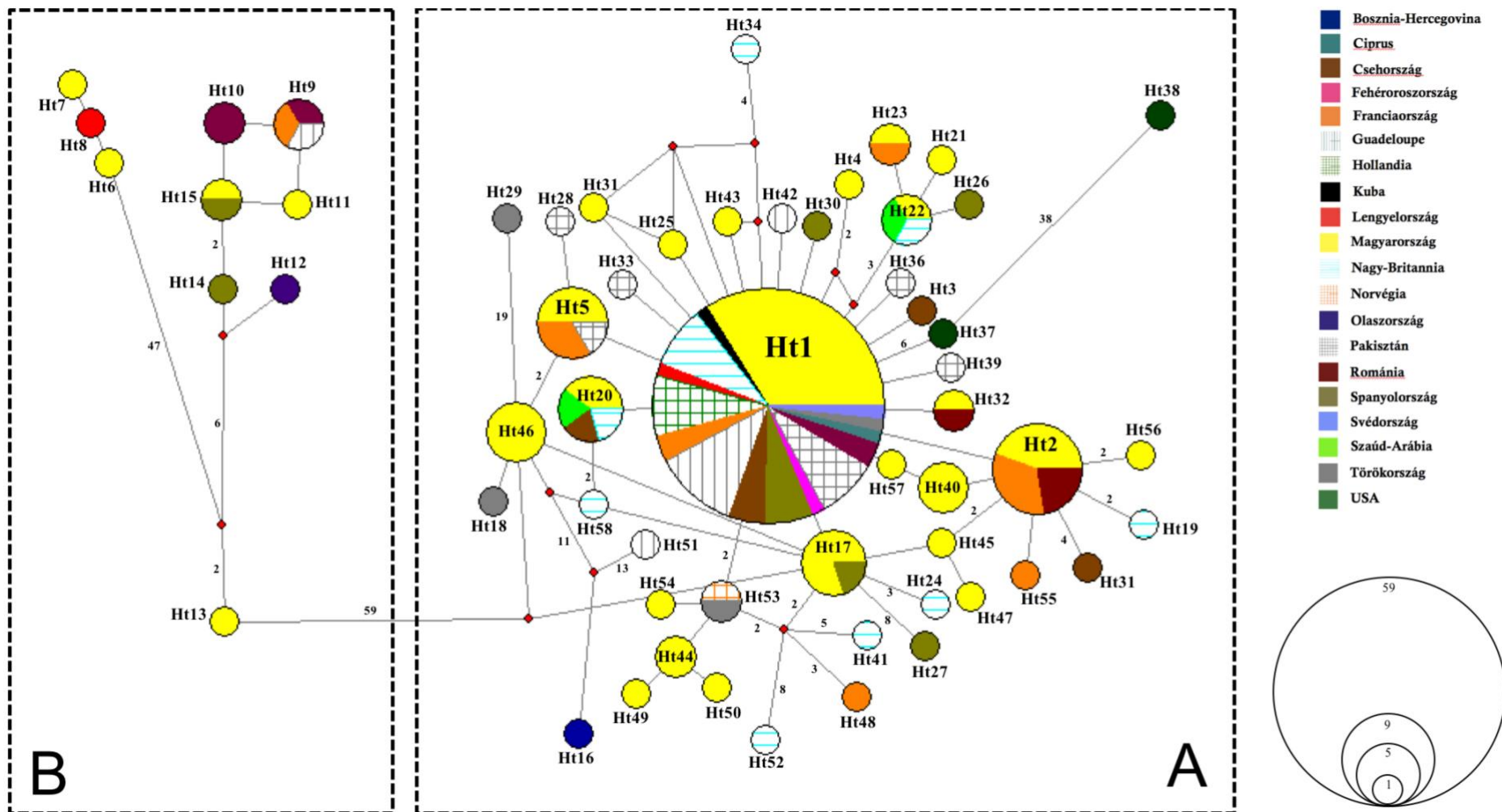
4. táblázat: A vizsgálatban szereplő szekvenciák molekuláris diverzitás indexei

Indexek Csoportok	Elemszám (n)	Polimorfizmusok száma	Haplotípusok száma (Ht)	Haplotípus diverzitás (H _d) ± SD	Nukleotid diverzitás (π) ± SD	In/Del pozíció
Pop1	6	67	3	0,7333±0,155	0,035±0,021	2
Pop2	5	6	4	0,900±0,161	0,004±0,003	0
Pop3	7	3	4	0,810±0,130	0,002±0,002	2
Pop4	10	78	7	0,867±0,107	0,042±0,022	2
Pop5	7	76	5	0,905±0,103	0,054±0,031	2
Pop6	24	79	14	0,899±0,048	0,012±0,006	2
Pop7	10	73	10	1,000±0,045	0,025±0,014	2
Pop8	6	7	4	0,800±0,172	0,004±0,003	0
Pop9	8	113	7	0,964±0,077	0,065±0,036	2
Pop10	3	68	2	0,667±0,314	0,069±0,052	2
Pop11	4	0	1	0,000±0,000	0,000±0,000	0
Pop12	11	83	7	0,909±0,066	0,025±0,013	2
Pop13	10	86	7	0,867±0,107	0,044±0,024	2
Pop14	12	29	8	0,845±0,104	0,010±0,010	2
Pop15	11	82	4	0,491±0,175	0,024±0,013	2
Nyugat- Európa	37	111	20	0,836±0,061	0,023±0,012	2
Közép- Európa	78	118	33	0,871±0,035	0,023±0,012	2
Dél-Kelet- Európa	8	113	7	0,964±0,077	0,064±0,036	2
Közép- Amerika	11	82	4	0,491±0,175	0,024±0,013	2
A csoport	120	93	42	0,804±0,037	0,006±0,003	2
B csoport	14	62	10	0,945±0,045	0,034±0,018	0
összes minta	134	171	52	0,843±0,037	0,026±0,013	2

A Network Median-Joining analízissel készített 12. ábra a vizsgálatban szereplő egyedek haplotípusainak kapcsolatát mutatja. Az ábrán szembevetendő az 1-es haplotípusba

(Ht1) tartozó egyedek nagy száma (44,03%). BAJC et al. (2011) a siketfajd (*Tetrao urogallus*) vizsgálata során megemlíti, hogy a Network fa csillagszerű topográfiája, mely esetében egy központi haplotípushoz (jelen vizsgálatban a Ht1 jelű) sugárirányban kapcsolódik a többi, jellemző a demográfiai expanzióra. A 12. ábra "A" részén szintén megfigyelhető ez a csillag szerű elrendeződés. Jelen esetben a Ht1 haplotípus a legvalószínűbb közös ős. Az ábrán azonban már kisebb, távolabbi csoportok is kirajzolódnak, különösen az ábra "B" jelű részén, amit akár a kialakulóban lévő genetikai izoláció jeleként is értelmezhetnénk (JOSHI, et al. 2013; TÓTH, 2014). Ennek igazolását azonban más vizsgálatok eredményeinek is támogatniuk kell. A későbbiekben részletesen foglalkozunk ezekkel is.

A Ht1 haplotípus jelen volt a felhasznált szekvenciák származási helyeinek 75%-ában. A haplotípus központi elhelyezkedése és földrajzi elterjedése miatt valószínűleg a legősibb haplotípust képviseli, ahogy a hasonló jellemzők más fajok esetében is erre utalnak (POSADA és CRANDALL, 2001; NI et al., 2015). A többi haplotípus korlátozott földrajzi eloszlása a populációk közötti genetikai differenciálódás folyamatának léteire utalhat (SUN et al., 2015). A COI haplotípusok hálózata és a földrajzi eloszlás között nem lehetett egyértelmű mintázatot kimutatni.



12. ábra: Network Median-Joining ábra a haplotípusok kapcsolatairól. A különböző színek a haplotípusba tartozó minták származási helyeit jelölik. A haplotípusokat jelző körök mérete az egyedek számával arányos. Az ágak hosszai nem reprezentálják minden esetben az evolúciós távolságot, a rajtuk levő számok a mutációk számát jelölik

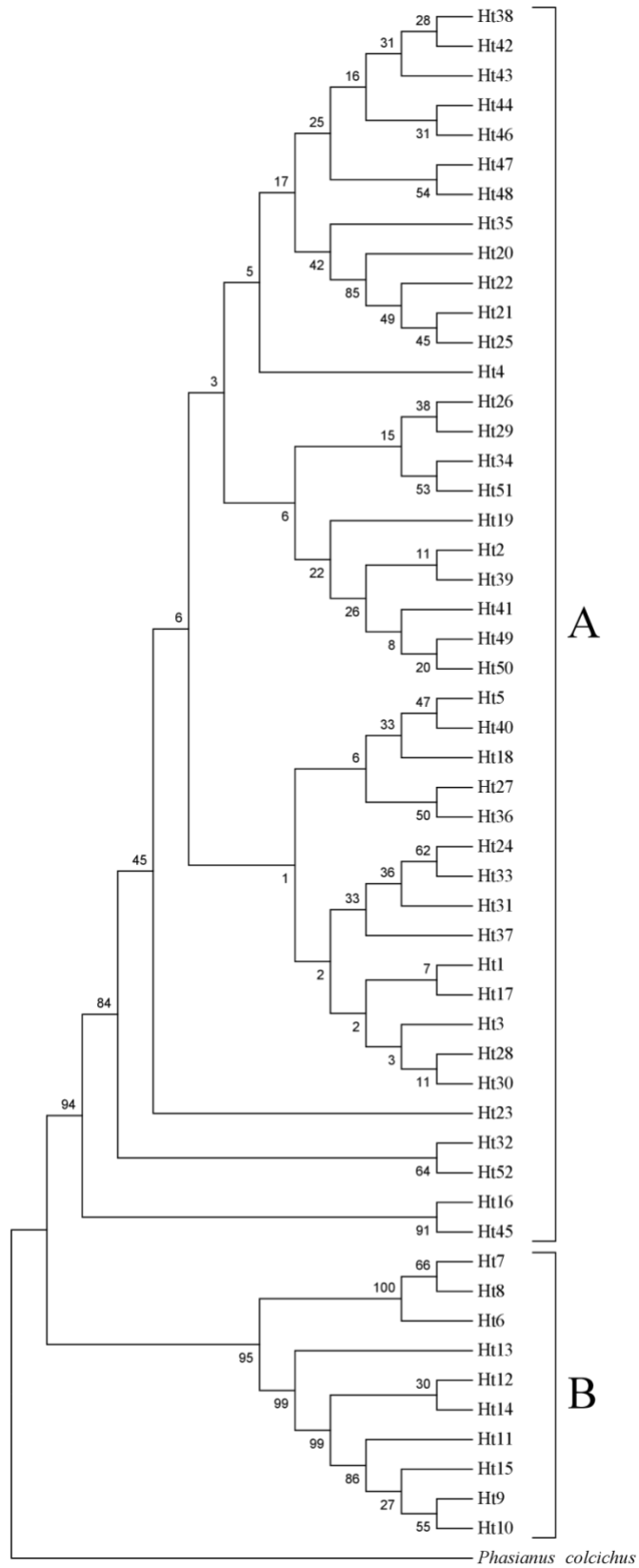
4.1.2. Genetikai szerkezet vizsgálat

4.1.2.1. A vizsgált populációk genetikai szerkezete

A populációk genetikai szerkezetének vizsgálatára az AMOVA teszt szolgált. Az 5. táblázatban feltüntetett eredmények alapján kitűnik, hogy a priori populációk földrajzi alapú csoportosítása esetén a variancia túlnyomó része (98,55%) a populációkon belülről ered. Ha a Network Median-Joining ábra és a Mega6-ban készített Maximum Likelihood fa –mely a haplotípusok filogenetikai kapcsolatait szemlélteti (13. ábra)– által támogatott genetikai csoportok ("A" és "B") esetében kerestük a variancia forrását akkor az a csoportok között (91,25%) volt jelentős. A két csoport diverzitás indexei a 4. táblázatban találhatóak. Értékeik hasonlóak a földrajzi alapon végzett csoportosítások esetében mértékkel. A teljes mintaszám együttes vizsgálata során szintén a populációkon belüli variancia volt jelentős (98,7%). Ezek az eredmények azt támogatják, hogy a fajban jelenlévő genetikai variancia elsősorban a populációkon belül, az egyedek szintjén van jelen. Az AMOVA analízis alapján földrajzi alapú izoláció nem mutatható ki a populációk között.

5. táblázat: Az AMOVA eredménye a priori populációk különböző szempontú csoportosításai esetén

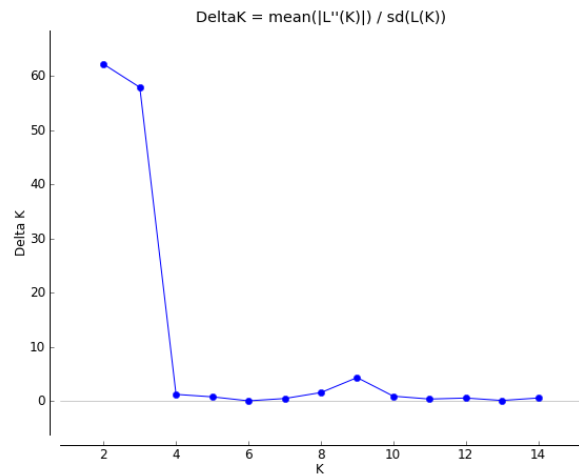
Földrajzi alapú megosztás (Nyugat-, Közép-, Dél- Kelet-Európa és Közép Amerika)	Variancia forrása	df	Négyzetösszeg	Variancia elemek	Variancia (%)	F-statisztika	P
	Csoportok között	3	30,249	0,035	0,420	F _{ST} : 0,010	0,007
	Régiók között csoportokon belül	11	99,363	0,087	1,000	F _{SC} : 0,015	0,000
	Populációkon belül	9	988,089	8,303	98,550	F _{CT} : 0,001	0,145
Genetikai alapú megosztás (A és B csoport)							
	Csoportok között	1	743,68	29,546	91,25	F _{ST} : 0,912	0,000
	Csoportokon belül	132	374,021	2,834	8,750		
Teljes mintaszám							
	Populációk között	14	129,613	0,109	1,300	F _{ST} : 0,013	0,284
	Populációkon belül	119	988,089	8,303	98,700		



13. ábra: A COI szekvencia értékei alapján rajzolt Maximum Likelihood bootstrap konszenzus fa

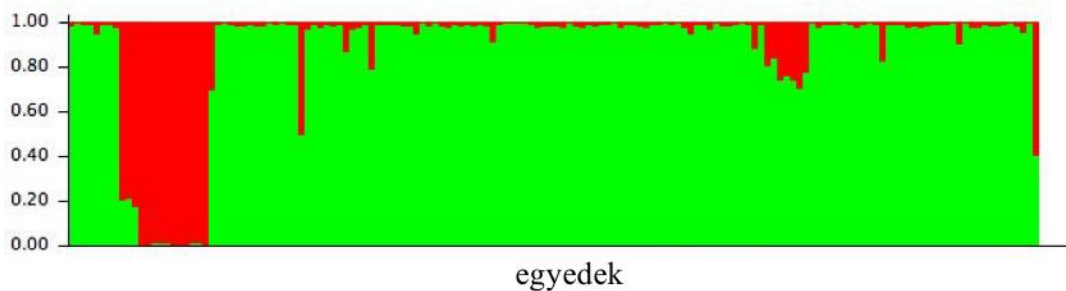
4.1.2.2. Klaszteranalízis

A genetikai klaszterek számát és összetételét a STRUCTURE (FALUSH et al., 2003) programcsomaggal vizsgáltuk. Az összes priori populációt összehasonlítva (K: 1-15) a Delta K viszonylatában a K érték a K=2-nél érte el az első csúcsot, majd a második csúcsot K=3-nál (14. ábra). Az ábra alapján a K=2 csoportosítás a legvalószínűbb, ezt az ábrán a legmagasabb csúcs jelöli. A 15. ábra a K=2 csoportosítás eredményeit



14. ábra: Az Evanno módszerrel számított delta K értékeinek ábrázolása a legvalószínűbb csoportosítás meghatározására

mutatja, melyen zöld és piros színnel jelölte a program a két genetikai klasztert. Az egyes oszlopok magassága pedig a klaszterba való tartozás valószínűségét adja meg. Az azonos genetikai klaszterba sorolt minták és azok földrajzi származása között nem volt megfigyelhető összefüggés, tehát a genetikai és földrajzi adatok között ebben az esetben sem sikerült korrelációt kimutatni. A K=2 csoportosítás pedig azt az eredményt erősíti, hogy a faj populációi között nincsenek jelentős genetikai különbségek.

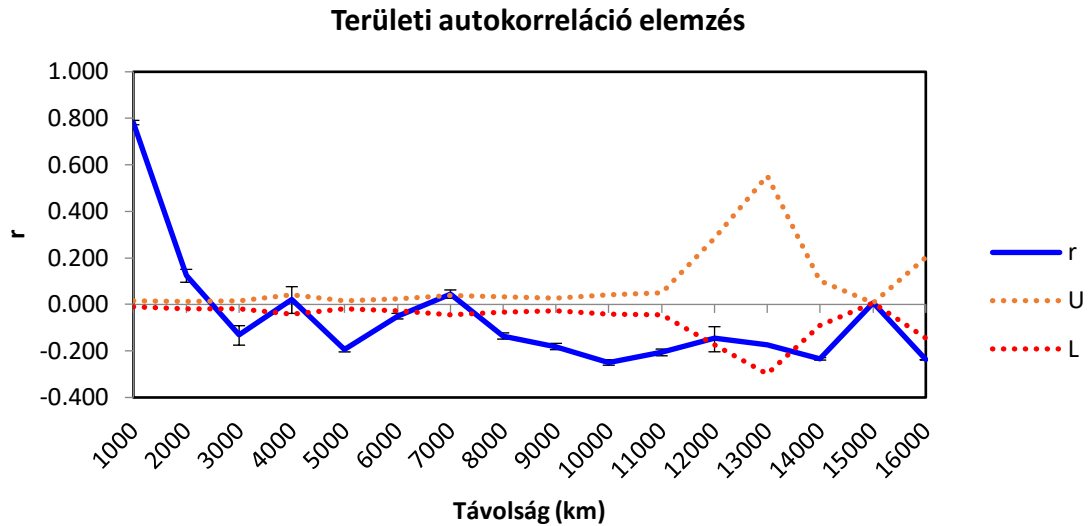


15. ábra: A klaszteranalízis (K=2) eredménye a vizsgált összes minta esetében

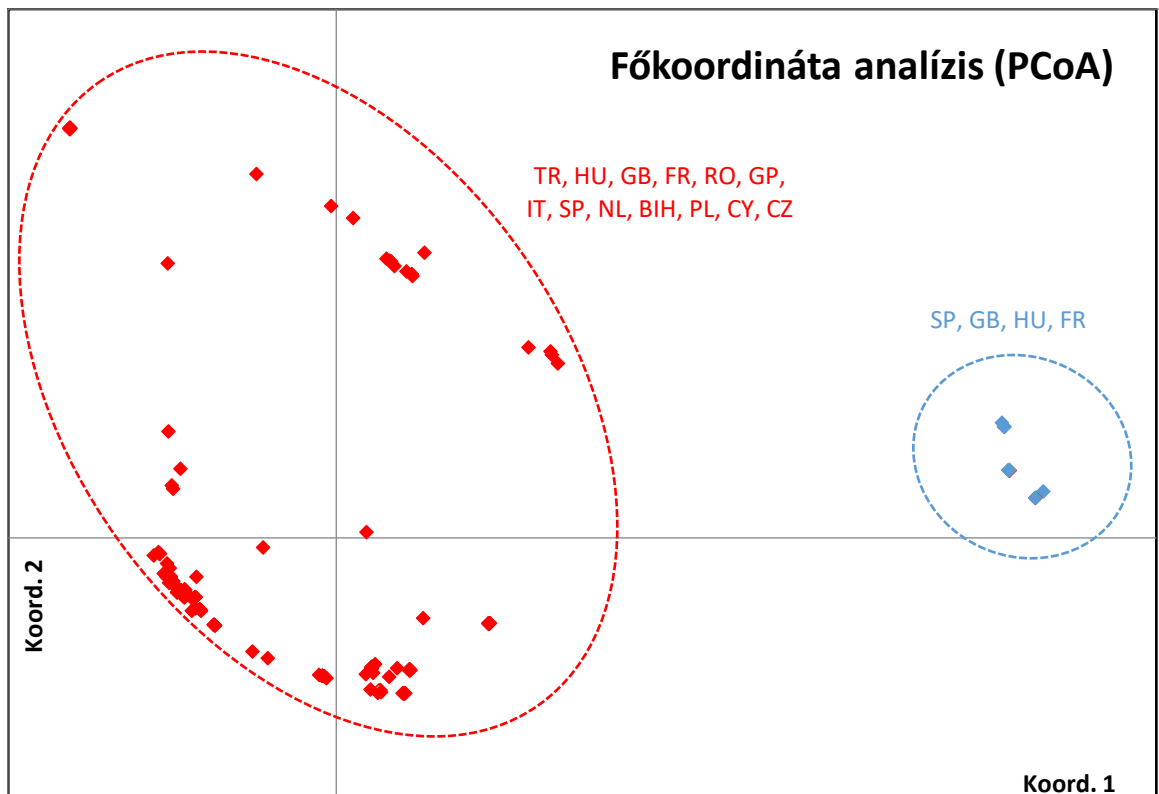
4.1.2.2. Térszerkezet analízis

A genetikai és földrajzi távolságok közötti esetleges korreláció vizsgálatához területi autokorrelációs elemzést és főkoordináta analízist (PCoA) végeztünk.

A területi autokorreláció vizsgálata során a WILLIAMS et al. (2007) által alkalmazott eljárást használtuk, amivel a haploid adatok is felhasználhatóak voltak a vizsgálatban. Ennek lényege, hogy mivel nem lehetséges nagy biztonsággal populációk kijelölése, ezért a területi autokorreláció vizsgálata során egyetlen populációnak tekintettük az összes mintát. Ezáltal lehetővé vált, hogy minden egyedet önálló egységként kezeljen a program, és megvalósulhasson a genetikai és a földrajzi adatok közötti kapcsolat vizsgálata. A területi autokorrelációt bemutató 16. ábrán az “U” és “L” vonalak jelölik a nullhipotézis (nincs térbeli struktúra) 95%-os konfidencia értékeit. Az “r” a korrelációs együtthatót ábrázolja. Ahogy az a 16. ábrán is látható, 2000 km-es ($r=0,124$; $P=0,001$) távolságig lehetett pozitív korrelációt kimutatni a genetikai differenciálódás és a különböző földrajzi területek között. Ez arra utal, hogy az egyedek között eddig a távolságig mutatható ki genetikai struktúráltság, ezen túl, negatív korreláció esetén pedig megszűnik a génáramlás (ÁLVARES-CARVALHO et al., 2016). A korreláció mértéke az 1000 km-es távolság osztályban meglehetősen magas ($r=0,781$; $P=0,001$) értéket vett fel, majd meredek csökkenést mutatott. Egy ilyen mozgékony faj esetében, mely egyedeinek nem jelent problémát nagyobb távolságok megtétele, számítani lehetett a nagy területi kiterjedésű populációk létrejöttére. A korrelációs együttható meredekségéből viszont valószínűsíthető lehet, hogy a populáció határokat az 1000 km-es távolságérték alatt kell keresni. Az erre vonatkozó adatok pontosítása kisebb kiterjedésű mintaterületek kijelölésével és azokon belül nagyobb elemszám alkalmazásával válna lehetővé. A főkoordináta analízis (PCoA) eredményeit a 17. ábra mutatja be. Az ábrán kirajzolódó különböző klaszterekben az egymástól nagy földrajzi távolságban gyűjtött minták is megjelennek. Ebből az következik, hogy a balkáni gerle esetében még nem alakultak ki az egyes földrajzi régiókra jellemző genetikai struktúrák. Eredményeink alapján nem sikerült terjedési mintázatot kimutatni. Ezt egyrészt magyarázhatja a faj időben rendkívül közeli expanziója, másrészt egyáltalán nem is biztos, hogy a Galambformák (*Columbinae*) esetében találunk ilyen genetikai nyomokat. CALDERÓN et al. (2016) a vadgerle három különböző migrációs útvonalán vizsgálta a populációkat, és nem talált azokhoz köthető, egyedi genetikai struktúrákat.



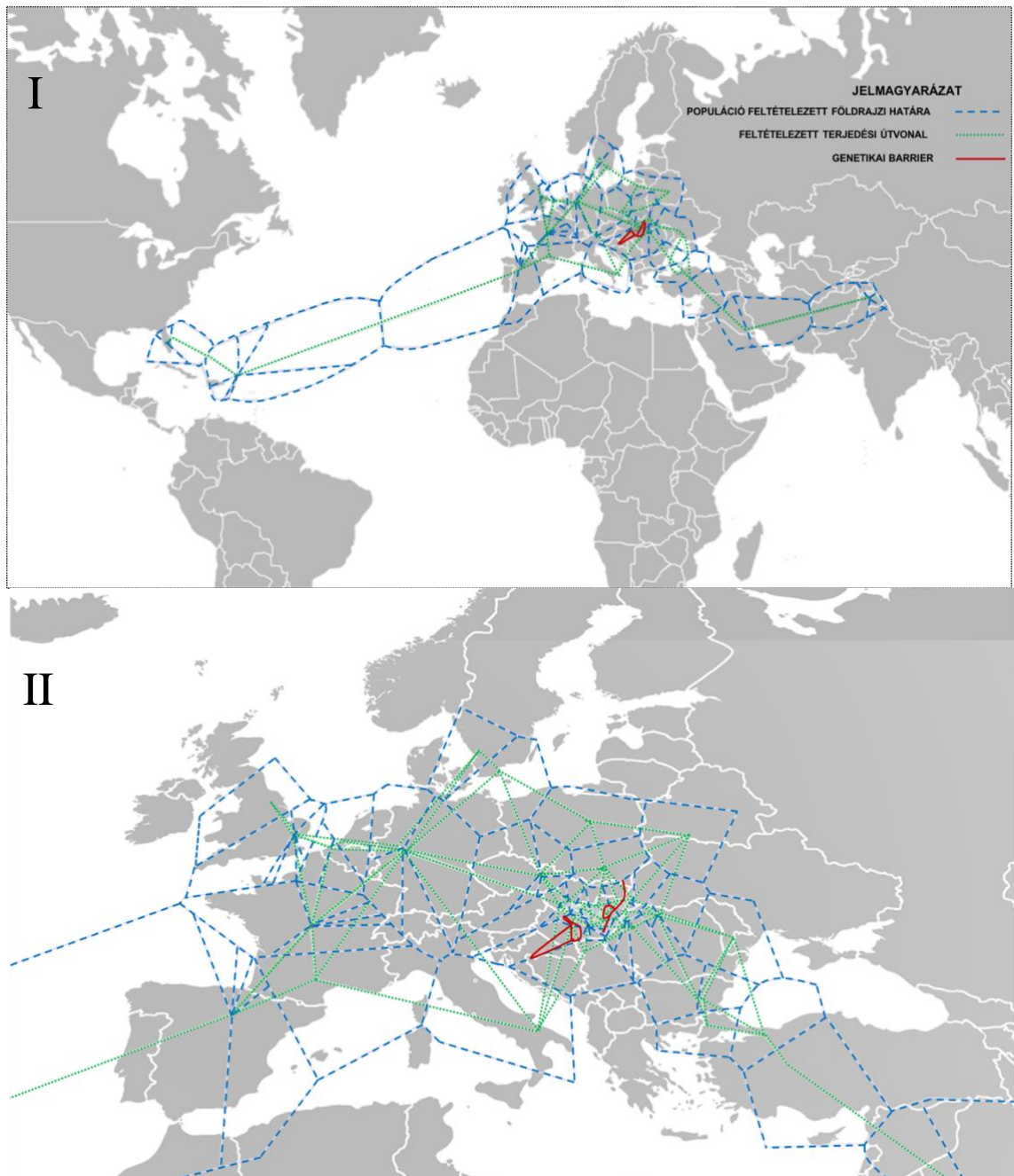
16. ábra: Területi autokorrelációt bemutató korrelogram. Az ábra a genetikai korreláció értékeit ábrázolja a távolság függvényében. Korrelációs együttható (r), hiba felső korlátja (U), hiba alsó korlátja (L), Bootsrap ismétlés 1000, $P < 0,001$



17. ábra: Főkoordináta analízis (PCoA) a genetikai és földrajzi távolságok közötti korreláció alapján. A származási országokat kódoló rövidítések jelentéseit az 1. melléklet tartalmazza

4.1.2.3. Genetikai diszkontinuitás vizsgálat

A genetikai diszkontinuitás vizsgálatához a BARRIER szoftvert (MANNI et al., 2004) alkalmaztuk. Ehhez a minták földrajzi koordinátáit és a PCoA analízis során felhasznált genetikai távolság mátrixot használtuk fel. A 18. ábra a feltételezett terjedési útvonalakat, a feltételezett populáció határokat és a rejtett genetikai barriereket ábrázolja Európában. A 18. ábra I-es része egy áttekintő képet ad a teljes vizsgálati területről, míg a II-es rész



18. ábra: A genetikai és földrajzi izoláció összefüggései a vizsgálati területen

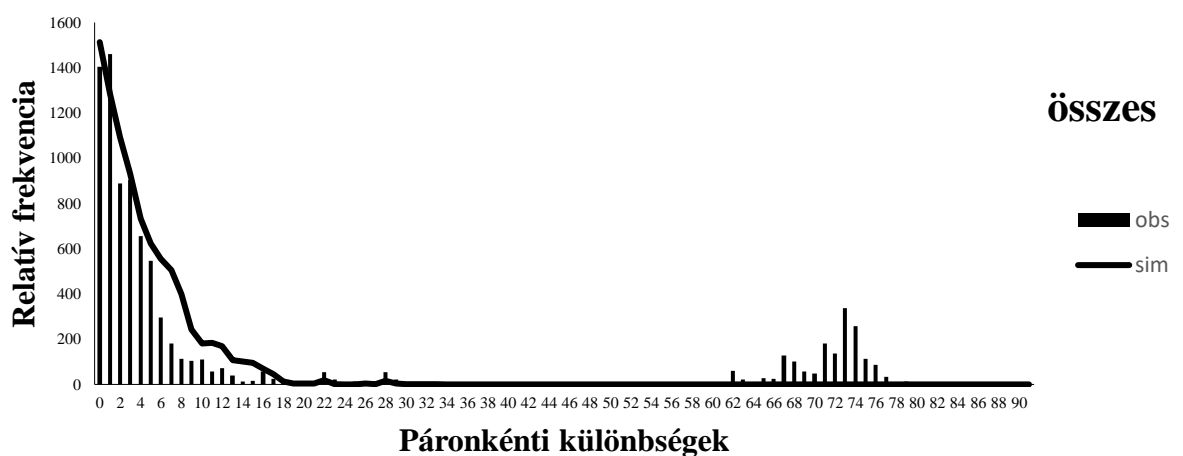
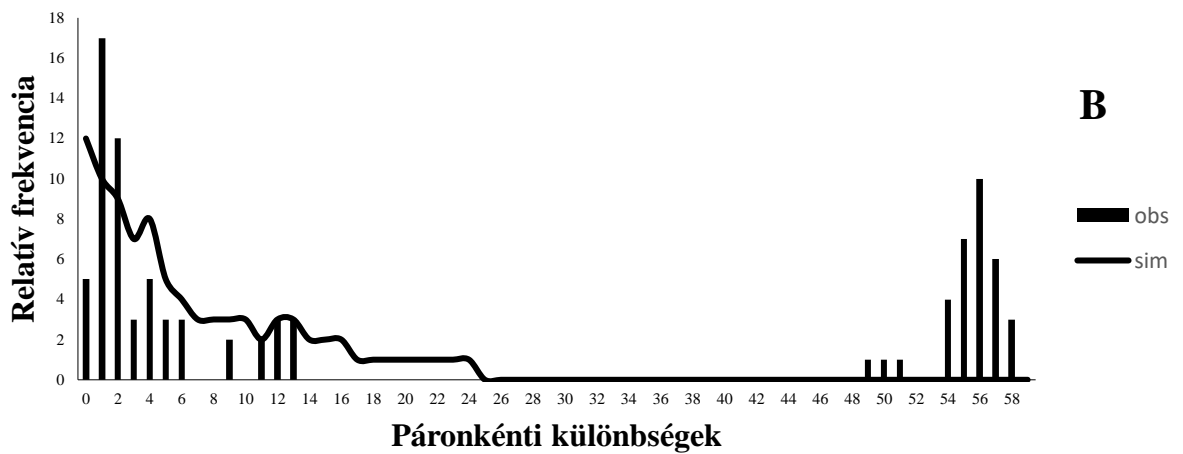
egy részletesebb felbontást ad Európáról. Az ázsiai és amerikai kontinensen az alacsony elemszám miatt sem lehetett genetikai izoláltság nyomait kimutatni. Az amerikai populáció esetében az is magyarázatot jelenthet, hogy az Európából való betelepítés óta eltelt pár évtized nem volt elegendő ahhoz, hogy jelentős genetikai különbségek alakuljanak ki. Genetikai barriereket egyedül Magyarország területén sikerült azonosítanunk. Egy populációt az Alföld keleti részén sikerült lehatárolnunk, míg egy másikat Dél, Délnyugat-Magyarországon. Érdekes kérdést jelent ezen populációkkal kapcsolatban, hogy milyen okok vezettek elhatárolódásukhoz a környező populációktól, hiszen látható földrajzi korlátai nincsenek az egyedek mozgásának. A közöttük lévő földrajzi távolság sem jelenthet a gerlék számára leküzdhetetlen akadályt, hiszen eredményeim alapján akár 2000 km-es távolságig is kimutatható lehet a génáramlás a populációk között. Ennek tudatában az említett populációk közötti génáramlás alacsony szintjére másban kell keresnünk a magyarázatot. A diszperziós viselkedés csökkent aktivitása kézenfekvő magyarázatot jelenthet. Tudvalevő, hogy Kelet- illetve Dél-, Délkelet-Magyarországon a balkáni gerlék számára talán legkedvezőbb élőhelytípusok (intenzív mezőgazdasággal rendelkező vidéki környezet) nagy számban találhatóak meg. A környezeti okokra visszavezethető diszperzió tehát nem lehet jelentős. Ugyanakkor a populációkból történő kivándorlás a populáció sűrűségének növekedésével fokozódik. Jó minőségű élőhelyen a sűrűség nőni fog, ez pedig – figyelembe véve a hímek territorialitását is – kedvez a populációból történő kivándorlásnak. Az új területekre való eljutást biztosító migrációban jelentős szerepe van a juvenil egyedek kóborlásának is. Figyelembe kell azonban venni, hogy a hazai viszonyok között már csak benépesített élőhelyeket találhatnak ezek a gerlék is, ami helyben maradásuk esélyét nagyban csökkenti, így még ha a két populáció egyedei el is jutnak a másik területre, az nem feltétlenül jelenti azt, hogy ott sikeres párkeresés után fészkelőhelyhez is jutnak és a populáció részévé válnak nagy számban. Be kell látni, hogy jelenleg nem rendelkezünk elegendő ismerettel, az említett populációk genetikai határainak kialakulásában szerepet játszó tényezőket illetően. A kérdés részben már túl is mutat a disszertáció célkitűzésein. Megnyugtató válaszokat további vizsgálatok után kaphatunk majd, amelyek körébe éppúgy beletartoznak a gyűrűzéssel vagy GPS telemetria segítségével végzett kutatások, mint a genetikai vizsgálatok folytatása további markerek és minták bevonásával.

4.1.2.4. Demográfiai változások

Az összes szekvenciát együtt vizsgálva a Tajima- D és Fu féle F_s értéke is negatív értéket vett fel de egyik esetben sem szignifikáns az eredmény, bár a Tajima- D esetében közel szignifikánsnak ($P=0,03$) mondható (6. táblázat). Ezek az értékek nem támogatják az expanziót, azonban figyelembe kell venni, hogy alacsony elemszámmal dolgoztunk, ilyen esetekben pedig a Raggedness értékét nagyobb súllyal érdemes az értékelés során figyelembe venni. Az összes minta esetében sem a mismatch eloszlás sem a Raggedness érték nem mutatott szignifikáns eredményt, (6. táblázat) itt azonban ez a múltbéli expanzió meglétét támasztja alá (JOSHI, et al. 2013). Az eloszlási görbe ugyanakkor több csúccsal rendelkezik (19. ábra), ami arra utal, hogy az elterjedési területen kialakulhattak izolálódott populációk (ROQUES és NEGRO, 2005; TÓTH, 2014). Így amikor az általunk kimutatott két genetikailag elkülönülő csoportot külön vizsgáltuk, akkor az "A" csoport esetében a Tajima- D és a Fu féle F_s negatív és szignifikáns értéke, valamint a Raggedness nem szignifikáns értéke (6. táblázat) és a mismatch eloszlás egycsúcsú görbéje egyértelműen megerősíti a közelmúltban bekövetkezett demográfiai expanziót. A "B" csoport esetében az SSD és Raggedness érték szintén az expanziót támogatja. Látható, hogy a neutralitás tesztek, a mismatch eloszlás és a Raggedness érték együttes alkalmazásával az "A" csoporttól eltérően, nem sikerült a demográfiai expanzió egyértelmű genetikai nyomait kimutatni. Nem zárható ki, hogy a "B" csoportra jellemző eltérő értékek torzító hatással vannak az összes minta együttes értékelése során tapasztalt eredményekre is. Figyelembe véve azt, hogy a "B" csoportban mért elem- és haplotípus szám nagyságrendileg különbözik az "A" csoporttól, javasoljuk a "B" csoportra vonatkozó ezen eredmények fenntartásokkal való kezelését mindaddig, amíg más eredmények meg nem erősítik, vagy éppen meg nem cáfolják azok helyességét.

6. táblázat: Neutralitás tesztek és mismatch eredményei

Csoport	Netralitás teszt				Mismatch			
	Tajima- D	P	Fu- F_s	P	SSD	P	Raggedness	P
A	-2,606	0,000	-25,914	0,000	0,414	0,000	0,010	1,000
B	0,674	0,779	1,811	0,787	0,050	0,590	0,043	0,800
Összes	-1,566	0,030	-6,399	0,121	0,010	0,980	0,007	0,990



19. ábra: Mismatch eloszlás görbék a két genetikailag eltérő csoport és a teljes vizsgált állomány (obs. tapasztalt érték, sim. elvált érték)

4.2. Morfometriai vizsgálat

4.2.1. Cséve átmérője (DC)

A cséve átmérőjének szárnyankénti vizsgálata esetében szignifikáns ($P < 0,05$) különbséget csak a gerlék P4-es tollai esetében találtunk, így ezt a toll pozíciót mellőztük a DC változó vizsgálatokor. A többi toll pozíciójának esetében nem volt szignifikáns különbség az oldalak között, így a két szárnyról, de azonos pozícióból származó tollak adatsorai összevonhatónak mutatkoztak.

A DC változó fajonkénti vizsgálatának eredményét a 7. táblázat mutatja be, melyből kiolvasható, hogy minden vizsgált toll pozíció átlagai esetében szignifikáns különbség ($P < 0,001$) mutatható ki a két faj között.

7. táblázat: Független mintás t-próba eredményei a DC változó esetében (n.a. - nincs adat, ns - nem szignifikáns, * $P < 0,05$; ** $P < 0,01$; *** $P < 0,001$)

Változó		Levene teszt		t-teszt
		P	t	szignifikancia szint
P10DC	Egyenlő varianciákat feltételezve	0,115	-5,994	***
P9DC	Egyenlő varianciákat feltételezve	0,066	11,749	***
P8DC	Egyenlő varianciákat feltételezve	0,145	14,816	***
P7DC	Egyenlő varianciákat feltételezve	0,052	11,773	***
P6DC	Egyenlő varianciákat feltételezve	0,335	-8,968	***
P5DC	Egyenlő varianciákat feltételezve	0,177	-7,040	***
P4DC	Egyenlő varianciákat feltételezve	n.a.	n.a.	n.a.
P3DC	Egyenlő varianciákat feltételezve	0,008	-8,323	***
P2DC	Egyenlő varianciákat feltételezve	0,218	-8,201	***
P1DC	Egyenlő varianciákat feltételezve	0,386	-8,936	***

A cséve átmérőjének leíró statisztikai adatait a 8. táblázatban foglaltuk össze. Gyakorlati szempontból legfontosabbak ezek közül a konfidencia intervallumok, melyek esetében a változó értéke 95%-os valószínűséggel az alsó- és felső korlát jelentette határértékek között lesz. A DC változó esetében, adott toll pozícióban a fajok intervallumai között nincs átfedés, így azok egyértelműen elkülönülnek.

8. táblázat: A vizsgált tollak leíró statisztikai adatai a DC változó esetében

Változó	Faj	Átlag (cm)	Minimum (cm)	Maximum (cm)	Konfidencia intervallum (P<0,05)	
					alsó korlát (cm)	felső korlát (cm)
P10DC	gerle	0,249	0,220	0,340	0,2437	0,255
	galamb	0,287	0,180	0,320	0,272	0,302
P9DC	gerle	0,234	0,210	0,260	0,231	0,238
	galamb	0,282	0,210	0,320	0,272	0,292
P8DC	gerle	0,230	0,200	0,270	0,226	0,234
	galamb	0,286	0,260	0,330	0,282	0,298
P7DC	gerle	0,224	0,150	0,270	0,219	0,230
	galamb	0,277	0,260	0,300	0,272	0,282
P6DC	gerle	0,227	0,190	0,270	0,223	0,232
	galamb	0,269	0,240	0,320	0,260	0,278
P5DC	gerle	0,220	0,170	0,280	0,215	0,226
	galamb	0,256	0,230	0,310	0,246	0,267
P4DC	gerle	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.
	galamb	0,259	0,230	0,290	0,250	0,267
P3DC	gerle	0,211	0,180	0,240	0,208	0,215
	galamb	0,248	0,220	0,300	0,238	0,257
P2DC	gerle	0,203	0,120	0,240	0,197	0,209
	galamb	0,248	0,220	0,300	0,238	0,257
P1DC	gerle	0,193	0,160	0,230	0,188	0,198
	galamb	0,237	0,200	0,290	0,227	0,247

4.2.2. Belső zászló szélessége (DIV)

A belső zászló szélességének szárnyankénti vizsgálata esetében szignifikáns ($P < 0,05$) különbséget csak a gerlék P8-as tollai esetében találtunk, így ezt a toll pozíciót mellőztük a DIV változó vizsgálatakor. A többi toll pozíció esetében nem volt szignifikáns különbség az oldalak között, így a két szárnyról, de azonos pozícióból származó tollak adatsorai összevonhatónak mutatkoztak.

A DIV változó fajonkénti vizsgálatának eredményét a 9. táblázat mutatja be, melyből kiolvasható, hogy minden vizsgált toll pozíció átlagai esetében szignifikáns különbség ($P < 0,001$) mutatható ki a két faj között.

9. táblázat: Független mintás t-próba eredményei a DIV változó esetében (n.a. - nincs adat, ns - nem szignifikáns, * $P < 0,05$; ** $P < 0,01$; *** $P < 0,001$)

Változó	Levene teszt		t-teszt	
	P	t	szignifikancia szint	
P10DIV	Egyenlő varianciákat feltételezve	0,136	-10,444	***
P9DIV	Egyenlő varianciákat feltételezve	0,335	-15,986	***
P8DIV	Egyenlő varianciákat feltételezve	n.a.	n.a.	n.a.
P7DIV	Egyenlő varianciákat feltételezve	0,856	-14,248	***
P6DIV	Egyenlő varianciákat feltételezve	0,145	-11,830	***
P5DIV	Egyenlő varianciákat feltételezve	0,854	-10,691	***
P4DIV	Egyenlő varianciákat feltételezve	0,782	-8,939	***
P3DIV	Egyenlő varianciákat feltételezve	0,625	-7,480	***
P2DIV	Egyenlő varianciákat feltételezve	0,451	-6,947	***
P1DIV	Nem egyenlő varianciákat feltételezve	0,007	-9,466	***

A belső zászló szélességének leíró statisztikai adatait a 10. táblázatban foglaltuk össze. Gyakorlati szempontból legfontosabbak ezek közül a konfidencia intervallumok, melyek esetében a változó értéke 95%-os valószínűséggel az alsó- és felső korlát jelentette határértékek között lesz. A DIV változó esetében, adott toll pozícióban a fajok intervallumai között nincs átfedés, így azok egyértelműen elkülönülnek.

10. táblázat: A vizsgált tollak leíró statisztikai adatai a DIV változó esetében

Változó	Faj	Átlag (cm)	Minimum (cm)	Maximum (cm)	Konfidencia intervallum (P<0,05)	
					alsó korlát (cm)	felső korlát (cm)
P10DIV	gerle	1,240	0,820	1,900	1,190	1,290
	galamb	1,760	1,500	2,500	1,650	1,870
P9DIV	gerle	1,220	0,880	1,800	1,180	1,260
	galamb	1,850	1,400	2,100	1,780	1,920
P8DIV	gerle	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.
	galamb	1,880	1,100	2,000	1,790	1,970
P7DIV	gerle	1,280	0,920	1,600	1,230	1,330
	galamb	1,870	1,500	2,000	1,800	1,940
P6DIV	gerle	1,340	1,000	1,600	1,300	1,380
	galamb	1,830	1,500	2,000	1,740	1,910
P5DIV	gerle	1,390	1,010	1,800	1,340	1,440
	galamb	1,850	1,600	2,000	1,780	1,910
P4DIV	gerle	1,380	0,980	1,710	1,320	1,430
	galamb	1,800	1,310	2,000	1,720	1,880
P3DIV	gerle	1,330	1,000	1,800	1,270	1,380
	galamb	1,710	1,450	2,000	1,620	1,800
P2DIV	gerle	1,250	0,870	1,800	1,200	1,300
	galamb	1,560	1,300	2,000	1,500	1,630
P1DIV	gerle	1,190	0,670	1,500	1,140	1,240
	galamb	1,500	1,200	1,700	1,460	1,540

4.2.3. Külső zászló szélessége (DOV)

A külső zászló szélességének szárnyankénti vizsgálata esetében szignifikáns ($P < 0,05$) különbséget csak a galambok P10-es tollai esetében találtunk, így ezt a toll pozíciót mellőztük a DOV változó vizsgálatakor. A többi toll pozíció esetében nem volt szignifikáns különbség az oldalak között, így a két szárnyról, de azonos pozícióból származó tollak adatsorai összevonhatónak mutatkoztak.

A DOV változó fajonkénti vizsgálatának eredményét a 11. táblázat mutatja be, melyből kiolvasható, hogy minden vizsgált toll pozíció átlagai esetében szignifikáns különbség ($P < 0,001$) mutatható ki a két faj között.

11. táblázat: Független mintás t-próba eredményei a DOV változó esetében (n.a. - nincs adat, ns - nem szignifikáns, * $P < 0,05$; ** $P < 0,01$; *** $P < 0,001$)

Változó		Levene teszt	t-teszt	
		P	t	szignifikancia szint
P10DOV	Egyenlő varianciákat feltételezve	n.a.	n.a.	n.a.
P9DOV	Nem egyenlő varianciákat feltételezve	0,003	-2,476	*
P8DOV	Egyenlő varianciákat feltételezve	0,023	-5,237	***
P7DOV	Egyenlő varianciákat feltételezve	0,593	-8,305	***
P6DOV	Egyenlő varianciákat feltételezve	0,305	-7,563	***
P5DOV	Egyenlő varianciákat feltételezve	0,647	-8,451	***
P4DOV	Egyenlő varianciákat feltételezve	0,320	-4,519	***
P3DOV	Nem egyenlő varianciákat feltételezve	0,021	-10,845	***
P2DOV	Egyenlő varianciákat feltételezve	0,174	-5,312	***
P1DOV	Nem egyenlő varianciákat feltételezve	0,000	-7,236	***

A külső zászló szélességének leíró statisztikai adatait a 12. táblázatban foglaltuk össze. Gyakorlati szempontból legfontosabbak ezek közül a konfidencia intervallumok, melyek esetében a változó értéke 95%-os valószínűséggel az alsó- és felső korlát jelentette határértékek között lesz. A DOV változó esetében, adott toll pozícióban a fajok intervallumai között a 9. evezőtoll kivételével nincs átfedés, így azok egyértelműen elkülönülnek.

12. táblázat: A vizsgált tollak leíró statisztikai adatai a DOV változó esetében

Változó	Faj	Átlag (cm)	Minimum (cm)	Maximum (cm)	Konfidencia intervallum (P<0,05)	
					alsó korlát (cm)	felső korlát (cm)
P10DOV	gerle	0,340	0,200	0,810	0,304	0,377
	galamb	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.
P9DOV	gerle	0,441	0,200	0,900	0,400	0,481
	galamb	0,505	0,300	0,700	0,471	0,540
P8DOV	gerle	0,485	0,200	0,800	0,446	0,525
	galamb	0,698	0,500	1,080	0,610	0,786
P7DOV	gerle	0,519	0,200	0,900	0,472	0,566
	galamb	0,859	0,500	1,000	0,793	0,926
P6DOV	gerle	0,544	0,250	0,900	0,496	0,592
	galamb	0,859	0,500	1,000	0,793	0,926
P5DOV	gerle	0,644	0,300	0,900	0,607	0,681
	galamb	0,919	0,600	1,000	0,867	0,970
P4DOV	gerle	0,705	0,200	1,000	0,659	0,751
	galamb	0,879	0,600	1,000	0,824	0,935
P3DOV	gerle	0,709	0,340	1,000	0,670	0,748
	galamb	0,966	0,800	1,000	0,937	0,995
P2DOV	gerle	0,799	0,480	1,100	0,759	0,839
	galamb	0,984	0,800	1,400	0,928	1,039
P1DOV	gerle	0,826	0,400	1,100	0,785	0,868
	galamb	1,008	0,900	1,110	0,979	1,038

4.2.4. Cséve hossza (LC)

A cséve hosszának szárnyankénti vizsgálata esetében szignifikáns ($P < 0,05$) különbséget nem találtunk az oldalak között, így a két szárnyról, de azonos pozícióból származó tollak adatsorai összevonhatónak mutatkoztak.

Az LC változó fajonkénti vizsgálatának eredményét a 13. táblázat mutatja be, melyből kiolvasható, hogy minden vizsgált toll pozíció átlagai esetében szignifikáns különbség ($P < 0,001$) mutatható ki a két faj között.

13. táblázat: Független mintás t-próba eredményei az LC változó esetében (n.a. - nincs adat, ns - nem szignifikáns, * $P < 0,05$; ** $P < 0,01$; *** $P < 0,001$)

Változó	Levene teszt		t-teszt	
		<i>p</i>	<i>t</i>	szignifikancia szint
P10LC	Nem egyenlő varianciákat feltételezve	0,002	-5,669	***
P9LC	Egyenlő varianciákat feltételezve	0,706	-10,175	***
P8LC	Nem egyenlő varianciákat feltételezve	0,000	-7,041	***
P7LC	Nem egyenlő varianciákat feltételezve	0,014	-7,802	***
P6LC	Egyenlő varianciákat feltételezve	0,990	-8,182	***
P5LC	Egyenlő varianciákat feltételezve	0,253	-6,757	***
P4LC	Egyenlő varianciákat feltételezve	0,413	-6,385	***
P3LC	Egyenlő varianciákat feltételezve	0,061	-8,724	***
P2LC	Egyenlő varianciákat feltételezve	0,489	-4,269	***
P1LC	Egyenlő varianciákat feltételezve	0,092	-4,275	***

A cséve hosszának leíró statisztikai adatait a 14. táblázatban foglaltuk össze. Gyakorlati szempontból legfontosabbak ezek közül a konfidencia intervallumok, melyek esetében a változó értéke 95%-os valószínűséggel az alsó- és felső korlát jelentette határértékek között lesz. Az LC változó esetében, adott toll pozícióban a fajok intervallumai között nincs átfedés, így azok egyértelműen elkülönülnek.

14. táblázat: A vizsgált tollak leíró statisztikai adatai az LC változó esetében

Változó	Faj	Átlag (cm)	Minimum (cm)	Maximum (cm)	Konfidencia intervallum (P<0,05)	
					alsó korlát (cm)	felső korlát (cm)
P10LC	gerle	2,280	1,800	3,400	2,148	2,408
	galamb	3,141	2,000	5,000	2,772	3,510
P9LC	gerle	2,930	1,900	3,800	2,828	3,032
	galamb	3,909	3,300	5,000	3,727	4,091
P8LC	gerle	3,214	2,000	3,900	3,127	3,302
	galamb	4,191	3,000	5,000	3,917	4,465
P7LC	gerle	3,144	1,600	4,000	3,019	3,269
	galamb	4,200	3,500	5,000	3,950	4,450
P6LC	gerle	3,108	2,000	3,800	2,984	3,232
	galamb	4,014	3,500	5,000	3,826	4,201
P5LC	gerle	3,004	1,000	3,800	2,879	3,130
	galamb	3,773	3,000	4,500	3,572	3,973
P4LC	gerle	2,954	2,400	3,500	2,878	3,030
	galamb	3,491	3,000	5,000	3,296	3,686
P3LC	gerle	2,792	2,000	3,500	2,721	2,863
	galamb	3,418	3,000	4,000	3,266	3,570
P2LC	gerle	2,646	1,800	3,200	2,555	2,737
	galamb	3,014	2,500	3,500	2,848	3,180
P1LC	gerle	2,208	1,300	3,200	2,087	2,329
	galamb	2,714	2,000	4,000	2,475	2,953

4.2.5. Teljes zászló hossza (LCV)

A teljes zászló hosszának szárnyankénti vizsgálata esetében nem találtunk szignifikáns ($P < 0,05$) különbséget az oldalak között, így a két szárnyról, de azonos pozícióból származó tollak adatsorai összevonhatónak mutatkoztak.

Az LCV változó fajonkénti vizsgálatának eredményét a 15. táblázat mutatja be, melyből kiolvasható, hogy minden vizsgált toll pozíció átlagai esetében szignifikáns különbség ($P < 0,001$) mutatható ki a két faj között.

15. táblázat: Független mintás t-próba eredményei a LCV változó esetében (n.a. - nincs adat, ns - nem szignifikáns, * $P < 0,05$; ** $P < 0,01$; *** $P < 0,001$)

Változó	Levene teszt		t-teszt
	P	t	szignifikancia szint
P10LCV Nem egyenlő varianciákat feltételezve	0,001	-10,113	***
P9LCV Egyenlő varianciákat feltételezve	0,198	-11,660	***
P8LCV Egyenlő varianciákat feltételezve	0,102	-7,240	***
P7LCV Egyenlő varianciákat feltételezve	0,857	-7,812	***
P6LCV Egyenlő varianciákat feltételezve	0,091	-6,583	***
P5LCV Egyenlő varianciákat feltételezve	0,931	-10,248	***
P4LCV Egyenlő varianciákat feltételezve	0,587	-7,102	***
P3LCV Egyenlő varianciákat feltételezve	0,320	-8,637	***
P2LCV Egyenlő varianciákat feltételezve	0,317	-6,983	***
P1LCV Egyenlő varianciákat feltételezve	0,902	-3,908	***

A teljes zászló hosszának leíró statisztikai adatait a 16. táblázatban foglaltuk össze. Gyakorlati szempontból legfontosabbak ezek közül a konfidencia intervallumok, melyek esetében a változó értéke 95%-os valószínűséggel az alsó- és felső korlát jelentette határértékek között lesz. Az LCV változó esetében, adott toll pozícióban a fajok intervallumai között nincs átfedés, így azok egyértelműen elkülönülnek.

16. táblázat: A vizsgált tollak leíró statisztikai adatai a LCV változó esetében

Változó	Faj	Átlag (cm)	Minimum (cm)	Maximum (cm)	Konfidencia intervallum (P<0,05)	
					alsó korlát (cm)	felső korlát (cm)
P10LCV	gerle	11,566	10,200	12,500	11,413	11,719
	galamb	14,523	11,000	15,600	13,936	15,110
P9LCV	gerle	11,404	7,700	12,500	11,159	11,6500
	galamb	14,386	11,000	15,500	13,827	14,9460
P8LCV	gerle	11,132	6,500	12,400	10,823	11,441
	galamb	13,300	10,000	15,100	12,704	13,896
P7LCV	gerle	10,442	8,000	12,500	10,173	10,711
	galamb	12,396	9,500	14,000	11,931	12,860
P6LCV	gerle	9,746	6,200	12,000	9,407	10,085
	galamb	11,568	10,000	12,600	11,230	11,906
P5LCV	gerle	9,244	8,000	10,600	9,075	9,413
	galamb	10,823	9,000	12,000	10,547	11,098
P4LCV	gerle	8,734	6,000	10,000	8,513	8,955
	galamb	10,159	7,000	11,000	9,804	10,514
P3LCV	gerle	8,488	7,900	9,500	8,362	8,615
	galamb	9,418	8,500	10,000	9,259	9,577
P2LCV	gerle	8,306	5,100	9,100	8,127	8,485
	galamb	9,300	8,700	9,800	9,157	9,444
P1LCV	gerle	8,410	5,200	9,600	8,196	8,624
	galamb	9,159	7,000	10,000	8,831	9,488

4.2.6. Belső zászló hossza (LIV)

A belső zászló hosszának szárnyankénti vizsgálata esetében szignifikáns ($P < 0,05$) különbséget csak a gerlék P3-as tollai esetében találtunk, így ezt a toll pozíciót mellőztük a LIV változó vizsgálatakor. A többi toll pozíció esetében nem volt szignifikáns különbség az oldalak között, így a két szárnyról, de azonos pozícióból származó tollak adatsorai összevonhatónak mutatkoztak.

A LIV változó fajonkénti vizsgálatának eredményét a 17. táblázat mutatja be, melyből kiolvasható, hogy minden vizsgált toll pozíció átlagai esetében szignifikáns különbség ($P < 0,001$) mutatható ki a két faj között.

17. táblázat: Független mintás t-próba eredményei a LIV változó esetében (n.a. - nincs adat, ns - nem szignifikáns, * $P < 0,05$; ** $P < 0,01$; *** $P < 0,001$)

Változó		Levene teszt	t-teszt	
		P	t	szignifikancia szint
P10LIV	Nem egyenlő varianciákat feltételezve	0,000	-10,126	***
P9LIV	Egyenlő varianciákat feltételezve	0,228	-11,618	***
P8LIV	Egyenlő varianciákat feltételezve	0,105	-7,221	***
P7LIV	Egyenlő varianciákat feltételezve	0,727	-7,714	***
P6LIV	Egyenlő varianciákat feltételezve	0,097	-6,619	***
P5LIV	Egyenlő varianciákat feltételezve	0,890	-9,384	***
P4LIV	Egyenlő varianciákat feltételezve	0,525	-7,087	***
P3LIV	Egyenlő varianciákat feltételezve	n.a.	n.a.	n.a.
P2LIV	Egyenlő varianciákat feltételezve	0,443	-6,841	***
P1LIV	Egyenlő varianciákat feltételezve	0,976	-4,191	***

A belső zászló hosszának leíró statisztikai adatait a 18. táblázatban foglaltuk össze. Gyakorlati szempontból legfontosabbak ezek közül a konfidencia intervallumok, melyek esetében a változó értéke 95%-os valószínűséggel az alsó- és felső korlát jelentette határértékek között lesz. A LIV változó esetében, adott toll pozícióban a fajok intervallumai között nincs átfedés, így azok egyértelműen elkülönülnek.

18. táblázat: A vizsgált tollak leíró statisztikai adatai a LIV változó esetében

Változó	Faj	Átlag (cm)	Minimum (cm)	Maximum (cm)	Konfidencia intervallum (P<0,05)	
					alsó korlát (cm)	felső korlát (cm)
P10LIV	gerle	11,578	10,500	12,500	11,435	11,721
	galamb	14,518	11,000	15,600	13,933	15,104
P9LIV	gerle	11,398	7,700	12,500	11,151	11,645
	galamb	14,368	11,000	15,500	13,814	14,923
P8LIV	gerle	11,132	6,400	12,400	10,822	11,442
	galamb	13,291	10,000	15,000	12,700	13,882
P7LIV	gerle	10,436	8,000	12,200	10,159	10,713
	galamb	12,405	9,500	14,000	11,939	12,870
P6LIV	gerle	9,739	6,200	12,000	9,403	10,076
	galamb	11,559	10,000	12,600	11,221	11,897
P5LIV	gerle	9,240	8,000	10,600	9,071	9,409
	galamb	10,705	9,000	12,000	10,418	10,991
P4LIV	gerle	8,724	6,000	10,000	8,503	8,945
	galamb	10,146	7,000	11,000	9,792	10,499
P3LIV	gerle	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.
	galamb	9,400	8,500	10,000	9,247	9,553
P2LIV	gerle	8,286	5,100	9,000	8,110	8,462
	galamb	9,255	8,600	9,800	9,099	9,409
P1LIV	gerle	8,302	5,200	9,200	8,101	8,503
	galamb	9,064	7,000	10,000	8,746	9,381

4.2.7. Külső zászló hossza (LOV)

A külső zászló hosszának szárnyankénti vizsgálata esetében nem találtunk szignifikáns ($P < 0,05$) különbséget az oldalak között, így a két szárnyról, de azonos pozícióból származó tollak adatsorai összevonhatónak mutatkoztak.

Az LCV változó fajonkénti vizsgálatának eredményét a 19. táblázat mutatja be, melyből kiolvasható, hogy minden vizsgált toll pozíció átlagai esetében szignifikáns különbség ($P < 0,001$) mutatható ki a két faj között.

19. táblázat: Független mintás t-próba eredményei a LOV változó esetében (n.a. - nincs adat, ns - nem szignifikáns, * $P < 0,05$; ** $P < 0,01$; *** $P < 0,001$)

Változó	Levene teszt		t-teszt	
		P	t	szignifikancia szint
P10LOV	Nem egyenlő varianciákat feltételezve	0,001	-10,468	***
P9LOV	Nem egyenlő varianciákat feltételezve	0,026	-9,524	***
P8LOV	Egyenlő varianciákat feltételezve	0,355	-8,058	***
P7LOV	Egyenlő varianciákat feltételezve	0,936	-8,537	***
P6LOV	Egyenlő varianciákat feltételezve	0,141	-7,297	***
P5LOV	Egyenlő varianciákat feltételezve	0,763	-9,875	***
P4LOV	Egyenlő varianciákat feltételezve	0,822	-7,540	***
P3LOV	Egyenlő varianciákat feltételezve	0,363	-9,493	***
P2LOV	Egyenlő varianciákat feltételezve	0,567	-6,914	***
P1LOV	Egyenlő varianciákat feltételezve	0,857	-3,931	***

A külső zászló hosszának leíró statisztikai adatait a 20. táblázatban foglaltuk össze. Gyakorlati szempontból legfontosabbak ezek közül a konfidencia intervallumok, melyek esetében a változó értéke 95%-os valószínűséggel az alsó- és felső korlát jelentette határértékek között lesz. A LOV változó esetében, adott toll pozícióban a fajok intervallumai között nincs átfedés, így azok egyértelműen elkülönülnek.

20. táblázat: A vizsgált tollak leíró statisztikai adatai a LOV változó esetében

Változó	Faj	Átlag (cm)	Minimum (cm)	Maximum (cm)	Konfidencia intervallum (P<0,05)	
					alsó korlát (cm)	felső korlát (cm)
P10LOV	gerle	11,450	10,400	12,600	11,292	11,608
	galamb	14,505	11,000	15,600	13,920	15,089
P9LOV	gerle	11,252	7,700	12,500	11,011	11,493
	galamb	14,168	11,000	15,500	13,582	14,754
P8LOV	gerle	11,014	5,800	12,300	10,690	11,338
	galamb	13,436	10,000	15,000	12,881	13,992
P7LOV	gerle	10,308	8,000	12,500	10,047	10,569
	galamb	12,405	9,500	14,000	11,9390	12,870
P6LOV	gerle	9,602	6,200	12,000	9,277	9,928
	galamb	11,555	10,000	12,600	11,216	11,894
P5LOV	gerle	9,132	6,900	10,600	8,944	9,320
	galamb	10,786	9,000	12,000	10,505	11,068
P4LOV	gerle	8,680	6,000	10,000	8,470	8,890
	galamb	10,146	7,000	11,000	9,787	10,504
P3LOV	gerle	8,432	7,900	9,600	8,311	8,553
	galamb	9,418	8,500	10,000	9,259	9,577
P2LOV	gerle	8,284	5,100	9,100	8,107	8,461
	galamb	9,273	8,400	9,800	9,108	9,438
P1LOV	gerle	8,410	5,200	9,600	8,198	8,622
	galamb	9,159	7,000	10,000	8,831	9,488

4.2.8. Tollgerinc hossza (LR)

A tollgerinc hosszának szárnyankénti vizsgálata esetében szignifikáns ($P < 0,05$) különbséget csak a gerlék P1-es és P2-es tollai esetében találtunk, így ezeket a toll pozíciókat mellőztük az LR változó vizsgálatakor. A többi toll pozíció esetében nem volt szignifikáns különbség az oldalak között, így a két szárnyról, de azonos pozícióból származó tollak adatsorai összevonhatónak mutatkoztak.

Az LR változó fajonkénti vizsgálatának eredményét a 21. táblázat mutatja be, melyből kiolvasható, hogy minden vizsgált toll pozíció átlagai esetében szignifikáns különbség ($P < 0,001$) mutatható ki a két faj között.

21. táblázat: Független mintás t-próba eredményei az LR változó esetében (n.a. - nincs adat, ns - nem szignifikáns, * $P < 0,05$; ** $P < 0,01$; *** $P < 0,001$)

Változó	Levene teszt		t-teszt	
	P	t	szignifikancia szint	
P10LR	Egyenlő varianciákat feltételezve	0,956	-18,834	***
P9LR	Egyenlő varianciákat feltételezve	0,252	-15,534	***
P8LR	Egyenlő varianciákat feltételezve	0,488	-11,499	***
P7LR	Egyenlő varianciákat feltételezve	0,463	-12,430	***
P6LR	Egyenlő varianciákat feltételezve	0,192	-9,962	***
P5LR	Egyenlő varianciákat feltételezve	0,821	-15,253	***
P4LR	Egyenlő varianciákat feltételezve	0,104	-9,768	***
P3LR	Egyenlő varianciákat feltételezve	0,414	-7,335	***
P2LR	Egyenlő varianciákat feltételezve	n.a.	n.a.	n.a.
P1LR	Egyenlő varianciákat feltételezve	n.a.	n.a.	n.a.

A tollgerinc hosszának leíró statisztikai adatait a 22. táblázatban foglaltuk össze. Gyakorlati szempontból legfontosabbak ezek közül a konfidencia intervallumok, melyek esetében a változó értéke 95%-os valószínűséggel az alsó- és felső korlát jelentette határértékek között lesz. Az LR változó esetében, adott toll pozícióban a fajok intervallumai között nincs átfedés, így azok egyértelműen elkülönülnek.

22. táblázat: A vizsgált tollak leíró statisztikai adatai a LR változó esetében

Változó	Faj	Átlag (cm)	Minimum (cm)	Maximum (cm)	Konfidencia intervallum (P<0,05)	
					alsó korlát (cm)	felső korlát (cm)
P10LR	gerle	13,852	12,200	15,300	13,640	14,064
	galamb	17,632	15,000	18,500	17,247	18,016
P9LR	gerle	14,298	10,400	15,300	14,052	14,544
	galamb	18,273	15,000	19,500	17,715	18,831
P8LR	gerle	14,342	9,500	15,700	14,039	14,645
	galamb	17,464	15,000	18,500	17,000	17,928
P7LR	gerle	13,608	11,500	15,100	13,364	13,852
	galamb	16,555	13,500	18,000	16,080	17,029
P6LR	gerle	12,844	8,600	15,000	12,519	13,170
	galamb	15,505	14,000	16,500	15,169	15,840
P5LR	gerle	12,242	9,400	13,600	11,995	12,489
	galamb	15,505	14,000	16,500	15,169	15,840
P4LR	gerle	11,672	8,300	13,000	11,430	11,914
	galamb	13,609	12,000	14,500	13,364	13,854
P3LR	gerle	11,294	10,400	12,400	11,142	11,446
	galamb	12,266	11,450	13,500	12,056	12,476
P2LR	gerle	10,934	8,300	12,000	10,737	11,131
	galamb	12,266	11,450	13,500	12,056	12,476
P1LR	gerle	10,602	8,500	11,800	10,412	10,792
	galamb	11,791	10,000	13,000	11,506	12,076

4.2.9. Belső zászló szélessége (WCV)

A belső zászló szélességének szárnyankénti vizsgálata esetében szignifikáns ($P < 0,05$) különbséget csak a galambok P7-es és a gerlék P4-es tollai esetében találtunk, így ezeket a toll pozíciókat mellőztük a WCV változó vizsgálatokor. A többi toll pozíció esetében nem volt szignifikáns különbség az oldalak között, így a két szárnyról, de azonos pozícióból származó tollak adatsorai összevonhatónak mutatkoztak.

A WCV változó fajonkénti vizsgálatának eredményét a 23. táblázat mutatja be, melyből kiolvasható, hogy minden vizsgált toll pozíció átlagai esetében szignifikáns különbség ($P < 0,001$) mutatható ki a két faj között.

23. táblázat: Független mintás t-próba eredményei a WCV változó esetében, (n.a. - nincs adat, ns - nem szignifikáns, * $P < 0,05$; ** $P < 0,01$; *** $P < 0,001$)

Változó		Levene teszt	t-teszt	
		P	t	szignifikancia szint
P10WCV	Nem egyenlő varianciákat feltételezve	0,006	-5,687	***
P9WCV	Egyenlő varianciákat feltételezve	0,177	-9,384	***
P8WCV	Egyenlő varianciákat feltételezve	0,231	-13,765	***
P7WCV	Egyenlő varianciákat feltételezve	n.a.	n.a.	n.a.
P6WCV	Egyenlő varianciákat feltételezve	0,163	-13,603	***
P5WCV	Egyenlő varianciákat feltételezve	0,229	-13,496	***
P4WCV	Egyenlő varianciákat feltételezve	n.a.	n.a.	n.a.
P3WCV	Egyenlő varianciákat feltételezve	0,265	-9,251	***
P2WCV	Egyenlő varianciákat feltételezve	0,072	-7,572	***
P1WCV	Egyenlő varianciákat feltételezve	0,068	-6,939	***

A belső zászló szélességének leíró statisztikai adatait a 24. táblázatban foglaltuk össze. Gyakorlati szempontból legfontosabbak ezek közül a konfidencia intervallumok, melyek esetében a változó értéke 95%-os valószínűséggel az alsó- és felső korlát jelentette határértékek között lesz. A WCV változó esetében, adott toll pozícióban a fajok intervallumai között nincs átfedés, így azok egyértelműen elkülönülnek.

24. táblázat: A vizsgált tollak leíró statisztikai adatai a WCV változó esetében

Változó	Faj	Átlag (cm)	Minimum (cm)	Maximum (cm)	Konfidencia intervallum (P<0,05)	
					alsó korlát (cm)	felső korlát (cm)
P10WCV	gerle	1,658	1,160	2,300	1,605	1,713
	galamb	2,140	1,200	3,000	1,973	2,307
P9WCV	gerle	1,777	1,420	2,400	1,721	1,834
	galamb	2,365	1,200	2,800	2,212	2,511
P8WCV	gerle	1,840	1,200	2,260	1,780	1,901
	galamb	2,648	2,000	3,000	2,534	2,766
P7WCV	gerle	1,915	1,300	2,200	1,855	1,976
	galamb	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.
P6WCV	gerle	1,999	1,540	2,400	1,942	2,056
	galamb	2,795	2,000	3,000	2,668	2,921
P5WCV	gerle	2,141	1,650	2,500	2,082	2,201
	galamb	2,827	2,500	3,000	2,751	2,904
P4WCV	gerle	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.
	galamb	2,786	1,310	2,000	2,666	2,903
P3WCV	gerle	2,117	1,140	2,500	2,041	2,194
	galamb	2,713	2,400	3,000	2,624	2,802
P2WCV	gerle	2,128	1,490	2,500	2,063	2,192
	galamb	2,533	2,260	3,000	2,460	2,606
P1WCV	gerle	2,163	1,360	2,600	2,092	2,235
	galamb	2,567	2,200	3,000	2,498	2,637

4.2.10. A legnagyobb magyarázóerővel bíró változók kiválasztása

A legnagyobb magyarázóerővel bíró változók kiválasztására a módszer alkalmazhatóságának javítása miatt volt szükség. Az elemzés során először tollanként vizsgáltuk a méretváltozók magyarázóerejét diszkriminancia-analízis segítségével (25. táblázat). A Wilk's Lambda a magyarázóerőt mutató szám, melyet 1-ből kivonva, majd 100-zal szorozva kapható meg a magyarázóerő százalékban. A helyes, illetve helytelen klasszifikációkat bemutató táblázat (Classification Results) jeleníti meg, hogy hány %-os pontossággal állapítja meg a kategóriához való tartozást a modell. Ezek az eredmények a 25. táblázat "csoporthoz való tartozás becslésének pontossága (%)" oszlopaiban láthatóak.

25. táblázat: A változók magyarázóereje diszkriminancia-analízis alapján

változó	Wilks' Lambda	magyarázóerő (%)	csoporthoz való tartozás becslésének pontossága (%)	
			gerle	galamb
DC	0,144***	85,600	100	100
DIV	0,167***	83,300	98	95,5
DOV	0,296***	70,400	96	90,9
LC	0,263***	73,700	100	95,5
LCV	0,214***	78,600	100	90,9
LIV	0,224***	77,600	100	90,9
LOV	0,211***	78,900	100	90,9
LR	0,114***	88,600	100	95,5
WCV	0,161***	83,900	100	100

***P<0,001

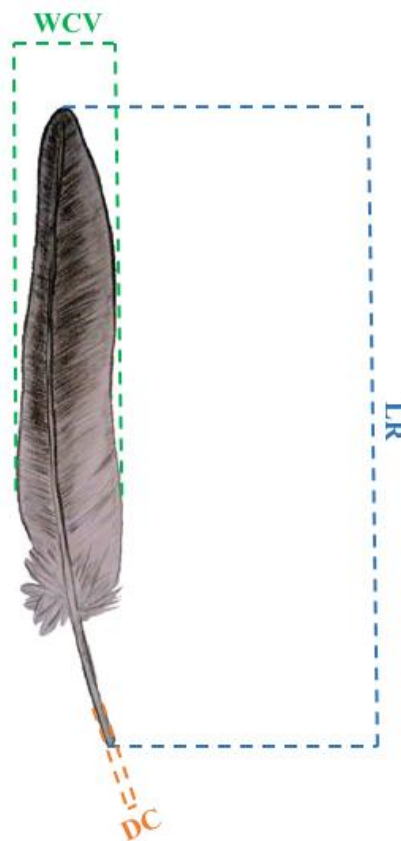
A legnagyobb magyarázóerővel bíró változók optimális kombinációjának meghatározásához binomiális logisztikus regressziós modellt használtunk (26. táblázat). A modell illeszkedését két, módszertanilag különböző mutató alapján ellenőriztük. A Nagelkerke R négyzet egy magyarázóerőt megadó mutatószám. Azt mutatja meg, hogy a magyarázó változók hány százalékban magyarázzák az eredményváltozó alakulását. A másik mutató az ún. Pontossági táblázat volt, amely azt mutatja be, hogy az esetek hány százalékában találta el a modell azt, hogy a változó értékei melyik fajra jellemzőek.

26. táblázat: A változók legnagyobb magyarázóerőt biztosító kombinációjának kiválasztása logisztikus regresszió segítségével. A számok azt jelölik, hogy a változót mely lépésben használta fel a modell. Az " a" azokat az eseteket jelöli, amikor a Nagelkerke R négyzet 1 volt (azaz 100%), illetve a Pontossági táblázatban mindkét faj esetében 100%-os pontossággal becsülte meg a fajt a modell

	DC	DIV	DOV	LC	LCV	LIV	LOV	LR	WCV
P10							1; 2; 3 ^a	1	1; 2 ^a
P9		1						1; 2 ^a	
P8	1; 2 ^a	1							
P7									1 ^a
P6					1; 2; 3 ^a			1; 2 ^a	1
P5								1 ^a	
P4	1		1; 2; 3 ^a						1; 2 ^a
P3			1; 2; 3 ^a ; 4 ^a ; 5 ^a			4 ^a ; 5 ^a	1; 2; 3 ^a ; 4 ^a		3 ^a ; 4 ^a ; 5 ^a
P2	1			1; 2; 3 ^a		1; 2			
P1	1; 3; 4; 5; 6 ^a ; 7 ^a ; 8 ^a	2; 3; 4		6 ^a ; 7 ^a ; 8 ^a	7 ^a ; 8 ^a			3; 4; 5; 6 ^a ; 7 ^a	4; 5; 6 ^a ; 7 ^a ; 8 ^a

4.2.11. A javasolt módszer leírása

A fenti eredmények alapján a balkáni gerle és a házigalamb fajok elsődleges evezőtollainak objektív módszerrel való elkülönítéséhez a három legnagyobb magyarázóerővel bíró változó figyelembevételét javasoljuk. A gyakorlatban javasolt tehát a begyűjtött tollakon a cséve átmérőjének (DC), a tollgerinc hosszának (LR) és a teljes zászló szélességének (WCV) méreteit felvenni (20. ábra), majd az adatokat összevetni a tollak leíró statisztikai adatainál közölt, 95%-os szignifikancia szint mellett megállapított konfidencia intervallumokkal. Egy talált toll esetében problémát jelenthet a pontos toll pozíció beazonosítása, ezáltal nehezített a helyes konfidencia intervallum kiválasztása a határozása során. Ilyen esetekben könnyebbé tehető a tollvégek alakjának vizsgálata. A madárfajok nagy többsége esetében a szárnyon kijjebb eső 5-6 elsődleges evezőtoll végei hegyesebbek, mint az utánuk következő, beljebb elhelyezkedő tollaké. A tollvégek szögei a szárnyon befelé haladva folyamatosan növekednek. Ez a jól látható különbség segítséget nyújt a talált toll hozzávetőleges helyzetének megállapításához a szárnyon. Bizonytalanság esetén növelhető a határozásba bevont változók száma.



20. ábra: Gyakorlati alkalmazásra javasolt méretfelvételi pontok a tollon

5. KÖVETKEZTETÉS ÉS JAVASLATOK

Az Európában és az északi félteke nagy részén hirtelen elterjedt balkáni gerle faj genetikai diverzitás vizsgálatát korábban még nem végezték el, ezért elsődleges célunk ennek hiánypótlása volt. A mitokondriális DNS citokróm-oxidáz I régió egy meghatározott, 658 bp hosszúságú szakaszát vizsgáltuk, 134 egyed bevonásával. A balkáni gerle esetében eddig nem írtak még le haplotípusokat. Vizsgálatunk alapján három kontinensről 52 haplotípust mutattunk ki. További 6 haplotípust azonosítottunk a génbankban már korábban megtalálható szekvenciák között. Ezek közül mind gyakoriságban, mind elterjedésben kiemelkedik a Ht1-gyel jelölt haplotípus. A haplotípusok száma és a haplotípus diverzitás mind a populációk, mind a földrajzi és genetikai csoportok esetében magas volt, melyhez minden esetben viszonylag alacsony nukleotid diverzitás értékek párosultak, ami a kis effektív populációméretből (alapító hatás után) induló gyors demográfiai expanzióra utal. A demográfiai expanziót támogatja a haplotípusok kapcsolatait ábrázoló Network ábra is, melyen egy nagy, központi haplotípushoz sugárirányban számos másik kapcsolódik. Ugyanezen ábrán azonban egy kisebb csoport elkülönülése is kirajzolódik. Az elkülönülés azonban csak genetikai szinten kimutatható, a csoportba tartozó minták földrajzi elhelyezkedésében nem mutatható ki mintázat. A két, jól elkülönülő genetikai csoport meglétét a Maximum-Likelihood bootstrap konszenzus fa is alátámasztotta, melyen magas bootstrap érték mellett válik el a két ág egymástól. A populációk genetikai szerkezetének vizsgálatakor a klaszteranalízis is két csoport meglétét ($K=2$) támogatta a legnagyobb valószínűséggel. Az "A"-val és "B"-vel jelölt csoportok létezését az AMOVA teszttel is sikerült bizonyítanunk, mely esetében a variancia 91%-ka a csoportok között jelentkezett, míg a földrajzi alapon képzett csoportok valamint az összes minta együttes vizsgálatakor a variancia 98%-ka a populációkon belülről származott. Ezek az eredmények azt a feltevést támogatják, hogy a fajon belüli variancia az egyedek szintjén van jelen és nem köthető földrajzilag izolálódott populációkhoz, ami egy az expanzió rövid idővel ezelőtt átesett faj esetében várható eredménynek mondható. A területi autokorreláció vizsgálata esetében 2000 km-es távolságig volt kimutatható génáramlás a faj populációi között. Ez az eredmény magyarázza a fentiekben kifejtett genetikai variancia szerkezetét és összhangban van a faj magas fokú mobilitásával. Az adatokból ugyanakkor az is látszik, hogy a génáramlás mértéke a távolság növekedésével rohamosan csökken, így a tényleges populáció

határokat jóval kisebb távolságokon belül kell keresnünk. A genetikai diszkontinuitás vizsgálata során nehézséget okozott az alacsony mintaszám, és azok egyenlőtlen földrajzi eloszlása. Feltehetően ez is az oka annak, hogy csak Magyarország területén sikerült két genetikai barriert kimutatni, melyek a Dél-Dunántúlon és Dél-Kelet Magyarországon mutattak ki populációkat. Ezek elhelyezkedése és kiterjedése a terület ökológiai viszonyaival is összhangban van, azokkal is jól magyarázható. Mindazonáltal meg kell említeni, hogy első ízben sikerült egy balkáni gerle populációt genetikai adatok alapján behatárolni, így ezek a korlátozott eredmények is segíthetik a faj jövőbeni kutatását. A faj demográfiai változásainak vizsgálatakor a haplotípusok közötti kapcsolatoknál jelentkező kettősség volt megfigyelhető. Az általunk azonosított genetikai csoportokat külön vizsgálva az "A" csoport esetében a demográfiai expanziót támogatták az eredmények. Mivel ez jelentősen nagyobb elemszámú ($n=120$) csoport, az eredmények értékelésénél is nagyobb súllyal érdemes figyelembe venni. A "B" csoport ($n=14$) esetében ellentétes eredmény született, itt a eredmények inkább a demográfiai egyensúly irányába mutatnak. Az eredmények alapján úgy tűnik, hogy egy kisebb, marginális genetikai klaszter van csak ebben a stagnáló demográfiai állapotban, a faj diverzitásának jelentős hányadát kitevő haplotípusok az expanzió nyomait jelenleg is magukon viselik.

Összességében elmondható, hogy az ökológiai vizsgálatok eredményeit támogatva, sikerült molekuláris genetikai módszerekkel is alátámasztani azt a faj terjedésére vonatkozó elméletet, miszerint az új területeken szigetszerűen elhelyezkedő kis egyedszámú populációk jelennek meg először, majd ezekben rövid időn belül jelentős népesedésvégzés zajlik le, ami által az elterjedési foltok mérete fokozatosan nő, míg azok össze nem érnek. A genetikai diverzitásra vonatkozó eredményeket a faj egyik legközelebbi rokonával, a vadgerlével összevetve pedig (CALDERÓN et al., 2016) hasonló jelenségeket tapasztalunk. CALDERÓN et al. (2016) vizsgálata azonban a faj demográfiai történetére is kiterjedt, és ennek során a populáció egyedszámának jelentős fluktuációját mutatták ki. Ez felveti annak a lehetőségét is, hogy a balkáni gerle Magyarországon regionális szinten tapasztalt állománycsökkenései is egy ilyen természetes folyamat következményei. Ennek tisztázásához, illetve annak becslésére, hogy a jövőben a balkáni gerle populációi esetében is várható-e a vadgerlééhez hasonló jelentős demográfiai visszaesés, szükséges lenne a balkáni gerle esetében további markerek és nagyobb elemszám bevonásával vizsgálni a faj demográfiai történetét.

A balkáni gerle és a házizalamb evezőtollainak morfometriai vizsgálatára szintén első ízben került sor. A vizsgálatot és a ráépülő módszerfejlesztést a genetikai vizsgálat

során alkalmazott toll mintagyűjtés gyakorlati tapasztalatai indokolták. Bizonyos esetekben nem lehetett egyértelműen azonosítani a beérkező tollakat, ezért a faji azonosításhoz egy egzakt módszerre volt szükség. Összehasonlító vizsgálatunk során bebizonyosodott, hogy a vizsgált változók esetében szignifikáns különbség van a két faj méretei között. A cséve átmérőjének (DC), a tollgerinc hosszának (LR) és a teljes zászló szélességének (WCV) együttes figyelembevételével, és a rájuk jellemző konfidencia intervallumok használatával pedig nagy biztonsággal elkülöníthetőek egymástól a két faj tollai. A genetikai vizsgálat szempontjából nem szükséges az egyik faj pontos azonosítása, elegendő a kétséget ébresztő értékekkel rendelkező tollak kizárása. Erre a fent leírt módszer alkalmas, de további változók bevonásával az azonosítás határfoka is javítható és alkalmas lehet a faji szintű azonosításra is. A módszer alkalmazása megköveteli a vizsgált toll pozíciójának ismeretét, mivel bizonyos toll pozíciók esetében a különböző fajok változóinak konfidencia értékeiben átfedések tapasztalhatóak. Ez kétségtelenül rontja a megbízhatóságot, azonban a tollzászló végeinek morfometriája segíti az alkalmazót a közelítőleg helyes toll pozíció meghatározásában. Ezáltal kiküszöbölhetővé válik ez a bizonytalansági faktor is.

A vizsgálattal olyan morfometriai adatbázis jött létre, ami a későbbi, más irányú kutatásokban is felhasználható lehet.

A genetikai vizsgálat folytatására vonatkozó javaslatok:

- Az egyes földrajzi régiókon belül nagyobb elemszámú vizsgálatok lefolytatása, ezáltal a populációdinamikai változások nyomon követése akár más molekuláris genetikai eszközökkel (mikroszatellitek) is. Különös tekintettel Európára és Észak-Amerikára, ahol a faj idegenhonosnak tekinthető.
- A faj populációinak részletesebb feltérképezése a genetikai és földrajzi határok kijelölésével. A köztük lévő génáramlás mértékének megállapítása.

A morfometriai vizsgálat folytatására vonatkozó javaslatok:

- További fajok bevonása a vizsgálatba, elsősorban a galambfélék (*Columbidae*) esetében, de a védett/vadászható fajpárok miatt a récefélék (*Anatidae*) hazai képviselői is megfelelő alanyok lennének.

- A magyarországi vadászfácán állományok morfometriai változatosságának felmérésében a módszer alkalmazása jelenleg is folyamatban van.
- A tollvégek morfometriájának egzakt mérése, az egyes toll pozíciókra jellemző értékek meghatározása.

6. ÚJ TUDOMÁNYOS EREDMÉNYEK

- 1/a. Ismereteink szerint elsőként végeztem a balkáni gerle (*Streptopelia decaocto*) fajra vonatkozó és ilyen széles körűen, a faj genetikai diverzitására, szerkezetére irányuló kutatást. A citokróm-oxidáz I régió 658 bp hosszú szakaszán elsőként írtam le haplotípusokat. Összesen 152 egyed alapján 58 haplotípust detektáltam, melyből 52-öt saját szekvenciák alapján azonosítottam. Kimutattam a Ht1 haplotípus földrajzi régióktól független dominanciáját (44,03%), egyúttal azt is, hogy a fajon belüli genetikai variancia nincs összefüggésben a földrajzi elterjedéssel.
- 1/b. Leírtam két, genetikai szinten jól elkülönülő csoportot a fajon belül, melyeket "A"-val (n=120) és "B"-vel (n=14) jelöltem. A jelentősen nagyobb elemszámú "A" csoport esetében molekuláris genetikai módszerekkel bizonyítottam a fajt ért alapító hatást követő demográfiai expanzió meglétét, ami alátámasztja, illetve megerősíti a balkáni gerle terjedéséről felállított elméleteket és megfigyeléseket. A balkáni gerle populációk közötti genetikai távolságokra alacsony értékek jellemzőek. Jelentős a fajon belüli génáramlás, amit az alacsony nukleotid diverzitás ($\pi=0,026\pm 0,013$) és a 2000 km-es távolságig kimutatható génáramlás is alátámaszt.
2. A balkáni gerle és a házigalamb elsődleges evezőtollainak vizsgálatával igazoltam a két fajtól gyűjtött hullatott tollak egzakt módon történő elkülönítésének lehetőségét. Az általam épített adatbázis a leíró statisztikai eredmények által lehetőséget nyújt a tollak faji szintű azonosítására is. A vizsgált fajok esetében az elkülönítésre, illetve az azonosításra a cséve átmérője, a tollgerinc hossza és a teljes zászló szélessége a leginkább alkalmas és legnagyobb magyarázóerővel bíró változó.

7. AZ EREDMÉNYEK GYAKORLATI HASZNOSÍTHATÓSÁGA

1. A világon elsőként vizsgáltuk ilyen széles mintavételezéssel a balkáni gerle faj genetikai diverzitását, szerkezetét, így eredményeink a jövőbeni, hasonló kutatások számára felhasználható ismeretanyagot és összehasonlítási alapot jelentenek.
2. Az általunk gyűjtött minták génbankba is feltöltött szekvenciái a diverzitásvizsgálatokon túl felhasználhatóak taxonómiai, filogenetikai és populációgenetikai kutatásokban is.
3. A génáramlás mértékére és a populációk genetikai hatáira vonatkozó eredmények felhasználhatóak a faj jelenlétével és egyedszámával kapcsolatos kérdésekben, például vadgazdálkodás, mezőgazdasági kártétel, járványtan.
4. A tollak morfológiai paramétereinek alapján történő fajazonosításnak elsősorban a védett tollas mintavételen alapuló genetikai vizsgálatokban lehet nagy szerepe, mivel idő és pénz takarítható meg a bizonytalan azonosítású tollak vizsgálatból való kizárásával.
5. A tollak morfológiai azonosítási módszerének további felhasználási területei lehetnek a nehezen elkülöníthető alfajok, vagy a hasonló megjelenésű, védett és vadászható fajpárok elkülönítése. Továbbá repülőgépek madárral történő ütközését követő igazságügyi vizsgálatoknál is fontos a faj azonosítása. Erre általában DNS alapú fajazonosítást alkalmaznak, de megfelelő maradványok esetén a toll morfológiai vizsgálata gyorsabb és olcsóbb alternatívát jelenthet.

8. ÖSSZEFOGLALÁS

Jelenleg egyre súlyosabb gazdasági és természetvédelmi problémát jelentenek a gyorsan terjeszkedő, idegenhonos fajok. A disszertáció az ilyen fajok vizsgálatához ideális modellnek tekintett balkáni gerle (*Streptopelia decaocto*) expanziójának genetikai hátterének vizsgálatával igyekszik bővíteni az inváziós biológiai ismereteket. A fajt az egyik leggyorsabban terjeszkedő gerinces fajként tartják nyilván, melyet számos alkalommal vontak már vizsgálat alá, azonban a faj genetikai diverzitásával kapcsolatos ismeretek mindeddig erősen hiányosak voltak. A mitokondriális COI gén 656 bp hosszúságú szakaszának vizsgálatába 134 saját gyűjtésű mintát (15 országból), továbbá 18 NCBI szekvenciát (további 5 országból) vontunk be. Az eredmények alapján elsőként határoztunk meg haplotípusokat a balkáni gerle esetében. Összesen 58 haplotípust írtunk le, valamint 171 variábilis pozíciót találtunk. Eredményeink alapján a fajon belüli genetikai variancia nincs összefüggésben a földrajzi elterjedéssel. Leírtunk két genetikai szinten elkülönülő csoportot is, melyek közül a populáció nagyobbik részét reprezentálóban sikerrel mutattuk ki a fajt ért alapító hatás genetikai nyomait, mely a gyors expanzió és hirtelen populáció növekedés eredménye. Ezáltal molekuláris genetikai módszerekkel is alátámasztottuk a faj terjedésével kapcsolatos eddigi elméleteket és megfigyeléseket. A faj populációi között 2000 km-es távolságig volt kimutatható génáramlás. Bizonyítottuk továbbá, hogy populációk között kismértékű genetikai távolságok vannak.

A disszertáció második felében egy, a genetikai vizsgálatok során egyre inkább elterjedőben lévő mintagyűjtési módszer esetében tapasztalt gyakorlati probléma megoldásával foglalkoztunk. A vedlett tollak ilyen célú felhasználása számos előnyt nyújt, azonban a méretükben, színükben hasonló megjelenésű fajok esetében a vizsgálatba vont tollak faji szintű azonosítása komoly nehézségekbe ütközik. Az ilyen esetekben gyakran már kevésnek bizonyul a kutatói tapasztalat. Megoldásként csak egzakt méréseken alapuló módszerek jöhetnek számításba. Szem előtt tartva a leendő módszer gyakorlati alkalmazhatóságát, nagy hangsúlyt fektettünk az egyszerűsége, a kis eszközigényre és a megfizethetőségre. Ezeknek a feltételeknek a morfometriai adatfelvétel felelt meg a legjobban. A vizsgálat során a balkáni gerle és elvadult házigalambok tollait használtuk fel. A fajok kiválasztását genetikai vizsgálatunk mintagyűjtésének tapasztalatai, tollaik méret és színbeli hasonlósága, valamint közel

azonos élőhelyük és területhasználatuk indokolta. A módszerfejlesztés során teljes egyedek elsődleges evezőtollainak morfometriai adataiból a későbbiekben is felhasználható adatbázist építettünk, valamint statisztikai módszerek alapján meghatároztuk a fajok elkülönítésére és azonosítására leginkább alkalmas, legnagyobb magyarázóerővel bíró változókat. Ezek a balkáni gerle és a házigalamb esetében a cséve átmérője, a tollgerinc hossza és a teljes zászló szélessége.

A módszer megfelelő adatbázis építése után más madárfajok esetében is alkalmazható, bármely esetben, amikor vedlett tollak faji szintű elkülönítése vagy azonosítása válik szükségessé.

9. SUMMARY

Currently, invasive species are considered to be the second major cause of global biodiversity loss, directly preceded by habitat destruction. Therefore, the importance of researching such species is rapidly increasing. Eurasian Collared Dove (*Streptopelia decaocto*) is an invasive species in large parts of its distribution, but no genetic studies have been performed on them so far. The main goal of the present dissertation was to examine the genetic diversity of Collared Dove. Samples were collected from 134 Collared Dove individuals from 15 countries. Another 18 sequences (further 5 countries) were used from NCBI Genbank. The majority of the samples were moulted feathers, tissue and blood, with a few samples taken from egg shell. A 658 bp long part of the mtDNA cytochrome oxidase region I (COI) was sequenced. This study was the first attempt to determine haplotypes in Collared Dove. A total of 58 haplotypes were described with 171 polymorphic sites. Based on our results mtDNA sequence variation within the species is not related to the geographic dispersal. Two separate groups (called: A and B) were distinguished at the genetic level. Genetic founder effect in group "A" was confirmed, which is representing the majority of the world population. This phenomenon is the result of a rapid expansion and a rapid population growth that happened in the past. Thus, we confirmed the theories and observations on the spread of Collared Dove by molecular genetic methods. Gene flow was detected within 2000 km distance. We proved that there are low genetic distances between populations of the species.

In the second part of the thesis we focused on solving a methodological problem related to moulted feathers sample collection. Our objective was to develop a simple and inexpensive method which is suitable for separation of moulted feathers of two species and applicable for species-level identification. Primary feathers of Eurasian Collared Dove (n=25) and Feral Pigeon (n=11) were used in this examination. Only primary feathers have been chosen because these have the most suitable size for DNA isolation, and case of these the most difficult to identify the species. We recorded 9 sizes per feathers and were looking for those variables that mostly characterised particular species. Characteristic values of species' variables were obtained by Descriptive Statistics. Discriminant Analysis was used for the selection of most powerful predictive variables. The selection of variables that ensure the greatest explanatory impact combination was carried out using Logistic Regression with Forward Stepwise method. Based on the

results we suggest the use of the three most informative variables for feather separation and identification on species level. These are the following: diameter of calamus (DC), length of rachis (LR) and width of complete vane (WCV). The collected moulted feathers were compared based on these three sizes using the Confidence Intervals of feathers. The method is applicable in other bird species, in any case, when species differentiation or identification is required on moulted feathers levels.

10. IRODALOMJEGYZÉK

1. ABSI, K. – BELHAMRA, M. – FARHI, Y. – HALIS, – Y. (2015): A comparison of the reproduction of collared doves *Streptopelia decaocto* and turtle doves *Streptopelia turtur* in the Ziban Oases (Biskra, Algeria). *Journal of Entomology and Zoology Studies*. 3. 2. 286-289.
2. ALLENDORF, F. W. – LUNDQUIST, L. L. (2003): Introduction: population biology, evolution, and control of invasive species. *Conservation Biology*, 17. 1. 24-30.
3. ALIABADIAN, M. – BEENTJES, K. K. – ROSELAAR, H. V. B. – NIJMAN, V. – VONK, R. (2013): DNA barcoding of Dutch birds. *ZooKeys*. 365. 25-48.
4. ALMAZÁN-NÚÑEZ, R. C. (2014): Nuevos registros de la paloma turca (*Streptopelia decaocto*) en el estado de Guerrero, México. *Acta zoológica mexicana*. 30. 3. 701-706.
5. ÁLVARES-CARVALHO, S. V. – DUARTE, J. F. – SANTOS, T. C. – SANTOS, R. M. – SILVA-MANN, R. – CARVALHO, D. (2016): Structure and genetic diversity of natural Brazilian pepper populations (*Schinus terebinthifolius* Raddi). *Genetics and Molecular Research*. 15. 15.
6. ARI E. (2012): Molekuláris filogenetikai elemzések egy diszkrét matematikai módszer, a Boole analízis segítségével. Doktori (PhD) értekezés, Eötvös Loránd Tudományegyetem, Budapest.
7. ARIF, I. A. – KHAN, H. A. – BAHKALI, A. H. – AL HOMAIDAN, A. A. – AL FARHAN, A. H. – AL SADOON, M. – SHOBRAK, M. (2011): DNA marker technology for wildlife conservation. *Saudi Journal of Biological Sciences*, 18. 3. 219-225.
8. ATTARDI, G. – SCHATZ, G. (1988): Biogenesis of mitochondria. *Annual Review of Cell Biology*. 4. 1. 289-331.
9. AVISE, J. C. (1994): *Molecular Markers, Natural History and Evolution: Natural History and Evolution*. Springer Science & Business Media, New York.
10. AWAN, A. R. – UMAR, E – UL HAQ, M. Z. – FIRYAL, S. (2013): Molecular classification of Pakistani collared dove through DNA barcoding. *Molecular Biology Reports*. 40. 11. 6329-6331.

11. BACHMANN, T. – KLÄN, S. – BAUMGARTNER, W. – KLAAS, M. – SCHRÖDER, W. – WAGNER, H. (2007): Morphometric characterisation of wing feathers of the barn owl *Tyto alba pratincola* and the pigeon *Columba livia*. *Frontiers in Zoology*. 4. 1. 1-15.
12. BAGI Z. – KUSZA SZ. (2015): Tollból történő DNS izolálás a Debreceni Egyetem Állatgenetikai Laboratóriumában. [In: Bodnár, K.B., Erdős, Zs., Bereczki, A. (szerk.) Nemzetközi összefogás a jövő Agrárkutatásáért] Debreceni Egyetem Tormay Béla Szakkollégium, Debrecen, 6-8.
13. BAJC, M. – ČAS, M. – BALLIAN, D. – KUNOVAC, S. – ZUBIĆ, G. – GRUBEŠIĆ, M. – ZHELEV, P. – PAULE, L. – GREBENC, T. – KRAIGHER, H. (2011): Genetic differentiation of the western capercaillie highlights the importance of south-eastern Europe for understanding the species phylogeography. *PloS one*. 6. 8. e23602.
14. BAKER, A. J. – MOEED, A. (1987): Rapid genetic differentiation and founder effects in colonizing populations of Common Mynas (*Acridotheres tristis*). *Evolution*. 41. 3. 525-538.
15. BAKER, A. J. – TAVARES, E. S. – ELBOURNE, R. F. (2009): Countering criticisms of single mitochondrial DNA gene barcoding in birds. *Molecular Ecology Resources*. 9. 1. 257-268.
16. BALL JR, R. M. – AVISE, J. C. (1992): Mitochondrial DNA phylogeographic differentiation among avian populations and the evolutionary significance of subspecies. *The Auk*. 109. 3. 626-636.
17. BANDELT, H-J. – FORSTER, P. – RÖHL, A. (1999): Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. *Molecular Biology and Evolution*. 16. 1. 37-48.
18. BAPTISTA, L. E. – TRAIL, P. W. – HORBLIT, H. M. (1997): Family *Columbidae* (pigeons and doves). [In del Hoyo, J., Elliot, A., Sargatal, J. (szerk.) *Handbook of the birds of the world, vol. 4: sandgrouse to cuckoos*] Lynx Edicions, Barcelona.
19. BARRÉ, N. – FELDMANN, P. – TAYALAY, G. – ROC, P. – ANSELME, M. – SMITH, P. W. (1996): Status of the Eurasian Collared-Dove (*Streptopelia decaocto*) in the French Antilles. *El Pitrre*. 9. 3. 2-4.

20. BECKETT, S. M. – KOMAR, N. – DOHERTY Jr, P. F. (2007): Population estimates for Eurasian collared-dove in northeastern Colorado. *The Wilson Journal of Ornithology*. 119. 3. 471-475.
21. BELLARD, C. – CASSEY, P. – BLACKBURN, T. M. (2016): Alien species as a driver of recent extinctions. *Biology Letters*. 12. 2. 20150623.
22. BELLO, N. – FRANCINO, O. – SÁNCHEZ, A. (2001): Isolation of genomic DNA from feathers. *Journal of Veterinary Diagnostic Investigation*. 13. 2. 162-164.
23. BENSON, D. A. – CLARK, K. – KARSCH-MIZRACHI, I. – LIPMAN, D. J. – OSTELL, J. – SAYERS, E. W. (2015): GenBank. *Nucleic acids research*. 43 (Database issue) D30.
24. BEREITER-HAHN, J. – VÖTH, M. (1994): Dynamics of mitochondria in living cells: shape changes, dislocations, fusion, and fission of mitochondria. *Microscopy Research and Technique*. 27. 3. 198-219.
25. BERNDT, T. – BOURDON, N. – BUCHANAN, R. – DOANE, A. – DOYLE, L. – FARRELL, J. – HENRICH, A. – JENNER, B. – LOCKWOOD, C. – NOVAK, A. – O'DONNELL, K. – PULTORAK, H. – SCAMMAN, W. – STROHMEYER, A. – TILSLEY, K. – FREDERICH, M (2014): "An Introduction To Marine Invasive Species". *Marine Sciences Student Projects*. 1.
26. BIRDLIFE INTERNATIONAL. (2015): *European Red List of Birds*. Luxembourg: Office for Official Publications of the European Communities.
27. BIRDLIFE INTERNATIONAL. (2016): *Streptopelia decaocto*. The IUCN Red List of Threatened Species. e.T22727811A86083415. <http://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2016-3.RLTS.T22727811A86083415.en>. Utolsó hozzáférés: 2017. 01. 24.
28. BLED, F. – ROYLE, J. A. – CAM, E. (2011): Hierarchical modeling of an invasive spread: the Eurasian Collared-Dove *Streptopelia decaocto* in the United States. *Ecological Applications*. 21. 1. 290-302.
29. BODZSÁR N. (2012): Óshonos magyar tyúkállományok genetikai diverzitásának vizsgálata különböző molekuláris genetikai markerek segítségével. Doktori (PhD) értekezés, Szent István Egyetem, Gödöllő.
30. BOHLEN, H. D. (1997): A new dove colonising Illinois. *Living Museum*. 59. 6-7.

31. BONTER, D. N. – ZUCKERBERG, B. – DICKINSON, J. L. (2010): Invasive birds in a novel landscape: habitat associations and effects on established species. *Ecography*. 33. 3. 494-502.
32. BORMASHENKO, E. – BORMASHENKO, Y. – STEIN, T. – WHYMAN, G. – BORMASHENKO, E. (2007): Why do pigeon feathers repel water? Hydrophobicity of penna, Cassie–Baxter wetting hypothesis and Cassie–Wenzel capillarity-induced wetting transition. *Journal of Colloid and Interface Science*. 311. 1. 212-216.
33. BOZSKO, SZ – JUHÁSZ, L. (1984): Comparative survey of the Collared Dove (*Streptopelia decaocto* Friv.) population at five county seats (Nyíregyháza, Debrecen, Eger, Győr, Zalaegerszeg) in Hungary. *Aquila*. 91. 115-149.
34. BROWN, L. M. – RAMEY, R. R. – TAMBURINI, B. – GAVIN, T. A. (2004): Population structure and mitochondrial DNA variation in sedentary Neotropical birds isolated by forest fragmentation. *Conservation Genetics*. 5. 6. 743-757.
35. BROWN, W. M. – GEORGE, M. J. – WILSON, A. C. (1979): Rapid evolution of animal mitochondrial DNA. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 76. 4. 1967-1971.
36. BUTCHART, S. H. M. – WALPOLE, M. – COLLEN, B. – VAN STRIEN, A. – SCHARLEMANN, J. P. – ALMOND, R. E. A. – BAILLIE, J. E. M. – BOMHAR, B. – BROWN, C. – BRUNO, J. – CARPENTER, K. E. – CARR, G. M. – JANICE CHANSON, J. – CHENERY, A. M. – CSIRKE, J. – DAVIDSON, N. C. – DENTENER, F. – FOSTER, M. – GALLI, A. – GALLOWAY, J. N. – GENOVESI, P. – GREGORY, R. D. – HOCKINGS, M. – KAPOV, V. – LAMARQUE, J-F. – LEVERINGTON, F. – LOH, J. – MCGEOCH21, M. A. – MCRAE, L. – MINASYAN, A. – MORCILLO, M. H. – OLDFIELD, T. E. E. – PAULY, D. – QUADER, S. – REVENGA, C. – SAUER, J. R. – SKOLNIK, B. – SPEAR, D. – STANWELL-SMITH, D. – STUART, S. N. – SYMES, A. – TIERNEY, M. – TYRRELL1, T. D. – VIÉ, J-C. – WATSON, R. (2010): Global biodiversity: Indicators of recent declines. *Science*. 328. 5982. 1164-1168.
37. CALDERÓN, L. – CAMPAGNA, L. – WILKE, T. – LORMEE, H. – ERAUD, C. – DUNN, J. C. – ROCHA, G. – ZEHTINDJIEV, P. – BAKALLOUDIS, D. E. – METZGER, B. – CECERE, J.G. – MARX, M. – QUILLFELDT, P. (2016): Genomic evidence of demographic fluctuations and lack of genetic structure

- across flyways in a long distance migrant, the European turtle dove. *BMC Evolutionary Biology*. 16. 1. 237.
38. CALOGERO, T. – GIOVANNI, C. – BARBARA, G. – ELENA, B. – ERNESTO, T.C. – ILARIA, C. (2003): Characterisation of Newcastle disease virus isolates obtained from Eurasian collared doves (*Streptopelia decaocto*) in Italy. *Avian Pathology*. 32. 1. 63-68.
39. CHEN, X. – PROSSER, R. – SIMONETTI, S. – SADLOCK, J. – JAGIELLO, G. – SCHON, E. A. (1995): Rearranged mitochondrial genomes are present in human oocytes. *American journal of human genetics*. 5. 2. 239-247.
40. CIBOIS, A. – THIBAUT, J. C. – BONILLO, C. – FILARDI, C. E. – WATLING, D., – PASQUET, E. (2014): Phylogeny and biogeography of the fruit doves (Aves: *Columbidae*). *Molecular phylogenetics and evolution*. 70. 442-453.
41. COLEMAN, S. W. (2008): Mourning dove (*Zenaida macroura*) wing-whistles may contain threat-related information for con- and hetero-specifics. *Naturwissenschaften*. 95. 10. 981-986.
42. COOMBS, C. F. B. – ISAACSON, A. J. – MURTON, R. K. – THEARLE, R. J. P. – WESTWOOD, W. J. (1981): Collared doves (*Streptopelia decaocto*) in urban habitats. *Journal of Applied Ecology*. 18. 1. 41-62.
43. CRAMP, S. (1985): *Handbook of the birds of Europe, the Middle East and North Africa*, vol. 4, terns to woodpeckers. Oxford University Press, New York.
44. CROOKS, J. A. - SOULÉ, M. E. - SANDLUND, O. T. (1999): Lag times in population explosions of invasive species: causes and implications. [In Sandland, O. T., Schei, P. J., Viken, A. (szerk.) *Invasive Species and Biodiversity Management*] Kluwer Academic Publishers, The Netherlands. 103-125.
45. CSÁNYI S. – TÓTH K. – KOVÁCS I. – SCHALLY G. (2014): Vadgazdálkodási Adattár - 2013/2014. vadászati év. Országos Vadgazdálkodási Adattár, Gödöllő.
46. DASMAHAPATRA, K. K. – MALLETT, J. (2006): DNA barcodes: recent successes and future prospects. *Heredity*. 97. 4. 254-255.
47. DEL HOYO, J. – ELLIOTT, A. – SARGATAL, J. (1997): *Handbook of the birds of the world*. vol. 4. Lynx Edicions, Barcelona.
48. DLUGOSCH, K. M. – PARKER, I. M. (2008): Founding events in species invasions: genetic variation, adaptive evolution, and the role of multiple introductions. *Molecular Ecology*. 17. 1. 431-449.

49. DRENNEN, D. J. (1997): Nesting of Eurasian Collared-doves (*Streptopelia decaocto*) in Barbour County, Alabama. Alabama Birdlife. 43. 1. 1-7.
50. DUNN, J. L. – ALDERFER, J. (2006): National Geographic field guide to the birds of North America. vVol. 5. National Geographic Society, Washington D.C.
51. EARL, D. A. – vonHOLDT, B. M. (2012): STRUCTURE HARVESTER: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method. Conservation Genetics Resources. 4. 2. 359-361.
52. EGUCHI, T. – EGUCHI, Y. (2000): High yield DNA extraction from the snake cast-off skin or bird feathers using collagenase. Biotechnology Letters. 22. 13. 1097-1100.
53. ELLEGREN, H. – GUSTAFSSON, L. – SHELDON, B. C. (1996): Sex ratio adjustment in relation to paternal attractiveness in a wild bird population. Proceedings of the National Academy of Sciences. 93. 21. 11723-11728.
54. ERAUD, C. – BOUTIN, J. – ROUX, D. – FAIVRE, B. (2007): Spatial dynamics of an invasive bird species assessed using robust design occupancy analysis: the case of the Eurasian Collared Dove (*Streptopelia decaocto*) in France. Journal of Biogeography. 34. 6. 1077-1086.
55. ERAUD, C. – JACQUET, A. – LEGAGNEUX, P. (2011): Post-fledging movements, home range, and survival of juvenile Eurasian collared-doves in western France. The Condor. 113. 1. 150-158.
56. EVANNO, G. – REGNAUT, S. – GOUDET, J. (2005): Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. Molecular Ecology. 14. 8. 2611-2620.
57. EXCOFFIER, L. – LAVAL, L. G. – SCHNEIDER, S. (2005): Arlequin Version 3.0: An integrated software package for population genetics data analysis. Evolutionary Bioinformatics Online. 1. 47-50.
58. EXCOFFIER, L. – SMOUSE, P. – QUATTRO, J. (1992): Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: Application to human mitochondrial DNA restriction data. Genetics. 131. 479-491.
59. FAHEY, A. L. – RICKLEFS, R. E. – DEWOODY, J. A. (2015): Historical demography of bird populations from Hispaniola assessed by nuclear and mitochondrial gene sequences. Folia Zoologica. 64. 3. 259-272.

60. FALUSH, D. – STEPHENS, M. – PRITCHARD, J. K. (2003): Inference of population structure using multilocus genotype data: linked loci and correlated allele frequencies. *Genetics*. 164. 4. 1567-1587.
61. FARAGÓ S. (2012): Vadászati állattan. Mezőgazda Kiadó, Budapest.
62. FELSENSTEIN, J. (1985): Confidence limits on phylogenies: An approach using the bootstrap. *Evolution*. 39. 783-791.
63. FERRI, G. – ALU, M. – CORRADINI, B. – LICATA, M. – BEDUSCHI, G. (2009): Species identification through DNA “barcodes”. *Genetic Testing and Molecular Biomarkers*. 13. 3. 421-426.
64. FIDY, J. – MAKARA, G. (2005): *Biostatiztika*.
<http://www.tankonyvtar.hu/hu/tartalom/tkt/biostatiztika-1/ch16s03.html> Utolsó hozzáférés: 2016.03.17.
65. FISHER, J. (1953): The Collared Turtle Dove in Europe. *Brit Birds*. 56. 5. 153-184.
66. FUJISAKI, I. – PEARLSTINE, E. V. – MAZZOTTI, F. J. (2010): The rapid spread of invasive Eurasian Collared Doves *Streptopelia decaocto* in the continental USA follows human-altered habitats. *Ibis*. 152. 3. 622-632.
67. GALLARDO, B. – ALDRIDGE, D. C. – GONZÁLEZ-MORENO, P. – PERGL, J. – PIZARRO, M. – PYŠEK, P. – THUILLER, W. – YESSON, C. – VILÀ, M. (2017): Protected areas offer refuge from invasive species spreading under climate change. *Global change biology*, 23. 12. 5331-5343.
68. GARRIDO, O. H. – KIRKCONNELL, A. (1990): La Tórtola *Streptopelia decaocto* (Aves: *Columbidae*) en Cuba. *El Pitirre*. 3. 4. 2.
69. GENNIS, R. B. (1992): Site-directed mutagenesis studies on subunit I of the aa3-type cytochrome c oxidase of *Rhodobacter sphaeroides*: a brief review of progress to date. *Biochimica et Biophysica Acta*. 1101. 2. 184-187.
70. GIBB, G. C. – PENNY, D. (2010): Two aspects along the continuum of pigeon evolution: a South-Pacific radiation and the relationship of pigeons within Neoaves. *Molecular Phylogenetics and Evolution*. 56. 2. 698-706.
71. GLUTZ, V. B. U. – BAUER, K. (1980): *Handbuch der Vögel Mitteleuropas*, Bd. 9. Columbiformes–Piciformes. Akademische Verlagsgesellschaft, Wiesbaden.
72. GOODWIN, D. (1977): *Pigeons and doves of the world*. Cornell University Press, New York.

73. GORSKI, W. (1993): Long-term dynamics of an urban population of Collared Dove [*Streptopelia decaocto*] from southern Baltic coast. *The Ring*. 15. 1-2.
74. GROOMBRIDGE, J. J. – JONES, C. G. – BRUFORD, M. W. – NICHOLS, R. A. (2000): Conservation biology: ‘Ghost’ alleles of the Mauritius kestrel. *Nature*. 403. 6770. 616-616.
75. GROSSO, A. R. – BASTOS-SILVEIRA, C. – COELHO, M. M. – DIAS, D. (2006): *Columba palumbus* Cyt b-like Numt sequence: comparison with functional homologue and the use of universal primers. *Folia Zoologica*. 55. 2. 131–144.
76. GUTIÉRREZ-CORCHERO, F. – ARRUGA, M. – SANZ, L. – GARCIA, C. – HERNÁNDEZ, M. – CAMPOS, F. (2002): Using FTA® cards to store avian blood samples for genetic studies. Their application in sex determination. *Molecular Ecology Notes*. 2. 1. 75-77.
77. HAJIBABAEI, M. – SINGER, G. A. – HEBERT, P. D. – HICKEY, D. A. (2007): DNA barcoding: how it complements taxonomy, molecular phylogenetics and population genetics. *Trends in Genetics*. 23. 4. 167-72.
78. HARPENDING, H.C. – SHERRY, S.T. – ROGERS, A.R. – STONEKING, M. (1993): Genetic structure of ancient human populations. *Current Anthropology*. 34. 483-496.
79. HASEGAWA, M. – KISHINO, H. – YANO, T. (1985): Dating the human-ape split by a molecular clock of mitochondrial DNA. *Journal of Molecular Evolution*. 22. 160-174.
80. HEBERT, P. D. – CYWINSKA, A. – BALL, S. L. (2003): Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings of the Royal Society of London B: Biological Sciences*. 270. 1512. 313-321.
81. HEBERT, P. D. – GREGORY, T. R. (2005): The promise of DNA barcoding for taxonomy. *Systematic Biology*. 54. 5. 852-859.
82. HEBERT, P. D. – STOECKLE, M. Y. – ZEMLAK, T. S. – FRANCIS, C. M. (2004): Identification of birds through DNA barcodes. *PLOS Biology*. 2. 10. e312.
83. HENGEVELD, R. (1988): Mechanisms of biological invasions. *Journal of Biogeography*. 15. 5-6. 819-828.
84. HENGEVELD, R. (1993): What to do about the North American invasion by the Collared Dove?. *Journal of Field Ornithology*. 64. 5. 477-489.

85. HINGEE, M. – MAGRATH, R. D. (2009): Flights of fear: a mechanical wing whistle sounds the alarm in a flocking bird. *Proceedings of the Royal Society of London B: Biological Sciences*. 276. 1676. 4173-4179.
86. HOOTEN, M. B. – WIKLE, C. K. (2008): A hierarchical Bayesian non-linear spatio-temporal model for the spread of invasive species with application to the Eurasian Collared-Dove. *Environmental and Ecological Statistics*. 15. 1. 59-70.
87. HORN, P. (1991): *Galambtenyésztők kézikönyve*. Mezőgazdasági Kiadó, Budapest.
88. HORVÁTH, M. B. – MARTÍNEZ-CRUZ, B. – NEGRO, J. J. – KALMÁR, L. – GODOY, J. A. (2005): An overlooked DNA source for noninvasive genetic analysis in birds. *Journal of Avian Biology*. 36. 1. 84-88.
89. HU, D. S. – JOSEPH, L. – AGRO, D. (2000): Distribution, variation, and taxonomy of *Topaza* Hummingbirds (Aves: Trochilidae). *Ornitologia Neotropical*. 11. 123-142.
90. HUDSON, R. (1965): The Spread of the Collared Dove in Britain and Ireland. *British Birds*. 58. 4. 105-139.
91. HUDSON, R. (1972): Collared Doves in Britain and Ireland during 1965-1970. *British Birds*. 65. 139-155.
92. HUGHES, P. D. (2010): Little Ice Age glaciers in the Balkans: low altitude glaciation enabled by cooler temperatures and local topoclimatic controls. *Earth Surface Processes and Landforms*. 35. 2. 229-241.
93. HULME, P. E. – PYSEK, P. – NENTWIG, W. – VILA, M. (2009): Will threat of biological invasions unite the European Union? *Science*. 324. 5923. 40-41.
94. IBM Corp. (2012): *IBM SPSS Statistics for Windows, Version 21.0*. Armonk, NY: IBM Corp.
95. IUCN. (1999): IUCN guidelines for the prevention of biodiversity loss due to biological invasion. *Species*. 31-32. 28-42.
96. JACKSON, L. G. – WAPNER, R. J. (1987): Risks of chorion villus sampling. *Bailliere's Clinical Obstetrics and Gynaecology*. 1. 3. 513-531.
97. JOHNSEN, A – RINDAL, E. – ERICSON, P. G. P. – ZUCCON, D. – KERR, K. C. R. – STOECKLE, M. Y. – LIFJELD, J. T. (2010): DNA barcoding of

- Scandinavian birds reveals divergent lineages in trans-Atlantic species *Journal of Ornithology*. 151. 3. 565-578.
98. JOHNSON, K. P. – CLAYTON, D. H. (2000a): Nuclear and mitochondrial genes contain similar phylogenetic signal for pigeons and doves (Aves: *Columbiformes*). *Molecular phylogenetics and evolution*. 14. 1. 141-151.
99. JOHNSON, K. P. – CLAYTON, D. H. (2000b): A molecular phylogeny of the dove genus *Zenaida*: Mitochondrial and nuclear DNA sequences. *Condor*. 102. 4. 864-870.
100. JOHNSON, K. P. – KORT, S. – DINWOODEY, K. – MATEMAN, A. C. – CATE, C. T. – LESSELS, C. M. – CLAYTON, D. H. (2001): A molecular phylogeny of the Dove genera *Streptotelia* and *Columba*. *The Auk*. 118. 4. 874-887.
101. JOSHI, J. – SALAR, R. K. – BANERJEE, P. (2013): Genetic Variation and Phylogenetic Relationships of Indian Buffaloes of Uttar Pradesh. *Asian-Australasian journal of animal sciences*. 26. 9. 1229.
102. KAN, X. Z. – LI, X. F. – ZHANG, L. Q. – CHEN, L. – QIAN, C. J. – ZHANG, X. W. – WANG, L. (2010a): Characterization of the complete mitochondrial genome of the Rock pigeon, *Columba livia* (Columbiformes: *Columbidae*). *Genetics and Molecular Research*. 9. 2. 1234-1249.
103. KAN, X. Z. – YANG, J. K. – LI, X. F. – CHEN, L. – LEI, Z. P. – WANG, M. – QIAN, C. J. – GAO, H. – YANG, Z. Y. (2010b): Phylogeny of major lineages of galliform birds (Aves: *Galliformes*) based on complete mitochondrial genomes. *Genetics and Molecular Research*. 9. 3. 1625-1633.
104. KASPAREK, M. (1996): Dispersal and range extension of the Collared Dove (*Streptopelia decaocto*) in Europe. *Journal fur Ornithologie*. 137. 1. 1-34.
105. KERR, K. C. R. – STOECKLE, M. Y. – DOVE, C. J. – WEIGT, L. A. – FRANCIS, C. M. – HEBERT, P. D. N. (2007): Comprehensive DNA barcode coverage of North American birds. *Molecular ecology notes*. 7. 4. 535-543.
106. KHAN, H. A. – ARIF, I. A. (2013): COI barcodes and phylogeny of doves (*Columbidae* family). *Mitochondrial DNA*. 24. 6. 689-696.
107. KOCHER, T. D. – THOMAS, W. K. – MEYER, A. – EDWARDS, S. V. – PÄÄBO, S. – VILLABLANCA, F. X. – WILSON, A. C. (1989): Dynamics of mitochondrial DNA evolution in animals: amplification and sequencing with

- conserved primers. Proceedings of the National Academy of Sciences. 86. 16. 6196-6200.
108. KUSZA, S. – PODGÓRSKI, T. – SCANDURA, M. – BOROWIK, T. – JÁVOR, A. – SIDOROVICH, V. E. – BUNEVICH, A. N. – KOLESNIKOV, M. – JEĐRZEJEWSKA, B. (2014): Contemporary genetic structure, phylogeography and past demographic processes of wild boar *Sus scrofa* population in Central and Eastern Europe. PloS one. 9. 3. e91401.
109. KVIST, L. – ARBABI, T. – PÄCKERT, M. – ORELL, M. – MARTENS, J. (2007): Population differentiation in the marginal populations of the great tit (*Paridae: Parus major*). Biological Journal of the Linnean Society. 90. 2. 201-210.
110. LARKIN, M. A. – BLACKSHIELDS, G. – BROWN, N. P. – CHENNA, R. – MCGETTIGAN, P. A. – MCWILLIAM, H. – VALENTIN, F. – WALLACE, I. M. – WILM, A. – LOPEZ, R. – THOMPSON, J. D. – GIBSON, T. J. – HIGGINS, D. G. (2007): Clustal W and Clustal X version 2.0. Bioinformatics. 23. 2947-2948.
111. LARSSON, H., KÄLLMAN, T., GYLLENSTRAND, N., LASCOUX, M. (2013): Distribution of long-range linkage disequilibrium and Tajima's D values in Scandinavian populations of Norway spruce (*Picea abies*). G3: Genes| Genomes| Genetics. 3. 5. 795-806.
112. LÁZÁR E. (2011): Regressziós modellek alkalmazása a kereslet alapú árkutatásban. Doktori (PhD) értekezés, Szent István Egyetem, Gödöllő.
113. LÁZÁR, L. – NAGY, G. R. – RIGÓ JR, J. – NAGY, B. (2012): Cell-free nucleic acid based non-invasive prenatal diagnosis of fetal aneuploidies. Orvosi hetilap. 153. 43. 1687-1691.
114. LEE, C. E. (2002): Evolutionary genetics of invasive species. Trends in Ecology & Evolution. 17. 8. 386-391.
115. LEE, M. S. Y. (2004): The molecularisation of taxonomy. Invertebrate Systematics. 18. 1. 1-6.
116. LI, M. – WEI, F. – GOOSSENS, B. – FENG, Z. – TAMATE, H. B. – BRUFORD, M. W. – FUNK, S. M. (2004): Mitochondrial phylogeography and subspecific variation in the red panda (*Ailurus fulgens*): implications for conservation. Molecular Phylogenetics and Evolution. 36. 1. 78-89.
117. LI, W. H. (1997): Molecular Evolution. Sinauer Associates Incorporated,

Sunderland.

118. LIJTMAER, D. A. – KERR, K. C. – STOECKLE, M. Y. – TUBARO, P. L. (2012): DNA barcoding birds: from field collection to data analysis. *DNA Barcodes: Methods and Protocols*. 127-152.
119. LIYANAGE, R. P. – DEMATAWEWA, C. M. B. – SILVA, G. L. L. P. (2015): Comparative study on morphological and morphometric features of village chicken in Sri Lanka. *Tropical Agricultural Research*. 26. 2. 261-273.
120. LOPES, I. F. – MIÑO, C. I. – DEL LAMA, S. N. (2007): Genetic diversity and evidence of recent demographic expansion in waterbird populations from the Brazilian Pantanal. *Brazilian Journal of Biology*. 67. 4. 849-857.
121. LUNT, D. H. – ZHANG, D. – X. – SZYMURA, J. M. – HEWITT, G. M. (1996): The insect cytochrome oxidase I gene: evolutionary patterns and conserved primers for phylogenetic studies. *Insect molecular biology*. 5. 3. 153-165.
122. MAGYAR MADÁRTANI ÉS TERMÉSZETVÉDELMI EGYESÜLET (2016): Magyarország madarai: Balkáni gerle. <http://www.mme.hu/magyarorszagmadarai/madaradatbazis-strdec> Utolsó hozzáférés: 2017. 01. 12.
123. MAKATSCH, W. (1955): A délkelet-európai madarak elterjedésének határa és eltolódásai. *Aquila*. 59-62. 339-346.
124. MALAGÓ, W. – FRANCO, H. M. – MATHEUCCI, E. – MEDAGLIA, A. – HENRIQUE-SILVA, F. (2002): Large scale sex typing of ostriches using DNA extracted from feathers. *BMC biotechnology*. 2. 1. 19.
125. MANNI, F. – GUÉRARD, E. – HEYER, E. (2004): Geographic patterns of (genetic, morphologic, linguistic) variation: how barriers can be detected by “Monmonier’s algorithm”. *Human Biology*. 76. 2. 173-190.
126. MARTÍNEZ-CRUZ, B. – GODOY, J. A. – NEGRO, J. J. (2004): Population genetics after fragmentation: the case of the endangered Spanish imperial eagle (*Aquila adalberti*). *Molecular Ecology*. 13. 8. 2243-2255.
127. MÁTYÁS CS. (2002): Erdészeti – természetvédelmi genetika. Mezőgazda Kiadó, Budapest.
128. MAYR, E. (1950): Speciation in birds. In: Proc. X. Internat. Ornithology Congress Uppsala, Sweden, 91-131.

129. MCDONALD, P. G. – GRIFFITH, S. C. (2011): To pluck or not to pluck: the hidden ethical and scientific costs of relying on feathers as a primary source of DNA. *Journal of Avian Biology*. 42. 3. 197-203.
130. MEIER, R. – SHIYANG, K. – VAIDYA, G. – NG, P. K. L. (2006): DNA barcoding and taxonomy in Diptera: a tale of high intraspecific variability and low identification success. *Systematic Biology*. 55. 5. 715-728.
131. MEYER, C. P. – PAULAY, G. (2005): DNA barcoding: error rates based on comprehensive sampling. *PLOS Biology*. 3. 12. e422.
132. MOALI, A. – MOALI-GRINE, N. – FELLOUS, A. – ISENMANN, P. (2003): 3612: Expansion spatiale de la tourterelle turque *Streptopelia decaocto* et présence dans les parcs urbains du pigeon ramier *Columba palumbus* en Algérie. *Alauda*. 71. 3. 371-374.
133. MOLLER, A. P. – COUDERC, G. – NIELSEN, J. T. (2009): Viability selection on prey morphology by a generalist predator. *Journal of evolutionary biology*. 22. 6. 1234-1241.
134. MORITZ, C. – CICERO, C. (2004): DNA barcoding: promise and pitfalls. *Public Library of Science Biology*. 2. 10. 1529-1531.
135. MORITZ, C. (1994): Applications of mitochondrial DNA analysis in conservation: a critical review. *Molecular Ecology*. 3. 4. 401-411.
136. NI, G. – LI, Q. – NI, L. – KONG, L. – YU, H. (2015): Population subdivision of the surf clam *Macra chinensis* in the East China Sea: Changjiang River outflow is not the sole driver. *PeerJ*. 3. e1240.
137. NUGROHO, E. (2002): Rapid fluctuation of genetic variability in artificially propagated population of red sea bream. *Jurnal Bioteknologi Pertanian*. 7. 1-7.
138. OMLAND, K. E. (1997): Correlated rates of molecular and morphological evolution. *Evolution*. 51. 5. 1381-1393.
139. OVENDEN, J. R. – MACBETH, G. M. – POPE, L. – THUESEN, P. – STREET, R. – BRODERICK, D. (2015): Translocation between freshwater catchments has facilitated the spread of tilapia in eastern Australia. *Biological Invasions*. 17. 2. 637-650.
140. PÁLFIA ZS. – KRISTÓF Z. (2013): *A sejtbiológia alapjai*. Eötvös Loránd Tudományegyetem, Budapest.

141. PAPP, CS. – PAPP, Z. (2003): Chorionic villus sampling and amniocentesis: what are the risks in current practice? *Current Opinion in Obstetrics and Gynecology*. 15. 2. 159-165.
142. PASS, D. A. (1995): Normal Anatomy of the Avian Skin and Feathers. *Seminars in Avian and Exotic Pet Medicine*. 4. 4. 152–160.
143. PEAKALL, R. – SMOUSE, P. E. (2006): GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular Ecology Notes*. 6. 288-295.
144. PEAKALL, R. – SMOUSE, P. E. (2012): GenAEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research-an update. *Bioinformatics*. 28. 2537-2539.
145. PEARCE, J. M. – FIELDS, R. L. – SCRIBNER, K. T. (1997): Nest Materials as a Source of Genetic Data for Avian Ecological Studies (Material del Nido Como Fuente para Obtener Datos Genéticos en Estudios Ecológicos). *Journal of Field Ornithology*. 68. 3. 471-481.
146. PERKTAŞ, U. – GÜR, H. – SAĞLAM, İ. K. – QUINTERO, E. (2015): Climate-driven range shifts and demographic events over the history of Kruper's Nuthatch *Sitta krueperi*. *Bird Study*, 62. 1. 14-28.
147. PODANI, J. (1997): Bevezetés a többváltozós biológiai adatfeltárás rejtelmeibe. Scientia Kiadó, Budapest.
148. POLING, T. D. – HAYSLETTE, S. E. (2006): Dietary overlap and foraging competition between Mourning Doves and Eurasian Collared-doves. *Journal of Wildlife Management*. 70. 4. 998-1004.
149. POSADA, D. – CRANDALL, K. A. (2001): Intraspecific gene genealogies: trees grafting into networks. *Trends in Ecology & Evolution*. 16. 1. 37-45.
150. Prentis, P. J. – Wilson, J. R. – Dormontt, E. E. – Richardson, D. M. – Lowe, A. J. (2008): Adaptive evolution in invasive species. *Trends in plant science*. 13. 6. 288-294.
151. PRUETT, C. L. – HENKE, S. E. – TANKSLEY, S. M. – SMALL, M. E. – HOGAN, K. M – ROBERSON, J. (2000): Mitochondrial DNA and morphological variation of White-winged Doves in Texas. *The Condor*. 102. 4. 871-880.
152. RADFORD, A. N. – BLAKEY, J. K. (2000): Is variation in brood sex ratios adaptive in the great tit (*Parus major*)?. *Behavioral Ecology*. 11. 3. 294-298.

153. RATNASINGHAM, S. – HEBERT, P. D. N. (2007): BOLT: The Barcode of Life Data System: (<http://www.barcodinglife.org>). *Molecular Ecology Notes*. 7. 3. 355-364.
154. RAWLINGS, L. H. – DONELLAN, S. C. (2002): Phylogeographic analysis of the green python, *Morelia viridis*, reveals cryptic diversity. *Molecular Pylogenetics and Evolution*. 27. 1. 36-44.
155. ROBERTSON, H. A. (1990): Breeding of Collared Doves *Streptopelia decaocto* in rural Oxfordshire, England. *Bird Study*. 37. 2. 73-83.
156. ROCHA-CAMERERO, G. – HIDALGO DE TRUCIOS, S. J. (2002): The spread of the Collared Dove *Streptopelia decaocto* in Europe: colonization patterns in the west of the Iberian Peninsula. *Bird Study*. 49. 1. 11-16.
157. ROGERS, A. R. – HARPENDING, H. (1992): Population Growth Makes Waves in the Distribution of Pairwise Genetic Differences. *Molecular Biology and Evolution*. 9. 3. 552-569.
158. ROGERS, C. – BURGOYNE, L. (1997): Bacterial typing: storing and processing of stabilized reference bacteria for polymerase chain reaction without preparing DNA - an example of an automatable procedure. *Analytical biochemistry*. 247. 2. 223-227.
159. ROMAGOSA, C. M. – LABISKY, R. F. (2000): Establishment and dispersal of the Eurasian Collared Dove in Florida. *Journal of Field Ornithology*. 71. 1. 159-166.
160. ROMAGOSA, C. M. – MCENEANEY, T. (1999): Eurasian collared-dove in North America and the Caribbean. *North American Birds*. 53. 4. 348-353.
161. ROSENBERG, N. A. (2004): Distruct: a program for the graphical display of population structure. *Molecular Ecology Notes*. 4: 137-138.
162. ROQUES, S. – NEGRO, J. J. (2005): MtDNA genetic diversity and population history of a dwindling raptorial bird, the red kite (*Milvus milvus*). *Biological Conservation*. 126. 1. 41-50.
163. RUDNICK, J. A. – KATZNER, T. E. – BRAGIN, E. A. – DEWOODY, J. A. (2007): Species identification of birds through genetic analysis of naturally shed feathers. *Molecular Ecology Note*. 7. 5. 757-762.
164. SANTIAGO-ALARCON, D. – TANKSLEY, S. M. – PARKER, P. G. (2006): Morphological variation and genetic structure of Galapagos Dove (*Zenaida*

- galapagoensis*) populations: issues in conservation for the Galapagos bird fauna. The Wilson Journal of Ornithology. 118. 2. 194-207.
165. SARASTE, M. (1990): Structural features of cytochrome oxidase. Quarterly reviews of biophysics. 23. 04. 331-366.
166. SCHEFFLER, I. E. (1999): Mitochondria. John Wiley and Sons Inc., New York.
167. SCHEIDT, S. N. – HURLBERT, A. H. (2014): Range Expansion and Population Dynamics of an Invasive Species: The Eurasian Collared-Dove (*Streptopelia decaocto*). PLOS ONE. 9. 11. 1510.
168. SCHINDEL, D. E. – STOECKLE, M. Y. – MILENSKY, C. – TRIZNA, M. – SCHMIDT, B. – GEBHARD, C. – GRAVES, G. (2011): Project description: DNA barcodes of bird species in the national museum of natural history, Smithsonian Institution, USA. ZooKeys. 152. 87-92.
169. SCHNEIDER, S. – EXCOFFIER, L. (1999): Estimation of demographic parameters from the distribution of pairwise differences when the mutation rates vary among sites: Application to human mitochondrial DNA. Genetics. 152. 1079-1089.
170. SEBERG, O. – HUMPHRIES, C. J. – KNAPP, S. – STEVENSON, D. W. – PETERSEN, G. – SCHARFF, N. – ANDERSEN, N. M. (2003): Shortcuts in systematics? A commentary on DNA-based taxonomy. Trends in Ecology & Evolution. 18. 2. 63-65.
171. SEKI, S. I. – TAKANO, H. – KAWAKAMI, K. – KOTAKA, N. – ENDO, A. – TAKEHARA, K. (2007): Distribution and genetic structure of the Japanese wood pigeon (*Columba janthina*) endemic to the islands of East Asia. Conservation Genetics. 8. 5. 1109-1121.
172. SEUTIN, G. – WHITE, B. N. – BOAG, P. T. (1991): Preservation of avian blood and tissue samples for DNA analyses. Canadian Journal of Zoology. 69. 1. 82-90.
173. SHAPIRO, B. – SIBTHORPE, D. – RAMBAUT, A. – AUSTIN, J. – WRAGG, G. M.; – BININDA-EMONDS, O. R. P. – LEE, P. L. M. – COOPER, A. (2002): Flight of the dodo. Science. 295. 5560. 1683-1683.
174. SHEARER, T. L. – COFFROTH, M. A. (2008): Barcoding corals: limited by inter-specific divergence, not intraspecific variation. Molecular Ecology Resources. 8. 2. 247-255.

175. SLATKIN, M. – HUDSON, R. R. (1991): Pairwise comparisons of mitochondrial DNA sequences in stable and exponentially growing populations. *Genetics*. 129. 555-562.
176. SMITH, P. W. (1987): The Eurasian collared-dove arrives in the Americas. *American Birds*. 41. 5. 1370-1379.
177. SNOW, D. W. – PERRINS, C. M. – GILLMOR, R. (1998): The birds of the western Palearctic, Non-passerines, vol. 1: 1832. Oxford University Press, Oxford.
178. STEPIEN, C. A. – BROWN, J. E. – NEILSON, M. E. – TUMEO, M. A. (2005): Genetic diversity of invasive species in the Great Lakes versus their Eurasian source populations: insights for risk analysis. *Risk Analysis*. 25. 4. 1043-1060.
179. STRESEMANN, E. – NOWAK, E. (1958): Die Ausbreitung der Türkentaube in Asien und Europa. *Journal für Ornithologie*. 99. 3. 243-296.
180. SUN, W. – DONG, H. – GAO, Y. B. – SU, Q. F. – QIAN, H. T. – BAI, H. Y. – ZHANG, Z. T. – CONG, B. (2015): Genetic Variation and Geographic Differentiation Among Populations of the Nonmigratory Agricultural Pest *Oedaleus infernalis* (Orthoptera: *Acridoidea*) in China. *Journal of Insect Science*. 15. 1. 150.
181. SUTOVSKY, P. – MORENO, R. D. – RAMALHO-SANTOS, J. – DOMINKO, T. – SIMERLY, C. – SCHATTEEN, G. (2000): Ubiquitinated sperm mitochondria, selective proteolysis, and the regulation of mitochondrial inheritance in mammalian embryos. *Biology of Reproduction*. 63. 2. 582-590.
182. SYROTEUK, M. (2008): First Occurrence of the Eurasian Collared-Dove (*Streptopelia decaocto*) in the west Kootenay Region of British Columbia. *Wildlife Afield*. 5. 2. 226-228.
183. TABAK, M. A. – PONCET, S. – PASSFIELD, K. – CARLING, M. D. – DEL RIO, C. M. (2015): The relationship between distance and genetic similarity among invasive rat populations in the Falkland Islands. *Conservation Genetics*. 16. 1. 125-135.
184. TABERLET, P. – BOUVET, J. (1991): A Single Plucked Feather as a Source of DNA for Bird Genetic Studies. *The Auk*. 108. 4. 959-960.
185. TABERLET, P. – LUIKART, G. (1999): Noninvasive genetic sampling and individual identification. *Biological journal of the linnean society*. 68. 1-2. 41-55.

186. TABERLET, P. – WAITS, L. P. – LUIKART, G. (1999): Noninvasive genetic sampling: look before you leap. *Trends in Ecology and Evolution*. 14. 8. 323-327.
187. TAJIMA, F. (1989): The effect of change in population size on DNA polymorphism. *Genetics*. 123. 597-601.
188. TAMURA, K. – STECHER, G. – PETERSON, D. – FILIPSKI, A. – KUMAR, S. (2013): MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 6.0. *Molecular Biology and Evolution*. 30. 2725-2729.
189. TANKSLEY, S. M. (2000): Analysis of genetic differentiation in White-winged Doves. Ph.D. disszertáció, A&M University, College Station.
190. TELLERÍA, J. L. – CARBONELL, R. (1999): Morphometric variation of five Iberian Blackcap *Sylvia atricapilla* populations. *Journal of Avian Biology*. 30. 1. 63-71.
191. THE FEATHER ATLAS. (2016):
<https://www.fws.gov/lab/featheratlas/search.php> Utolsó hozzáférés: 2016.03.19.
192. THÉVENOT, M. – VERNON, R. – BERGIER, P. (2003): The birds of Morocco. An annotated checklist. British Ornithologists' Union & British Ornithologists' Club, Tring.
193. TÓTH V. (2014): A platánlevél-sátorosmoly (*Phyllonorycter platani* Staudinger 1870) populációgenetikai vizsgálata. Ph.D. disszertáció, NYME.
194. TSUTSUI, N. D. – SUAREZ, A. V., – GROSBERG, R. K. (2003): Genetic diversity, asymmetrical aggression, and recognition in a widespread invasive species. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 100. 3. 1078-1083.
195. TSUTSUI, N. D. – SUAREZ, A. V. – HOLWAY, D. A. – CASE, T. J. (2000): Reduced genetic variation and the success of an invasive species. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 97. 11. 5948-5953.
196. TURVEY, S. T. – CHEKE, A. S. (2008): Dead as a dodo: the fortuitous rise to fame of an extinction icon. *Historical Biology*. 20. 2. 149-163.
197. WAITS, L. P. – PAETKAU, D. (2005): Noninvasive genetic sampling tools for wildlife biologists: a review of applications and recommendations for accurate data collection. *Journal of Wildlife Management*. 69. 4. 1419-1433.
198. VILI N. – HORVÁTH M. B. – KOVÁCS, SZ. – HORNUNG E. – KALMÁR L. (2009): Alternatív mintavételi módszer gyakorlati alkalmazhatósága madárgenetikai vizsgálatokban: parlagi sasok ivarmeghatározása, mikroszatellitákon alapuló egyedi azonosítása és mtDNS-ének vizsgálata

- |Alternative sampling methods in avian genetic studies: sexing, microsatellites based individual identification and mtDNA analyses of eastern imperial eagles (*Aquila heliaca*). Magyar Állatorvosok Lapja. 131. 7. 426-435.
199. VILI N. – KALMÁR L. – KOVÁCS SZ. – HORVÁTH M. (2007): A parlagi sas genetikai változatossága. [In: Forró, L. (szerk.) A Kárpát-medence állatvilágának kialakulása] Magyar Természettudományi Múzeum, Budapest.
200. WEIR, B. S. – COCKERHAM, C. C. (1984): Estimating F-statistics for the analysis of population structure. *Evolution*. 38. 1358-1370.
201. WELLER, A. A. – SCHUCHMANN, K. L. (2004): Biogeographic and taxonomic revision of the trainbearers *Lesbia* (Trochilidae), with the description of two new subspecies. *Ornithologischer Anzeiger*. 43. 2. 115-136.
202. WILL, K. W. – MISHLER, B. – WHEELER, Q. D. (2005): The perils of DNA barcoding and the need for integrative taxonomy. *Systematic Biology*. 54. 5. 844-851.
203. WILL, K. W. – RUBINOFF, D. (2004): Myth of the molecule: DNA barcodes for species cannot replace morphology for identification and classification. *Cladistics*. 20. 1. 47-55.
204. WILLIAMS, D. A. – MUCHUGU, E. – OVERHOLT, W. A. – CUDA, J. P. (2007): Colonization patterns of the invasive Brazilian peppertree, *Schinus terebinthifolius*, in Florida. *Heredity*. 98. 5. 284-293.
205. I1:https://upload.wikimedia.org/wikipedia/commons/thumb/8/88/Streptopelia_decaocto_expansion.png/480px-Streptopelia_decaocto_expansion.png Utolsó hozzáférés: 2016.02.10.
206. I2:https://upload.wikimedia.org/wikipedia/commons/2/29/Streptopelia_decaocto_range_map.png Utolsó hozzáférés: 2016.02.10.
207. I3: Zumeta J.B., Heinze G. M.
http://aulaenred.ibercaja.es/img/262_CollaredDoveSdecaocto.pdf Utolsó hozzáférés: 2014.08.26.

11. PUBLIKÁCIÓK AZ ÉRTEKEZÉS TÉMAKÖRÉBEN



**DEBRECENI
EGYETEM**

**DEBRECENI EGYETEM
EGYETEMI ÉS NEMZETI KÖNYVTÁR**
H-4002 Debrecen, Egyetem tér 1, Pf.: 400
Tel.: 52/410-443, e-mail: publikaciok@lib.unideb.hu

Nyilvántartási szám: DEENK/68/2018.PL
Tárgy: PhD Publikációs Lista

Jelölt: Bagi Zoltán
Neptun kód: U3K65G
Doktori Iskola: Állattenyésztési Tudományok Doktori Iskola
MTMT azonosító: 10038226

A PhD értekezés alapjául szolgáló közlemények

Magyar nyelvű tudományos közlemények hazai folyóiratban (2)

1. **Bagi, Z.**, Kusza, S.: A balkáni gerle (*Streptopelia decaocto*) genetikai diszkontinuitás vizsgálata. *Agrártud. Közl.* 73, 5-11, 2017. ISSN: 1587-1282.
2. **Bagi, Z.**, Kusza, S.: Molekuláris genetikai módszerek alkalmazása madárfajok esetében (irodalmi áttekintés). *Agrártud. Közl.* 69, 37-41, 2016. ISSN: 1587-1282.

Idegen nyelvű tudományos közlemények hazai folyóiratban (2)

3. **Bagi, Z.**, Posta, J., Kusza, S.: Morphometric characterization and exact separation of Eurasian Collared Dove (*Streptopelia decaocto*) and Common Pigeon (*Columba livia* forma domestica) moulted feathers. *Acta Agron. Óvár.* 58 (1), 21-32, 2017. ISSN: 1416-647X.
4. **Bagi, Z.**, Posta, J., Kusza, S.: Chromatometric comparison of Eurasian Collared Dove (*Streptopelia decaocto*) and Feral Pigeon (*Columba livia* domestica) feathers. *Agrártud. Közl.* 70, 19-22, 2016. ISSN: 1587-1282.

Idegen nyelvű tudományos közlemények külföldi folyóiratban (2)

5. **Bagi, Z.**, Dimopoulos, E. A., Loukovitis, D., Eraud, C., Kusza, S.: MitDNA genetic diversity and structure of Eurasian Collared Dove (*Streptopelia decaocto*). *PLoS One.* 13 (3), e0193935, 2018. EISSN: 1932-6203.
DOI: <http://dx.doi.org/10.1371/journal.pone.0193935>
IF: 2.806 (2016)
6. **Bagi, Z.**, Kraus, R. H., Kusza, S.: A review of the invasive Eurasian Collared Dove and possible research methods in the future. *Balk. J. Wildl. Res.* 4 (2), 1-10, 2017. EISSN: 2335-0113.
DOI: <http://dx.doi.org/10.15679/bjwr.v4i2.53>





Magyar nyelvű konferencia közlemények (2)

7. **Bagi, Z.,** Kusza, S.: Tollból történő DNS Izolálás a Debreceni Egyetem Állatgenetikai Laboratóriumában.
In: Nemzetközi összefogás a jövő agrárkutatásáért konferencia kiadványa : 2015. június 11., Debrecen / fel. szerk. Bodnár Karina Bianka, Erdős Zsuzsa, Debreceni Egyetem Tormay Béla Szakkollégium, Debrecen, 6-9, 2015. ISBN: 9789634738169
8. **Bagi, Z.,** Juhász, L., Kusza, S.: Az Európai Balkáni Gerle (*Streptopelia decaocto* Friv.) populációk genetikai szerkezetének vizsgálata - Első lépések.
In: IV. Kari Tudományos Konferencia - Konferencia Kiadvány. Szerk.: Bidló András, Horváth Adrienn, Szűcs Péter, Nyugat-magyarországi Egyetem, Erdőmérnöki Kar, Sopron, 223-226, 2014. ISBN: 9789633590331

Magyar nyelvű absztrakt kiadványok (1)

9. **Bagi, Z.,** Juhász, L., Kusza, S.: Az Európai Balkáni Gerle (*Streptopelia decaocto* Friv.) populációk genetikai szerkezetének vizsgálata - Első lépések.
In: Kari Tudományos Konferencia : a konferencia előadásainak és poszttereinek kivonata, 2013. december 10. Szerk.: Bidló András, Szabó Zília, Nyugat-magyarországi Egyetem Erdőmérnöki Kar, Sopron, 89, 2013.

Idegen nyelvű absztrakt kiadványok (2)

10. **Bagi, Z.,** Kusza, S.: Genetic diversity study of Eurasian Collared Dove (*Streptopelia decaocto*) in Hungary.
In: Fiatal Biotechnológusok Országos Konferenciája "FIBOK 2016" : Program és összefoglalók. Szerk.: Gócsa Elen, Kiss Erzsébet, Maráz Anna, Várallyai Éva, Szent István Egyetemi Kiadó, Gödöllő, 53, 2016.
11. **Bagi, Z.,** Posta, J., Kusza, S.: Morphometric comparison of Eurasian Collared Dove (*Streptopelia decaocto*) and feral pigeon (*Columba livia domestica*) based on primary feathers.
In: 5th International Hunting and Game Management Symposium : Books of abstracts and Proceedings. Ed.: Szilvia Kusza, András Jávor, Lícium-Art, Debrecen, 51, 2016. ISBN: 9786155403101

További közlemények

Magyar nyelvű könyvrészletek (1)

12. **Bagi, Z.:** Óshonos magyar galambfajták helyzete és védelme.
In: Határokon átvívelő tudományos és kulturális kapcsolatok - konferenciák. Szerk.: Vári Enikő, Debreceni Egyetem Agrár : Gazdálkodástudományok Centruma Tormay Béla Szakkollégium, Debrecen, 7-15, 2012. ISBN: 9789630842105





Idegen nyelvű, hazai könyvrészletek (1)

13. **Bagi, Z.**, Kusza, S.: Presentation of the cultural value of Hungarian pigeon breeding.
In: 20th Youth Scientific Forum. Ed.: Bene Szabolcs, University of Pannonia, Georgikon
Faculty, Keszthely, 77-90, 2014. ISBN: 9789639639577

Magyar nyelvű tudományos közlemények hazai folyóiratban (2)

14. Tóth, B. M., **Bagi, Z.**, Kusza, S.: Ponty (Cyprinus carpio L.) tájfajták különböző markerekkel végzett genetikai vizsgálatai a Világban és Magyarországon - összefoglaló tanulmány.
Acta Agron. Óvár. 58 (2), 16-35, 2017. ISSN: 1416-647X.
15. **Bagi, Z.**, Kusza, S.: A magyar galambtenyésztés által őrzött értékek.
Agrártud. Közl. 57, 9-14, 2014. ISSN: 1587-1282.

Magyar nyelvű absztrakt kiadványok (7)

16. Barna, C., Jakub, Z., **Bagi, Z.**: Megvalósíthatósági tanulmány: a Téb-erdő és a hozzá kapcsolódó fás legelők élőhely rekonstrukciója.
In: IX. Magyar Természetvédelmi Biológiai Konferencia : "Tudományoktól a döntéshozatalig"
: Absztrakt-kötet. Szerk.: Lengyel Szabolcs, Magyar Biológiai Társaság : MTA Ökológiai
Kutatóközpont ; Szeged : Szegedi Tudományegyetem Ökológiai Tanszék, Budapest, 33,
2014.
17. **Bagi, Z.**: A ragadozómadarak versenyalambokra gyakorolt hatásának felmérése.
In: IV. SzaKKKör Konferencia : Szakkollégiumok Konferenciája a Környezet- és
Természetvédelemért : ... előadásainak összefoglalói / fel. szerk. Takács Márton, SZIE
Környezetvédelmi (Zöld) Szakkollégium, [Gödöllő], 26, 2013. ISBN: 9789632693460
18. **Bagi, Z.**: Óshonos galambfajtáink védelmét elősegítő szervezeti keretek fejlesztésének eddigi
eredményei és jövőbeli lehetőségei.
In: A "Debreceni fejlődés és környezet" konferencia írásos anyagainak összefoglalói :
elektronikus dokumentum : Debrecen, 2013. június 25-26.. Szerk.: Balla Zoltán, DE AGTC
Kerpely Kálmán Szakkollégium, Debrecen, 19, 2013. ISBN: 9786155183843
19. **Bagi, Z.**: Óshonos magyar galambfajták helyzete és védelme.
In: III. SzaKKKör Konferencia [elektronikus dokumentum] : Szakkollégiumok Konferenciája a
Környezet- és Természetvédelemért : ... előadásainak összefoglalói / fel. szerk. Takács
Márton, SZIE Környezetvédelmi (Zöld) Szakkollégium, [Gödöllő], 27, 2012. ISBN:
9789632693217
20. **Bagi, Z.**: Óshonos magyar galambfajták helyzete és védelme.
In: VII. Magyar Természetvédelmi Biológiai Konferencia : "Többfrontos természetvédelem :
önkéntesek, hivatásos természetvédők és kutatók összefogása természeti értékeink
megőrzéséért" : Debreceni Egyetem, 2011. november 3-6. : program és absztrakt-kötet.
Szerk.: Lengyel Szabolcs, Varga Katalin, Kosztyi Beatrix, Magyar Biológiai Társaság,
Budapest, 50, 2011. ISBN: 9789633181690





21. **Bagi, Z.**: Óshonos magyar galambfajták helyzete és védelme.
In: XXX. Jubileumi OTDK Agrártudományi Szekció Konferencia-kötet : program és előadás összefoglalók. Szerk.: Pál László, Farkas Róbert, Kodrik László, Pannon Egyetem Georgikon Kar, Keszthely, 278, 2011. ISBN: 9789639639416
22. **Bagi, Z.**: Óshonos magyar galambfajták helyzete és védelme.
In: XII. Országos Felsőoktatási Környezettudományi Diákkonferencia Konferencia-kötet. Szerk.: Szarka László, Nyugat-magyarországi Egyetem Kiadó, Sopron, 221-222, 2010.

Idegen nyelvű absztrakt kiadványok (1)

23. **Bagi, Z.**, Kusza, S.: Morphometry and chromatometry study of farmed Pheasant (*Phasianus colchicus*) stocks in Hungary - First steps.
In: Book of abstracts and Proceedings of the 5th International Hunting and Game Management Symposium 2016. Ed.: Szilvia Kusza, András Jávor, University of Debrecen, Debrecen, 52, 2016. ISBN: 9786155403101

Ismeretterjesztő, népszerűsítő cikkek (4)

24. **Bagi, Z.**, Kusza, S.: Szapora, mint a nyúl? - A hajdani sokaságtól a bizonytalan jövőig.
Élet Tud. 73 (6), 166-168, 2018. ISSN: 0013-6077.
25. Kusza, S., **Bagi, Z.**: Mezei nyulak és a hibridizáció - Bonyolult rokonság.
Élet Tud. 70 (14), 425-427, 2015. ISSN: 0013-6077.
26. **Bagi, Z.**, Kusza, S.: Nyúlfajok részleges hibridizációja.
Élet Tud. 70 (13), 388-389, 2015. ISSN: 0013-6077.
27. **Bagi, Z.**: Galambászat mint értékmentés.
Élet Tud. 69 (7), 205-207, 2014. ISSN: 0013-6077.

A közlő folyóiratok összesített impact faktora: 2,806

A közlő folyóiratok összesített impact faktora (az értekezés alapjául szolgáló közleményekre): 2,806

A DEENK a Jelölt által az iDEa Tudóstérbe feltöltött adatok bibliográfiai és tudományometriai ellenőrzését a tudományos adatbázisok és a Journal Citation Reports Impact Factor lista alapján elvégezte.



Debrecen, 2018.03.12.

12. NYILATKOZATOK

Nyilatkozat

Ezen értekezést a Debreceni Egyetem Állattenyésztési Tudományok Doktori Iskolájának keretében készítettem, a Debreceni Egyetem doktori (Ph.D.) fokozatának elnyerése céljából.

Debrecen, 20.....

.....
a jelölt aláírása

NYILATKOZAT

Tanúsítom, hogy Bagi Zoltán doktorjelölt 2013-2016 között a fent megnevezett Doktori Iskola keretében irányításommal végezte munkáját. Az értekezésben foglalt eredményekhez a jelölt önálló alkotó tevékenységével meghatározóan hozzájárult, az értekezés a jelölt önálló munkája. Az értekezés elfogadását javasolom.

Debrecen, 20.....

.....
a témavezető aláírása

13. MELLÉKLETEK

Rövidítések jegyzéke

AMOVA:	Analysys of Molecular Variance
ATP:	adenozin-5'-trifoszfát
bp:	bázispár
COI:	citokróm-oxidáz I. alegység
cytb:	citokróm-b
DC:	cséve átmérője
df:	Degrees of freedom (szabadsági fok)
DIV:	belső zászló szélessége
DNS:	dezoxi-ribonukleinsav
DOV:	külső zászló szélessége
FIB7:	β - fibrinogén intron 7
gDNS:	genomiális DNS
h:	haplotípusok száma
H _d :	haplotípusok diverzitás értéke
H _t :	haplotípus
In/Del:	inszerció/delécio
korm:	kormánytoll
LC:	cséve hossza
LCV:	teljes zászló hossza
LIV:	belső zászló hossza
LOV:	külső zászló hossza
LR:	tollgerinc hossza
mtDNS:	mitokondriális DNS
n:	elemszám
n.a.:	nincs adat
NCBI:	National Center for Biotechnology Information
ND2:	NADH dehidrogenáz 2 alegység génje
NJ:	Neighbour-Joining módszer
obs:	observed (tapasztalt érték)

P:	szignifikancia szint
PCR:	polimeráz láncreakció
Pop:	populáció
r	raggedness index
RNS:	ribonukleinsav
SD:	standard deviation (szórás)
SSD	sum of squared deviation (eltérés négyzetösszeg)
sim:	simulated (elvárt érték)
tRNS:	transzfer RNS
WCV:	belső zászló szélessége
π :	nukleotid diverzitás értéke

Ábrák jegyzéke

- 1. ábra:** Az európai expanzió lefolyását bemutató térkép
- 2. ábra:** A balkáni gerle jelenlegi elterjedési területe a Földön
- 3. ábra:** Balkáni gerle megfigyeléseken alapuló elterjedési térképe Magyarországon
- 4. ábra:** Balkáni gerle állomány méretének alakulása fészkelési időszakban 1999 és 2015 között Magyarországon
- 5. ábra:** Balkáni gerle állomány méretének alakulása telelési időszakban 1999 és 2014 között Magyarországon
- 6. ábra:** A *Columba livia* teljes mitokondriális genomja
- 7. ábra:** A tollcsévében található, vérrögöt tartalmazó felső köldök
- 8. ábra:** A populációk közötti divergencia vizsgálatához kijelölt priori populációk
- 9. ábra:** Méretfelvételi pontok a tollakon
- 10. ábra:** Balkáni gerle (*Streptopelia decaocto*) evező tollak
- 11. ábra:** Házigalamb (*Columba livia domestica*) evező tollak
- 12. ábra:** Network Median-Joining ábra a haplotípusok kapcsolatairól
- 13. ábra:** A COI szekvencia értékei alapján rajzolt Maximum-Likelihood bootstrap konszenzus fa
- 14. ábra:** Az Evanno módszerrel számított delta K értékeinek ábrázolása a legvalószínűbb csoportosítás meghatározására
- 15. ábra:** A klaszteranalízis (K=2) eredménye a vizsgált összes minta esetében
- 16. ábra:** Területi autokorrelációt bemutató korrelogram
- 17. ábra:** Főkoordináta analízis (PCoA) a genetikai és földrajzi távolságok közötti korreláció alapján
- 18. ábra:** Az geneteikai és földrajzi izoláció összefüggései a vizsgálati területen
- 19. ábra:** Mismatch eloszlás görbék a két genetikailag eltérő csoport és a teljes vizsgált állomány
- 20. ábra:** Gyakorlati alkalmazásra javasolt méretfelvételi pontok a tollon

Táblázatok jegyzéke

- 1. táblázat:** A felhasznált primerek adatai
- 2. táblázat:** A morfometriai vizsgálat során használt rövidítések
- 3. táblázat:** Az elemszámra és a diverzitás indexekre vonatkozó Pearson korreláció a priori populációk tekintetében
- 4. táblázat:** A vizsgálatban szereplő szekvenciák molekuláris diverzitás indexei
- 5. táblázat:** Az AMOVA eredménye a priori populációk különböző szempontú csoportosításai esetén
- 6. táblázat:** Neutralitás tesztek és mismatch eredményei
- 7. táblázat:** Független mintás t-próba próba eredményei a DC változó esetében
- 8. táblázat:** A vizsgált tollak leíró statisztikai adatai a DC változó esetében
- 9. táblázat:** Független mintás t-próba próba eredményei a DIV változó esetében
- 10. táblázat:** A vizsgált tollak leíró statisztikai adatai a DIV változó esetében
- 11. táblázat:** Független mintás t-próba próba eredményei a DOV változó esetében
- 12. táblázat:** A vizsgált tollak leíró statisztikai adatai a DOV változó esetében
- 13. táblázat:** Független mintás t-próba próba eredményei az LC változó esetében
- 14. táblázat:** A vizsgált tollak leíró statisztikai adatai az LC változó esetében
- 15. táblázat:** Független mintás t-próba próba eredményei a LCV változó esetében
- 16. táblázat:** A vizsgált tollak leíró statisztikai adatai a LCV változó esetében
- 17. táblázat:** Független mintás t-próba próba eredményei a LIV változó esetében
- 18. táblázat:** A vizsgált tollak leíró statisztikai adatai a LIV változó esetében
- 19. táblázat:** Független mintás t-próba próba eredményei a LOV változó esetében
- 20. táblázat:** A vizsgált tollak leíró statisztikai adatai a LOV változó esetében
- 21. táblázat:** Független mintás t-próba próba eredményei az LR változó esetében
- 22. táblázat:** A vizsgált tollak leíró statisztikai adatai a LR változó esetében
- 23. táblázat:** Független mintás t-próba próba eredményei a WCV változó esetében
- 24. táblázat:** A vizsgált tollak leíró statisztikai adatai a WCV változó esetében
- 25. táblázat:** A változók magyarázóereje diszkriminancia-anlízis alapján
- 26. táblázat:** A változók legnagyobb magyarázóerőt biztosító kombinációjának kiválasztása logisztikus regresszió segítségével

Mellékletek jegyzéke

- 1. melléklet:** A mtDNS vizsgálatban felhasznált COI szekvenciák adatai
- 2. melléklet:** A referencia szekvencia (KX 372273) alapján meghatározott variábilis pozíciók az általunk meghatározott haplotípusokban

1. melléklet: A mtDNS vizsgálatban felhasznált COI szekvenciák adatai

KÓD	NCBI	REFERENCIA	ORSZÁG	SZÁRMAZÁSI HELY	HAPLOTÍPUS	CSOPORT	POPULÁCIÓ	MINTA
BIH-02	MF381966.1	saját vizsgálat	Bosznia-Hercegovina	Szarajevó	Ht16	A	Pop9	toll (evező)
BW-01	MF381977.1	saját vizsgálat	Fehéroroszország	Baranovichi	Ht1	A	Pop10	toll (evező)
C-01	MF381977.1	saját vizsgálat	Kuba	Havanna	Ht1	A	Pop15	toll (korm.)
CY-01	MF381977.1	saját vizsgálat	Ciprus	Nicosia	Ht1	A	Pop9	toll (evező)
CZ-01	MF381989.1	saját vizsgálat	Csehország	Průhonice	Ht31	A	Pop8	toll (evező)
CZ-04	MF381992.1	saját vizsgálat	Csehország	Průhonice	Ht20	A	Pop8	toll (evező)
CZ-05	MF381977.1	saját vizsgálat	Csehország	Průhonice	Ht1	A	Pop8	toll (evező)
CZ-06	MF381977.1	saját vizsgálat	Csehország	Lutová	Ht1	A	Pop8	toll (evező)
CZ-07	MF381979.1	saját vizsgálat	Csehország	Libořezy	Ht3	A	Pop8	toll (korm.)
CZ-08	MF381977.1	saját vizsgálat	Csehország	Žíteč	Ht1	A	Pop8	toll (evező)
FR-01	MF381977.1	saját vizsgálat	Franciaország	Oléron	Ht1	A	Pop12	toll (evező)
FR-03	MF381978.1	saját vizsgálat	Franciaország	Oléron	Ht2	A	Pop12	toll (evező)
FR-04	MF381978.1	saját vizsgálat	Franciaország	Oléron	Ht2	A	Pop12	toll (evező)
FR-05	MF382003.1	saját vizsgálat	Franciaország	Oléron	Ht48	A	Pop12	toll (evező)
FR-06	MF381985.1	saját vizsgálat	Franciaország	Oléron	Ht23	A	Pop12	toll (evező)
FR-07	MF381959.1	saját vizsgálat	Franciaország	Oléron	Ht9	B	Pop12	toll (evező)
FR-08	MF381978.1	saját vizsgálat	Franciaország	Oléron	Ht2	A	Pop12	toll (evező)
FR-09	MF381977.1	saját vizsgálat	Franciaország	Oléron	Ht1	A	Pop12	toll (evező)
FR-10	MF382006.1	saját vizsgálat	Franciaország	Oléron	Ht55	A	Pop12	toll (evező)
FR-11	MF381981.1	saját vizsgálat	Franciaország	Oléron	Ht5	A	Pop12	toll (evező)
FR-13	MF381981.1	saját vizsgálat	Franciaország	Oléron	Ht5	A	Pop12	toll (evező)
GB-01	MF381976.1	saját vizsgálat	Nagy-Britannia	Glasgow	Ht58	A	Pop14	toll (fedő)

GB-03	MF381991.1	saját vizsgálat	Nagy-Britannia	Cambrige	Ht34	A	Pop14	toll (korm.)
GB-04	MF381969.1	saját vizsgálat	Nagy-Britannia	Cambrige	Ht24	A	Pop14	toll (korm.)
GB-06	MF381984.1	saját vizsgálat	Nagy-Britannia	Cambrige	Ht22	A	Pop14	toll (evező)
GB-11	MF381977.1	saját vizsgálat	Nagy-Britannia	Cheshire	Ht1	A	Pop14	toll (evező)
GB-13	MF381977.1	saját vizsgálat	Nagy-Britannia	Cheshire	Ht1	A	Pop14	toll (evező)
GB-14	MF381977.1	saját vizsgálat	Nagy-Britannia	Cheshire	Ht1	A	Pop14	toll (evező)
GB-15	MF381977.1	saját vizsgálat	Nagy-Britannia	Cheshire	Ht1	A	Pop14	toll (evező)
GB-16	MF381982.1	saját vizsgálat	Nagy-Britannia	Cheshire	Ht19	A	Pop14	toll (evező)
GB-17	MF381970.1	saját vizsgálat	Nagy-Britannia	Cheshire	Ht41	A	Pop14	toll (evező)
GB-28	MF381975.1	saját vizsgálat	Nagy-Britannia	Cheshire	Ht52	A	Pop14	toll (evező)
GB-29	MF381977.1	saját vizsgálat	Nagy-Britannia	Cheshire	Ht1	A	Pop14	toll (korm.)
GB-30	JQ176291.1	SCHINDEL et al., 2011	Nagy-Britannia	Norfolk	Ht20	A	n.a.	n.a.
GP-01	MF381977.1	saját vizsgálat	Franciaország	Guadeloupe	Ht1	A	Pop15	toll (evező)
GP-02	MF381977.1	saját vizsgálat	Franciaország	Guadeloupe	Ht1	A	Pop15	toll (evező)
GP-03	MF381959.1	saját vizsgálat	Franciaország	Guadeloupe	Ht9	B	Pop15	toll (korm.)
GP-04	MF381977.1	saját vizsgálat	Franciaország	Guadeloupe	Ht1	A	Pop15	toll (evező)
GP-05	MF381974.1	saját vizsgálat	Franciaország	Guadeloupe	Ht51	A	Pop15	toll (evező)
GP-06	MF381977.1	saját vizsgálat	Franciaország	Guadeloupe	Ht1	A	Pop15	toll (evező)
GP-07	MF381977.1	saját vizsgálat	Franciaország	Guadeloupe	Ht1	A	Pop15	toll (evező)
GP-09	MF381994.1	saját vizsgálat	Franciaország	Guadeloupe	Ht42	A	Pop15	toll (evező)
GP-10	MF381977.1	saját vizsgálat	Franciaország	Guadeloupe	Ht1	A	Pop15	toll (evező)
GP-12	MF381977.1	saját vizsgálat	Franciaország	Guadeloupe	Ht1	A	Pop15	toll (evező)
HU-01	MF381961.1	saját vizsgálat	Magyarország	Tótkomlós	Ht11	B	Pop4	toll (evező)
HU-02	MF381965.1	saját vizsgálat	Magyarország	Tótkomlós	Ht15	B	Pop4	toll (evező)

HU-03	MF381977.1	saját vizsgálat	Magyarország	Balmazújváros	Ht1	A	Pop2	toll (korm.)
HU-04	MF381977.1	saját vizsgálat	Magyarország	Gödöllő	Ht1	A	Pop1	toll (korm.)
HU-05	MF381977.1	saját vizsgálat	Magyarország	Gödöllő	Ht1	A	Pop1	toll (korm.)
HU-07	MF382004.1	saját vizsgálat	Magyarország	Mosonszolnok	Ht49	A	Pop7	tojáshéj
HU-08	MF381992.1	saját vizsgálat	Magyarország	Kaposvár	Ht20	A	Pop6	toll (evező)
HU-09	MF382005.1	saját vizsgálat	Magyarország	Orosháza	Ht50	A	Pop4	izomszövet
HU-10	MF381967.1	saját vizsgálat	Magyarország	Orosháza	Ht17	A	Pop4	izomszövet
HU-11	MF381977.1	saját vizsgálat	Magyarország	Orosháza	Ht1	A	Pop4	izomszövet
HU-12	MF381977.1	saját vizsgálat	Magyarország	Orosháza	Ht1	A	Pop4	izomszövet
HU-13	MF381977.1	saját vizsgálat	Magyarország	Orosháza	Ht1	A	Pop4	izomszövet
HU-14	MF382002.1	saját vizsgálat	Magyarország	Orosháza	Ht44	A	Pop4	izomszövet
HU-15	MF381977.1	saját vizsgálat	Magyarország	Baks	Ht1	A	Pop3	izomszövet
HU-16	MF381967.1	saját vizsgálat	Magyarország	Bócsa	Ht17	A	Pop3	izomszövet
HU-17	MF381977.1	saját vizsgálat	Magyarország	Mindszent	Ht1	A	Pop3	izomszövet
HU-18	MF381992.1	saját vizsgálat	Magyarország	Tótkomlós	Ht20	A	Pop4	izomszövet
HU-19	MF381981.1	saját vizsgálat	Magyarország	Hódmezővásárhely	Ht5	A	Pop3	izomszövet
HU-20	MF381967.1	saját vizsgálat	Magyarország	Hódmezővásárhely	Ht17	A	Pop3	izomszövet
HU-21	MF381977.1	saját vizsgálat	Magyarország	Seregélyes	Ht1	A	Pop1	izomszövet
HU-22	MF381972.1	saját vizsgálat	Magyarország	Székesfehérvár	Ht46	A	Pop1	izomszövet
HU-23	MF381972.1	saját vizsgálat	Magyarország	Mór	Ht46	A	Pop1	izomszövet
HU-24	MF381972.1	saját vizsgálat	Magyarország	Kecskemét	Ht46	A	Pop3	izomszövet
HU-25	MF381997.1	saját vizsgálat	Magyarország	Simaság	Ht54	A	Pop7	izomszövet
HU-26	MF381971.1	saját vizsgálat	Magyarország	Fertőhomok	Ht45	A	Pop7	izomszövet
HU-27	MF381977.1	saját vizsgálat	Magyarország	Tótkomlós	Ht1	A	Pop4	izomszövet

HU-28	MF382001.1	saját vizsgálat	Magyarország	Harsány	Ht40	A	Pop2	izomszövet
HU-29	MF381977.1	saját vizsgálat	Magyarország	Dusnok	Ht1	A	Pop6	izomszövet
HU-30	MF381977.1	saját vizsgálat	Magyarország	Csökmő	Ht1	A	Pop2	izomszövet
HU-31	MF381963.1	saját vizsgálat	Magyarország	Sopron	Ht13	B	Pop7	toll (evező)
HU-32	MF381986.1	saját vizsgálat	Magyarország	Balf	Ht25	A	Pop7	toll (evező)
HU-34	MF381956.1	saját vizsgálat	Magyarország	Balatonkenese	Ht6	B	Pop1	toll (evező)
HU-35	MF381973.1	saját vizsgálat	Magyarország	Mosonmagyaróvár	Ht47	A	Pop7	toll (evező)
HU-36	MF381977.1	saját vizsgálat	Magyarország	Mosonszolnok	Ht1	A	Pop7	toll (evező)
HU-37	MF381981.1	saját vizsgálat	Magyarország	Mohács	Ht5	A	Pop6	izomszövet
HU-38	MF381972.1	saját vizsgálat	Magyarország	Mohács	Ht46	A	Pop6	izomszövet
HU-39	MF381998.1	saját vizsgálat	Magyarország	Sátorhely	Ht56	A	Pop6	izomszövet
HU-41	MF381995.1	saját vizsgálat	Magyarország	Demecser	Ht43	A	Pop2	toll (korm.)
HU-42	MF381980.1	saját vizsgálat	Magyarország	Demecser	Ht4	A	Pop2	toll (korm.)
HU-43	MF381985.1	saját vizsgálat	Magyarország	Mosonszolnok	Ht23	A	Pop7	tojáshéj
HU-45	MF381977.1	saját vizsgálat	Magyarország	Barcs	Ht1	A	Pop6	izomszövet
HU-46	MF382001.1	saját vizsgálat	Magyarország	Barcs	Ht40	A	Pop6	izomszövet
HU-47	MF381978.1	saját vizsgálat	Magyarország	Barcs	Ht2	A	Pop6	izomszövet
HU-48	MF381977.1	saját vizsgálat	Magyarország	Barcs	Ht1	A	Pop6	izomszövet
HU-49	MF381977.1	saját vizsgálat	Magyarország	Barcs	Ht1	A	Pop6	izomszövet
HU-50	MF381977.1	saját vizsgálat	Magyarország	Barcs	Ht1	A	Pop6	izomszövet
HU-51	MF381993.1	saját vizsgálat	Magyarország	Barcs	Ht35	A	Pop6	izomszövet
HU-52	MF381977.1	saját vizsgálat	Magyarország	Barcs	Ht1	A	Pop6	izomszövet
HU-53	MF381983.1	saját vizsgálat	Magyarország	Barcs	Ht21	A	Pop6	izomszövet
HU-54	MF381977.1	saját vizsgálat	Magyarország	Tiszaalpár	Ht1	A	Pop3	izomszövet

HU-56	MF381981.1	saját vizsgálat	Magyarország	Mosonszolnok	Ht5	A	Pop7	tojáshéj
HU-57	MF381990.1	saját vizsgálat	Magyarország	Sátorhely	Ht32	A	Pop6	izomszövet
HU-58	MF381978.1	saját vizsgálat	Magyarország	Sátorhely	Ht2	A	Pop6	izomszövet
HU-59	MF381984.1	saját vizsgálat	Magyarország	Sátorhely	Ht22	A	Pop6	izomszövet
HU-60	MF382002.1	saját vizsgálat	Magyarország	Sátorhely	Ht44	A	Pop6	izomszövet
HU-61	MF381978.1	saját vizsgálat	Magyarország	Sátorhely	Ht2	A	Pop6	izomszövet
HU-62	MF382001.1	saját vizsgálat	Magyarország	Sátorhely	Ht40	A	Pop6	izomszövet
HU-63	MF381978.1	saját vizsgálat	Magyarország	Sátorhely	Ht2	A	Pop6	izomszövet
HU-64	MF381977.1	saját vizsgálat	Magyarország	Sátorhely	Ht1	A	Pop6	izomszövet
HU-65	MF382007.1	saját vizsgálat	Magyarország	Sátorhely	Ht57	A	Pop6	izomszövet
HU-66	MF381957.1	saját vizsgálat	Magyarország	Sátorhely	Ht7	B	Pop6	izomszövet
HU-67	MF381967.1	saját vizsgálat	Magyarország	Mosonszolnok	Ht17	A	Pop7	toll (evező)
IT-01	MF381962.1	saját vizsgálat	Olaszország	Catania	Ht12	B	Pop9	toll (evező)
NL-01	MF381977.1	saját vizsgálat	Hollandia	Nijmegen	Ht1	A	Pop11	toll (korm.)
NL-03	MF381977.1	saját vizsgálat	Hollandia	Nijmegen	Ht1	A	Pop11	toll (korm.)
NL-05	MF381977.1	saját vizsgálat	Hollandia	Nijmegen	Ht1	A	Pop11	toll (evező)
NL-06	MF381977.1	saját vizsgálat	Hollandia	Nijmegen	Ht1	A	Pop11	toll (evező)
NL-07	KF946864.1	ALIABADIAN et al., 2013	Hollandia	Hoogkerk	Ht1	A	n.a.	izomszövet
NOR-01	GU571632.1	JOHNSEN et al., 2010	Norvégia	Oslo	Ht53	A	n.a.	vér
PK-01	KC182070.1	AWAN et al., 2013	Pakisztán	Lahor	Ht5	A	n.a.	vér
PK-02	KC182064.1	AWAN et al., 2013	Pakisztán	Lahor	Ht33	A	n.a.	vér
PK-03	KC182069.1	AWAN et al., 2013	Pakisztán	Lahor	Ht1	A	n.a.	vér
PK-04	KC182068.1	AWAN et al., 2013	Pakisztán	Lahor	Ht1	A	n.a.	vér
PK-05	KC182067.1	AWAN et al., 2013	Pakisztán	Lahor	Ht1	A	n.a.	vér

PK-06	KC182066.1	AWAN et al., 2013	Pakisztán	Lahor	Ht1	A	n.a.	vér
PK-07	KC182062.1	AWAN et al., 2013	Pakisztán	Lahor	Ht39	A	n.a.	vér
PK-08	KC182065.1	AWAN et al., 2013	Pakisztán	Lahor	Ht1	A	n.a.	vér
PK-09	KC182071.1	AWAN et al., 2013	Pakisztán	Lahor	Ht28	A	n.a.	vér
PK-10	KC182063.1	AWAN et al., 2013	Pakisztán	Lahor	Ht36	A	n.a.	vér
PL-01	MF381977.1	saját vizsgálat	Lengyelország	Gdansk	Ht1	A	Pop10	toll (evező)
PL-03	MF381958.1	saját vizsgálat	Lengyelország	Krakkó	Ht8	B	Pop10	toll (korm.)
RO-01	MF381960.1	saját vizsgálat	Románia	Temesvár	Ht10	B	Pop5	toll (evező)
RO-02	MF381960.1	saját vizsgálat	Románia	Tulcea	Ht10	B	Pop9	toll (evező)
RO-04	MF381978.1	saját vizsgálat	Románia	Boncida	Ht2	A	Pop5	toll (evező)
RO-05	MF381978.1	saját vizsgálat	Románia	Temesvár	Ht2	A	Pop5	toll (korm.)
RO-07	MF381977.1	saját vizsgálat	Románia	Szapáryfalva	Ht1	A	Pop5	toll (korm.)
RO09	MF381977.1	saját vizsgálat	Románia	Kolozsvár	Ht1	A	Pop5	vér
RO10	MF381959.1	saját vizsgálat	Románia	Kolozsvár	Ht9	B	Pop5	vér
RO11	MF381990.1	saját vizsgálat	Románia	Kolozsvár	Ht32	A	Pop5	vér
SA-01	HQ168040.1	KHAN és ARIF 2013	Szaúd-Arábia	n.a.	Ht22	A	n.a.	n.a.
SA-02	HQ168041.1	KHAN és ARIF 2013	Szaúd-Arábia	n.a.	Ht20	A	n.a.	n.a.
SP-01	MF381964.1	saját vizsgálat	Spanyolország	Zaragoza	Ht14	B	Pop13	toll (evező)
SP-03	MF381977.1	saját vizsgálat	Spanyolország	Badajoz	Ht1	A	Pop13	toll (evező)
SP-05	MF381977.1	saját vizsgálat	Spanyolország	Badajoz	Ht1	A	Pop13	toll (evező)
SP-07	MF381988.1	saját vizsgálat	Spanyolország	Badajoz	Ht30	A	Pop13	toll (evező)
SP-08	MF381987.1	saját vizsgálat	Spanyolország	Badajoz	Ht26	A	Pop13	toll (evező)
SP-09	MF381999.1	saját vizsgálat	Spanyolország	Badajoz	Ht27	A	Pop13	toll (evező)
SP-10	MF381977.1	saját vizsgálat	Spanyolország	Badajoz	Ht1	A	Pop13	toll (evező)

SP-12	MF381967.1	saját vizsgálat	Spanyolország	Badajoz	Ht17	A	Pop13	toll (korm.)
SP-13	MF381977.1	saját vizsgálat	Spanyolország	Badajoz	Ht1	A	Pop13	toll (korm.)
SP-15	MF381965.1	saját vizsgálat	Spanyolország	Badajoz	Ht15	B	Pop13	toll (korm.)
SWE-01	GU572102.1	JOHNSEN et al., 2010	Svédország	Trollhaettan	Ht1	A	n.a.	n.a.
USA-01	DQ433219.1	KERR et al., 2007	USA	Homestead	Ht37	A	n.a.	izomszövet
USA-02	DQ433220.1	KERR et al., 2007	USA	Homestead	Ht38	A	n.a.	izomszövet
TR-01	MF382000.1	saját vizsgálat	Törökország	Canakkale	Ht29	A	Pop9	toll (evező)
TR-02	MF381996.1	saját vizsgálat	Törökország	Canakkale	Ht53	A	Pop9	toll (evező)
TR-03	MF381968.1	saját vizsgálat	Törökország	Antalya	Ht18	A	Pop9	toll (korm.)
TR-05	MF381977.1	saját vizsgálat	Törökország	Ahmetbeyli	Ht1	A	Pop9	toll (korm.)

Köszönetnyilvánítás

Ezúton szeretnék köszönetet mondani minden közreműködőnek, aki bármilyen módon is hozzájárult dolgozatom elkészítéséhez.

Köszönettel tartozom témavezetőmnek, **Dr. Kusza Szilviának** az évek során nyújtott szakmai, lelki támogatásért, végtelen türelméért és kitartó bizalmáért, valamint a számomra biztosított kutatáshoz szükséges feltételekért.

Szakmai előmeneteletem nagyban segítette **Dr. Jávor András**, **Dr. Kovács András** és **Dr. Komlói István** támogatása. Köszönettel tartozom továbbá az **Állatgenetikai Laboratórium** és az **Állattenyésztési Tanszék** munkatársainak, akik hasznos tanácsaikkal és önzetlen segítségükkel támogatták munkámat.

Köszönet illeti **Dr. Juhász Lajost**, aki a témaválasztás és a kutatómunka során segített szakmai tanácsaival. Hálával tartozom továbbá **Dr. Posta Jánosnak** a statisztikai elemzések során nyújtott tanácsaiért valamint **Dr. Robert H. S. Kraus** Assistant Professor-nak a molekuláris genetikai elemző programok kezelésének elsajátításában való közreműködéséért. Köszönetemet fejezem ki **Dr. Kovács Szilviának** és munkatársainak a tollból történő DNS izolálás módszerének gyakorlati elsajátítása során nyújtott segítségért.

Hálával tartozom azoknak az embereknek akik felhívásomnak eleget téve önzetlen segítségükkel segítettek a vizsgálat mintagyűjtését, ezáltal lehetővé téve olyan területek mintázását is ahova nem lett volna lehetőségem eljutni. Köszönöm **Szakács Ádámnak** a morfometriai vizsgálat méretfelvételei során nyújtott segítségét.

Véghné Tóth Biankának a kutatással kapcsolatos hasznos konzultációk és a dolgozat összeállításában nyújtott pótolhatatlan segítségért tartozom köszönettel.

Baráti köszönet illeti **Barna Csillát** a tudományos kérdésekben adott tanácsaiért, valamint amiért példamutatásával és lelkesedésével motivált, támogatott és támaszom volt a legnehezebb időszakokban is.

Végezetül szeretném köszönetemet kifejezni **Családomnak** és **Barátaimnak**, akik az évek során türelmükkel és támogatásukkal mindvégig mellettem álltak. Dolgozatom nem készülhetett volna el biztatásuk nélkül.