

A balkáni gerle (*Streptopelia decaocto*) genetikai diszkontinuitás vizsgálata

Bagi Zoltán – Kusza Szilvia

Debreceni Egyetem, Mezőgazdaság-, Élelmiszertudományi és Környezetgazdálkodási Kar
 Állattudományi, Biotechnológiai és Természetvédelmi Intézet, Debrecen
 bagiz@agr.unideb.hu

ÖSSZEFOGLALÁS

A balkáni gerle kontinensnyi területeket hódított meg néhány évtized leforgása alatt. Terjeszkedésének kiváltó okait, terjedési mintázatát több tanulmány vizsgálta már. A földrajzi elterjedés és a populációk genetikai szerkezete közötti összefüggéseket azonban még nem kutatták. Vizsgálatunkban 19 ország területéről, összesen 152 egyed 650 bp hosszúságú mitokondriális COI szekvenciáit elemeztünk. Az elemzés során térbeli autokorrelációs elemzést, főkomponens analízist és a genetikai diszkontinuitás vizsgálatát végeztük el. A térszerkezet analízis során megállapítást nyert, hogy 2500 km-es távolságig lehetett pozitív korrelációt kimutatni a genetikai differenciálódás és a különböző földrajzi területek között. A genetikai diszkontinuitás vizsgálat során csak a Kárpát-medencében sikerült kimutatni rejtett genetikai akadályokat. Más térségekben valószínűleg a mintavétel egyenetlenségei miatt nem lehetett genetikai izoláltság nyomait kimutatni, mivel ezekről a területekről arányaiban sokkal kevesebb szekvencia állt rendelkezésre. A jövőben célszerű lesz további mintagyűjtés után megismételni a vizsgálatot.

Kulcsszavak: genetikai diszkontinuitás, térbeli autokorrelációs elemzés, főkomponens analízis, földrajzi elterjedés

SUMMARY

The Collared Dove conquered continent areas within a few decades. Causes and dispersion pattern of expansion has been investigated in several studies. However, the relationship between the geographic distribution and genetic structure of populations has not been researched. We used 152 individuals from 19 countries in this study. We analyze a 650 bp long mitochondrial COI sequences of each individuals. We were performed Spatial Autocorrelation Analysis, Principal Component Analysis and analysis of the genetic discontinuity in this study. Under 2500 km distance was a positive correlation between the genetic differentiation and different geographical areas. Hidden genetic barriers were found only Carpathian Basin. Could not be detected signs of genetic isolation in other regions. This will probably due to the unevenness of the sample collection, because these areas proportionally much fewer sequences were available. Therefore, is worth repeat this analysis after further sample collection, in the future.

Keywords: genetic discontinuity, Spatial Autocorrelation Analysis, Principal Component Analysis, geographic distribution

BEVEZETÉS

A balkáni gerle (*Streptopelia decaocto*), mint a világ egyik leglátványosabban terjedő gerinces faja, már hosszú évtizedekkel korábban felkeltette a kutatók figyelmét. A balkáni gerle eredetileg szubtrópusi faj, mely India, Srí Lanka és Mianmar mai területén honos. Európát a 20. században 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 16. 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 és Soule 1999, Rocha-Camero 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, melyek egyben a potenciális éghajlati niche-ének határait is jelentik. Az amerikai kontinensen jelenleg 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).

A faj terjeszkedésének okait, viselkedését és terjedési mintázatát elsősorban az ornitológia hagyományos módszereivel (megfigyelés, gyűrűzés stb.) vizsgálták eddig. 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. A gyors terjeszkedéshez hozzájáruló, leggyakrabban említett tényezők a kivándorlás-független állománysűrűsége, az antropogén élőhelyekhez való nagyfokú alkalmazkodóképessége, a generalista étrendje, a nagy reprodukciós teljesítménye és az évenkénti költések magas száma (Romagosa és Labisky 2000). 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 (jump-diszperzál) (Hudson 1972, Romagosa és Labisky 2000). Kasperek (1996) fontos tényezőre hívja fel a figyelmet a faj expanziójával kapcsolatban. Elemezve nyugat-törökországi/balkáni, valamint a floridai terjeszkedést megállapította, hogy a populációdenzitás mindkét esetben alacsony volt, ami kizárja a sűrűségfüggő szétterjedést. További párhuzam a két kontinensen történt kolonizáció között, hogy a megtelepedés a part menti területeken volt a legkiterjedtebb, míg a szárazföld belseje felé a folyóvölgyek jelentenek

természetes ökológiai folyosót számára (Hudson 1972, Romagosa és Labisky 2000). 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 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 kulcsfaktor-ként szerepelhet.

A molekuláris genetikai módszerek új szemlélettel teszik lehetővé a faj terjeszkedésének és területhasználatának vizsgálatát. Jelen dolgozatban ezzel – a balkáni gerle esetében korábban még nem alkalmazott megközelítéssel –, a genetikai szekvenciák és földrajzi elterjedési adatok kombinált elemzésének módszerével teszünk kísérletet a fajról rendelkezésre álló információk bővítésére.

ANYAG ÉS MÓDSZER

A vizsgálatban 152 balkáni gerletől származó szekvenciát használtunk fel (1. táblázat), melyek a mitokondriális DNS COI génjének meghatározott, 650 bp hosszúságú szakaszát kódolják. A főkoordináta analízishez (PCoA) és a területi autokorrelációs elemzéshez (Spatial Autocorrelation Analysis) a GenAlEx 6.501 (Peakall és Smouse 2006, 2012) szoftvert alkalmaztuk. Az adatok haploid jellegéből fakadóan a vizsgált összes mintán belül nem volt lehetséges nagy biztonsággal populációk kijelölése. Ennek oka, hogy a szoftver nem képes a populációnkénti genetikai távolságokat a teljes összességre vonatkoztatva megrajzolni ilyen típusú adatoknál. Ezért a térszerkezet analízis 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. Hasonló megközelítést alkalmazott Williams et al. (2007) is az inváziós brazil rózsabors (*Schinus terebinthifolius*) vizsgálatokor. A genetikai diszkontinuitás vizsgálatát a BARRIER szoftver (Manni et al. 2004) segítségével végeztük. 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 19 darabot jelent (barrierok száma=populációk száma-1).

EREDMÉNYEK

Térszerkezet analízis

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

Az 1. ábrán az "U" és "L" vonalak jelölik a nullhipotézis (nincs térbeli struktúra) 95%-os konfidencia értékeit. Az "r" a korrelációs együtthatót ábrázolja. Ahogy az 1. ábrán látható, 2500 km-es 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 strukturáltság, 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 valószínűsíteni lehet, hogy a populáció határokat az 1000 km-es távolságérték alatt kell keresni.

A főkoordináta analízis eredményeit a 2. 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.

Genetikai diszkontinuitás vizsgálat

A genetikai diszkontinuitás vizsgálatát a BARRIER szoftver (Manni et al. 2004) segítségével végeztük. Az elemzéshez a minták földrajzi koordinátáit és a PCoA analízis során felhasznált genetikai távolság mátrixot használtuk fel.

A 3. ábra a feltételezett terjedési útvonalakat, a feltételezett populáció határokat, valamint a rejtett genetikai barriereket ábrázolja Európában. 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 azonosítottunk, míg egy másikat Dél, Délnyugat-Magyarországon. Mindkettőről elmondható, hogy fejlett mezőgazdasággal rendelkező vidékek, ahol a faj egyedei viszonylag kis területen megtalálják a szükséges életkörülményeket, ezért nincsenek ráutalva az elvándorlásra, a nagy területeket érintő kóborlásra.

A vizsgálatban felhasznált mintákra vonatkozó származási adatok

Minta(1)	Származási ország(2)	Származási város(3)	NCBI azonosító(4)
BIH-02	Bosznia-Hercegovina(6)	Szarajevó	saját gyűjtés(5)
BW01	Belarusz Köztársaság(7)	Baranovich	saját gyűjtés(5)
C-01	Kubai Köztársaság(8)	Havanna	saját gyűjtés(5)
CY-01	Ciprusi Köztársaság(9)	Nicosia	saját gyűjtés(5)
CZ-01	Cseh Köztársaság(10)	Průhonice	saját gyűjtés(5)
CZ-04	Cseh Köztársaság(10)	Průhonice	saját gyűjtés(5)
CZ-05	Cseh Köztársaság(10)	Průhonice	saját gyűjtés(5)
CZ-06	Cseh Köztársaság(10)	Lutová	saját gyűjtés(5)
CZ-07	Cseh Köztársaság(10)	Libořez	saját gyűjtés(5)
CZ-08	Cseh Köztársaság(10)	Žitč	saját gyűjtés(5)
FR-01	Francia Köztársaság(11)	Oléron	saját gyűjtés(5)
FR-03	Francia Köztársaság(11)	Oléron	saját gyűjtés(5)
FR-04	Francia Köztársaság(11)	Oléron	saját gyűjtés(5)
FR-05	Francia Köztársaság(11)	Oléron	saját gyűjtés(5)
FR-06	Francia Köztársaság(11)	Oléron	saját gyűjtés(5)
FR-07	Francia Köztársaság(11)	Oléron	saját gyűjtés(5)
FR-08	Francia Köztársaság(11)	Oléron	saját gyűjtés(5)
FR-09	Francia Köztársaság(11)	Oléron	saját gyűjtés(5)
FR-10	Francia Köztársaság(11)	Oléron	saját gyűjtés(5)
FR-11	Francia Köztársaság(11)	Oléron	saját gyűjtés(5)
FR-13	Francia Köztársaság(11)	Oléron	saját gyűjtés(5)
GB-01	Nagy-Britannia(12)	Glasgow	saját gyűjtés(5)
GB-03	Nagy-Britannia(12)	Cambridge	saját gyűjtés(5)
GB-04	Nagy-Britannia(12)	Cambridge	saját gyűjtés(5)
GB-06	Nagy-Britannia(12)	Cambridge	saját gyűjtés(5)
GB-11	Nagy-Britannia(12)	Cheshire	saját gyűjtés(5)
GB-13	Nagy-Britannia(12)	Cheshire	saját gyűjtés(5)
GB-14	Nagy-Britannia(12)	Cheshire	saját gyűjtés(5)
GB-15	Nagy-Britannia(12)	Cheshire	saját gyűjtés(5)
GB-16	Nagy-Britannia(12)	Cheshire	saját gyűjtés(5)
GB-17	Nagy-Britannia(12)	Cheshire	saját gyűjtés(5)
GB-28	Nagy-Britannia(12)	Cheshire	saját gyűjtés(5)
GB-29	Nagy-Britannia(12)	Cheshire	saját gyűjtés(5)
GB-30	Nagy-Britannia(12)	Norfolk	JQ176291.1
GP-01	Francia Köztársaság(11)	Guadeloupe	saját gyűjtés(5)
GP-02	Francia Köztársaság(11)	Guadeloupe	saját gyűjtés(5)
GP-03	Francia Köztársaság(11)	Guadeloupe	saját gyűjtés(5)
GP-04	Francia Köztársaság(11)	Guadeloupe	saját gyűjtés(5)
GP-05	Francia Köztársaság(11)	Guadeloupe	saját gyűjtés(5)
GP-06	Francia Köztársaság(11)	Guadeloupe	saját gyűjtés(5)
GP-07	Francia Köztársaság(11)	Guadeloupe	saját gyűjtés(5)
GP-09	Francia Köztársaság(11)	Guadeloupe	saját gyűjtés(5)
GP-10	Francia Köztársaság(11)	Guadeloupe	saját gyűjtés(5)
GP-12	Francia Köztársaság(11)	Guadeloupe	saját gyűjtés(5)
HU-01	Magyarország(13)	Tótkomlós	saját gyűjtés(5)
HU-02	Magyarország(13)	Tótkomlós	saját gyűjtés(5)
HU-03	Magyarország(13)	Balmazújváros	saját gyűjtés(5)
HU-04	Magyarország(13)	Gödöllő	saját gyűjtés(5)
HU-05	Magyarország(13)	Gödöllő	saját gyűjtés(5)
HU-07	Magyarország(13)	Mosonszolnok	saját gyűjtés(5)
HU-08	Magyarország(13)	Kaposvár	saját gyűjtés(5)
HU-09	Magyarország(13)	Orosháza	saját gyűjtés(5)
HU-10	Magyarország(13)	Orosháza	saját gyűjtés(5)
HU-11	Magyarország(13)	Orosháza	saját gyűjtés(5)
HU-12	Magyarország(13)	Orosháza	saját gyűjtés(5)
HU-13	Magyarország(13)	Orosháza	saját gyűjtés(5)
HU-14	Magyarország(13)	Orosháza	saját gyűjtés(5)

Az 1. táblázat folytatása a következő oldalon ...

Minta(1)	Származási ország(2)	Származási város(3)	NCBI azonosító(4)
HU-15	Magyarország(13)	Baks	saját gyűjtés(5)
HU-16	Magyarország(13)	Bócsa	saját gyűjtés(5)
HU-17	Magyarország(13)	Mindszent	saját gyűjtés(5)
HU-18	Magyarország(13)	Tótkomlós	saját gyűjtés(5)
HU-19	Magyarország(13)	Hódmezővásárhely	saját gyűjtés(5)
HU-20	Magyarország(13)	Hódmezővásárhely	saját gyűjtés(5)
HU-21	Magyarország(13)	Seregélyes	saját gyűjtés(5)
HU-22	Magyarország(13)	Székesfehérvár	saját gyűjtés(5)
HU-23	Magyarország(13)	Mór	saját gyűjtés(5)
HU-24	Magyarország(13)	Kecskemét	saját gyűjtés(5)
HU-25	Magyarország(13)	Simaság	saját gyűjtés(5)
HU-26	Magyarország(13)	Fertőhomok	saját gyűjtés(5)
HU-27	Magyarország(13)	Tótkomlós	saját gyűjtés(5)
HU-28	Magyarország(13)	Harsány	saját gyűjtés(5)
HU-29	Magyarország(13)	Dusnok	saját gyűjtés(5)
HU-30	Magyarország(13)	Csökmő	saját gyűjtés(5)
HU-31	Magyarország(13)	Sopron	saját gyűjtés(5)
HU-32	Magyarország(13)	Balf	saját gyűjtés(5)
HU-34	Magyarország(13)	Balatonkenese	saját gyűjtés(5)
HU-35	Magyarország(13)	Mosonmagyaróvár	saját gyűjtés(5)
HU-36	Magyarország(13)	Mosonszolnok	saját gyűjtés(5)
HU-37	Magyarország(13)	Mohács	saját gyűjtés(5)
HU-38	Magyarország(13)	Mohács	saját gyűjtés(5)
HU-39	Magyarország(13)	Sátorhely	saját gyűjtés(5)
HU-41	Magyarország(13)	Demecser	saját gyűjtés(5)
HU-42	Magyarország(13)	Demecser	saját gyűjtés(5)
HU-43	Magyarország(13)	Mosonszolnok	saját gyűjtés(5)
HU-45	Magyarország(13)	Barcs	saját gyűjtés(5)
HU-46	Magyarország(13)	Barcs	saját gyűjtés(5)
HU-47	Magyarország(13)	Barcs	saját gyűjtés(5)
HU-48	Magyarország(13)	Barcs	saját gyűjtés(5)
HU-49	Magyarország(13)	Barcs	saját gyűjtés(5)
HU-50	Magyarország(13)	Barcs	saját gyűjtés(5)
HU-51	Magyarország(13)	Barcs	saját gyűjtés(5)
HU-52	Magyarország(13)	Barcs	saját gyűjtés(5)
HU-53	Magyarország(13)	Barcs	saját gyűjtés(5)
HU-54	Magyarország(13)	Tiszaalpár	saját gyűjtés(5)
HU-56	Magyarország(13)	Mosonszolnok	saját gyűjtés(5)
HU-57	Magyarország(13)	Sátorhely	saját gyűjtés(5)
HU-58	Magyarország(13)	Sátorhely	saját gyűjtés(5)
HU-59	Magyarország(13)	Sátorhely	saját gyűjtés(5)
HU-60	Magyarország(13)	Sátorhely	saját gyűjtés(5)
HU-61	Magyarország(13)	Sátorhely	saját gyűjtés(5)
HU-62	Magyarország(13)	Sátorhely	saját gyűjtés(5)
HU-63	Magyarország(13)	Sátorhely	saját gyűjtés(5)
HU-64	Magyarország(13)	Sátorhely	saját gyűjtés(5)
HU-65	Magyarország(13)	Sátorhely	saját gyűjtés(5)
HU-66	Magyarország(13)	Sátorhely	saját gyűjtés(5)
HU-67	Magyarország(13)	Mosonszolnok	saját gyűjtés(5)
NOR-01	Norvégia(14)	Oslo	GU571632.1
IT-01	Olaszország(15)	Róma	saját gyűjtés(5)
NL-01	Hollandia(16)	Nijmegen	saját gyűjtés(5)
NL-03	Hollandia(16)	Nijmegen	saját gyűjtés(5)
NL-05	Hollandia(16)	Nijmegen	saját gyűjtés(5)
NL-06	Hollandia(16)	Nijmegen	saját gyűjtés(5)
NL-07	Hollandia(16)	Hoogkerk	KF946864.1
PK-01	Pakisztán(17)	Lahor	KC182070.1
PK-02	Pakisztán(17)	Lahor	KC182064.1
PK-03	Pakisztán(17)	Lahor	KC182069.1
PK-04	Pakisztán(17)	Lahor	KC182068.1
PK-05	Pakisztán(17)	Lahor	KC182067.1

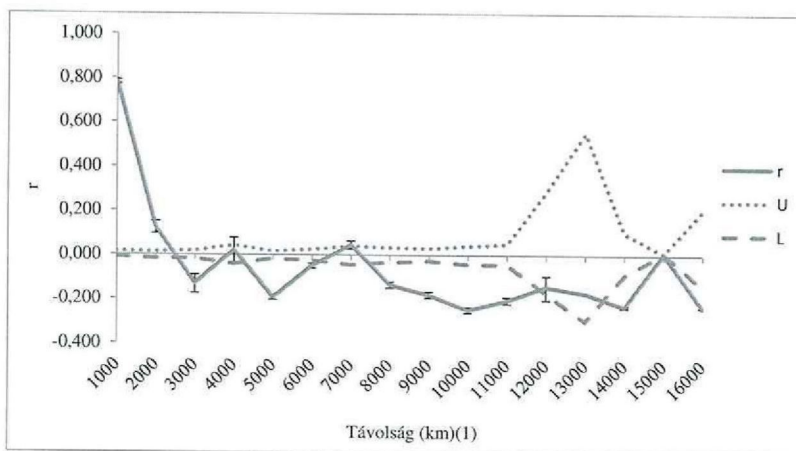
Az 1. táblázat folytatása a következő oldalon ...

Minta(1)	Származási ország(2)	Származási város(3)	NCBI azonosító(4)
PK-06	Pakisztán(17)	Lahor	KC182066.1
PK-07	Pakisztán(17)	Lahor	KC182062.1
PK-08	Pakisztán(17)	Lahor	KC182065.1
PK-09	Pakisztán(17)	Lahor	KC182071.1
PK-10	Pakisztán(17)	Lahor	KC182063.1
PL-01	Lengyelország(18)	Gdansk	saját gyűjtés(5)
PL-03	Lengyelország(18)	Krakkó	saját gyűjtés(5)
RO-01	Románia(19)	Temesvár	saját gyűjtés(5)
RO-02	Románia(19)	Tulcea	saját gyűjtés(5)
RO-04	Románia(19)	Boncida	saját gyűjtés(5)
RO-05	Románia(19)	Temesvár	saját gyűjtés(5)
RO-07	Románia(19)	Szapárfalva	saját gyűjtés(5)
RO09	Románia(19)	Kolozsvár	saját gyűjtés(5)
RO10	Románia(19)	Kolozsvár	saját gyűjtés(5)
RO11	Románia(19)	Kolozsvár	saját gyűjtés(5)
SA-01	Szaúd-Arábia(20)	n.a.(25)	HQ168040.1
SA-02	Szaúd-Arábia(20)	n.a.(25)	HQ168041.1
SP-01	Spanyolország(21)	Zaragoza	saját gyűjtés(5)
SP-03	Spanyolország(21)	Badajoz	saját gyűjtés(5)
SP-05	Spanyolország(21)	Badajoz	saját gyűjtés(5)
SP-07	Spanyolország(21)	Badajoz	saját gyűjtés(5)
SP-08	Spanyolország(21)	Badajoz	saját gyűjtés(5)
SP-09	Spanyolország(21)	Badajoz	saját gyűjtés(5)
SP-10	Spanyolország(21)	Badajoz	saját gyűjtés(5)
SP-12	Spanyolország(21)	Badajoz	saját gyűjtés(5)
SP-13	Spanyolország(21)	Badajoz	saját gyűjtés(5)
SP-15	Spanyolország(21)	Badajoz	saját gyűjtés(5)
SWE-01	Svédország(22)	Trollhaettan	GU572102.1
TR-01	Törökország(23)	Canakkale	saját gyűjtés(5)
TR-02	Törökország(23)	Canakkale	saját gyűjtés(5)
TR-03	Törökország(23)	Antalya	saját gyűjtés(5)
TR-05	Törökország(23)	Ahmetbeyli	saját gyűjtés(5)
USA-01	Amerikai Egyesült Államok(24)	Homestead	DQ433219.1
USA-02	Amerikai Egyesült Államok(24)	Homestead	DQ433220.1

Table 1: Data of used samples in this study

Sample(1), Country(2), Town(3), NCBI code(4), Own collection(5), Bosnia and Herzegovina(6), Belarus(7), Cuba (8), Cyprus(9), Czech Republic(10), France(11), Great Britain(12), Hungary(13), Norway(14), Italy(15), Netherlands(16), Pakistan(17), Poland(18), Romania(19), Saudi Arabia(20), Spain(21), Sweden(22), Turkey(23), USA(24), no data(25)

1. ábra: Területi autokorrelációt bemutató korrelogram



Megjegyzés: az ábra a genetikai korreláció értékeit ábrázolja a távolság függvényében (n=152). Korrelációs együttható (r), hiba felső korlátja (U), hiba alsó korlátja (L), Bootsrap ismétlés 1000, P<0,001.

Figure 1: Spatial Autocorrelation Analysis

Note: the figure shows the correlation values of the genetic function of the distance (n=152). Correlation coefficient (r), upper (U), lower (L), Bootsrap 1000, P<0.001.

2. ábra: Főkoordináta analízis (PCoA) a genetikai és földrajzi távolságok közötti korreláció alapján

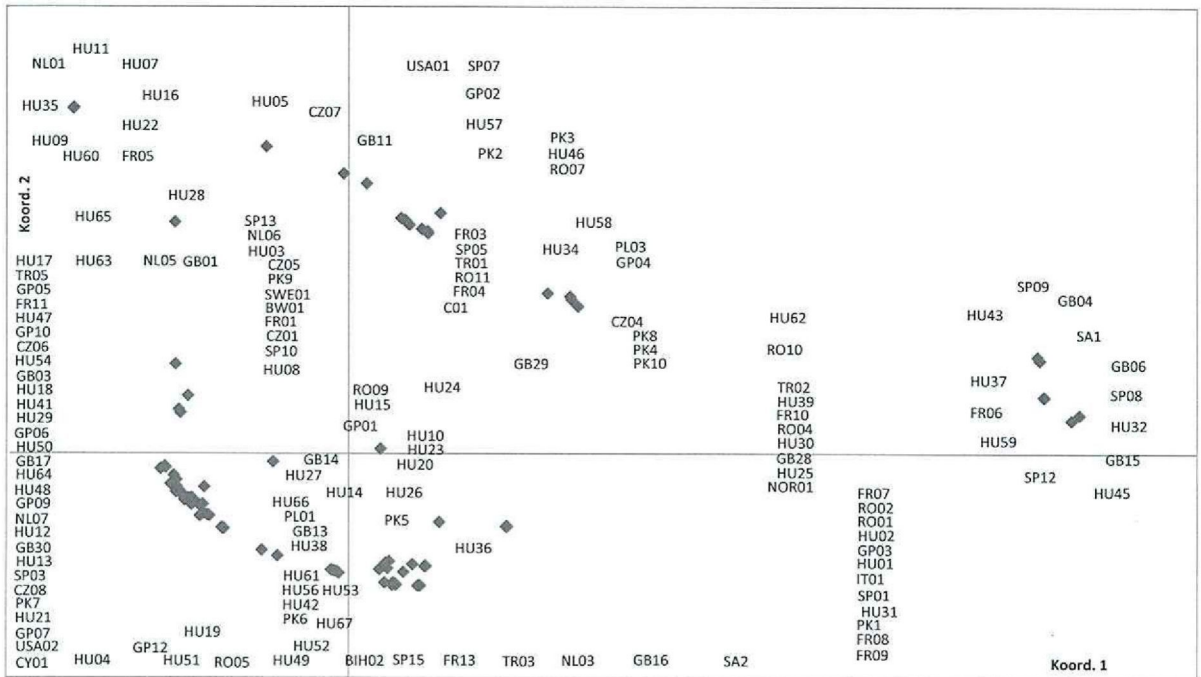


Figure 2: Principal Coordinate Analysis (PCoA) based on the correlation between genetic and geographic distances

3. ábra: A genetikai és földrajzi izoláció összefüggései

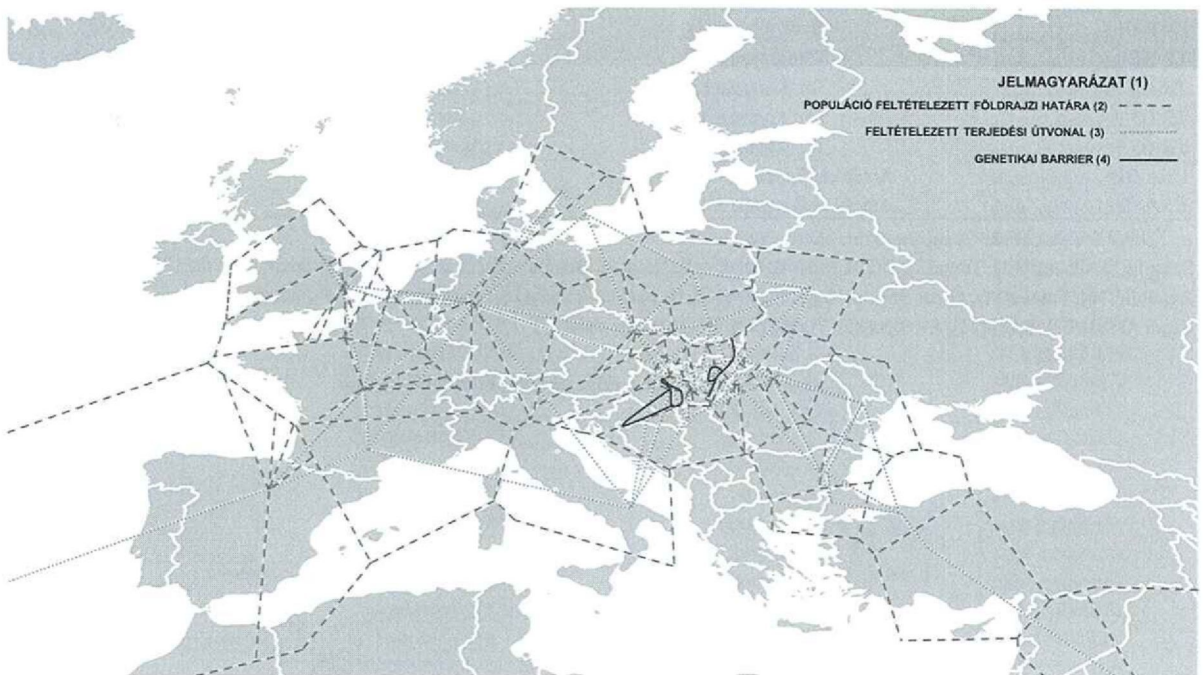


Figure 3: The context of genetic and geographical isolation

Legend(1), Hypothetical geographic border of population(2), Hypothetical expansion path(3), Genetic barrier(4)

KÖVETKEZTETÉSEK

Vizsgálatunkban a balkáni gerle földrajzi elterjedése és genetikai diverzitása közötti összefüggéseket elemeztük. A kutatásban a faj elterjedési területének nagy részéről, összesen 20 országból származó mtDNS COI szekvenciákat használtunk fel. Megállapítást nyert,

hogy a faj populációi között legfeljebb 2500 km-es távolságig lehet génáramlással számolni. Ez az érték a faj mozgékonyasága miatt realitásnak tekinthető, ugyanakkor az adatokból az is látszik, hogy a génáramlás mértéke a távolság növekedésével rohamosan csökken. A tényleges populációhatárok feltárására a genetikai diszkontinuitás vizsgálatot végeztünk. Ennek eredmé-

neyi alapján Magyarország területén sikerült két, földrajzilag is lehatárolható populációt azonosítani. Ezek elhelyezkedése és kiterjedése a terület ökológiai viszonyaival is összhangban van, azokkal is jól magyarázható. Mindazonáltal első ízben sikerült egy balkáni gerle populációt genetikai adatok alapján behatárolni. Más területek esetében valószínűleg nem a genetikai határok hiánya miatt nem sikerült hasonló kimutatni,

hanem az alacsony elemszám tette ezt lehetetlenné. Egyértelmű, hogy a vizsgálatban érintett nagy földrajzi kiterjedés mellé párosuló alacsony elemszám nem bizonyult elegendőnek a kellően részletes eredmények eléréséhez. Éppen ezért a jövő legfontosabb feladatának tartjuk további minták gyűjtését a faj elterjedési területéről, majd felhasználásukkal az elemzések frissítését.

IRODALOM

- 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. 2: gmr.15028123.
- 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.
- 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.
- Crooks, J. A.–Soule, M. E. (1999): Lag times in population explosions of invasive species: causes and implications. [In: Sandland, O. T. et al. (eds.) *Invasive Species and Biodiversity Management*.] Kluwer Academic Publishers. The Netherlands. 103–125.
- 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.
- Fujisaki, I.–Pearlstone, 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.
- Glutz, V. B. U.–Bauer, K. (1980): *Handbuch der Vögel Mitteleuropas*, Bd. 9. Columbiformes–Piciformes. Akademische Verlagsgesellschaft. Wiesbaden.
- Gorski, W. (1993): Long-term dynamics of an urban population of Collared Dove (*Streptopelia decaocto*) from southern Baltic coast. *The Ring*. 15: 1–2.
- 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.
- Hudson, R. (1965): The Spread of the Collared Dove in Britain and Ireland. *British Birds*. 58. 4: 105–139.
- Hudson, R. (1972): Collared Doves in Britain and Ireland during 1965–1970. *British Birds*. 65: 139–155.
- Kaspárek, M. (1996): Dispersal and range extension of the Collared Dove (*Streptopelia decaocto*) in Europe. *Journal für Ornithologie*. 137. 1: 1–34.
- 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.
- 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.
- Peakall, R.–Smouse, P. E. (2006): GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular Ecology Notes*. 6. 1: 288–295.
- Peakall, R.–Smouse, P. E. (2012): GenA1Ex 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research – an update. *Bioinformatics*. 28. 19: 2537–2539.
- Robertson, H. A. (1990): Breeding of Collared Doves *Streptopelia decaocto* in rural Oxfordshire, England. *Bird Study*. 37. 2: 73–83.
- Rocha-Camero, 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.
- 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.
- Romagosa, C. M.–Mcneaney, T. (1999): Eurasian collared-dove in North America and the Caribbean. *North American Birds*. 53. 4: 348–353.
- Smith, P. W. (1987): The Eurasian collared-dove arrives in the Americas. *American Birds*. 41. 5: 1370–1379.
- Snow, D. W.–Perrins, C. M.–Gillmor, R. (1998): *The birds of the western Palearctic. Non-passerines*. Oxford University Press. Oxford. 1: 1832.
- Stresemann, E.–Nowak, E. (1958): Die Ausbreitung der Türkentaube in Asien und Europa. *Journal für Ornithologie*. 99. 3: 243–296.
- 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.