

Doktori (PhD) értekezés tézisei

A MAGYAR GALAMBTENYÉSZTÉS GENETIKAI ERŐFORRÁSAINAK VIZSGÁLATA

Balog Katalin
doktorjelölt

Témavezető:
Dr. Bagi Zoltán Ph.D.
tudományos főmunkatárs



DEBRECENI EGYETEM
Állattenyésztési Tudományok Doktori Iskola

Debrecen, 2026.

1. A DOKTORI ÉRTEKEZÉS ELŐZMÉNYEI ÉS CÉLKITŰZÉSEI

Az ember és a házigalamb (*Columba livia domestica*) kapcsolata évezredekre nyúlik vissza; a faj házasítása feltehetően 3–10 ezer évvel ezelőtt történt, bár pontos ideje továbbra is vitatott (LEVI, 1996; HERNANDEZ-ALONSO és mtsai., 2023). A házigalamb a történelem során több területen is fontos szerepet töltött be: kultikus és szimbolikus állatként, hírvivőként, sport- és szórakoztató célokban, valamint élelmiszerforrásként. Ezek közül a hústermelés napjainkban is meghatározó hasznosítási irány, mivel a galambhús előállítása viszonylag alacsony ráfordítást igényel, miközben magas biológiai értékű fehérjét biztosít (MACKROTT, 1998; ASADUZZAMAN és mtsai., 2012). A korábban jelentős magyar húsgalamb-ágazat az elmúlt évtizedekben visszaesett, a tenyészállományok csökkentek, és a hazai genotípusok versenyképessége romlott, jelenleg a hazai tenyészetek nagyrészt import tenyészállatokra támaszkodhatnak, ami gazdasági és genetikai szempontból is kockázatot jelent. Ezzel párhuzamosan a nagy teljesítményű hibridek elterjedése világszerte szűkíti a genetikai bázist (VEKIĆ és mtsai., 2023), ami tovább növeli a helyi genetikai erőforrások megőrzésének és hasznosításának jelentőségét. Mivel a hazai állományokra vonatkozó átfogó genetikai adatok korlátozottak, szükséges olyan molekuláris genetikai módszerek alkalmazása, amelyek hosszú távon fenntartható és gazdaságos szelekciós alapot biztosítanak. A fentiek alapján disszertációmban célul tűztem ki a magyarországi nagytestű házigalamb állományok genetikai diverzitásának, populációszerkezetének és filogenetikai kapcsolatainak vizsgálatát, különös tekintettel az őshonos magyar fajtákra. Emellett cél volt olyan egy pontos nukleotid polimorfizmusok (SNP) azonosítása, amelyek a húsgalamb ágazat szempontjából fontos tulajdonságokkal állhatnak összefüggésben, és a szelekcióban hasznosíthatók. Az eredmények hozzájárulhatnak a hazai genetikai erőforrások megőrzéséhez és a növekvő minőségi állati fehérjeigény kielégítéséhez.

A kutatás célkitűzései:

mtDNS alapú diverzitás és eredetvizsgálat – I. vizsgálat

1. A hústermelés szempontjából releváns magyarországi és külföldi eredetű házigalamb populációk genetikai sokféleségének felmérése.
2. A fajták közötti genetikai kapcsolatok és a domesztikáció vizsgálata referencia-populációk bevonásával.

Multimarker alapú populációgenetikai elemzés – II. vizsgálat

3. A nagytestű házigalamb fajták genetikai diverzitásának, populációszerkezetének és filogenetikai kapcsolatainak komplex vizsgálata mtDNS (COI régió) és 13 mikroszatellit (SSR) marker alkalmazásával.
4. A különböző marker-rendszerek (mtDNS vs. SSR) információtartalmának és alkalmazhatóságának összehasonlítása.

SNP (egy pontos nukleotid-polimorfizmus) alapú alkalmazott genetikai vizsgálat – III. vizsgálat

5. A házityúkra (*Gallus gallus domesticus*) fejlesztett SNP-chip technológia alkalmazhatóságának vizsgálata házigalambban.
6. A termelési tulajdonságokkal összefüggő potenciális SNP-k azonosítása és a hasznosítási típusok közötti különbségek elemzése.

2. ANYAG ÉS MÓDSZER

A kutatás három, módszertanilag elkülönülő részből állt. A kutatás három, módszertanilag elkülönülő részből állt. A vizsgálatokhoz minden esetben olyan galamboktól származó mintákat használtunk, amelyek kiválasztása a rendelkezésre álló származási információk (gyűrűszámok, valamint a tenyésztők saját nyilvántartásai és állományukra vonatkozó ismeretei) alapján történt annak érdekében, hogy a minták közötti rokonsági kapcsolat ne álljon fenn. A mintagyűjtés során a tenyésztőket kifejezetten arra kértük, hogy egymással rokonságban nem álló egyedeket jelöljenek ki a vizsgálathoz, és egy adott tenyészetből csak addig vontunk be további egyedeket, amíg ez a feltétel teljesíthető volt.

A mintavételi stratégia része volt továbbá, hogy lehetőség szerint a tenyésztőszervezetekben aktív, országosan ismert és elismert, az adott fajtában hosszú idő óta eredményesen tenyésztő szakembereket keressük fel, akik megfelelő rálátással rendelkeznek az adott fajta hazai állományára, és tenyésztői tevékenységüket általános elismertség övezi. A vizsgált egyedek ezért több tenyészetből és több földrajzi helyről származtak. Ugyanakkor fontos megjegyezni, hogy a hazai galambfajták esetében egységes pedigré-nyilvántartás nem áll rendelkezésre, és a populációk pontos méretéről vagy szerkezetéről sem érhetők el minden esetben naprakész adatok. Emiatt a vizsgált fajták állományainak méretéről nehéz hiteles képet alkotni, azonban a mintavétel során minden rendelkezésre álló információ felhasználásával törekedtünk a lehető legreprezentatívabb mintakészlet kialakítására.

A vizsgálatokhoz minden esetben egymással rokonságban nem álló galamboktól származó, szárnyvénából vett vérmintákat használtunk, míg a mintaelőkészítési eljárások az egyes vizsgálatípusoknak megfelelően különböztek.

2.1. Mintagyűjtés és mintaelőkészítés

2.1.1. Mintavétel és DNS izolálás

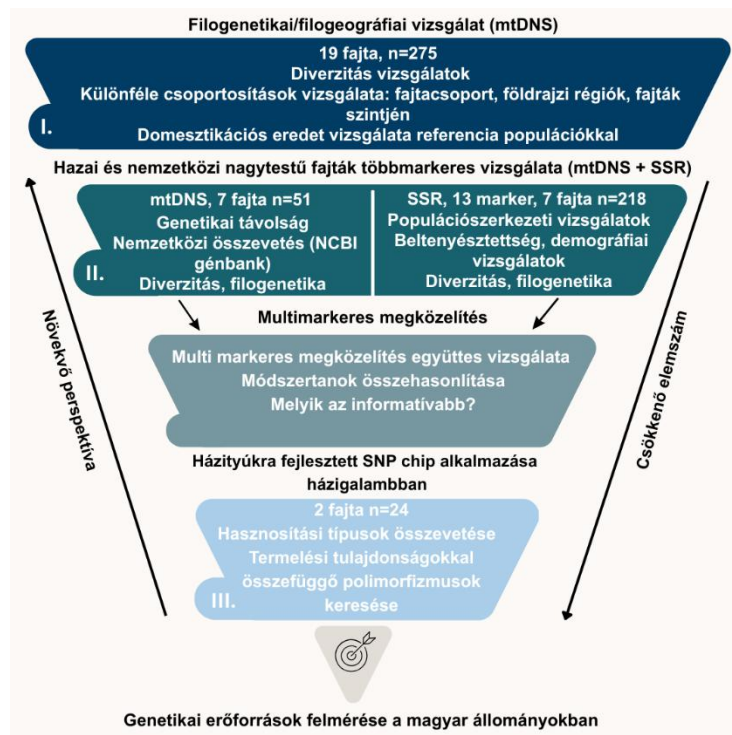
A vizsgálatokhoz szükséges vérmintákat a magyar, valamint a külföldi eredetű, de nemzetközi elterjedésű galambfajták esetében 2018 és 2023 között Magyarországon és Romániában működő galambtenyésztők állományaiból gyűjtöttük 2 ml-es, EDTA-t (etilén-diamin-tetraecetsav) tartalmazó vérvételi csövekbe. Az iraki galambfajtákból származó mintákat ezzel szemben 2022–2023 között Irakban FTA (Flinders Technology Associates) kártyákra gyűjtöttük. A mintavétel minden esetben a szárnyvénából (*vena brachialis*) történt. A vérvételt megelőzően a szúrás helyét Softasept (B Braun, Németország) színtelen alkoholos bőrfertőtlenítőszerrel kezeltük. A mintákat egyedi azonosítóval láttuk el, majd a laboratóriumi feldolgozásig -20 °C-on tároltuk. Az iraki minták esetében a vérvételt követően azonnal, a

helyszínen megtörtént az FTA kártyákra való kihelyezés, melyet legalább 6 órás száradási periódus követett a szállítás előtt. A mintavétel nem járt az egyedek elhullásával; az állatok a mintavételt követően a tenyészállományban maradtak. A mintagyűjtést a Debreceni Egyetem helyi etikai bizottsága hagyta jóvá 20/2023/DEMÁB nyilvántartási engedélyszám alatt.

A vérminták DNS izolálása a Debreceni Egyetem Agrár Genomikai és Biotechnológiai Központjában történt. A vizsgálatok során összesen 395 vérminta genomiális DNS-ének izolálására a ZSOLNAI és ORBÁN (1999) protokollt, 97 FTA kártya izolálására pedig a MagCore® (szárított vérfolthoz) 401 protokollt (RBC Bioscience Corp., Belgium) használtuk a MagCore® Automated Nucleic Acid Extractor robot segítségével a gödöllői Magyar Agrár és Élettudományi Egyetem Genetika és Genomika Tanszékén. Az izolált DNS koncentrációját NanoDrop1000 spektrofotométerrel (ThermoFisher Scientific, USA) mértük.

2.1.2. Az alkalmazott vizsgálatok logikai rendszere

A disszertációban alkalmazott vizsgálatok egymásra épülő, fokozatosan szűkülő logikai rendszerint kerültek kialakításra (1. ábra). A kutatás kiindulópontját egy szélesebb léptékű filogenetikai és filogeográfiai vizsgálat jelentette, amelynek célja a vizsgált házigalambfajták genetikai diverzitásának, rokonsági viszonyainak és eredetének vizsgálata volt. Ezt követően a fókusz a hazai szempontból meghatározó, nagytestű fajtákra szűkült, ahol már célzottabb, multimarker-alapú összehasonlításra nyílt lehetőség. Ennek során lehetőségünk adódott populációszerkezeti, beltenyésztettségi és demográfiai vizsgálatok elvégzésére. Egy harmadik vizsgálatban a kutatás perspektívája tovább szűkült, ebben már két eltérő hasznosítási típus összevetésére, és a termelési tulajdonságokkal összefüggő polimorfizmusok azonosítására fókuszáltunk. Az így kialakított csoportosítási típusok tehát egyszerre szemléltetik a vizsgálati kör fokozatos szűkülését, valamint a kutatási célok egyre célzottabbá és alkalmazás-orientáltabbá válását.



1. ábra: Az alkalmazott vizsgálatok logikai rendszere

2.2. A vizsgálatok során alkalmazott protokollok

A mitokondriális vizsgálatok során a mitokondriális genom citokróm-oxidáz I (COI) régiójának egy-egy meghatározott, de eltérő szakaszát jelöltük ki.

2.2.1. I. vizsgálat

Primertervezés és polimeráz-lánreakció (PCR) amplifikáció

A vizsgálatok optimalizálása érdekében saját primerpárt terveztünk, amelyek egy 664 bp hosszúságú szekvenciaszakaszt amplifikáltak. A primertervezéshez a házigalamb teljes mitokondriális genomját használtuk fel, amely elérhető az NCBI GenBank adatbázisban (GenBank ID: NC_013978.1). A kísérleti optimalizálás során a G_728 jelű primerpár bizonyult a leghatékonyabbnak és legstabilabbnak, ezért ezt alkalmaztuk a PCR amplifikációhoz.

A G_728 jelű primerpárral végzett amplifikációk során a PCR teljes reakciótérfogata 50 µl volt, amely 18 µl desztillált vizet (dH₂O), 5 µl dNTP keveréket (2 mM), 10 µl 5× GoTaq Flexi puffert, 8 µl MgCl₂ oldatot (25 mM), 1–1 µl forward és reverz primert, 1 µl DreamTaq Flexi DNS-polimerázt (Thermo Fisher Scientific, USA), valamint 6 µl izolált genomi DNS-t tartalmazott. A PCR reakciókat Biometra Tone PCR készülékben végeztük. A ciklusprogram kezdeti denaturációból állt (94 °C, 4 perc), amelyet 35 ciklus követett: 94 °C-on 1 perc denaturáció, 64 °C-on 1 perc primerkötődés és 72 °C-on 1 perc elongáció. A reakciót végső elongáció zárta 72 °C-on 10 percig, majd a mintákat 10 °C-on tartottuk fagyasztás előttig. A

PCR reakciók sikerességét 2%-os agaróz gélelektroforézissel ellenőriztük, melyhez 100 bp DNS létrát alkalmaztunk. A PCR-termékek szekvenálását szolgáltatásként a Macrogen Europe B.V. laboratórium (Amszterdam, Hollandia) végezte.

Adatfeldolgozás és statisztikai elemzések

A nyers szekvenciaadatokat és elektroferogramokat Chromas 2.6.6 (Technelysium Pty Ltd) szoftverrel ellenőriztük, majd a szekvenciákat manuálisan validáltuk. Az illesztést ClustalW algoritmussal végeztük, a további szerkesztést és vágást MEGA11 programmal. A haplotípusok számának, eloszlásának, valamint a polimorfizmusok és nukleotid-gyakoriságok meghatározását a DnaSP 6 szoftverrel végeztük.

A populációk közötti genetikai különbségeket F_{ST} , genetikai távolságok és AMOVA segítségével becsültük az Arlequin 3.5.2.2 programban, a páronkénti távolságokat R 2.11.1 (University of Auckland, Új-Zéland) környezetben vizualizáltuk. A haplotípusok közötti evolúciós kapcsolatokat Tamura-Nei módszerrel készített dendrogramokkal (MEGA11), valamint Neighbor-Joining alapú filogenetikai fával (Network 5.0.1.1) elemeztük. Az I. vizsgálatban külső csoportként a balkáni gerlét (*Streptopelia decaocto*; MF381976.1) használtuk. A genetikai szerkezet vizsgálatához a STRUCTURE 2.3.4 programot alkalmaztuk (MCMC: 100 000 ismétlés, 10 000 burn-in, 10 iteráció/K), az optimális klaszterszámot a STRUCTURE Harvester programmal, az Evanno-módszerrel határoztuk meg. Az egyedek genetikai kapcsolatait főkoordináta-analízissel (PCoA) vizsgáltuk. Az azonosított haplotípusokat az NCBI GenBank adatbázisba töltöttük fel (PP952127–PP952153).

2.2.2. II. vizsgálat

PCR amplifikáció és fragment analízis

Ebben a vizsgálatban a mtDNS COI régiójának vizsgálatához a szakirodalomban széles körben alkalmazott BirdF1 és BirdR1 primerpárt választottuk (AWAN és mtsai., 2013), amely a COI gén egy 611 bp hosszúságú szakaszát amplifikálja.

Az így elvégzett PCR reakciók esetében a teljes reakciótérfogot 30 µl volt, amely 7,2 µl desztillált vizet (dH₂O), 6 µl DreamTaq Flexi puffert, 6 µl MgCl₂ oldatot (25mM), 3 µl dNTP keveréket, mindkét primerből 0,6–0,6 µl-t (1 pmol/µl), 0,6 µl DreamTaq Flexi DNS-polimerázt (1000 U; Thermo Fisher Scientific, USA), valamint megközelítőleg 6 µl genomiális DNS-t tartalmazott. A PCR program kezdeti denaturációval indult (94 °C, 5 perc), majd 35 ciklus következett: 94 °C-on 1 perc denaturáció, 56 °C-on 1 perc primerkötődés és 72 °C-on 1 perc elongáció. A reakciót végső elongáció zárta 72 °C-on 10 percig, majd a mintákat 10 °C-on

tartottuk fagyasztás előttig. A PCR-reakciók eredményességét 2%-os agarózgélén végzett elektroforézissel ellenőriztük, 100 bp-os DNS-létra alkalmazásával. A PCR-termékek szekvenálását külső szolgáltatóként a Macrogen Europe B.V. (Amszterdam, Hollandia) végezte. A II. vizsgálat mikroszatellit markeres elemzéséhez szakirodalmi adatok alapján 13 SSR markert választottunk ki (TRAXLER és mtsai, 2000; LEE és mtsai, 2007).

A mikroszatellit markerek amplifikációja során a PCR reakciók teljes térfogata 10 µl volt mintánként. Két különböző protokollt alkottunk a primerek sajátosságait figyelembe véve (fragmenthossz és tapadási hőmérséklet), ezért eltérő tapadási (annealing) hőmérsékletekkel (55 °C vagy 60 °C) dolgoztunk, melyek az optimalizálás során az „A” és a „B” protokoll jelölést kapták.

Az „A” protokoll esetében a reakcióelegy 1 µl dNTP-t, 2 µl 5× GoTaq puffert (Promega, USA), 2 µl MgCl₂ oldatot (25 mM), 0,1–0,1 µl forward és reverz primert, 0,1 µl GoTaq DNS-polimerázt (Promega, USA), 3,7 µl desztillált vizet (dH₂O), valamint 2 µl templát DNS-t tartalmazott. A „B” protokoll esetében a reakcióelegy 1 µl dNTP-t, 1 µl 5× GoTaq puffert (Promega, USA), 0,7 µl MgCl₂ oldatot (25 mM), 0,1–0,1 µl forward és reverz primert, 0,04 µl GoTaq DNS-polimerázt (Promega, USA), 5,1 µl desztillált vizet (dH₂O), valamint 2 µl templát DNS-t tartalmazott. Az „A” protokoll esetében a PCR reakciók kezdeti denaturációval indultak 95 °C-on 10 percre, amelyet 35 amplifikációs ciklus követett: 94 °C-on 1 perc denaturáció, 60 °C-on 1 perc 30 másodperc primerkötődés, valamint 72 °C-on 1 perc elongáció. A PCR reakciót 72 °C-on 10 perces végső elongáció zárta, majd a mintákat 10 °C-on tartottuk a további feldolgozásig. A „B” protokoll esetében a PCR reakciók 94 °C-on 4 perces kezdeti denaturációval kezdődtek, amelyet 35 amplifikációs ciklus követett: 94 °C-on 30 másodperc denaturáció, 55 °C-on 30 másodperc primerkötődés, valamint 72 °C-on 45 másodperc elongáció. A reakciót 72 °C-on 10 perces végső elongáció zárta, majd a mintákat 10 °C-on tartottuk a további feldolgozásig.

Kapilláris gélelektroforézis

A gélelektroforézist QIAxcel Advanced kapilláris gélelektroforézis készülékkel (Qiagen N. V., Németország) végeztük el. Multiplexeket hoztunk létre különböző fragmenthosszúságú primerek párosításával, az anyag- és időigény csökkentése érdekében. A plate-ek a minták mellett 1 µl Size Markert is tartalmaztak (QX DNA Size Marker 25 bp–500 bp). Az eredményeket pedig a QIAxcel ScreenGel szoftver használatával értékeltük.

Adat- és statisztikai elemzések

A II. vizsgálat adatelemzése az I. vizsgálatnál alkalmazott módszerekkel történt (Chromas 2.6.6, ClustalW, MEGA11, DnaSP 6), beleértve a szekvenciák ellenőrzését, illesztését, szerkesztését, valamint a haplotípus- és polimorfizmus-elemzést. A populációk közötti genetikai különbségeket az Arlequin 3.5.2.2 szoftverrel értékeltük, a genetikai távolságok hőtésképes megjelenítése mellett mismatch-eloszlás elemzést is végeztünk R 2.11.1 környezetben. A haplotípusok közötti evolúciós kapcsolatokat Neighbor-Joining módszerrel (MEGA11), valamint Median-Joining hálózattal (PopART) vizsgáltuk. A filogenetikai elemzések pontosítására az NCBI GenBank adatbázisból további 50 COI szekvenciát vontunk be, külső csoportként az örvös galambot (*Columba palumbus*; MF381976.1) alkalmazva. Az újonnan azonosított haplotípusok az Európai Nukleotid Archívumban (ENA) érhetők el az alábbi hozzáférhetőségi szám alatt: GCA_965637565; GCA_965637575; GCA_965637585; GCA_965637595; GCA_965637605; GCA_965637615; GCA_965637625; GCA_965637635; GCA_965637645; GCA_965637655; GCA_965637665; GCA_965637675; GCA_965637685.

Mikroszatellit marker adatelemzés

A hét populáció genetikai diverzitási paramétereit (allélgyakoriságok, Na, privát allélek száma, H_O , H_E , F_{IS}) a GenAlEx v6.5 szoftverrel számoltuk. A páronkénti és globális F-statisztikákat (F_{ST} , F_{IT} , F_{IS}), a génáramlást (N_m), valamint a polimorf információtartalmat (PIC) R 4.4.3 környezetben, az *ape*, *poppr*, *adegenet* és *hierfstat* csomagokkal határoztuk meg. Az AMOVA-analízist az Arlequin 3.5.2.2 programmal végeztük, az eredményeket R 2.11.1-ben vizualizáltuk (University of Auckland, Új-Zéland). A Bruvo-féle távolságmátrixot populációs szinten számoltuk, majd dendrogram és hőtérkép formájában ábráztuk (*poppr*, *dendextend*, *ggplot*). A genetikai szerkezet vizsgálatához STRUCTURE 2.3.4 analízist alkalmaztunk (MCMC: 500 000 iteráció, 100 000 burn-in, 10 ismétlés/K; $K=2-15$), az optimális klaszterszámot a STRUCTURE Harvester segítségével, az Evanno-módszerrel határoztuk meg.

2.2.3. III. vizsgálat

SNP-chip keresztalkalmazás

A házigalamb minták vizsgálatához az Illumina Chicken_50K_CobbCons SNP-array-t alkalmaztuk (57 636 SNP), amelyet brojler- és tojóvonalak felhasználásával fejlesztettek. A genotipizálást a Neogen Corporation (Lansing, Michigan, USA) végezte. A nyers adatok minőségellenőrzését SNPviewer 4.1.2 szoftverrel végeztük (GenCall és GenTrain pontszámok), majd a további szűrést és adatfeldolgozást PLINK v1.9 és az argyle R csomag segítségével RStudio környezetben. A galamb és házityúk közötti kariotípusbeli eltérések miatt a PLINK beállításait módosítottuk (--chr-set 40; --allow-extra-chr). A minőségsszűrés során a

magas hiányzási arányú SNP-eket (--geno 0.05), valamint a ritka alléleket ($MAF < 0,01$) eltávolítottuk. A redundancia csökkentésére linkage disequilibrium (LD) alapú ritkítást végeztünk (--indep-pairwise 50 5 0.5 és 0.9). A szűrt adatkészleten főkomponens-analízist (PCA) alkalmaztunk a két hasznosítási típus genetikai mintázatainak összehasonlítására. Ezt követően célzott szakirodalmi szűréssel azonosítottuk azokat az SNP-eket, amelyek korábbi vizsgálatok alapján húsminőségi tulajdonságokkal vagy QTL-régiókkal hozhatók összefüggésbe.

3. EREDMÉNYEK ÉS ÉRTÉKELESLÉK

3.1. Genetikai diverzitás vizsgálatok eredményei (I. és II. vizsgálat)

3.1.1. Genetikai diverzitás indexek

A genetikai diverzitás és a populációk közötti kapcsolatok vizsgálatát mitokondriális és nukleáris markerek felhasználásával végeztük. Az I. vizsgálatban a hagyományos fajtcsoportosításon alapuló genetikai diverzitás indexeket az 1. táblázatban foglaltam össze.

1. táblázat: Hagományos fajtcsoport szerinti genetikai diverzitás indexek

Indexek Csoportok	Elemzés (n)	Polimorfizmusok száma	Haplotípusok száma	Haplotípus diverzitás (H_d) $\pm$ SD	Nukleotid diverzitás (π) $\pm$ SD
Alakgalambok	159	111	17	0,396 $\pm$ 0,049	0,0150 $\pm$ 0,0087
Begyes galambok	14	2	3	0,275 $\pm$ 0,148	0,0014 $\pm$ 0,0017
Dobos galambok	7	1	2	0,286 $\pm$ 0,196	0,0014 $\pm$ 0,0019
Keringő galambok	47	4	4	0,125 $\pm$ 0,065	0,0010 $\pm$ 0,0014
Húsgalambok	20	35	4	0,363 $\pm$ 0,131	0,0173 $\pm$ 0,0103
Tollalakzatos galambok	10	120	6	0,778 $\pm$ 0,137	0,1894 $\pm$ 0,1019
Tyúkidomú galambok	19	1	2	0,105 $\pm$ 0,092	0,0005 $\pm$ 0,0010

A polimorfizmusok száma a tollalakzatos galambok esetében volt a legmagasabb (120), emellett kiemelkedően magas volt az alakgalambok (111) és a húsgalambok (35) esetében a többi csoporthoz képest. A legkevesebb polimorfizmus a tyúkidomú galambok (1) és a dobos galambok (1) esetében volt. Az eltérő elemszámok miatt ezek az abszolút értékek csak korlátozottan hasonlíthatók össze, ugyanakkor figyelemre méltó, hogy a tollalakzatos csoport kis mintaszám ($n=10$) és egyetlen bevont fajta mellett is kiemelkedően magas polimorfizmust mutatott. Ez arra utal, hogy ennek a csoportnak a genetikai változatossága valóban nagyobb lehet, amit a magas haplotípus-diverzitás ($H_d = 0,778 \pm 0,137$) és nukleotid-diverzitás ($\pi = 0,1894 \pm 0,1019$) is alátámaszt. A polimorfizmusok számával összhangban az alakgalambok ($H_d = 0,396 \pm 0,049$) és a húsgalambok ($H_d = 0,363 \pm 0,131$) csoportjában is viszonylag magas haplotípus-diverzitást detektáltunk, míg a legalacsonyabb értékeket a tyúkidomú és a dobos galambok esetében kaptuk. A nukleotid-diverzitás értékei a legtöbb csoportban alacsonyak voltak, azonban a tollalakzatos galambok mellett az alakgalambok ($\pi = 0,0150 \pm 0,0087$) és a húsgalambok ($\pi = 0,0173 \pm 0,0103$) csoportjában is az átlagnál magasabb értékeket figyeltünk meg. Az alak- és húsgalambok hasonló haplotípus- és nukleotid-diverzitási értékei összhangban lehetnek azzal, hogy a hústípusú fajták kialakításában az alakgalambok fajtái is szerepet játszottak.

Az adatokat a fajták kitenyésztési helye szerinti földrajzi csoportok alapján is értékeltük; az így képzett régiók genetikai diverzitásindexeit a 2. táblázat foglalja össze.

2. táblázat: Földrajzi régiók szerinti csoportosítás genetikai diverzitás indexei

Csoportok	Indexek	Elemsszám (n)	Polimorfizmusok száma	Haplotípusok száma	Haplotípus diverzitás (H_d) $\pm$ SD	Nukleotid diverzitás (π) $\pm$ SD
Alföldi fajták		73	91	13	0,486 +/- 0,071	0,0245+/- 0,0133
Amerikai galambok		30	2	3	0,191 +/- 0,093	0,0009+/- 0,0014
Ázsiai galambok		114	129	15	0,305 +/- 0,057	0,0313+/- 0,0165
Magyar húsgalambok		19	18	2	0,105 +/- 0,092	0,0092 +/- 0,0061
Mediterrán galambok		40	65	6	0,576 +/- 0,078	0,0181+/- 0,0104

A 2. táblázat alapján az ázsiai (129) és az alföldi fajtákban (91) magas a polimorfizmusok száma, ami összhangban áll a haplotípusok számával is. A legtöbb haplotípus az ázsiai (15) és az alföldi fajtákban (13) fordult elő, míg a többi földrajzi csoportban ezek az értékek alacsonyabbak voltak. A mediterrán fajták magas haplotípus diverzitása ($H_d = 0,576 \pm 0,078$) feltehetően a fajták összetettebb eredetével és tenyésztéstörténetével függ össze. A szakirodalom szerint a házigalambfajták genetikai mintázatát a hosszú mesterséges szelekció, a keresztezések és introgresszió, valamint a földrajzi és tenyésztéstörténeti különbségek alakították (STRINGHAM és mtsai., 2013). Ennek megfelelően a mediterrán csoport magas diverzitása összhangban lehet hosszabb és összetettebb tenyésztéstörténetükkel. Ez különösen az amerikai ($H_d = 0,191 \pm 0,093$) és a magyar húsgalamb fajtákhoz ($H_d = 0,105 \pm 0,092$) képest szembetűnő, amelyek kisebb mintaszámot is tartalmaztak.

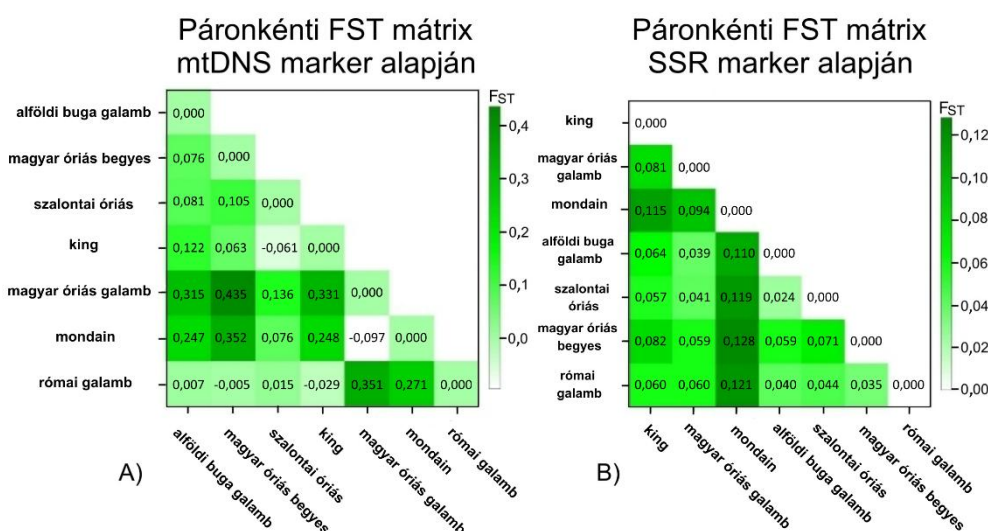
A földrajzi alapú vizsgálat eredményei a kárpát-medencei (alföldi) csoport ősiségére utalnak, ugyanakkor a mediterrán és kárpát-medencei fajták közötti történeti-genetikai kapcsolat nem zárható ki. Bár az amerikai, ázsiai és mediterrán régiók galambtenyésztése jól dokumentált, a Kárpát-medencéből kevés közvetlen bizonyíték áll rendelkezésre. Ennek ellenére az alföldi fajták magas haplotípus diverzitása ($H_d = 0,486 \pm 0,071$), hasonlóan a mediterrán ($H_d = 0,576 \pm 0,078$) és ázsiai ($H_d = 0,305 \pm 0,057$) csoportokhoz, arra utal, hogy a nagytestű házigalambok régóta jelen lehetnek a térségben. Ezt alátámasztják például a magyar óriás galambra vonatkozó, 17. századból származó források is (SZŰCS, 1990). A nukleotid diverzitás (π) hasonló mintázatot mutatott: a legmagasabb érték az ázsiai fajtákban volt ($\pi = 0,0313 \pm 0,0165$), ezt követték az alföldi ($\pi = 0,0245 \pm 0,0133$) és mediterrán fajták ($\pi = 0,0181 \pm 0,0104$). Ezzel szemben a magyar húsgalamb fajták ($\pi = 0,0092 \pm 0,0061$) és különösen az amerikai fajták (π

= 0,0009 ± 0,0014) alacsony diverzitást mutattak, ami homogénebb maternális állományra utal. Összességében az ázsiai és alföldi csoportok nukleotid diverzitása magas, a mediterráné közepes, míg a magyar húsgalamboké és az amerikai fajtáké alacsony. Az eltérő mintaszámok ellenére a csoportok között kiegyenlített nukleotid diverzitás figyelhető meg, annak ellenére, hogy a mediterrán és ázsiai régiók hosszabb evolúciós múlttal rendelkeznek. Mivel Ázsia a háziasítás központja, ott a legnagyobb a genetikai változatosság. A Kárpát-medence számos érintkezési zónát tartalmaz, ahol magas a faj- és populációdiverzitás, ezért a térséget gyakran biodiverzitási gócpontként is említik (KAJTOCH és mtsai., 2016).

3.1.2. Genetikai távolság értékek Fixációs index alapján

Genetikai távolság elemzése többmarkeres megközelítéssel

A II. vizsgálatból származó mtDNS- és a mikroszatellit-adatok alapján számított páronkénti F_{ST} értékek általánosságban alacsony fajták közötti differenciálódást jeleztek a vizsgálatba vont 7 nagytestű fajta esetében, ugyanakkor markertípusonként eltérő mintázatok voltak megfigyelhetőek. A teljes távolságmátrixok hőterkép formájában a 2A–B ábrán található.



2. ábra: Genetikai távolságértékek hőterképpel ábrázolva mindkét marker esetében

A mitokondriális marker alapján nem volt megfigyelhető következetes klaszteresedési mintázat (2A ábra), és a genetikai távolságok általában alacsonyak voltak. A legkisebb távolság a mondain és a magyar óriás galamb, a legnagyobb a magyar óriás galamb és a magyar óriás begyes között volt. Ez eltér a mikroszatellit eredményektől, ahol e két magyar fajta közelebbi kapcsolatot mutatott, így az mtDNS-alapú nagyobb távolság inkább a maternális vonalak eltérését tükrözi, nem pedig az általános genetikai elkülönülést. A mikroszatellit markerrel

készült hőtérkép (2B) rendezettebb mintázatot mutatott, a mondain egyértelműen elkülönült, míg a magyar óriás galamb és a magyar óriás begyes közelebbi kapcsolatot mutatott. Ez arra utal, hogy a biparentálisan öröklődő mikroszatellit markerek jobban tükrözik a teljes genetikai kapcsolatot, mint az mtDNS markerre épülő vizsgálat. A nemzetközi fajták közül a római galamb és a king közelebb állt a magyar fajtákhoz, míg a mondain mindkét marker alapján izoláltabb volt, amit a mikroszatellit hőtérkép (2B) is megerősít. A magyar óriás galamb mutatta a legnagyobb távolságot a mondaintól, összhangban az mtDNS-eredményekkel, bár mérsékelt következetességgel.

A két markertípus eltérő variabilitása különbségeket eredményezett az F_{ST} -értékekben és a genetikai távolságokban. Az F_{ST} -értékek magasabbak voltak, mint egyes más galambfajokon és elvadult populációkon végzett vizsgálatokban (MONCEAU és mtsai., 2013; GIUNCHI és mtsai., 2020), de hasonlóak az európai–mediterrán házigalambfajtákhoz (BIGI és mtsai., 2016). A lengyel populációkhoz képest erősebb differenciálódást és kisebb génáramlást találtunk (PODBIELSKA és RADKO, 2022), ami inkább célzott szelekcióval és lokális tenyésztési preferenciákkal magyarázható. Mivel egyik F_{ST} -érték sem haladta meg a 0,430-at, a géncsere korlátozottsága valószínűleg nem földrajzi akadályokból, hanem tenyésztési döntésekből ered (HALL és mtsai., 2022).

3.1.3. Molekuláris varianciaanalízis

A vizsgált minták genetikai szerkezetének feltárására mind az I., mind a II. vizsgálatban molekuláris varianciaanalízist (AMOVA) végeztünk. Az I. vizsgálatban a hagyományos fajtacsoportok (IA) és a fajták szerinti felosztás (IB) eredményeit vetettük össze, míg a II. vizsgálatban a COI-alapú mtDNS (IIA) és a mikroszatellit markerek (IIB) alapján értékeltük a fajták közötti genetikai tagoltságot ugyanazon egyedek esetében (3. táblázat).

3. táblázat: AMOVA eredmények az összes csoportosítási típus szerint

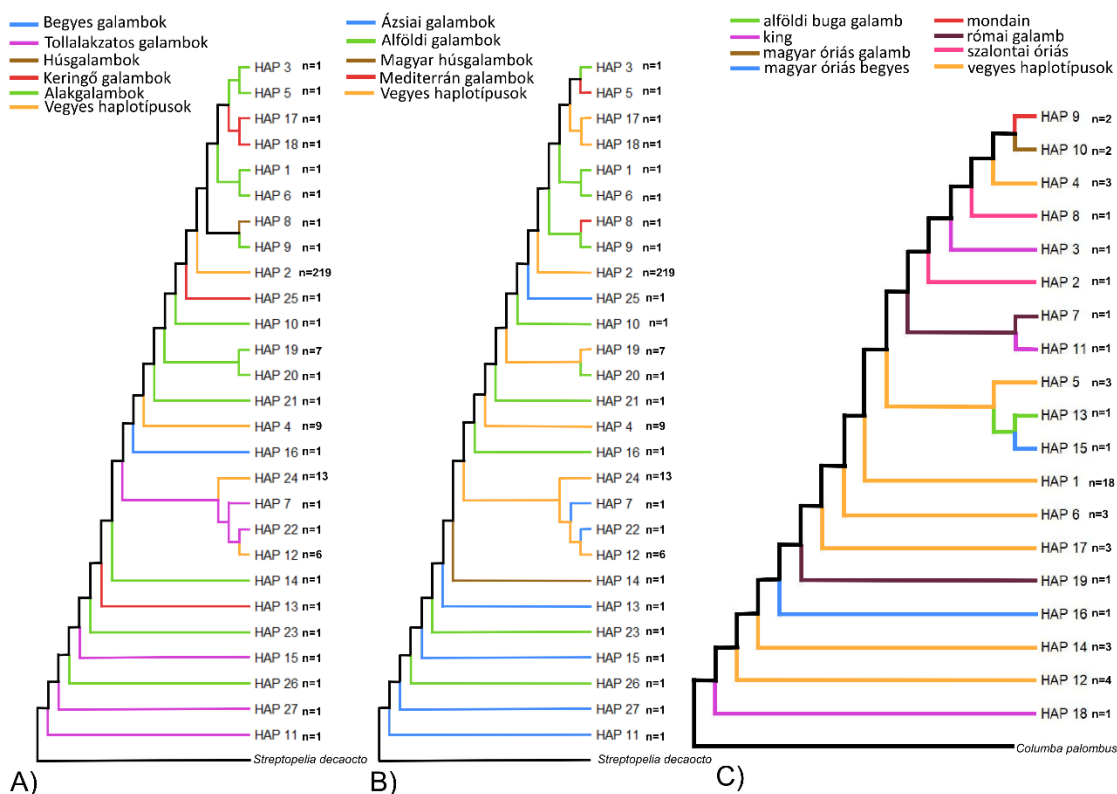
	Variancia forrása	df	Négyzetösszeg	Variancia elemek	Variancia (%)
IA. Hagományos fajtacsoportok szerint	Csoportok között	6	191,143	0,92804	35,07
	Csoportokon belül	269	462,231	1,71833	64,93
IB. Fajták szerint	Csoportok között	18	217,926	0,74415	30,52
	Csoportokon belül	257	435,447	1,69435	69,48
IIA. COI mtDNS marker elemzés	Csoportok között	6	34,401	0,51290	20,34
	Csoportokon belül	44	88,403	2,00915	79,66
IIB. mikroszatellit marker elemzés	Csoportok között	6	178,439	0,39413	6,84
	Csoportokon belül	429	2301,123	5,36392	93,16

Az I. vizsgálatban (IA) a teljes genetikai variancia 35,07%-a a csoportok között, míg 64,93%-a a csoportokon belül jelent meg. A fajta alapú felosztás (IB) szintén elkülönülést mutatott, azonban a csoportok közötti komponens alacsonyabb volt (30,52%). Ez azt jelzi, hogy a hagyományos fajtacsoportok genetikai szempontból is releváns egységek.

A II. vizsgálatban a markertípusok eltérő képet mutattak, a COI-alapú mtDNS-elemzés (IIA) nagyobb populációk közötti varianciát mutatott (20,34%), mint a mikroszatellit marker (6,84%) (IIB), ugyanazon egyedek vizsgálata mellett. Ez összhangban van más eredményekkel is, ahol a variancia döntő része populáción belül jelentkezik (GIUNCHI és mtsai., 2020). Bár galamboknál a mikroszatellit-alapú AMOVA-elemzés ritkább, a két marker-típus együttes eredménye is egyértelműen arra utal, hogy a genetikai variancia döntő része a populációkon belül található. A különbség a markerek öröklődési sajátosságaival magyarázható. A maternálisan öröklődő, nem rekombinálódó mtDNS a mélyebb történeti kapcsolatokat tükrözi, míg a mikroszatellit markerek a teljes genom szintjén adnak képet. Ennek megfelelően az mtDNS marker különösen alkalmas lehet filogenetikai kérdések vizsgálatára. Bár a különböző vizsgálatok nem teljesen azonos módszertanra épülnek, az eredmények összehasonlító keretként a kapott értékek összességében így is erős genetikai strukturáltságra utalnak.

3.1.4. Haplotípusok kapcsolatainak vizsgálata

A 3. ábrán az I. és II. vizsgálatban vizsgált fajták haplotípusai közötti kapcsolatokat dendrogramok szemléltetik. A 3A ábrán az I. vizsgálat haplotípusai láthatóak fajtacsoportok szerinti bontásban, a 3B ábrán ugyanezek földrajzi régiók szerint csoportosítva, míg a 3C ábrán a II. vizsgálat fajtánkénti haplotípus-megoszlása látható.



3. ábra: A vizsgált galambfajták haplotípusai közötti kapcsolatok dendrogramokon ábrázolva. (Megjegyzés: a haplotípusok mellett feltüntetett n értékek az adott haplotípushoz tartozó egyedek számát adják meg.)

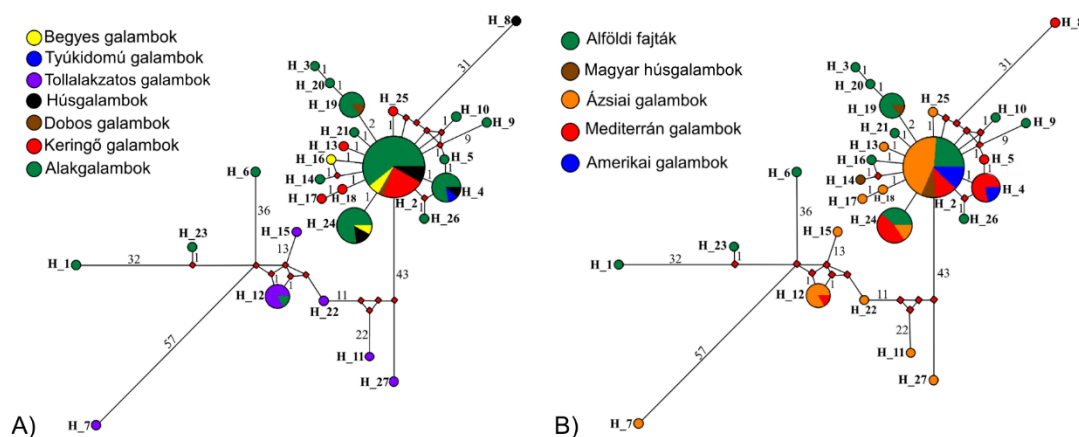
A 3A és 3B ábrák alapján a 27 haplotípus közül négy vegyes (HAP_2, HAP_4, HAP_12, HAP_24), vagyis több csoportban is előfordul, ami arra utal, hogy nem minden haplotípus köthető egyetlen fajtacsoporthoz vagy régióhoz. Kiemelkedő a HAP_2 dominanciája (n=219), amely széles körben elterjedt, és feltehetően ősi eredetű. A többi haplotípus alacsony gyakorisággal, gyakran egyetlen egyedhez kötődve jelenik meg, ami magas mitokondriális diverzitást jelez. A fajtacsoportok szerinti dendrogramon (3A) a haplotípusok nem különülnek el élesen, hanem több esetben közös vagy közeli ágakon jelennek meg. A tollalakzatos galambok több haplotípusa bazálisabb helyzetben található, ami régebbi maternális vonalak fennmaradására utal. A húsgalambok és alakgalambok haplotípusainak közelsége szintén közös eredetet vagy szorosabb rokonságot jelezhet, összhangban korábbi SNP-alapú eredményekkel (STRINGHAM és mtsai., 2012).

A földrajzi felosztásban (3B) részleges csoportosulás figyelhető meg, de teljes elkülönülés nem. Az alföldi fajták több önálló haplotípussal rendelkeznek, ugyanakkor a megosztott haplotípusok azt jelzik, hogy a földrajzi eredet önmagában nem magyarázza a mintázatot. A megosztott

haplotípusok széles elterjedése közös eredetre és későbbi tenyésztési kapcsolatokra utal, hasonlóan más vizsgálatokhoz (BIRAY, 2019).

A II. vizsgálat dendrogramján (3C) a bazális ágakat főként megosztott haplotípusok jellemzik, köztük a leggyakoribb HAP_1 (n=18). A terminális ágakon nagyobb arányban jelennek meg fajtaspecifikus haplotípusok, többek között magyar fajtához köthetően (pl. HAP_13, HAP_15, HAP_2, HAP_8, HAP_10). Ez a közös eredet és részleges differenciálódás együttes jelenlétére utal. A HAP_1 kivételével az alsó és felső ágak hasonló mintaszámot képviselnek (16 vs. 17 egyed), de eltérő haplotípus-számmal (7 vs. 11), ami a magyar nagytestű fajták magasabb diverzitására utal.

A haplotípusok közötti kapcsolatok feltárására haplotípus-hálózat (network) elemzést végeztünk. A 4. ábrán az I. vizsgálatban fajtacsoportok és földrajzi régiók alapján kialakított csoportok láthatóak.

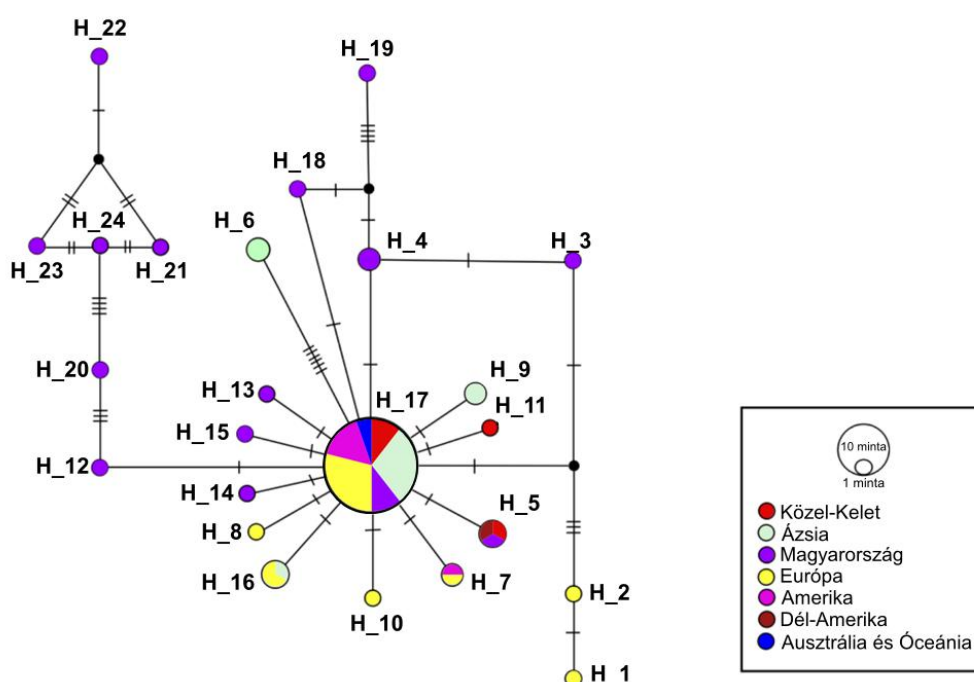


4. ábra: Neighbor-Joining Network diagramja A) a hagyományos fajtacsoportok alapján, B) a földrajzi régiók alapján a haplotípusokat jelző körök mérete arányos az egyedszámmal. (Megjegyzés: Az ágak hossza nem mindig reprezentálják az evolúciós távolságot. Az ágakon lévő számok mutációs lépéseket jelentenek (ha > 1) a szekvenciák között. A piros rombuszok/nóduszok a hálózat által becsült, de a vizsgált minták között nem azonosított köztes haplotípusokat jelölik.)

A 4A ábra a haplotípusok eloszlását mutatja a hagyományos fajtacsoportok szerint. Az alakgalambok több, egymástól távol elhelyezkedő haplotípussal jelennek meg, ami nagyobb belső diverzitásra utal. A keringő galambok fajtacsoportban ritka, egyedi haplotípusok is előfordulnak, mely jelen vizsgálatban csak az iraki vörös galambhoz kötődik. A tollalakzatos csoportot képviselő párkás galamb elkülönült helyzete eltérő maternális háttérre utal, ami összhangban áll összetett tenyésztéstörténetével. Összességében a fajtacsoportok nem alkotnak élesen elkülönülő maternális egységeket, ugyanakkor csoporton belül több önálló

haplotípusvonal is jelen van, ami a fenotípusos és genetikai csoportosítás részleges eltérését jelzi.

A 4B ábra alapján a földrajzi régiók szerinti eloszlás sem mutat teljes elkülönülést. Az amerikai minták jelentős része mediterrán haplotípusokhoz kapcsolódik, ami a mediterrán eredet szerepére utal. Ezzel szemben a kárpát-medencei minták több ritka, részben lokális haplotípust hordoznak, ami önálló fejlődési vonalak jelenlétére utal. A hálózatban a kárpát-medencei haplotípusok gyakrabban mutatnak közvetlen kapcsolatot az ázsiai mintákkal, míg a mediterrán kapcsolatok inkább részleges átfedések formájában jelennek meg. Ez nem támaszt alá kizárólagos eredetet, de az ázsiai kapcsolatok hangsúlyos szerepét jelzi, és felveti a Kárpát-medence „genetikai híd” szerepét Ázsia és a mediterrán térség között.



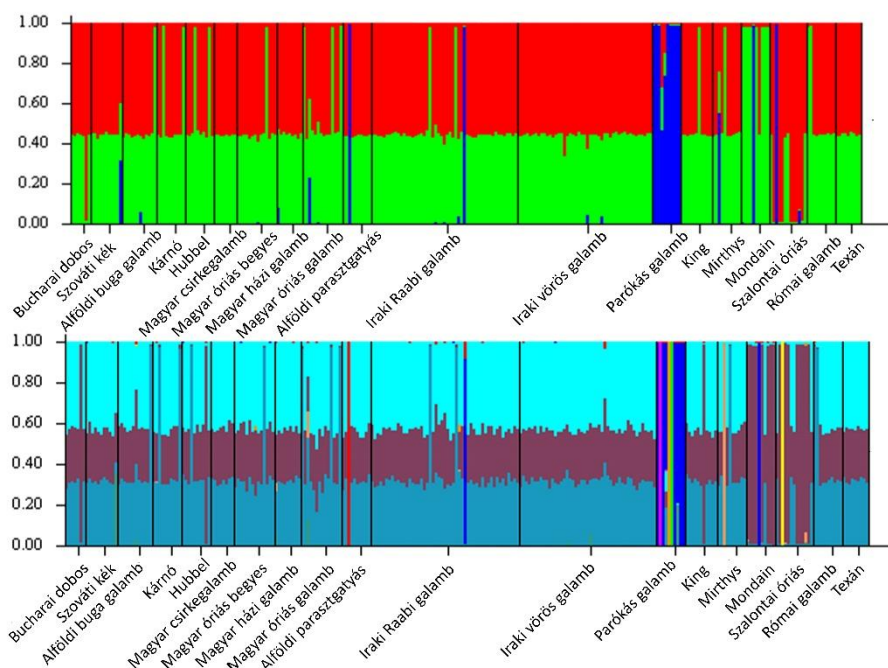
5. ábra: A II. vizsgálat Neighbor-Joining haplotípus elemzése a mtDNS szekvencia adatok alapján, amely saját mintákból és az NCBI GenBank adatbázisából származó szekvenciákból áll. (Megjegyzés: A haplotípusokat jelző körök mérete arányos az egyedek számával. Az ágak hossza nem mindig reprezentálja az evolúciós távolságokat.)

A II. vizsgálat (5. ábra) megerősíti ezt a mintázatot. Összesen 24 haplotípust azonosítottunk, amelyek közül 13 kizárólag magyar mintákban fordult elő, génbanki megfelelő nélkül, így új haplotípusoknak tekinthetők. Ez jelentős belső diverzitást jelez. Emellett több megosztott haplotípus is előfordult, ami a magyar állomány szélesebb földrajzi kapcsolataira utal; például a HAP_5 argentin, szaúd-arábiai és magyar mintákban is jelen volt. A hálózatok szerkezetének értelmezésében fontos, hogy az I. és a II. vizsgálat eltérő adatkészletei hasonló alapmintázatot mutattak. Ez a mintázat közös eredetre, majd későbbi regionális differenciálódásra és esetleges

introgresszióra utal. Eredményeink így inkább egy közös maternális háttérből kiinduló diverzifikációt támogatnak, mint több független domesztikációs eseményt. Ez összhangban van az újabb kutatásokkal, amelyek a levantei térséget jelölik meg elsődleges domesztikációs központként (HERNANDEZ-ALONSO és mtsai., 2023).

3.1.5. Populációszerkezetek vizsgálata bayesi klaszterezéssel (I. és II. vizsgálat)

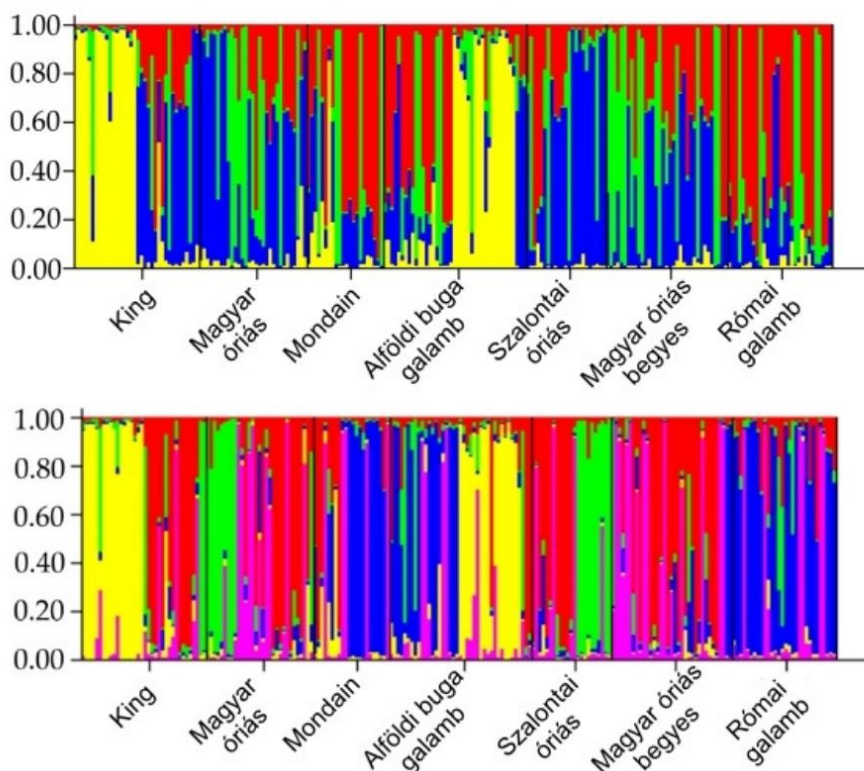
A populációszerkezet feltárására a STRUCTURE programot alkalmaztuk admixture modellben, *a priori* besorolás nélkül, két adatkészleten: az I. vizsgálat mtDNS (átkódolt) adatai, valamint a II. vizsgálat mikroszatellit markerei alapján. A klaszterszám (K) meghatározásához a ΔK kritériumot használtuk. Az I. vizsgálatban (19 fajta) a ΔK csúcsai $K=3$ és $K=11$ értékeknél jelentkeztek. $K=3$ esetén a legtöbb fajta erősen kevert klasztertagságot mutatott, és csak a parókás galamb, a mondain és a szalontai óriás mutatott egységesebb profilt. $K=11$ -nél finomabb alszerkezet jelent meg, de a keveredés továbbra is domináns maradt, és a klasztertagság egyedenként változó volt (6. ábra).



7. **ábra:** A STRUCTURE elemzés eredményei $K=3$ és $K=11$ esetén az I. vizsgálatból származó adatok alapján. (Megjegyzés: Minden oszlop egy egyednek képvisel, és az oszlopokon belüli színek a különböző genetikai klaszterekhez tartozó genetikai komponensek arányát jelzik.)

A II. vizsgálatban a ΔK legerősebb támogatása $K=4$ -nél, míg másodlagos csúcsa $K=5$ -nél volt (7. ábra). $K=4$ esetén kirajzolódtak a fő különbségek, de a fajták továbbra is kevert

összetételűek maradtak; például a mondain és a szalontai óriás bizonyos komponensekhez nagyobb arányban kapcsolódott, míg a magyar óriás galamb, a magyar óriás begyes és a római galamb erősebb keveredést mutatott. K=5-nél a felbontás nőtt, de az alaplátázat nem változott, csak finomodott. A K=5 ugyanakkor a K=4-hez képest nem írja felül a fő mintázatot, hanem annak finomabb részleteit mutatja meg.



7. ábra: A STRUCTURE elemzés eredményei K=4 és K=5 bontásban a 7 nagytestű fajta esetében a II. vizsgálatból származó adatok alapján. (Megjegyzés: Minden oszlop egy egyedet képvisel, és az oszlopokon belüli színek a különböző genetikai klaszterekhez tartozó fajták arányát jelzik.)

A kiterjedt admixture a tenyésztési gyakorlatban gyakori keresztezésekkel magyarázható, ami csökkenti a csoportok közötti genetikai különbségeket. Ennek megfelelően a STRUCTURE klaszterek nem feleltethetők meg közvetlenül a hagyományos fajtacsoportoknak, hanem inkább a közös tenyésztéstörténetet és a keveredés mértékét tükrözik (STRINGHAM és mtsai., 2012; SHAPIRO és mtsai., 2013; BIRAY és mtsai., 2019). Az eredmények értelmezését ezért célszerű más módszerekkel (dendrogramok, hálózatok, hőtérképek) együtt végezni.

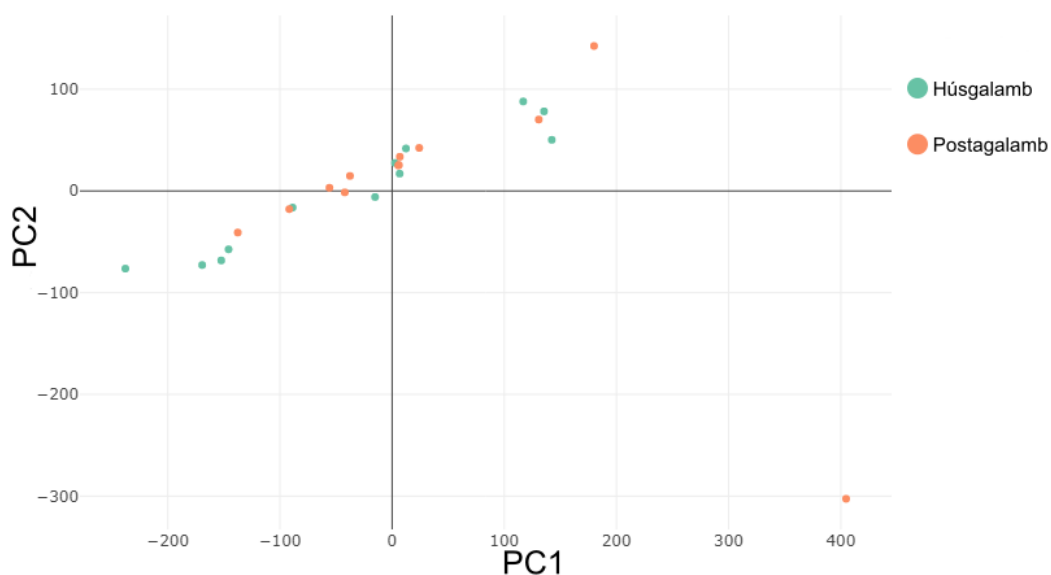
3.2. DNS-chip vizsgálat házigalamb fajban (III. vizsgálat)

A vizsgálat célja egy házityúkra fejlesztett SNP-chip házigalambban történő keresztalkalmazásával a hústípusú (mirthys hibrid) és verseny típusú (postagalamb) állományok genetikai eltéréseinek feltárása volt. Az Illumina Chicken_50K_CobbCons SNP-array-t 24 mintán alkalmaztuk (n=12–12), amelyből az 57 636 SNP közül 53 313 volt detektálható galambban.

Az átlagos mintaszintű call rate 0,474 volt (hústípus: 0,501; verseny típus: 0,447), míg az allélszintű hívási arány ~49%. Az alacsony érték egyrészt a kis mintaszámmal, másrészt a galamb és házityúk közötti nagy evolúciós távolsággal (~85 millió év; CLARAMUNT és CRACRAFT, 2015) magyarázható. Hasonló jelenséget más, filogenetikailag távoli fajokon végzett SNP-chip vizsgálatok is kimutattak (HOFFMAN és mtsai., 2013; FOUNTAIN és mtsai., 2021).

A kapcsolati egyensúlytalanságot (LD) az R^2 mutatóval jellemeztük; az összehasonlítások ~27%-a teljes kapcsolódást ($R^2=1$) mutatott. A minőségellenőrzést követően 356 SNP maradt, melyek további LD-alapú szűrése 179 (0,5 küszöb) illetve 38 (0,9 küszöb) SNP eltávolítását eredményezte.

A 356 SNP alapján végzett főkomponens-analízis (PCA) a két hasznosítási típus jelentős genetikai átfedését mutatta, mindössze 1 hústípusú és 2 verseny típusú egyed különült el (8. ábra).



8. ábra: 356 SNP-vel végzett főkomponens elemzés a két hasznosítási típusra.

4. AZ ÉRTEKEZÉS ÚJ TUDOMÁNYOS EREDMÉNYEI

1. A magyarországi és nemzetközi házigalamb fajták mtDNS COI régiójának vizsgálata során, 19 fajtát (alföldi buga galamb, alföldi parasztyagtyás, bucharai dobos, hubbel, iraki raabi galamb, iraki vörös galamb, kárnó, king, magyar csirke galamb, magyar házi galamb, magyar óriás galamb, magyar óriás begyes, mirthys, mondain, parókás galamb, római galamb, szalontai óriás, szováti kék, texán) és 275 egyedet elemezve igazoltuk, hogy a vizsgált állományok magas genetikai diverzitással rendelkeznek. Az I. vizsgálatban összesen 27, a II. vizsgálatban pedig 13 újonnan azonosított haplotípust írtunk le ugyanebben a génben, melyek unikálisan a Kárpát-medence földrajzi régiójához köthetők.
2. A genetikai kapcsolatok és a domesztikáció vizsgálata alapján megállapítottuk, hogy a házigalamb fajták genetikai mintázata közös alapállományból kiinduló, részben differenciálódott fejlődést tükröz. Az AMOVA elemzések az I. vizsgálat különböző csoportosítási szintjein kimutatottak szerint a genetikai variancia 35,07%-a a fajtacsoportok, míg 30,52%-a a fajták között jelent meg, ami elsősorban igazolja a hagyományos fajtacsoportok elkülönítésének genetikai relevanciáját.
3. A nagytestű házigalamb fajták többmarkeres vizsgálata során 7 fajtában (alföldi buga galamb, king, magyar óriás begyes, magyar óriás, mondain, római galamb, szalontai óriás) 1 mtDNS és 13 mikroszatellit marker alkalmazásával kimutattuk, hogy a vizsgált populációk genetikai diverzitása és beltenyésztettségi terheltsége jelentősen eltér. A római galamb mutatta a legmagasabb mtDNS haplotípus diverzitást ($H_d = 0,964 \pm 0,077$), míg a magyar óriás begyes a legalacsonyabbat ($H_d = 0,583 \pm 0,183$). A mikroszatellit vizsgálatok alapján a legmagasabb beltenyésztettségi együtthatót az alföldi buga galambnál ($F_{IS} = 0,502$) és a szalontai óriásnál ($F_{IS} = 0,499$) mutattuk ki.
4. A genetikai és filogenetikai vizsgálatok alapján megállapítottuk, hogy a vizsgált házigalamb fajták közös alapállományból származnak, azonban fejlődésük nem lineáris, hanem részben elkülönülő, kevert mintázatot követ. A magyar, különösen a nagytestű őshonos fajták egymáshoz közelebb állnak, mint a külföldi populációkhoz viszonyítva, és jelentős arányban egyedi haplotípusokat hordoznak, ami relatíve izolált, regionálisan elkülönülő fejlődési útvonalra utal.
5. Igazoltuk, hogy a háziyúkra fejlesztett Illumina Chicken_50K_CobbCons SNP-chip házigalambban korlátozott hatékonysággal alkalmazható genetikai vizsgálatokra. A vizsgálatok során az alacsony hívási arány (0,474) ellenére 356 megbízhatóan

detektálható SNP-t azonosítottunk, amelyek közül 8 marker irodalmi adatok alapján termelési tulajdonságokkal hozható összefüggésbe más fajokban. Eredményeink rámutatnak arra, hogy a házityúkra fejlesztett SNP-chip alkalmas lehet házigalambban potenciálisan releváns genetikai markerek előzetes azonosítására, ugyanakkor a pontos genetikai értékeléshez és a markerek validálásához nagyobb elemszámú vizsgálatok, illetve fajspecifikus SNP-chip szükséges.

5. GYAKORLATBAN ALKALMAZHATÓ EREDMÉNYEK

1. A filogenetikai kapcsolatokra, genetikai diverzitásra, és populációszerkezetre vonatkozó eredmények gyakorlati szinten is hasznosíthatók, mivel a tenyésztők számára objektív képet adnak a populációk genetikai állapotáról, a beltenyésztettség mértékéről és a korábbi tenyésztési gyakorlatok hatásairól. Az eredmények közvetlenül felhasználhatók a fajták tenyésztésszervezésében, a párosítási tervek optimalizálására, a genetikai sokféleség fenntartására, a beltenyésztettség csökkentésére, valamint a tenyésztési vonalak nyomon követésének és dokumentálásának támogatására.
2. Vizsgálataink során elsőként teszteltük sikeresen a házityúkra fejlesztett Illumina Chicken_50K_CobbCons SNP-chip házigalambban történő alkalmazhatóságát. Eredményeink alapján a platform korlátozott hatékonysággal ugyan, de alkalmas volt megbízhatóan detektálható SNP-markerek azonosítására, amelyek kiindulópontot jelenthetnek további validációs és fajspecifikus genomikai vizsgálatok számára.

6. IRODALOMJEGYZÉK

1. Asaduzzaman, M., Mahiuddin, M., Howlider, M., Hossain, M., Yeasmin, T. 2012. Pigeon Farming In Gouripur Upazilla Of Mymensingh District. Bangladesh Journal of Animal Science. 38(1-2), 142–150. doi: 10.3329/bjas.v38i1-2.9923
2. 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. doi: 10.1007/s11033-013-2747-4
3. Bigi, D., Mucci, N., Mengoni, C., Baldaccini, E. N., Randi, E. 2016. Genetic investigation of Italian domestic pigeons increases knowledge about the long-bred history of *Columba livia* (Aves: Columbidae). Italian Journal of Zoology. 83(2), 173–182. doi: 10.1080/11250003.2016.1172121
4. Biray, B. 2019. *Mitochondrial DNA analyses of domestic pigeon breeds (Columba Livia domestica) in Turkey*. [Diplomadolgozat, Master of Science in Biology] Middle East Technical University, Törökország. 141 p.
5. Bruvo, R., Michiels, N. K., D'souza, T. G., Schulenburg, H. 2004. A simple method for the calculation of microsatellite genotype distances irrespective of ploidy level. Molecular ecology. 13(7), 2101–2106.
6. Giunchi, D., Mucci, N., Bigi, D., Mengoni, C., Baldaccini, N. E. 2020. Feral pigeon populations: their gene pool and links with local domestic breeds. Journal of Zoology. 142, 125817. 10.1016/j.zool.2020.125817
7. Hall, S. J. 2022. Genetic differentiation among livestock breeds—Values for Fst. Animals (Basel). 12(9), 1115. doi: 10.3390/ani12091115
8. Hernandez-Alonso, G., Ramos-Madrigal, J., van Grouw, H., Ciucani, M. M., Cavill, E. L., Sinding, M. H. S., Gilbert, M. T. P. 2023. Redefining the evolutionary history of the rock dove, *Columba livia*, using whole genome sequences. Molecular Biology and Evolution. 40(11), msad243. doi: 10.1093/molbev/msad243
9. Kajtoch, Ł., Cieślak, E., Varga, Z., Paul, W., Mazur, M. A., Sramkó, G., Kubisz, D. 2016. Phylogeographic patterns of steppe species in Eastern Central Europe: A review and the implications for conservation. Biodiversity and Conservation. 25(12), 2309–2339.
10. Lee, J., C.-I. Tsai, L.-C., Kuan, Y.-Y., Chien, W.-H., Chang, K.-T., Wu, C.-H., Hsieh, H.-M. 2007. Racing pigeon identification using STR and chromo-helicase DNA binding gene markers. Electrophoresis. 28(23), 4274–4281. doi:10.1002/elps.200700063
11. Leigh, J. W., Bryant, D., Nakagawa, S. 2015. POPART: Full-feature software for haplotype network construction. Methods in Ecology and Evolution. 6(9), 1110–1116. doi: 10.1111/2041-210X.12410
12. Levi, W. M. 1996. *Encyclopedia of pigeon breeds*. TFH Publ. Sumter, South Carolina. 790 p.
13. Mackrott, H. 1998. *Galambtenyésztés*. Mezőgazda Kiadó. Budapest. 185 p.
14. Monceau, K., Cezilly, F., Moreau, J., Motreuil, S., Wattier, R. 2013. Colonisation and diversification of the Zenaida Dove (*Zenaida aurita*) in the Antilles: phylogeography, contemporary gene flow and morphological divergence. PLoS. One. 8(12), e82189. doi: 10.1371/journal.pone.0082189

15. Podbielska, A., Radko, A. 2022. Genetic structure of racing pigeons (*Columba livia*) kept in Poland based on microsatellite markers. *Genes* (Basel). 13(7), 1175. doi: 10.3390/genes13071175
16. Stringham, S., A., Mulroy, E., E., Xing, J., Record, D., Guernsey, M. W., Aldenhoven, J. T., Shapiro, M. D. 2012. Divergence, Convergence, and the Ancestry of Feral Populations in the Domestic Rock Pigeon. *Current Biology*. 22(4), 302–308. doi: 10.1016/j.cub.2011.12.045
17. Szűcs, L. 1990. *Galambok a ház körül*. Magyar Galamb- és Kisállattenyésztők Országos Szövetsége. Budapest. 105 p.
18. Traxler, B., Brem, G., Müller, M., Achmann, R. 2000. Polymorphic DNA microsatellites in the domestic pigeon, *Columba livia* var. *domestica*. *Molecular Ecology*, 9(3). 365–378.
19. Vekić, M., Kalamujić Stroil, B., Trivunović, S., Pojskić, N., and Djukić Stojčić, M. 2023. Genetic diversity of Banat Naked Neck, indigenous chicken breed from Serbia, inferred from mitochondrial DNA D-Loop sequence and microsatellite markers. *Animal Biotechnology*. 34(7), 2197–2206. doi: 10.1080/10495398.2022.2080688
20. Zsolnai, A. & Orbán, L. 1999. Accelerated separation of random complex DNA patterns in gels: comparing the performance of discontinuous and continuous buffers. *Electrophoresis: An International Journal*. 20(7), 1462–1468. doi: 10.1002/(SICI)1522-2683(19990601)20:7<1462:AID-ELPS1462>3.0.CO;2-0

7. PUBLIKÁCIÓS JEGYZÉK



**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/121/2026.PL
Tárgy: PhD Publikációs Lista

Jelölt: Balog Katalin
Doktori Iskola: Állattenyésztési Tudományok Doktori Iskola
MTMT azonosító: 10073273

A PhD értekezés alapjául szolgáló közlemények

Idegen nyelvű, hazai könyvrészletek (1)

1. **Balog, K.**, Al-Sallami, A. S. W., Lakhmi, C. M., Kusza, S., Bagi, Z.: Initial steps in the study of genetic diversity of pigeon breeds in the Middle East and Hungary.
In: Biotechnology at the University of Debrecen - 2022 International Symposium : Abstract Book, Debreceni Egyetem, Printart-Press Kft., Debrecen, 51-52, 2022. ISBN: 9789634904687

Magyar nyelvű tudományos közlemények hazai folyóiratban (1)

2. Sipos, B., **Balog, K.**, Kusza, S., Bagi, Z.: Korszerű polimorfizmus vizsgálatok áttekintése a húshasznú galambok termelési mutatóinak vizsgálatára és értékelésére.
Állatteny. Takarm. 72 (1), 48-67, 2023. ISSN: 0230-1814.

Idegen nyelvű tudományos közlemények külföldi folyóiratban (4)

3. **Balog, K.**, Kusza, S., Bagi, Z.: Large-bodied squab pigeons (*Columba livia domestica*) as a genetic treasure from Central Europe.
Poult. Sci. 104 (12), 1-13, 2025. ISSN: 0032-5791.
DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/j.psj.2025.105905>
IF: 4.2 (2024)
4. **Balog, K.**, Al-Sallami, A. S. W., Al-Hasan, B. A., Wanjala, G., Kusza, S., Fehér, P., Stéger, V., Bagi, Z.: MtDNA genetic diversity and phylogeographic insights into giant domestic pigeon (*Columba livia domestica*) breeds: connections between Central Europe and the Middle East.
Poult. Sci. 103 (12), 1-14, 2024. ISSN: 0032-5791.
DOI: <https://doi.org/10.1016/j.psj.2024.104310>
IF: 4.2
5. **Balog, K.**, Mizeransch, A. E., Wanjala, G., Sipos, B., Kusza, S., Bagi, Z.: Application potential of chicken DNA chip in domestic pigeon species - preliminary results.
Saudi J. Biol. Sci. 30 (3), 1-9, 2023. ISSN: 1319-562X.
DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/j.sjbs.2023.103594>





6. **Balog, K.**, Menghwar, L. C., Kusza, S., Bagi, Z.: Investigating the Genetic Diversity of Squab Pigeon Breeds using Mitochondrial DNA COI Region.
Bull Univ Agr Sci Vet Med Cluj-Napoca-Anim Sci Biotechnol. 56 (1), 29-36, 2023. ISSN: 1843-5262.

Idegen nyelvű absztrakt kiadványok (1)

7. **Balog, K.**, Kusza, S., Bagi, Z.: Investigating the genetic diversity of potential squab pigeon breeds using 8 microsatellite markers.
In: Book of Abstract: Multidisciplinary Conference on Sustainable Development: Section: Animal Resources Bioengineering. Ed.: Gabi Dumitrescu, University of Life Sciences "King Mihai I" from Timisoara, Temesvár, 23, 2024, (ISSN 2821-4293)

További közlemények

Magyar nyelvű könyvek (1)

8. Bagi, Z., Fülöp, L., Sipos, B., **Balog, K.**, Hegedűs, B., Tóth, B.: Búg a róna. Debreceni Egyetem, Debrecen, 320 p., 2024. ISBN: 9789634906285(nyomtatott)

Magyar nyelvű könyvrészek (16)

9. Bagi, Z., **Balog, K.**, Hegedűs, B., Sipos, B., Tóth, B.: Bevezetés a molekuláris genetikába.
In: Búg a róna / Bagi Zoltán, Fülöp László, Sipos Biborka, Balog Katalin, Hegedűs Bettina, Véghné Tóth Bianka, Debreceni Egyetem, Debrecen, 219-231, 2024. ISBN: 9789634906285
10. Bagi, Z., **Balog, K.**: Fajtáink a számok tükrében.
In: Búg a róna / Bagi Zoltán, Fülöp László, Sipos Biborka, Balog Katalin, Hegedűs Bettina, Véghné Tóth Bianka, Debreceni Egyetem, Debrecen, 188-218, 2024. ISBN: 9789634906285
11. **Balog, K.**, Sipos, B., Bagi, Z.: Galambfajtáink genetikai sokféleség vizsgálata.
In: Búg a róna / Bagi Zoltán, Fülöp László, Sipos Biborka, Balog Katalin, Hegedűs Bettina, Véghné Tóth Bianka, Debreceni Egyetem, Debrecen, 279-305, 2024. ISBN: 9789634906285
12. **Balog, K.**: Iraki galambfajták.
In: Búg a róna / Bagi Zoltán, Fülöp László, Sipos Biborka, Balog Katalin, Hegedűs Bettina, Véghné Tóth Bianka, Debreceni Egyetem, Debrecen, 182-187, 2024. ISBN: 9789634906285
13. Bagi, Z., **Balog, K.**, Hegedűs, B., Sipos, B., Tóth, B.: Néhány markáns fenotípusos tulajdonság genetikai háttere.
In: Búg a róna / Bagi Zoltán, Fülöp László, Sipos Biborka, Balog Katalin, Hegedűs Bettina, Véghné Tóth Bianka, Debreceni Egyetem, Debrecen, 232-278, 2024. ISBN: 9789634906285





14. **Balog, K.**, Bagi, Z., Kusza, S.: A gerincdeformitás - mint a ponty (*Cyprinus carpio* L.) fajban megjelenő egészségügyi probléma - genetikai hátterének vizsgálata.
In: 36. Országos Tudományos Diákköri Konferencia : Agrártudományi Szekció : Kaposvár 2023 április 04-06. : Rezümékötet . Szerk.: Sütő Zoltán, Nagyné Kiszlinger Henrietta, Halas Veronika, Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem, Gödöllő, 98, 2023. ISBN: 9789636230364
15. Horváth, M., **Balog, K.**: A házi galamb takarmányozásának alapvető ismérvei.
In: A húsgalamb-tenyésztés korszerűsítésének lehetőségei / Bagi Zoltán, Szaktudás Kiadó Ház Rt., Budapest, 52-59, 2023. ISBN: 9789635751211
16. **Balog, K.**, Sipos, B., Kusza, S., Bagi, Z.: A húsgalamb-tenyésztés és pecsenyegalamb-előállítás helyzete, valamint jelentősége a világon és Magyarországon.
In: A húsgalamb-tenyésztés korszerűsítésének lehetőségei. Szerk.: Bagi Zoltán, Szaktudás Kiadó Ház Rt., Budapest, 7-10, 2023. ISBN: 9789635751211
17. Bagi, Z., **Balog, K.**, Sipos, B.: A jövő útja - molekuláris genetikai módszerek a magyar galambtenyésztés genetikai erőforrásainak fejlesztésére.
In: A húsgalamb-tenyésztés korszerűsítésének lehetőségei. Szerk.: Bagi Zoltán, Szaktudás Kiadó Ház Rt., Budapest, 11-12, 2023. ISBN: 9789635751211
18. Bagi, Z., **Balog, K.**, Hegedűs, B., Kusza, S., Sipos, B., Tóth, B.: Bevezetés a molekuláris genetikába.
In: A húsgalamb-tenyésztés korszerűsítésének lehetőségei. Szerk.: Bagi Zoltán, Szaktudás Kiadó Ház Rt., Budapest, 12-21, 2023, (Gyakorlati tudástár) ISBN: 9789635751211
19. **Balog, K.**, Sipos, B., Kusza, S., Bagi, Z.: DNS chip technológia alkalmazása házigalamb fajban.
In: A húsgalamb-tenyésztés korszerűsítésének lehetőségei. Szerk.: Bagi Zoltán, Szaktudás Kiadó Ház Rt., Budapest, 49-52, 2023. ISBN: 9789635751211
20. Bagi, Z., **Balog, K.**, Kusza, S., Sipos, B.: Genomszelekció.
In: A húsgalamb-tenyésztés korszerűsítésének lehetőségei. Szerk.: Bagi Zoltán, Szaktudás Kiadó, Budapest, 22-25, 2023. ISBN: 9789635751211
21. Sipos, B., **Balog, K.**, Kusza, S., Bagi, Z.: Húshasznú galambok termelési mutatóinak vizsgálatában alkalmazható polimorfizmusok áttekintése.
In: A húsgalamb-tenyésztés korszerűsítésének lehetőségei. Szerk.: Bagi Zoltán, Szaktudás Kiadó Ház Rt., Budapest, 23-25, 2023, (Gyakorlati tudástár) ISBN: 9789635751211
22. Bagi, Z., **Balog, K.**, Hegedűs, B., Kusza, S., Tóth, B.: Molekuláris genetikai eszközök és módszerek a marker asszisztált szelekció szolgálatában.
In: A húsgalamb-tenyésztés korszerűsítésének lehetőségei. Szerk.: Bagi Zoltán, Szaktudás Kiadó Ház Rt., Budapest, 21-22, 2023, (Gyakorlati tudástár) ISBN: 9789635751211
23. Sipos, B., **Balog, K.**, Kusza, S., Bagi, Z.: Saját vizsgálatok a húshasznú galambok termelési tulajdonságokkal összefüggő génpolimorfizmusainak feltárására.
In: A húsgalamb-tenyésztés korszerűsítésének lehetőségei. Szerk.: Bagi Zoltán, Szaktudás Kiadó Ház Rt., Budapest, 42-49, 2023, (Gyakorlati tudástár) ISBN: ISBN9789635751211





24. **Balog, K.**, Bagi, Z., Tóth, B., Bársony, P., Kusza, S.: Magyarországi ponty (*Cyprinus carpio* L.) tájfajták genetikai diverzitásának vizsgálata.
In: "Innovatív tudományos műhelyek a hazai agrár felsőoktatásban". Szerk.: Pepó Péter, Debreceni Egyetem, Debrecen, 9-16, 2022. ISBN: 9789634903871

Magyar nyelvű tudományos közlemények hazai folyóiratban (1)

25. Lengyel, A. K., **Balog, K.**, Bagi, Z., Hegedűs, B., Baranyai, E., Fehér, M., Bársony, P., Kusza, S.: Gerincdeformitás a pontyban (*Cyprinus carpio*): HSP70 és HSP90 gének relatív expressziójának és a gerinc néhány makro- és mikroelem tartalmának összefüggés-vizsgálata = Spinal deformity in common carp (*Cyprinus carpio*): association study between relative expression of HSP70 and HSP90 genes and macro- and microelement content of spinal.
Állatteny. takarm. 71 (4), 249-269, 2022. ISSN: 0230-1814.

Idegen nyelvű tudományos közlemények külföldi folyóiratban (3)

26. **Balog, K.**, Bagi, Z., Tóth, B., Hegedűs, B., Fehér, M., Stündl, L., Kusza, S.: Association study between relative expression levels of eight genes and growth rate in Hungarian common carp (*Cyprinus carpio*).
Saudi Journal of Biological Sciences. 29 (1), 630-639, 2022. ISSN: 1319-562X.
DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/j.sjbs.2021.09.036>
IF: 4.4
27. Bagi, Z., **Balog, K.**, Tóth, B., Fehér, M., Bársony, P., Baranyai, E., Harangi, S., Ashrafzadeh, M. R., Hegedűs, B., Stündl, L., Kusza, S.: Genes and elements involved in the regulation of the nervous system and growth affect the development of spinal deformity in *Cyprinus carpio*.
PLoS One. 17 (4), 1-21, 2022. ISSN: 1932-6203.
DOI: <http://dx.doi.org/10.1371/journal.pone.0266447>
IF: 3.7
28. Tóth, B., Bagi, Z., **Balog, K.**, Bársony, P., Jávör, B., Kusza, S.: A short review of molecular genetics studies on common carp (*Cyprinus carpio* L.) highlighted the mtDNA markers.
Nat. Res. Sustain. Develop. 11 (1), 51-65, 2021. ISSN: 2066-6276.
DOI: <http://dx.doi.org/10.31924/nrsd.v11i1.066>

Idegen nyelvű absztrakt kiadványok (8)

29. **Balog, K.**, Bagi, Z., Kusza, S.: Carpathian bridge: haplotype admixture and refugial signals in *Erinaceus roumanicus* across Hungary and Serbia.
In: Book of abstracts: The 3rd International Conference for Hedgehog Professionals
Copenhagen, Denmark 2026. Eds.: Dorthe Madsen; Sophie Lund Rasmussen, Danish Mammal Society, Copenhagen, 54, 2026.





30. **Balog, K.**, Maza, G. X. A., Bagi, Z., Kusza, S.: Tracing evolutionary roots: pioneering phylogenetic insights into hedgehog populations (Erinaceidae) in Hungary.
In: Biotechnológia a Debreceni Egyetemen 2024 Szimpózium : Absztraktfüzet, Debrecen Egyetem, Debrecen, 39, 2024. ISBN: 9789634906612
31. Bagi, Z., **Balog, K.**, Wadday, A. S. A. S., Menghwar, L. C., Kusza, S.: Examination of the genetic resources of Hungarian pigeon breeding.
In: International seminar on the conservation of animal genetic resources. Eds.: Mohammed Regragui, Ahmed El Aboudi, Bouabid Badaoui, Mohammed V University, Faculty of Sciences, Rabat, 6, 2023.
32. **Balog, K.**, Menghwar, L. C., Javaid, S., Kusza, S., Bagi, Z.: Investigating the genetic diversity of squab pigeon breeds using mitochondrial DNA COI region.
In: Book of abstract : Multidisciplinary Conference on Sustainable Development : 25-26 May 2023 : Section : Animal Resources Bioengineering, Faculty of Bioengineering of Animal Resources, Timisoara, 21-22, 2023, (ISSN 2821-4293)
33. **Balog, K.**, Sipos, B., Kusza, S., Bagi, Z.: Polymorphism muscle related genes in hybrid and Hungarian indigenous squab pigeons.
In: Book of Abstract : Multidisciplinary Conference on Sustainable Development, 26-27 May 2022 : Section : Animal Resources Bioengineering / Banat's University of Agricultural Sciences and Veterinary Medicine "King Michael I of Romania" from Timisoara, Bioengineering Faculty of Animal Resources, BUASVM Bioengineering Faculty of Animal Resources, Timisoara, 31, 2022, (2821-4293)
34. Hegedűs, B., Bagi, Z., Tóth, B., **Balog, K.**, Galik, B., Urbán, P., Samu, A., Fehér, M., Bársony, P., Kusza, S.: Research for the development of the Hungarian fising sector.
In: Biotechnology at the University of Debrecen - 2022 International Symposium: Abstract Book, Printart-Press Ltd., Debrecen, 23, 2022. ISBN: 9789634904687
35. Tóth, B., Bagi, Z., Bársony, P., **Balog, K.**, Stündl, L., Kusza, S.: Genetic diversity of common carp strains on maternal line in Hungary: first step.
In: Multidisciplinary Conference on Sustainable Development Section: Animal Resources Bioengineering, Banat University of Agricultural Sciences and Veterinary Medicine, Temesvár, 19, 2021.
36. **Balog, K.**, Bagi, Z., Tóth, B., Kusza, S.: Genetic diversity of five Hungarian common carp (Cyprinus carpio L.) landraces based on mitochondrial DNA- initial results.
In: 4th National Conference of Young Biotechnologists : Abstract Book "FIBOK 2020" /publ. University of Debrecen, University of Debrecen, Debrecen, 93, 2020. ISBN: 9789634902720

Ismeretterjesztő, népszerűsítő cikkek (19)

37. Bagi, Z., **Balog, K.**, Hegedűs, B., Juhos, R., Tóth, B., Kusza, S.: A tenyésztés mélységei - Molekuláris genetikai gyorstalpaló XVI.: Színtelenségek és szabályos tarkaságok. *Galamb és kisállat magazin.* 67 (6), 4-7, 2025. ISSN: 1587-0677.





38. **Balog, K.**, Juhos, R., Sipos, B., Tóth, B., Hegedűs, B., Kusza, S., Bagi, Z.: A tenyésztés mélységei - Molekuláris genetikai gyorstalpaló XVII.: Filogeográfiai utazás a múltba. *Galamb és Kisállat magazin*. 67, 8-11, 2025. ISSN: 1587-0677.
39. Juhos, R., **Balog, K.**, Sipos, B., Tóth, B., Hegedűs, B., Kusza, S., Bagi, Z.: A tenyésztés mélységei - Molekuláris genetikai gyorstalpaló XVIII.: Miért lesz kopasz a nyak? *Galamb és kisállat magazin*. 67, 6-9, 2025. ISSN: 1587-0677.
40. **Balog, K.**: Szárnyaló feketepecs - Zártkörű és illegális madárpiacok, valamint kereskedelem a Közel-Keleten. *Galamb és kisállat magazin*. 67 (4), 12-14, 2025. ISSN: 1587-0677.
41. **Balog, K.**, Sipos, B., Hegedűs, B., Tóth, B., Kusza, S., Bagi, Z.: A tenyésztés mélységei - Molekuláris genetikai gyorstalpaló XI. Polimorfizmusok. *Galamb és kisállat magazin*. 67 (1), 8-10, 2024. ISSN: 1587-0677.
42. Sipos, B., **Balog, K.**, Hegedűs, B., Tóth, B., Kusza, S., Bagi, Z.: A tenyésztés mélységei - Molekuláris genetikai gyorstalpaló XII. Hasznos mutációk nyomában. *Galamb és kisállat magazin*. 67 (3), 10-11, 2024. ISSN: 1587-0677.
43. **Balog, K.**, Sipos, B., Hegedűs, B., Tóth, B., Kusza, S., Bagi, Z.: A tenyésztés mélységei - Molekuláris genetikai gyorstalpaló XIII.: Megchippeltük a galambokat. *Galamb és kisállat magazin*. 67 (4), 6-7, 2024. ISSN: 1587-0677.
44. Bagi, Z., **Balog, K.**, Sipos, B., Tóth, B., Hegedűs, B., Kusza, S.: A tenyésztés mélységei - Molekuláris genetikai gyorstalpaló XIV.: Lábtoll. *Galamb és kisállat magazin*. 67 (10), 5-7, 2024. ISSN: 1587-0677.
45. Bagi, Z., **Balog, K.**, Sipos, B., Tóth, B., Hegedűs, B., Kusza, S.: A tenyésztés mélységei - Molekuláris genetikai gyorstalpaló XV.: Konty. *Galamb és kisállat magazin*. 66 (11), 5-8, 2024. ISSN: 1587-0677.
46. Bagi, Z., **Balog, K.**, Sipos, B., Tóth, B., Hegedűs, B., Kusza, S.: A tenyésztés mélységei - Molekuláris genetikai gyorstalpaló: X. Mutáció. *Galamb és kisállat magazin*. 66 (4), 5-6, 2023. ISSN: 1587-0677.
47. Bagi, Z., **Balog, K.**, Sipos, B., Tóth, B., Hegedűs, B., Kusza, S.: A tenyésztés mélységei - Molekuláris genetikai gyorstalpaló IX.: Hígítás. *Galamb és kisállat magazin*. 66 (3), 7-10, 2023. ISSN: 1587-0677.
48. **Balog, K.**, Sipos, B., Tóth, B., Hegedűs, B., Bagi, Z., Kusza, S.: A tenyésztés mélységei - Molekuláris genetikai gyorstalpaló VII.: Terítés. *Galamb és kisállat magazin*. 66 (1), 10-11, 2023. ISSN: 1587-0677.
49. **Balog, K.**, Sipos, B., Tóth, B., Hegedűs, B., Kusza, S., Bagi, Z.: A tenyésztés mélységei - Molekuláris genetikai gyorstalpaló VIII.: Recesszív vörös. *Galamb és kisállat magazin*. 66 (2), 4-7, 2023. ISSN: 1587-0677.





50. Sipos, B., **Balog, K.**, Tóth, B., Bagi, Z., Kusza, S.: A tenyésztés mélységei - Molekuláris genetikai gyorstalpaló: Fenotípus, genotípus, genom.
Galamb és kisállat magazin. 65 (6), 14-15, 2022. ISSN: 1587-0677.
51. **Balog, K.**, Sipos, B., Tóth, B., Hegedűs, B., Bagi, Z., Kusza, S.: A tenyésztés mélységei - Molekuláris genetikai gyorstalpaló II. A gén.
Galamb és kisállat magazin. 65 (7), 5-5, 2022. ISSN: 1587-0677.
52. **Balog, K.**, Sipos, B., Tóth, B., Hegedűs, B., Bagi, Z., Kusza, S.: A tenyésztés mélységei - Molekuláris genetikai gyorstalpaló III. DNS, RNS, információból funkció.
Galamb és kisállat magazin. 65 (8), 8-9, 2022. ISSN: 1587-0677.
53. **Balog, K.**, Sipos, B., Tóth, B., Hegedűs, B., Bagi, Z., Kusza, S.: A tenyésztés mélységei - Molekuláris genetikai gyorstalpaló IV. A genetikai kód.
Galamb és kisállat magazin. 65 (10), 10-11, 2022. ISSN: 1587-0677.
54. **Balog, K.**, Sipos, B., Tóth, B., Hegedűs, B., Bagi, Z., Kusza, S.: A tenyésztés mélységei - Molekuláris genetikai gyorstalpaló V. Az alapszín.
Galamb és kisállat magazin. 65 (11), 5-7, 2022. ISSN: 1587-0677.
55. **Balog, K.**, Sipos, B., Tóth, B., Hegedűs, B., Bagi, Z., Kusza, S.: A tenyésztés mélységei - Molekuláris genetikai gyorstalpaló VI: Mintázat.
Galamb és kisállat magazin. 65 (12), 4-5, 2022. ISSN: 1587-0677.

A közlő folyóiratok összesített impakt faktora: 16,5

**A közlő folyóiratok összesített impakt faktora (az értekezés alapjául szolgáló közleményekre):
8,4**

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

Debrecen, 2026.03.25.

