

**DOKTORI (PH.D.) ÉRTEKEZÉS**

**BALOG KATALIN**

**DEBRECEN**

**2026.**

**DEBRECENI EGYETEM**  
**ÁLLATTENYÉSZTÉSI TUDOMÁNYOK DOKTORI ISKOLA**

*Doktori Iskola vezető:*  
**Dr. Komlósi István D.Sc.**  
egyetemi tanár  
az MTA doktora

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

**A MAGYAR GALAMBTENYÉSZTÉS GENETIKAI**  
**ERŐFORRÁSAINAK VIZSGÁLATA**

*Készítette:*  
**Balog Katalin**  
doktorjelölt

**Debrecen**

**2026.**

**A MAGYAR GALAMBTENYÉSZTÉS GENETIKAI ERŐFORRÁSAINAK  
VIZSGÁLATA**

Értekezés a doktori (Ph.D.) fokozat megszerzése érdekében  
az állattenyésztési tudományok tudományágban

Írta: **BALOG KATALIN** okleveles hidrobiológus

Készült a Debreceni Egyetem **Állattenyésztési Tudományok Doktori Iskola**  
(Genomika programja) keretében

Témavezető: **Dr. Bagi Zoltán Ph.D.**

**Az értekezés bírálói:**

| név   | fokozat | aláírás |
|-------|---------|---------|
| ..... | .....   | .....   |
| ..... | .....   | .....   |

**A bírálóbizottság:**

|         | név   | fokozat | aláírás |
|---------|-------|---------|---------|
| elnök:  | ..... | .....   | .....   |
| tagok:  | ..... | .....   | .....   |
|         | ..... | .....   | .....   |
| titkár: | ..... | .....   | .....   |
|         | ..... | .....   | .....   |

Az értekezés védésének időpontja: 20.... ..

## TARTALOMJEGYZÉK

|                                                                                                               |           |
|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----------|
| <b>1. BEVEZETÉS.....</b>                                                                                      | <b>3</b>  |
| 1.1. Célkitűzések.....                                                                                        | 4         |
| <b>2. IRODALMI ÁTTEKINTÉS .....</b>                                                                           | <b>5</b>  |
| 2.1. A házigalamb felhasználása az emberi társadalmakban .....                                                | 5         |
| 2.2. A globális galambhús piac.....                                                                           | 9         |
| 2.3. A magyarországi galambtenyésztés rövid története és jelentősége .....                                    | 11        |
| 2.3.1. A magyar húsgalamb-ágazat fejlődése és visszaesése.....                                                | 13        |
| 2.3.2. A pecsenyegalamb (“squab”) mint életkori/technológiai kategória bemutatása .....                       | 16        |
| 2.4. A genetikai diverzitás jelentősége és értelmezése.....                                                   | 17        |
| 2.4.1. Mitokondriális adatokból számolt alapvető diverzitásmutatók és kapcsolati analízisek .....             | 19        |
| 2.4.2. Mikroszatellit markereken alapuló diverzitás- és szerkezetmutatók .....                                | 20        |
| 2.4.3. Populációszerkezet és differenciálódás: AMOVA és F-statisztikák .....                                  | 21        |
| 2.5. Molekuláris markerek a házigalamb és rokon populációk vizsgálatában ...                                  | 22        |
| 2.5.1. Mitokondriális markereken alapuló vizsgálatok a házigalambban.....                                     | 22        |
| 2.5.2. Mikroszatellit markereken alapuló vizsgálatok házigalamb fajtákban.....                                | 26        |
| 2.5.3. Genomikai megközelítések és génpolimorfizmus vizsgálatok a házigalamb fajtában .....                   | 28        |
| <b>3. ANYAG ÉS MÓDSZER.....</b>                                                                               | <b>33</b> |
| 3.1. Mintagyűjtés és mintaelőkészítés .....                                                                   | 33        |
| 3.1.1. Mintavétel és DNS izolálás.....                                                                        | 33        |
| 3.2. Az alkalmazott vizsgálatok logikai rendszere .....                                                       | 34        |
| 3.2.1. Filogenetikai/filogeográfiai vizsgálat (mtDNS) – I. vizsgálat.....                                     | 35        |
| 3.2.2. Hazai és nemzetközi nagytestű galambfajták többmarkeres vizsgálata (mtDNS + SSR) – II. vizsgálat ..... | 37        |
| 3.2.3. Házityúkra fejlesztett SNP-chip alkalmazása házigalambban – III. vizsgálat .....                       | 38        |
| 3.3. A vizsgálatok során alkalmazott protokollok.....                                                         | 39        |
| 3.3.1. I. vizsgálat.....                                                                                      | 39        |
| 3.3.2. II. vizsgálat.....                                                                                     | 42        |
| 3.3.3. III. vizsgálat .....                                                                                   | 46        |
| <b>4. EREDMÉNYEK ÉS ÉRTÉKELEÉSÜK .....</b>                                                                    | <b>47</b> |
| 4.1. Mitokondriális markeren alapuló vizsgálatok eredményei (I. és II. vizsgálat) .....                       | 47        |
| 4.1.1. Genetikai diverzitás indexek.....                                                                      | 47        |

|                                                                                        |            |
|----------------------------------------------------------------------------------------|------------|
| 4.1.2. Genetikai távolság értékek Fixációs index alapján.....                          | 52         |
| 4.1.3. Főkoordináta elemzések .....                                                    | 58         |
| 4.1.4. Molekuláris varianciaanalízis .....                                             | 61         |
| 4.1.5. Haplotípusok kapcsolatainak vizsgálata .....                                    | 62         |
| 4.1.6. Populációszerkezet vizsgálata bayesi klaszterezéssel (I. és II. vizsgálat) .... | 67         |
| 4.1.7. Demográfiai történet becslése és mismatch eloszlás elemzése .....               | 70         |
| <b>4.2. Mikroszatellit markeren alapuló vizsgálat eredményei (II. vizsgálat).....</b>  | <b>73</b>  |
| 4.2.1. Diverzitás indexek a mikroszatellit markerek alapján.....                       | 73         |
| 4.2.2. Beltenyésztettség együtthatók és allélmintázatok alakulása.....                 | 76         |
| 4.2.3. Genetikai távolság elemzése mikroszatellit markerekkel .....                    | 77         |
| <b>4.3. DNS-chip vizsgálat házigalamb fajban .....</b>                                 | <b>80</b>  |
| <b>5. KÖVETKEZTETÉSEK, JAVASLATOK.....</b>                                             | <b>86</b>  |
| <b>I. vizsgálat – mtDNS alapú diverzitás és eredetvizsgálat .....</b>                  | <b>86</b>  |
| <b>II. vizsgálat – Multimarker alapú populációgenetikai elemzés .....</b>              | <b>87</b>  |
| <b>III. vizsgálat – SNP chip vizsgálat a házigalamb fajban .....</b>                   | <b>88</b>  |
| <b>5.4. Javaslatok .....</b>                                                           | <b>89</b>  |
| <b>6. ÚJ TUDOMÁNYOS EREDMÉNYEK .....</b>                                               | <b>90</b>  |
| <b>7. GYAKORLATBAN ALKALMAZHATÓ EREDMÉNYEK .....</b>                                   | <b>92</b>  |
| <b>8. ÖSSZEFOGLALÁS.....</b>                                                           | <b>93</b>  |
| <b>9. SUMMARY .....</b>                                                                | <b>95</b>  |
| <b>10. IRODALOMJEGYZÉK .....</b>                                                       | <b>97</b>  |
| <b>12. ÁBRÁK, TÁBLÁZATOK JEGYZÉKE .....</b>                                            | <b>128</b> |
| <b>13. KÖSZÖNETNYILVÁNÍTÁS .....</b>                                                   | <b>130</b> |
| <b>14. NYILATKOZATOK .....</b>                                                         | <b>131</b> |
| <b>15. MELLÉKLETEK .....</b>                                                           | <b>132</b> |

## 1. BEVEZETÉS

Az ember és a házigalamb (*Columba livia domestica*) kapcsolata évezredekre nyúlik vissza. A faj házasítása feltehetően 3-10 ezer évvel ezelőtt történt, így a házigalamb a legkorábban domesztikált madárfajok közé tartozik, noha a pontos időpont továbbra is vitatott (JOHNSTON és JANIGA, 1995; LEVI, 1996; HERNANDEZ-ALONSO és mtsai., 2023). A faj sokoldalúságát az is mutatja, hogy az ember a történelem során különféle módokon hasznosította, egyaránt alkalmazva kultusz- és szimbólumállatként, kiterjedt hírvivő hálózatok alapjaként a hadászattól a kereskedelmi információközvetítésig, továbbá a szórakozásban és a sportban, az élelmiszer-forrás szerepével párhuzamosan. E felhasználási formák közül a hústermelés mindmáig kiemelkedő jelentőségű, mivel a galambhús előállítása viszonylag alacsony ráfordítással megvalósítható, ugyanakkor magas biológiai értékű fehérjeforrást biztosít (PÉTERFI, 1970; MACKROTT, 1998; ASADUZZAMAN és mtsai., 2012). A világ húsgalamb előállításában korábban meghatározó szerepet betöltő magyar húsgalamb ágazat az elmúlt évtizedekben visszaesett. Megszűnt a szervezett felvásárlási rendszer, a tenyészállományok egyedszáma drasztikusan csökkent és az ágazat tetszhalott állapota miatt a hazai genotípusok versenyképessége sem tudta követni az ágazat nemzetközi fejlődését. A 2018-ban indult Szárnyaló Gazdaság – Nemzeti Húsgalamb Program kimondott célja a hazai ágazat talpra állítása, mely nyomán már több új tenyészet jött létre, amelyek jelentős mennyiségben állítanak elő tenyész- és vágógalambot. Ezek a telepek azonban jelenleg szinte kizárólag importból tudják fedezni tenyészállat-igényüket, ami jelentős kitértséget és gazdasági hátrányt jelent. Ugyanakkor ezzel párhuzamosan a nagy teljesítményű hibridek megjelenése a piacon, illetve azok egyoldalú, intenzív felhasználása világszerte szűkíti a fajták genetikai bázisát, ami jelentősen érinti a globális húsgalamb-ágazatot is (FARIA és MIYAKI, 2006; KINDIE, 2021; VEKIĆ és mtsai., 2023). Ezért kiemelten fontos olyan hosszú távú stratégiák kidolgozása, amelyek a helyi genetikai erőforrásokra alapozva segítik versenyképes genotípusok kialakítását. A hústermelésre alkalmas galambfajták szelekciójában szerepet játszó gének és polimorfizmusok vizsgálata alapvető jelentőségű, mivel megalapozza a korszerű szelekciós módszerek alkalmazását és az ágazat fejlődését. Mivel a hazai állományok genetikai hátteréről jelenleg korlátozott ismeretek állnak rendelkezésre, elsősorban olyan molekuláris genetikai módszerek alkalmazása szükséges, amelyek lehetővé teszik a genetikai erőforrások hosszú távú felmérését és megőrzését.

## 1.1. Célkitűzések

Munkám során az alábbi célkitűzéseket követtük:

### 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 (egyponyos 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. IRODALMI ÁTTEKINTÉS

### 2.1. A házigalamb felhasználása az emberi társadalmakban

A házigalamb rendkívüli formai, színbeli és viselkedési változatossága miatt felmerült korábban, hogy az egyes fajták különböző vad őseiktől, illetve több, egymástól független háziasítási eseményből származnak. Bár a köznyelvi elnevezések használata sem mindig volt következetes (JEROLMACK, 2007), a jelenlegi tudományos konszenzus szerint a házigalamb kizárólag a szirti galambra (*Columba livia*) vezethető vissza (BÁRÁNY, 2017; HERNANDEZ-ALONSO és mtsai., 2023). A legújabb genomikai vizsgálatok is megerősítik, hogy a vizsgált házigalamb fajták monofiletikus csoportot alkotnak és eredetük legalább egy, a levantei térséghez köthető domesztikációs eseménnyel hozható összefüggésbe (HERNANDEZ-ALONSO és mtsai., 2023). A házigalamb (*Columba livia domestica*) rendszertani besorolását tekintve tehát az állatok (*Animalia*) országának, a madarak (*Aves*) osztályába, galambalkatúak (*Columbiformes*) rendjébe, galambfélék (*Columbidae*) családjába sorolható állatfaj (SCHMIDT és mtsai., 2010; BÁRÁNY, 2017).

A neolitikumban a növénytermesztés és az állattartás kialakulásával az emberi népesség növekedése folyamatossá vált (DRISCOLL és mtsai., 2009), melynek köszönhetően kezdetét vette az állatok domesztikációja. Ebben a korban kezdődött az ember és a galamb kapcsolata is, amikor már szimbolikus jelentőséget társítottak hozzá, melyet elsősorban kivételes termékenységének és az udvarlási viselkedésének köszönhetett. A sumérokkal való asszimilálódás előtt az akkád, arameus, illetve kánaánita törzseknél már jellemző volt a galamb-kultusz (HORN, 1991), ezt követően kezdték el a galambok háziasítását a sumérok, így a domesztikációs folyamat feltehetően a Közel-Keletről indult. Hálókkel, dárdákkal és íjakkal ejtették el az állatokat, amelyeket ketrecekbe zárva kezdtek szaporítani, akkoriban még inkább vallási, mintsem élelmezési okokból. Mindezeket alátámasztják a bronzkorból (i. e. 2400-1500) származó régészeti felfedezések, mely során a sumér Mezopotámiából származó istennő figurák mellett élethű galambképeket fedeztek fel. További írott, vagy rajzolt emlékek származnak az ókori Egyiptomból, az ókori Föníciában pedig a termékenység istennőjének jelképe volt, illetve a szerelmet és termékenységet szimbolizálta (MACKROTT, 2004). Szent állatnak minősült a galamb az arab kultúrában is, itt már konkrét fajták is kiemelkedő szerepet kaptak a történelemben, az iraki raabi galamb például a síita hagyomány szerint szorosan kötődik Mohamed próféta unokájának, Huszein imámnak a mártírhalálához. A

hagyomány szerint a galamb eredetileg fehér színű volt, majd Huszein mártírhalála után „vált vörössé”, ezzel tisztelve a mártír előtt. Ugyanakkor hiába számít szent állatnak a galamb a mohamedán vallásúak körében, a Korán nem tesz róla említést. Időszámításunk előtti két évezredben az ó-asszír birodalomban is jelentős galambkultusz alakult ki (SZŰCS és SZÉCSÉNYI, 1965). Már a rómaiak és a görögök idején is (i. e. 500) megbecsült foglalkozás volt a galambtenyésztés, Krétán és Cipruson például érméken is ábrázoltak galambokat Zeusz mellett, illetve templomok tetején ülve. Ha a galambok templomtornyokba fészkeltek, akkor az a hely az isteni kegy megnyilvánulásának bizonyítéka volt. A görög-római klasszikus világban Afroditének és Demeternek galambáldozatokat mutattak be (HORN, 1991). Ókori görög legendák szerint a Dodonában található szent tölgyerdőben Zeusz isten és papnői a galambok repülése, és repülés közben tanúsított viselkedésük alapján jósoltak (ANDREW, 2006). További feltárt leletek alapján különféle kezdetleges galambdúcokban és falba vésett üregekben is tartottak és szaporítottak galambokat (SCHMIDT és mtsai., 2010). Az i. sz. első században idősebb Plinius is megjegyzést tesz az Ibériai-félszigeten lévő tornyok és erődök vályogépítmények mesteri kivitelezésére. Ezek az épületek valószínűleg galambdúcok is voltak, mivel a galambok hírvivőként és táplálékként való használata bevált gyakorlat volt a Római Birodalomban (CANOVA, 2005). Ehhez hasonló kezdetleges tartástechnológiát alkalmaztak a 11. és 14. század között Spanyolország északnyugati részén található *Tierra de Campos* erődeiben és váraiban is. Az agyagból és szalmából készült kerek galambdúcokban (*los palomares*) már egy kezdetleges intenzív tartás volt jellemző.

A vallási szimbólumként alkotott jelentőség mellett a galambok a hírközlésben is fontos szerepet töltöttek be. Az Ószövetségben leírt történetek – melyben csak a galambot és gerlét említik név szerint –, illetve a történet Noéről és a galambok bárkából való kiengedéséről is azt bizonyítja, hogy már akkor jól ismert volt a madár hazatérési képessége. A római birodalomban a gladiátorjátékok során galambokat használtak fogadáskötések lebonyolítására, míg a birodalom katonái gyors hírközlésre alkalmazták a madarakat (KISS és BÉRES, 2008). A görögök pedig az olimpiai játékok tudósítására is használtak már galambokat. Egyiptomban II. Ramszesz sírkamrájában pedig találtak olyan ábrákat, amelyek korai hírvivő galambok tartására utalnak, de a bagdadi kalifák és szultánok idejében is használtak már üzenetküldés céljából galambokat. 1096-ban a keresztések állítólag valóságos galambposta hálózatot találtak Palesztinában, mely

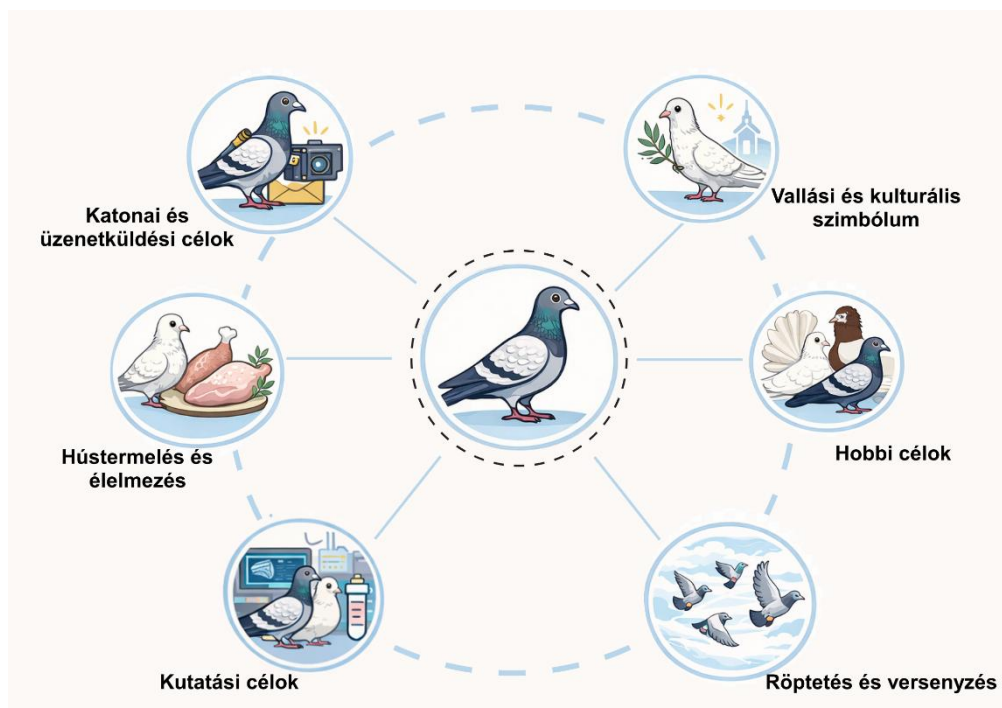
teljesen újdonság lehetett a keresztények számára (MARTON, 2007). Ez a szokás, illetve hagyomány a középkorban is folytatódott, melyet a 14. századi Sir John Mandeville által leírt útikönyvből olvashatunk: „Ezeknek az országoknak az emberei háború és ostrom idején különös szokást tartanak fenn; amikor nem mernek levelekkel küldött követeket kiküldeni, hogy segítséget kérjenek, megírják a leveleiket, és egy colver (galamb) nyakára kötik, majd a colver elrepül. Azonnal megkeresik azt a helyet, ahol felnevelték és táplálták őket, és a gazdáik azonnal felmentik őket üzeneteik alól, és a kívánt segítséget elküldik az ostromlottak” (BLAZICH, 2025).

A galambokkal való üzenetküldés jelentőségét bizonyítja, hogy 13. és 14. században bizonyos helyeken (például 1299-ben Nürnbergben és 1328-ban Modenában) a galambtartás, illetve röptetés rendeletbe foglalt, tiltott tevékenységnek számított, ugyanis az elit így próbálta kisajátítani azt az előnyt, amit a gyors hírközlés jelentett. Egyes feltételezések szerint a postagalambok valószínűleg a rómaiakkal kerülhettek be a Kárpát-medencébe (VARRO, 1912; MARTON, 2007). Bálint (1956) szerint a postagalambászat Magyarországon a törökök közvetítésével honosodott meg, amit a Szeged 1552. évi ostroma idején már alkalmazott galambposta is igazol. A 17. századra pedig a hírvívő galambok használata általánossá vált, és a török háborúk során rendszeresen alkalmazták, amire Zrínyi Miklós Szigeti veszedelem című eposza is utal. A galambok szerepének megítélésében újabb áttörést jelentett a hadászat jelentős átalakulása. A 20. század két nagy háborújának postagalamb állományai voltak a legjelentősebbek. Az antant-hatalmak kb. háromszázezer, a németek százhuszonegyezer galambot alkalmaztak a hadszíntereken. A brit hírszerző szolgálat például az I. világháborúban ilyen módon kommunikált az ellenség által megszállt területeken a szimpatizánsokkal és az ellenállási mozgalmakkal. A hadseregek ezekben az időkben már speciális hordozható galambdúcokat is használtak, melyek sokszor már a gáztámadásoktól is védettek voltak. Egyes becslések szerint az I. világháborúban több mint fél millió madár volt szolgálatban a fronton. Ezekben az időkben már célirányosan kitenyésztett fajtákat (antwerpeni, lüttichi, brüsszeli, aacheni, kölni) és képzett madarakat vetettek be. Itt érdemes megemlíteni egy híres francia katona galambot is, Cher Ami-t, aki egy fontos üzenet továbbításáért francia hadikereszt kitüntetésben részesült (ANDERSON, 2011). A brit légiflottában szintén postagalambokat alkalmaztak hírközlésre, valamint felderítésre egyaránt (KOVÁCSNÉ, 2014).

A galambok felhasználásának más formái is kialakultak az idők során, a 19. században például nem túl tiszteletteljes szerepet töltött be, mely során a solymászat ősi sportjában csaliként, az angol galamb-lövő versenyeken pedig prédaként százával mészárolták le őket. A fent említett szerepkörök mellett igen jelentős röptetési és versenycélú tenyésztés is kialakult, miközben több száz díszgalamb fajtát hobbi és kiállítási céllal tartanak a mai napig. Illetve régóta használják a tudományban is a fajta modellállatként tájékozódási-, tanulási-, memória- és vizuális feldolgozási folyamatokhoz kapcsolódó kutatásokban (GÜNTÜRKÜN és mtsai., 2014; KABIR és mtsai., 2020; WASSERMAN és mtsai., 2024).

A fent említett felhasználásokon túl a galamb, mint élelemforrás és gazdasági haszonállat is jelen van a mindennapokban. Caelius Aurelianus, ókori római orvos szerint a galambhús a fejfájás legjobb ellenszere, ezért szorgalmazta a fogyasztását (CANOVA, 2005). Mi sem bizonyítja jobban a galambhús gasztronómiai értékét, minthogy ebben az időben csak és kizárólag a kiváltságosok (nemeselek, szerzetesek, egyházi rendek tagjai és nagybirtokosok) voltak jogosultak a *Derechos de palomar* gyakorlására („galambdúc jogok”) vagyis az állatok tartására és értékesítésére (CANOVA, 2005). A 15. században a Magyar Királyság területén, Pozsonyban és Budán is az uralkodók eledelének számított a galambhús, erről az akkori városi számadókönyvekből származnak leírások (FEJÉRPATAKY, 1885). A 17. századi Magyarországon a galambhús fogyasztása széles körben ismert volt, amit korabeli szakácskönyvek, például Bornemissza Anna 1680-ban megjelent munkája is bizonyít, amely húszféle galambreceptet sorol fel (BOSNYÁK, 1997; GÁL, 2020).

A fent említett példák alapján kijelenthető, hogy nincs még egy madár, amely ilyen szoros kapcsolatban állt volna az emberrel, és ennyire sokoldalúan hasznos lett volna számára a múltban (1. ábra).



**1. ábra:** A galambok különböző hasznosítási típusai

## 2.2. A globális galambhús piac

A globális népességnövekedés várhatóan tovább fokozza az állati eredetű fehérjeforrások iránti keresletet. Becslések szerint az egy főre jutó húsfogyasztás 2050-re mintegy 40%-kal haladhatja meg a 2019-ben elért szintet (DE SOUZA-VILELA és mtsai., 2019). Napjainkban a hústermelés elsősorban a házityúk, sertés (*Sus scrofa domestica*) és szarvasmarha (*Bos taurus*) fajokra koncentrál, ami ellátásbiztonsági és termékdiverzifikációs kockázatokat hordoz. Ezzel párhuzamosan az elmúlt 15 évben a fogyasztói trendek a különleges minőségű, prémium hústermékek iránti érdeklődés erősödését jelzik (BAGI és KUSZA, 2014), miközben egyre nagyobb azon tudatos vásárlói réteg, amely a klímaváltozás, az emészthetőség, az ökológiai lábnyom (például vízigény) és a termelés természetessége (genetikailag módosított organizmus (GMO), hormonok, antibiotikumok mellőzése) szempontjait is mérlegeli, továbbá a terápiás és diétás étrendeket követők aránya is emelkedik (FLETCHER, 2002; OSMAN és mtsai., 2014; HASCÍK és mtsai., 2024). Ebben a kontextusban a galamb, mint alternatív lehetőség, kulináris és piaci szempontból is releváns. Az elmúlt néhány évben a csúcsgasztronómia szegmensében ismét megjelentek a galambból készült fogások.

Európában elsősorban Franciaországban, Nagy-Britanniában és Olaszországban dolgoznak fel nagyobb mennyiségű galambhúst (LENGYEL, 2020). Franciaországban

évente mintegy 11-12 millió galamb gasztronómiai célú feldolgozását említik ( $\approx 4000$  t), ami ugyan csekély az ország mintegy 1,75 millió tonnás teljes baromfihús-termeléséhez képest, mégis jelzi a galambhús magas hozzáadott értékű, piaci rést kitöltő termék jellegét. Az Egyesült Államokban a húsgalamb-előállítás szintén nem tömegágazat, hanem specializált, prémium piaci szegmens (POMIANOWSKI és mtsai., 2009). Napjainkban kooperatív és vertikálisan szervezett példák is megfigyelhetők, a Squab Producers of California több tucat független termelő együttműködésére épül (Net1), míg a Palmetto Pigeon Plant (Net2) az egyik legismertebb, nagy léptékű húsgalamb-előállítóként jelenik meg. A szektor intézményesültségét jelzi, hogy a húsgalamb az Egyesült Államokban a szövetségi baromfitermék-ellenőrzési rendszer részét képezi, és az USDA külön piaci árjelentéseket is közöl róla, ami a termék stabil, magas értékű niche-piaci pozíciójára utal (LEVI, 1947; KOKOSZYŃSKI és mtsai., 2020).

Említésre méltó még a Közel-Kelet galambtenyésztési hagyományainak tartóssága, ahol a galambtartás a vidéki megélhetési gazdálkodás részeként ma is jelen van, valamint Banglades példája, ahol az alacsony beruházási és takarmányköltség, illetve az egyszerű tartási feltételek miatt a galambtartás különösen népszerű (ASADUZZAMAN és mtsai., 2012; JILLY, 2018). A legnagyobb fejlődés viszont Kínára jellemző. Míg közel 10 éve Dél-Kínában a szabadban nevelt házi galambok ízletes és tápláló húsát különleges csemegének tekintették és már arra is stabil volt a kereslet (DONG és mtsai., 2019), addig a legfrissebb adatok szerint az ország a globális galambhús-iparág vezetőjévé vált mostanra. Az ország évente körülbelül 680 millió húsgalambot termel, ami a globális termelés több mint 80%-át jelenti (JIANG és mtsai., 2019; LAN és mtsai., 2025). A fogyasztói kereslet növekedésével a tenyészállomány évről évre növekszik, így a galambhús Kínában már a negyedik legfontosabb baromfitermék-forrás lett (JI és mtsai., 2022).

Ebből arra következtethetünk, hogy a galambhús a világ legtöbb pontján növelte jelentőségét és piaci beágyazottságát az elmúlt néhány évben. Ebben a környezetben Magyarországon is reális lehetőség kínálkozik a húsgalamb-ágazat újjászervezésére és új piacok elérésére, még akkor is, ha Nyugat-Európa egyes szubkultúráiban erősödnek a húsfogyasztást ellenző irányzatok, azonban a globális piaci trendek azt mutatják, hogy az Európán kívüli, fejlődő országokban továbbra is dinamikus a fejlődés. Ezek az exportlehetőségek hajtják a hazai húsgalamb-ágazat fejlődését, amelyet kormányzati programok is támogatnak.

### **2.3. A magyarországi galambtenyésztés rövid története és jelentősége**

Legtöbb fajtánk eredetét illetően egyáltalán nincsenek, vagy csak igen hiányos adatok állnak rendelkezésünkre, az viszont biztos, hogy a magyarországi galambtenyésztést a múltban számos irányból érték különböző hatások, köszönhetően az ország földrajzi elhelyezkedésének, ugyanis a történelmi Magyarországot több kereskedelmi útvonal is keresztülszelte (BANGÓ, 1964). Jelenlegi fajtáink ősei így valószínűleg nagyobb részben keletről, illetve nyugatról származnak. A török hódoltság révén is számos, változatos galambfajta maradt az országban (BALASSA, 1901) (közép-ázsiai, közel-keleti, perzsa és oszmán eredetűek), továbbá Oroszország területéről is érkeztek galambok a Kárpát-medencébe lengyel közvetítéssel (MOLDVAI, 1938). Ezeken a területeken akkoriban már nagy hagyományokkal és komoly eredményekkel bírt a galambtenyésztés, így igen értékes fajtákhoz juthattak hozzá elődeink. A Duna vonala és annak kereskedelmi előnyei miatt, illetve a Habsburg Birodalom nyugati kapcsolatai miatt a hajósoknak köszönhetően mindig biztosított volt a különböző forrásokból érkező galamb import (KISS és BÉRES, 2008, BÁRÁNY, 2017), így tehát ezektől a hatásoktól érintve, illetve igen széles genetikai alapokból formálódhattak a jelenlegi fajtáink.

Az említett három korszak hatásain túl fajtáink egyediségét döntően a kor társadalmi igényei és eszményei formálták. A fajtanevek rendszerint városokhoz vagy kisebb tájegységekhez kötődtek német mintát követve. Ez nem független attól sem, hogy a legtöbb fajta egy-egy városban vagy szűkebb régióban formálódott ki. Ennek kézzelfogható bizonyítéka, hogy a magyar díszgalamb, illetve röpgalamb-állományban olyan, nemzetközi összehasonlításban is ritka és különleges fajtajelleget hordozó típusok alakultak ki, mint a kiskunfélegyházi keringő, a komáromi bukó, vagy az egri kék keringő galamb. A húsgalamb, illetve a nagytestű „óriás” fajták közül pedig ilyen az alföldi buga galamb, a magyar óriás galamb, a magyar óriás begyes és a szováti kék. Nagytestű galambfajták zöme pedig az Alföldhöz kötődik. A magyar rög hatására magyarrá vált fajták és fajtaváltozatok, illetve típusok egyediségét támasztja alá a 2004-ben kiadott, védett őshonos állatfajták nemzeti kinccsé nyilvánításáról szóló határozat (32/2004. (IV. 19.) OGY határozat, Net3) is, mely összesen 34 magyar galambfajtát sorol fel.

Magyar fajtáink eredete azonban több esetben vitatott, melyet korábban sokan próbáltak már tisztázni, de az írott források nem minden esetben egyértelműek. MOLDVAI (1938)

illetve KISS és BÉRES (2008) szerint több magyar galambfajta csak az 1880-as évekből váltak ismeretessé, és innen datálhatjuk a szervezett magyar galambtenyésztést is, ugyanis 1882-ben tartotta meg első gyűlését a „Columbia” elnevezésű budapesti galambkedvelők köre. Így tehát a hazai galambtenyésztés szervezett formájának kibontakozása a 19. század végére tehető. A városi galambkedvelő körök és az egyesületi élet megjelenésével a tenyésztés és a versenyeztetés fokozatosan intézményesült; előzményként már 1874–1875 táján megjelennek a postagalambászat szervezeti formái és katonai kapcsolódásai is a Galambkedvelők Körén kívül (ZUBOR, 2018). A századfordulóra a postagalambászat és a kiállítási kultúra már jól láthatóan összeért, miközben az ország földrajzi helyzete és a kereskedelmi kapcsolatok tovább erősítették a különböző eredetű állományok keveredését. 1891-ben a miskolci baromfi-kiállításon „komáromi postagalamb” néven szerepelnek az állatok (Net4), ami a komáromi katonai postagalamb-állomás szerepére utalt. A postagalamb-tenyésztés összekapcsolódása a honvédséggel elég egyértelmű, 1900–1918 között a budavári Nádor-laktanyai postagalambtelep hadügyi tulajdonban volt, működtetésében pedig a Columbia-kör is szerepet vállalt, ezzel párhuzamosan 1904 körül a Columbia szervezetileg is a postagalambsport irányába specializálódott, miközben országos rendezvények és több galambász-kör is láthatóvá vált (ZUBOR, 2016). Az I. világháború, majd a két világháború közti időszak a szervezetek működését időszakosan visszavetette vagy átalakította, de a galambászat társadalmi bázisa és a helyi közösségek megtartó ereje megmaradt. Továbbá a szakmai nyilvánosság is fennmaradt (szaklapok formájában). A galambimportot pedig már 1908-ban is állami rendelet szabályozta, ami jelzi a galambforgalom társadalmi-gazdasági jelentőségét (ZUBOR, 2016). A II. világháború után a galambtenyésztés újraszerveződött. Ismét egyesületi keretek, tagsági rendszer és helyi csoportok kezdtek működni, ami a fajták standardizálását és a szervezett tenyésztői munka újraindulását segítette, ezt bizonyítják az 1940–1948 közötti időszakból a levéltári források a Magyar Galambtenyésztők Országos Egyesületének helyi csoportjai által létrehozott „galambtulajdonos igazolólapok” (ZUBOR, 2019). Az 1950-es évek végére és az 1960-as évek elejére egyre markánsabban különváltak az irányok (röp-, dísz-, postagalamb), és ezzel párhuzamosan erősödött az igény a „hasznosítási” célokra tenyésztett állományokra is. A szervezeti „szegmentáltság” mellett a kapcsolódó közgyűlési/határozati és szaklapos nyomok is megjelennek (1960–1961).

Mindez azt jelenti, hogy mire a korszak a modern szervezeti keretek felé fordult, a galamb már nemcsak hagyomány, hobbi és presztízs volt, hanem egyre inkább gazdasági lehetőségként is számításba vették.

### *2.3.1. A magyar húsgalamb-ágazat fejlődése és visszaesése*

A galamb hasznosítása a házasított szárnyasok között sajátos helyet foglal el. Miközben biológiai értelemben nem „baromfi” a hagyományos szűk értelemben vett besorolás szerint, a mezőgazdasági gyakorlatban és a korabeli szakirodalomban a galambot sokszor a baromfitenyésztéssel rokon, illetve annak tágabb keretébe illeszthető haszonállatként tárgyalták. Ennek egyik korai példáját jelenti BÁLDY (1933), aki a haszongalambokra utalva lényegében azt emelte ki, hogy a galamb „a baromfiakkal rokon célt” szolgáló házi szárnyas, ezért a baromfiágazati gondolkodásban is helye van. A besorolás kérdése napjainkban Magyarországon, illetve több helyen megkérdőjelezett vagy eltérően értelmezett, ugyanakkor a történeti források alapján jól látható, hogy a haszoncélú galambtartás hosszú ideje kapcsolódik a baromfihoz hasonló gazdasági és szervezeti keretekhez. Ezt támasztja alá az is, hogy a 19. század utolsó harmadában a baromfitenyésztés szerveződésével párhuzamosan a galambtenyésztés ügye is intézményes figyelmet kapott. Az 1870-es évek közepétől létrejövő, szervezett baromfitenyésztői kezdeményezések – például az Országos Magyar Gazdasági Egyesület (OMGE) baromfitenyésztési szakosztálya, illetve az 1902-ben újjászervezett Baromfitenyésztők Országos Egyesülete (BOE) – tevékenységükben teret adtak a galambtenyésztésnek is (ZUBOR, 2019). Ez nem feltétlenül „taxonómiai” besorolás, sokkal inkább annak jele, hogy a galamb gazdasági szerepe és a hozzá kapcsolódó tenyésztésszervezés a baromfiágazat logikájával együtt fejlődött.

A haszoncélú, kifejezetten árutermelő jellegű vágógalamb-előállítás történetében ugyanakkor fontos különbséget tenni a hagyományos tartás és a modern értelemben vett, piaci integrációba kapcsolt termelés között. A századforduló környékén a kifejezetten árutermelő vágógalamb-előállítás elsősorban az Amerikai Egyesült Államok déli államaiban volt jellemző, míg Európában – így Magyarországon is – a valódi értelemben vett haszongalamb-tenyésztés inkább az 1950-es években kapott lendületet (MELEG, 2001a). A későbbi hazai fejlődést ez a szemléletváltás alapozta meg. A galambtartás fokozatosan túllépett a hagyományőrző vagy hobbi jellegű tevékenységen, és piaci szempontok mentén is értelmezhető hasznosítási irányként jelent meg.

Magyarországon az 1960-as évektől – exportfejlesztési célok mentén – állami támogatás ösztönözte a húsgalamb-előállítás bővítését. A fejlesztés része volt termelői szakcsoportok szervezése, felvásárlási hálózatok kiépítése, valamint az exportigényekhez igazodó feldolgozási kapacitások kialakítása. Ebben az időszakban több hazai bázisgazdaság is működött, amelyek célja a jó genetikai adottságú tenyészállományok felszaporítása és továbbértékesítése volt. Ezért a programba bevonták az Állami Felvásárló és Értékesítési Szövetkezetet, és ekkor létesültek az Enying Állami Gazdaság autosex texán, a Kaposvári Mezőgazdasági Főiskola pannon texán és az Ócsai Termelőszövetkezet king galamb bázisgazdaságai. A program eredményeként Magyarország a vágógalamb-termelésben a nemzetközi élmezőnybe került (SZIKORA, 1974). A csúcskorszak az 1970–1980-as évekre tehető. Ekkor a becslések szerint évi mintegy 1000 tonna galambhúst (kb. 2 millió egyed) vágtak le és exportáltak többek között Svájcba, Németországba és Olaszországba. A rendszerváltás után azonban az ágazat gyors ütemű visszaesést mutatott: elsőként az exportlehetőségek beszűkülése, majd a hazai felvásárlási és feldolgozó lánc fokozatos leépülése miatt (TÖRÖK, 1991). Az állománycsökkenéssel párhuzamosan megszűntek a speciális galamb-vágóhelyek is. MELEG (2001b) megállapítása szerint a Baromfiipari Tröszt 1990-es évekbeli megszűnését követően a vágógalamb ágazatról már pontos, egységes statisztikai nyilvántartás sem áll rendelkezésre, ebben az időszakban az Állami Felvásárló és Értékesítési Szövetkezet megszűnésével a galamb (és nyúl) szervezett felvásárlása gyakorlatilag leállt (JILLY, 2015).

A magyarországi visszaesés ellenére a galambhús piaci pozíciója több szempontból kedvező maradt. Prémium jellegű terméként a fogyasztói árszintje jellemzően jóval magasabb, mint a tömegtermékeké. Hazai kínálatban a húsgalamb konyhakész kiszerelése jellemzően 0,4–0,6 kg/db tömegtartományba esik. A Pro-Duck Kft. kb. 400–600 g/db tömegű, fagyasztott, konyhakész húsgalambot kínál 5600 Ft/kg áron (Net5), ami a KSH szerint 2026. februárjában 897 Ft/kg-os bontottcsirke-fogyasztói átlagárhoz viszonyítva mintegy hatszoros különbséget jelent. Az árkülönbség önmagában nem garantálja az ágazat jövedelmező bővülését, de egyértelműen mutatja a galambhús értékalapú, prémium piaci pozícióját; a hasznosítás gyakorlati korlátját inkább a stabil, integrált felvásárlási–feldolgozási háttér és a szervezett termelői oldal hiánya jelenti. A konyhakész húsgalamb ugyanakkor keresett exporttermék Európa több országában, és különösen a távol-keleti és arab piacokon.

Vidékfejlesztési szempontból a vágógalamb-előállítás azért is érdekes, mert kisebb léptékben, háztáji vagy családi gazdasági keretben is végezhető, így kiegészítő jövedelemforrásként hozzájárulhat a vidéki térségek népességmegtartó képességéhez. Nemzetközi kitekintésként több országban is megjelentek olyan agrár- és vidékfejlesztési programok, amelyek a kisebb állattartási ágazatokat (köztük a galambhús-termelést) a vidéki diverzifikáció egyik eszközeként kezelik. Kínában például bizonyos térségekben a háztáji jellegű galambtartás támogatása is kapcsolódott a vidéki gazdaság élénkítését célzó intézkedésekhez (Net6), ez a példa elsősorban arra mutat rá, hogy megfelelő szervezeti és szakpolitikai háttér mellett a galambhús-ágazat vidéki kontextusban is értelmezhető fejlesztési irány lehet. Magyarországon is megjelent hasonló fejlesztési törekvés, a Szárnyaló gazdaság – Nemzeti Húsgalamb Program, mely a hazai húsgalamb ágazat újjászervezését, valamint a családi és háztáji termelés erősítését tűzte ki célul, összekapcsolva az ágazatfejlesztési és vidékfejlesztési szempontokat (ZSOLNAY, 2019). A húsgalamb ágazat hazai fejlesztésének egyik kulcskérdése a megfelelő biológiai alapok megteremtése. Bár számos magyar galambfajtánk gazdasági fajtaként jött létre, és a maga korában kiváló teljesítményt nyújtott, a jelenlegi termelési környezetben a hazai genotípusok már nem tekinthetők kellően versenyképesnek. E körbe sorolhatók az ősi, nagytestű, ellenállóbb típusok, így mindenekelőtt az alföldi buga galamb, a magyar óriás galamb, valamint az újabban elismert gazdasági fajták, például az alföldi parasztyagtyás, a magyar csirkegalamb és a szováti kék galamb. A hazai gazdasági galambfajták többsége az alakgalamb és a tyúkidomú csoportokba, a masszív testfelépítésű típusok közé sorolható, ami jól tükrözi a korábbi tenyésztési célokat: a nagyobb testtömeget, a jó nevelőképességet és a szép húsformákat. Ugyanakkor a korszerű tenyészállatszükségletet jelenleg döntően importból fedezik Magyarországon, miközben ezek az új fajták nem adaptálódtak a hazai viszonyokhoz. A modern/nagyüzemi húsgalamb-előállítás ráadásul jellemzően hibridekre épül, amelyek esetében az anyai vonalakban a kelési arány és a tojásrakás, az apai vonalakban pedig a testtömeg, a növekedési erély és a konstitúció számítanak kiemelt szelekciós szempontnak. Mindez indokoltá teszi a korszerű, hazai környezeti feltételekhez alkalmazkodott, hústermelésre alkalmas magyar genotípusok fejlesztését. Ennek előfeltétele a hazai állományok genetikai feltérképezése, mivel jelenleg nem rendelkezünk átfogó ismeretekkel róluk. A fajták eredetének, rokonsági viszonyainak és genetikai szerkezetének tisztázása a tenyésztéstörténeti és állományszerkezeti információkkal együtt alapvető jelentőségű lehet a reprezentatív

mintavétel és a genetikai eredmények értelmezése szempontjából. A házigalamb fajták esetében azonban ezek az információk sok esetben nem, vagy csak töredékesen állnak rendelkezésre. A korábbi nagyüzemi húsgalamb telepek megszűntek, és ezek ráadásul külföldi eredetű genotípusokat használtak, míg a hagyományos magyar fajták fennmaradása elsősorban kis létszámú hobbi-, sport- és kiállítási célú állományokhoz kötődik. Emiatt a molekuláris genetikai vizsgálatok jelentősége felértékelődik és az ezekből származó információk hasznos kiegészítők lehetnek a hiányos tenyésztéstörténeti adatoknak. Mindez különösen időszerű annak fényében, hogy a galambok hivatalos baromfikategóriába való felvétele a Kínai Nemzeti Állattenyésztési Bizottság (2021) 1. számú dokumentumában is hangsúlyozza a faj jelentőségét a modern állattenyésztésben (YANG és mtsai., 2025). Összességében tehát a magyar galambtenyésztés, ezen belül a galambhús-ágazat egyszerre mutat jelentős történeti előzményeket, jelenlegi strukturális korlátokat és jövőbeli fejlesztési lehetőségeket; a hazai tenyészbázis kialakítása, a genetikai és technológiai fejlesztések, valamint az őshonos fajták lehetséges hasznosítása hozzájárulhat ahhoz, hogy a húsgalamb-termelés a jövőben ne csak mennyiségi, hanem minőségi értelemben is perspektivikus ágazattá váljon.

### *2.3.2. A pecsenyegalamb („squab”) mint életkori/technológiai kategória bemutatása*

A kulináris terminológiában a „squab” (pecsenyegalamb) általában a négyhetesnél fiatalabb házigalambot jelöli, az elnevezés feltehetően skandináv eredetű („skvabb” jelentése: laza, kövér hús). Az Egyesült Államok Mezőgazdasági Minisztérium (USDA) definíciója szerint olyan fiatal galambról van szó, amelyet közvetlenül a fészekhagyás előtti időszakban dolgoznak fel és értékesítenek, jellemzően 25-28 napos korban, 340-680 g élőtömeg között (hivatalos definícióban a súlya 12-24 uncia kell, hogy legyen, 1 uncia= 28,350 g). A húsgalamb különleges gasztronómiai értékét a fiatal korban történő vágásból fakadó, finom rostozatú, selymes textúrájú hús adja, amely a prémium baromfitermékek körébe sorolható (CHEN, 2019). Táplálkozás-élettani szempontból magas fehérjetartalom és kedvező koleszterinprofil jellemzi, így értékes eleme lehet a kiegyensúlyozott étrendnek (POMIANOWSKI és mtsai., 2009).

A húsgalambok húskihozatala anatómiailag a mell- és combtájakra koncentrál, ezek adják a vágott test legértékesebb részeit. A bőr zsírtartalma a kacsáéhoz hasonlítható, a zsír lerakódása az életkor előrehaladtával a hasüregben arányosan növekszik (KOKOSZYŃSKI és mtsai., 2020). Gazdasági és technológiai szempontból az időzítés

kulcskérdés: 28-30 napos korban a hús különösen omlós, csekély energiatartalmú, könnyen emészthető és fehérjében gazdag (fehérje  $\approx 17,5$  g/100), és megfelelő tartás és takarmányozás mellett a fiókák 50 napos korig minőségromlás nélkül vághatók (1. táblázat) (SU, 2006; GAO és mtsai., 2016). Ugyanakkor mérlegelendő, hogy a 30-50. nap közötti többletráfordítás megtérül-e a javuló vágási paraméterekben: 500-600 g élőtömegnél 300-340 g körüli karkasz várható, a vágási kitermelés átlagosan  $\approx 64,6\%$  (30 nap),  $\approx 66,4\%$  (40 nap) és  $\approx 66,5\%$  (50 nap) (LENGYEL és mtsai., 2021). Konyhatechnológiai optimalizálásnál a  $\approx 650$  g élősúly előnyt jelenthet (porciózhatóság). Az iparági fókusz napjainkra a pusztá volumenbővítésről mindinkább a tápérték és az érzékszervi minőség célzott javítására tolódott (JIN és mtsai., 2023; WANG és mtsai., 2025). A húsminőség komplex fogalom, amely többek között a színt, a pH-t, a vízvisszatartó képességet, a csöpögési veszteséget, a puhaságot, az intramuszkuláris zsírtartalmat, a glikolízis potenciált és a szenzoros jellemzőket foglalja magában (LI és mtsai., 2016). Mivel a húsminőséget meghatározó értékmérő tulajdonságok öröklődő komponensekkel is rendelkeznek, a takarmányozási és technológiai fejlesztések mellett a genetikai háttér megismerése és tudatos hasznosítása is elengedhetetlen. Enélkül a hosszú távú húsminőség-javulás korlátokba ütközhet, még optimális tartás és takarmányozás mellett is.

**1. táblázat:** A galambhús tápértéke az Egyesült Államok Mezőgazdasági Minisztérium adatai alapján

| A galambhús tápértéke az Egyesült Államok Mezőgazdasági Minisztérium (USDA) adatai alapján |             |                |              |                 |              |              |
|--------------------------------------------------------------------------------------------|-------------|----------------|--------------|-----------------|--------------|--------------|
| Mennyiség (100g)                                                                           | Víz (gramm) | Energia (kcal) | Energia (kJ) | Fehérje (gramm) | Zsír (gramm) | Hamu (gramm) |
| Hús és bőr, nyersen                                                                        | 56,6        | 294            | 1230         | 18,47           | 23,8         | 1,4          |
| Csak hús, nyersen                                                                          | 72,8        | 142            | 594          | 17,5            | 7,5          | 1,17         |

Forrás: <https://fdc.nal.usda.gov/food-details/174475/nutrients>

## 2.4. A genetikai diverzitás jelentősége és értelmezése

A biológiai sokféleség (biodiverzitás) az élővilág változatosságát jelenti, amely egyaránt magába foglalja a fajok szintje feletti és alatti sokféleséget. Ezzel szoros kapcsolatban áll a genetikai diverzitás, amely a fajokon vagy populációkon belül megfigyelhető genetikai változatosságot írja le. Míg a biológiai diverzitás elsősorban a fajok és ökológiai rendszerek sokféleségére utal, addig a genetikai diverzitás a populációk alkalmazkodóképességének, evolúciós potenciáljának és hosszú távú fennmaradásának

egyik legfontosabb meghatározója. A genetikai változatosság biztosítja, hogy populációk és fajok hosszú távon képesek legyenek a változó környezeti feltételekhez és éghajlati kihívásokhoz alkalmazkodni. A mezőgazdaságban az intenzív termelési rendszerek olyan tulajdonságokat helyeznek előtérbe, mint a technológiatűrés, a magas tej- vagy hústermelés, a jó szaporaság és az egységes teljesítmény (BRITO és mtsai., 2021). Az elmúlt évtizedek tenyésztési gyakorlata ennek megfelelően sok esetben néhány, kimondottan specializált genotípusra épült, ami több országban együtt járt a helyi, őshonos fajták háttérbe szorulásával és a genetikai erőforrások beszűkülésével (BISCARINI és mtsai., 2015; SZALAY, 2017). Emiatt ma már nemcsak vadon élő fajoknál, hanem háziállatoknál is kiemelt jelentőségű az *in vivo* (élő állományokban történő) és *in vitro* (laboratóriumi körülmények között tárolt) génmegőrzés, valamint a génbanki szemlélet térnyerése.

Az őshonos, illetve helyi fajták megőrzése nem pusztán kulturális kérdés: e populációkban gyakran olyan genetikai változatok maradnak fenn, amelyek a szélsőséges tartási viszonyokhoz való alkalmazkodásban, betegségekkel szembeni ellenállóképességben vagy éppen speciális minőségi tulajdonságokkal bíró termékek előállításában lehetnek értékesek (VERRIER és mtsai., 2005; SHABTAY, 2015). A genetikai diverzitás tehát nemcsak biológiai jelenség, hanem olyan információforrás is, amelynek feltárásában és értelmezésében a molekuláris genetika eszköztára játszik kulcsszerepet. A DNS-szintű diverzitásvizsgálatok eredményei egyaránt hozzájárulhatnak a fajták azonosításához, valamint a tenyésztési és nemesítési programok megalapozásához (ELLEGREN és GALTIER, 2016). E vizsgálatok megbízhatóságának alapvető feltétele ugyanakkor a megfelelően megtervezett, reprezentatív mintavétel, mivel a populációgenetikai elemzések csak így képesek valós képet adni a vizsgált állományok genetikai szerkezetéről. Ennek érdekében törekedni kell arra, hogy a minták minél nagyobb egyedszámot foglaljanak magukba, valamint a különböző földrajzi eredetű és tenyésztési háttérű állományokat is reprezentálják. A galambfajták genetikai jellemzése egyrészt hozzájárul a fajták genetikai értékének és elkülönültségének jobb megértéséhez (PACHECO és mtsai., 2020), másrészt segítheti a fajták eredetére és rokonsági viszonyaira vonatkozó kérdések tisztázását. A filogenetikai megközelítések emellett nemzetközi összehasonlításokra is lehetőséget adnak, amennyiben a vizsgált markerek és a referencia-adatbázisok kompatibilisek (BIGI és mtsai., 2016). E vizsgálatok megbízhatóságának alapfeltétele ugyanakkor a megfelelő mintavétel, mivel a

populációgenetikai és molekuláris biológiai elemzések csak reprezentatív minták esetén adnak valós képet a vizsgált állományokról. Ennek érdekében törekedni kell minél több egyed, valamint, földrajzi és tenyésztési háttér alapján is elkülöníthető állomány bevonására (SZALAY, 2017). A diverzitás jellemzése mindig valamilyen genetikai marker(ek) alapján történik, ezek a genom olyan szakaszai, amelyek polimorfizmust mutatnak, és így alkalmasak a populációk/fajták összehasonlítására. Általános elv, hogy a becslések pontosságát növeli, ha több mintát és több markert vizsgálunk (BEUZEN és mtsai., 2000). A mintagyűjtéshez sok esetben kis mennyiségű biológiai anyag is elegendő (pl. néhány mikroliter vér, pár milligramm szövet, toll), ami különösen előnyös védett, ritka vagy nehezebben hozzáférhető állományoknál (SCHILLING és mtsai., 2022; GRAY és mtsai., 2024).

#### *2.4.1. Mitokondriális adatokból számolt alapvető diverzitásmutatók és kapcsolati analízisek*

A mitokondriális DNS (mtDNS) a mitokondriumokban található, általában anyai ágon öröklődő, viszonylag kis méretű és magas mutációs rátájú genom, amely széles körben alkalmazott marker a populációgenetikai és filogenetikai vizsgálatokban (SHOKOLENKO és ALEXEYEV, 2022). A mitokondriális szekvenciaadatok diverzitásának értékelésére gyakran alkalmazott mutatók a polimorf helyek száma (vagy polimorfizmusok száma), a haplotípus diverzitás ( $H_d$ ) és a nukleotid diverzitás ( $\pi$ ). A polimorfizmus a vizsgált szekvenciárészlet változatosságára utal. Minél több olyan pozíció található, ahol az egyedek között eltérés van, annál nagyobb genetikai variabilitás feltételezhető (BUCKLIN és mtsai., 2011). A haplotípus diverzitás azt fejezi ki, mekkora a valószínűsége annak, hogy két véletlenszerűen választott haplotípus különböző (NEI, 1978; GOODALL-COPESTAKE és mtsai., 2012). A nukleotid diverzitás ezzel szemben a két véletlenszerűen választott DNS-szekvencia közötti nukleotid különbségek átlagos számát/arányát becsli (NEI és LI, 1979). Háziallatok esetében e mutatók értelmezése alapvetően hasonló a vad populációkéhoz. A magasabb  $H_d$  általában gazdagabb maternális vonalkészletre utalhat, míg a  $\pi$  érték a szekvenciák közötti átlagos eltérés nagyságrendjét jelzi (NEI, 1978; NEI és LI, 1979; GOODALL-COPESTAKE és mtsai., 2012). Bizonyos mintázatok – például magas haplotípus diverzitás alacsony nukleotid diverzitással együtt – összhangban lehetnek olyan demográfiai folyamatokkal, mint egy korábbi szűk keresztmetszetet követő gyors expanzió, illetve intenzívebb terjedés (CALDERÓN, 2016). Fontos ugyanakkor, hogy a  $H_d$  és  $\pi$  értékeket több tényező is

befolyásolhatja (pl. populációméret és populációtörténet, génáramlás, mutációs ráta, szelekció), ezért értelmezésük mindig a vizsgálati háttér és a mintavétel ismeretében lehet csak megalapozott (BAZIN és mtsai., 2006; CÁRDENAS és mtsai., 2009; WARES, 2010). A haplotípusok közötti kapcsolatok szemléltetésére a gyakorlatban gyakran készülnek hálózatos elemzések (pl. Median-Joining Network), amelyek jól ábrázolják a haplotípusok közötti mutáció szám-különbségeket és a lehetséges központi (gyakori) haplotípusokat (LEIGH és mtsai., 2015). További lehetőség a haplotípusok és szekvenciák összevetése nyilvános adatbázisokból származó referencia-szekvenciákkal, amely segíthet földrajzi mintázatok, haplocsoportok vagy tágabb eredetkapcsolatok értelmezésében (SZALAY, 2017). A haplotípusadatok rokonsági szerkezetének egyik klasszikus megjelenítési formája a filogenetikai fa/dendrogram, amely a szekvenciák hasonlósága alapján csoportosít, és a kapcsolati mintázatok áttekintését támogatja (CALIŃSKI, 2014).

#### *2.4.2. Mikroszatellit markereken alapuló diverzitás- és szerkezetmutatók*

A mikroszatellit markerek (Simple Sequence Repeats, SSR) sokallélos jellegük miatt különösen informatívak populációk és fajták összehasonlításában. Mikroszatellitekkel becsülhetők többek között az allélfrekvenciák, a várt heterozigotizáció ( $H_E$ ) és a megfigyelt heterozigotizáció ( $H_O$ ), valamint ezekből további, a populációk szerkezetét leíró indexek számíthatók. A heterozigotizációs mutatók értelmezéséhez elméleti viszonyítási pont a Hardy-Weinberg-egyensúly, amely ideális populációt feltételez, véletlenszerű párosodással. Domesztikált állatoknál viszont a célzott párosítások, szelekció és gyakran kis effektív populációméret miatt a Hardy-Weinberg-feltételek jellemzően nem teljesülnek maradéktalanul, ezért az ettől való eltérés gyakori és önmagában nem hiba, hanem a tenyésztési rendszer lenyomata. A mikroszatellit adatok értelmezésében hasznos mutatók a beltenyésztettség, a heterozigotizáció csökkenésével és a populációk genetikai tagoltságával összefüggő F-statisztikák, mint például az  $F_{ST}$ , illetve különösen fontos az  $F_{IS}$  (az egyed beltenyésztettségi együtthatója a szubpopulációhoz viszonyítva), és az  $F_{IT}$  (a teljes populációra vonatkozó beltenyésztettségi együttható) értékek (WRIGHT, 1978; PECSENYE, 2017). E mutatók nem csupán a beltenyésztés mértékére utalnak, hanem arra is, hogy a megfigyelt heterozigotizáció hogyan viszonyul a várható értékhez egyed szinten, szubpopuláción és teljes populáción belül. Gyakorlati szempontból a

mikroszatellitek segítségével nemcsak a fajtán belüli változatosság, hanem a fajták közötti eltérések és a genetikai csoportosulások is részletesen feltárhatók.

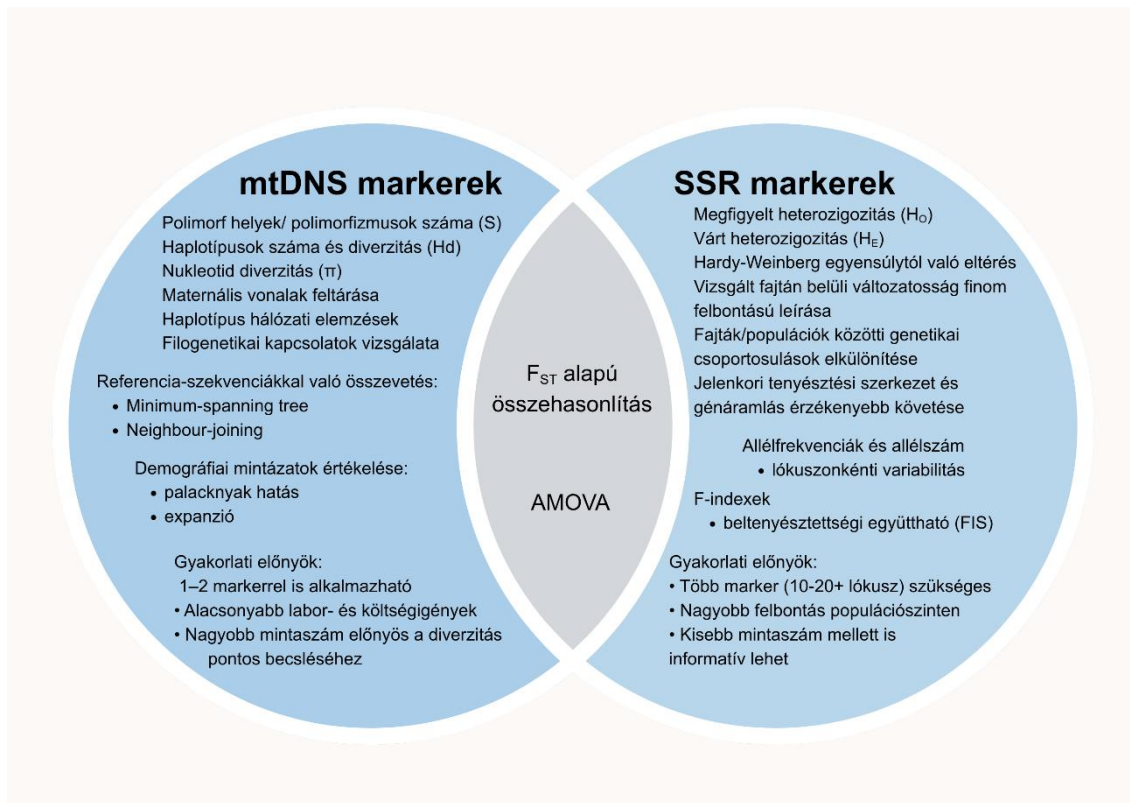
A házigalambfajták genetikai jellemzésében a mtDNS- és az SSR-markerek kombinált alkalmazása lehetőséget teremt arra, hogy a maternális és filogenetikai kapcsolatok, valamint a jelenkori populációszerkezet és a fajták közötti differenciálódás egyaránt vizsgálhatóvá váljon. A két markertípus egymást kiegészítő információtartalma ennek megfelelően hozzájárul a vizsgált állományok genetikai diverzitásának és genetikai értékének átfogóbb értelmezéséhez (2. ábra).

#### *2.4.3. Populációszerkezet és differenciálódás: AMOVA és F-statisztikák*

A genetikai sokféleség hierarchikus szerkezetű. A teljes variancia egy része a populációkon (fajtákon) belül, más része a populációk (fajták) között jelenik meg. E struktúra számszerűsítésére széles körben használt megközelítés a molekuláris varianciaanalízis (AMOVA), amely egyedi és csoportszintű számítások alapján bontja fel a varianciát a megadott csoportosítás szerint (MEIRMANS, 2012).

A differenciálódás értelmezésében alapvető szerepük van a Wright-féle F-statisztikáknak (WRIGHT, 1978; PECSENYE, 2017). A gyakorlati összehasonlításokban kiemelten fontos a fixációs index ( $F_{ST}$ ), amely a populációk/fajták közötti genetikai elkülönülés mértékét írja le. Minél magasabb az  $F_{ST}$ , annál nagyobb a differenciálódás. Háziállatoknál az értékek nagyságrendjét a tenyésztési rendszer (zárt vagy nyitott populáció, génáramlás mértéke, keresztezések) alapvetően befolyásolja. Az értelmezéshez gyakran alkalmazott irányelvek szerint nagyon alacsony (közel 0) érték csekély elkülönülésre, míg magasabb érték erősebb izolációra utalhat; például 0,05 alatti értékek több megközelítésben igen csekély differenciálódást jeleznek, 0,25 felett pedig már nagyfokú elkülönülés valószínűsíthető (BODZSÁR, 2012). Bizonyos esetekben az  $F_{ST}$  negatív is lehet, ami rendszerint a becslési bizonytalansághoz és rendkívül csekély különbségekhez kapcsolódik (GERLACH és mtsai., 2010; PRISKIN, 2010). Érdemes kiemelni, hogy a különböző háziállatfajok között a tenyésztésszervezés miatt eltérő nagyságrendű genetikai határok alakulhatnak ki. A szigorúan törzskönyvezett, zárt tenyészpululációként működő fajták esetében (klasszikus példa erre több kutyafajta) a fajták közötti genetikai távolság gyakran kifejezettebb (PARKER és mtsai., 2004; VAYSSE és mtsai., 2011). A házigalambfajták esetében ezzel szemben a történetileg

gyakori keveredés és a zárt törzskönyvek hiánya miatt sokszor „átjárhatóbb” genetikai határok figyelhetők meg, ami a fajták közötti differenciálódást is mérsékelheti.



**2. ábra:** Különböző markertípusokhoz alkalmazható biostatistikai eljárások és gyakorlati előnyök összegzése

## 2.5. Molekuláris markerek a házigalamb és rokon populációk vizsgálatában

### 2.5.1. Mitokondriális markereken alapuló vizsgálatok a házigalambban

A mitokondriális DNS a filogenetikai és populációgenetikai vizsgálatokban széles körben alkalmazott genetikai marker, mivel a mitokondriumokban található, a sejtmag genomjától független, kör alakú DNS-molekula (TAANMAN, 1999), amely az állatok többségében mintegy 16 000 bp hosszúságú, és 37 gént tartalmaz (BOORE, 1999). Sajátos öröklésmenete miatt a mitokondriális DNS különösen hasznos evolúciós és eredetvizsgálatokban. Az utódokba többnyire, illetve szinte kizárólag anyai ágon kerül átadásra, bár ritka kivételtként paternális átvitel („paternal leakage”) is ismert, haploid módon öröklődik, és rekombináció hiányában maternális haplotípusokat őriz meg (BALLARD és WITHLOCK, 2004). Emellett a mtDNS evolúciós üteme általában gyorsabb, mint a sejtmagi DNS-é, ezért viszonylag rövid evolúciós idő alatt is

felhalmozhat olyan változásokat, amelyek populációk, fajták vagy fajok közötti rokonsági kapcsolatok feltárására alkalmasak (BROWN és mtsai., 1979; NABHOLZ és mtsai., 2016; MARTINS és mtsai., 2019). A mtDNS egyes régiói eltérő mértékben konzerváltak: a fehérjekódoló szakaszok, különösen a citokróm-c-oxidáz I alegységet kódoló gén (COI, MT-CO1), általában konzerváltabbak, míg a kontrollrégió (D-loop) jóval változékonnyabb, ezért a két marker információtartalma és alkalmazhatósága sem azonos (BIRAY, 2019). A COI gén a mitokondriális genom egyik fehérjekódoló szekvenciája, amely a citokróm-c-oxidáz enzimkomplex I. alegységét kódolja (TIMÓN-GÓMEZ és mtsai., 2018). Mivel a gén működése alapvető jelentőségű a sejtek oxidatív anyagcseréjében, szekvenciája evolúciósan viszonylag konzervált, de olyan variábilis szakaszokat is tartalmaz, amelyek alkalmassá teszik molekuláris markernek (BALLARD és WITHLOCK, 2004). A gén 5'-végi, mintegy 648 bp hosszú szakasza, az úgynevezett Folmer-régió az állatvilágban standard DNS-vonalkód markernek számít, mivel a konzervált primerkötő helyek lehetővé teszik univerzális primerek használatát, a közrefogott változékonny régiók pedig alkalmasak a fajok elkülönítésére (HOQUE és mtsai., 2022; KOVÁTS, 2016). A galambfélék (*Columbidae*) körében is igazolták, hogy a COI-alapú azonosítás alkalmas a fajok megbízható elkülönítésére, és a kapott filogenetikai mintázatok összhangban állhatnak a rendszertani viszonyokkal (KHAN és ARIF, 2013).

Mivel a házigalamb fajtákra vonatkozó mtDNS-alapú vizsgálatok száma és lefedettsége korlátozott, a vad populációkban végzett kutatások eredményei fontos összehasonlítási és értelmezési keretet adhatnak a marker információtartalmának, valamint a populációk elkülönülésének megítéléséhez. YOUNG és ALLARD (1997) például 42, Puerto Ricóból és a Dominikai Köztársaságból származó rózsáshasú galambot (*Patagioenas inornata*) vizsgáltak a mtDNS D-loop régiója alapján. Eredményeik szerint az alacsony teljes genetikai diverzitás ellenére két genetikailag elkülönülő alfaj jelenléte volt valószínűsíthető a területen. A szignifikanciatesztek azt mutatták, hogy a két alfaj (*C. i. wetmorei* és *C. i. inornata*) genetikailag elkülönül, ezért természetvédelmi szempontból indokolt külön kezelésük. CAMBRONE és mtsai. (2021) az antillai galamb (*Patagioenas squamosa*) populációit elemezték a COI-régió felhasználásával, és azt találták, hogy a barbadosi populáció elkülönül, míg Puerto Rico és a Francia Antillák állományai között nem mutatható ki markáns differenciáltság. Hasonlóképpen, KIM és mtsai. (2022) a sziklagalamb (*Columba rupestris*) dél-koreai populációinak genetikai erózióját és a

házigalambbal való keveredés lehetőségét vizsgálták és arra a következtetésre jutottak, hogy egyes régiókban a genetikai elkülönülés még fennmaradt, míg másutt jelentősebb hibridizáció nyomai mutatkoztak. Szakirodalmi példák alapján az a tendencia rajzolódik ki, hogy a mitokondriális markereket vad fajokban vagy földrajzilag jobban elkülönült állományokban gyakran alkalmazzák a populációs szerkezet és az evolúciós elkülönülés kimutatására, ugyanakkor a házigalamb esetében – a közös domesztikációs háttér, a fajták közötti keresztezések és a kiterjedt génáramlás miatt – az elkülönülés gyakran kevésbé egyértelmű. E tekintetben a COI-régióval végzett vizsgálatok azt mutatják, hogy bár a marker jól használható a fajon belüli maternális haplotípusok kimutatására, a házigalambfajták részletes filogenetikai elkülönítésére gyakran korlátozott információtartalommal rendelkezik. RAMADAN és mtsai. (2011) hat egyiptomi galambfajta és japán postagalambok genetikai diverzitását vizsgálták, és a COI-szekvenciák alapján megerősítették, hogy a vizsgált egyedek egyetlen fajhoz, a *Columba livia*-hoz tartoznak. Ugyanakkor a COI-alapú divergencia alacsony maradt, miközben a nukleáris markerek (különösen a mikroszatellitek) már finomabb differenciáltságot mutattak a vizsgált populációk között. Ez arra utal, hogy a COI a házigalambban elsősorban a fajazonosság és az anyai eredet általános mintázatainak igazolására alkalmas, de önmagában kevésbé érzékeny a fajták közötti differenciák feloldására.

Hasonló következtetésekre jutottak más házigalamb-vizsgálatok is. BIRAY és mtsai. (2019) 197 egyed bevonásával, két mitokondriális markerrel (COI-régióval és a D-loop szakaszával) vizsgálták a diverzitást, a lehetséges filogenetikai kapcsolatokat, illetve a két marker alkalmasságát ilyen típusú elemzésekre. A COI-régióban viszonylag magas haplotípus diverzitást ( $H_d = 0,661$ ), ugyanakkor alacsony nukleotid diverzitást ( $\pi = 0,0015$ ) mutattak ki. Ez a sok haplotípus, de csekély szekvenciaszintű eltérési mintázat arra utalhat, hogy a házigalambfajták között történetileg jelentős keveredés történt, így a maternális vonalak csak korlátozottan őriztek meg jól elkülönülő, fajtaspecifikus mintázatokat. A szerzők azt is hangsúlyozták, hogy bár a COI széles körben használt DNS-vonalkód marker, a házigalamb fajták közötti részletes filogenetikai viszonyok feltárására a D-loop sem feltétlenül bizonyult lényegesen hatékonyabbnak.

Ezt támasztotta alá STEFANIUK-SZMUKIER és mtsai. (2021) vizsgálata is, amelyben 18 különböző díszgalambfajta 80 egyedének részleges D-loop szekvenciáját elemezték. A vizsgált 748 bp hosszú szakaszban összesen 7 polimorf helyet azonosítottak, amelyek közül 5 nem volt ismert korábban, és a teljes mintában mindössze 11 haplotípust írtak le.

Ez összességében alacsony mitokondriális diverzitásra utalt, és megerősítette, hogy a díszgalamb fajták között anyai alapon csak korlátozott elkülönülés figyelhető meg. A szerzők eredményei alapján a D-loop érzékenyebb lehet ugyan a COI-nál a fajon belüli változatosság kimutatására, de a fajtakapcsolatok teljes rekonstrukciójára önmagában ez a marker sem feltétlenül elegendő.

A legfrissebb eredmények tovább árnyalják a mitokondriális markerek alkalmazhatóságáról alkotott képet. BIRAY és mtsai. (2025) 96 törökországi házigalamb egyed D-loop régióját vizsgálva kimutatták, hogy bár a szekvenciák jelentős variabilitást mutattak, a D-loop hossza 714 és 1020 bp között változott, egy 61 bp-os VNTR (Variable Number Tandem Repeat, változó számú tandem ismétlődés) ismétlődés eltérő kópiaszáma miatt. Összesen 30 haplotípust azonosítottak, viszont a filogenetikai elemzések nem tették lehetővé a fajták megbízható elkülönítését. A Bayes-féle rekonstrukció során lényegében csak egyetlen fajta (keleti sirályka) mutatott elkülönülést. A szerzők értelmezése szerint a D-loop önmagában – különösen a heteroplazmia és a lehetséges fajták közötti introgresszió miatt – nem tekinthető elégséges markernek a török galambfajták filogenetikájának feloldására. Ez a megfigyelés különösen fontos, mert arra utal, hogy a házigalambban a mitokondriális markeradatok értelmezését nemcsak az alacsony differenciáltság, hanem a mtDNS-en belüli szerkezeti sajátosságok is nehezíthetik. A házigalambon kívüli galambfélék körében végzett összehasonlító vizsgálatok ugyanakkor továbbra is alátámasztják a COI hasznosságát fajsztípus elkülönítésre. RAFIQ és mtsai. (2020) Pakisztán különböző területeiről származó hét *Columbidae*-faj között elemezték a diverzitást, a genetikai távolságokat és a filogenetikai kapcsolatokat, és azt találták, hogy a COI-régió alapján a vizsgált fajok három elkülönülő kládba rendeződtek. A balkáni gerle (*Streptopelia decaocto*), a vöröses gerle (*S. tranquebarica*) és a pálmagerle (*Spilopelia senegalensis*) közeli csoportot alkottak, míg a szirti galamb (*Columba livia*) és a sárgaszemű galamb (*C. eversmanni*) szintén szoros kapcsolatot mutatott, a sárgalábú zöldgalamb (*Treron phoenicoptera*) pedig ettől markánsan elkülönült (GIBBS és mtsai., 2001; ANDREW, 2006). Ezek az eredmények jól szemléltetik, hogy a COI a fajok közötti viszonyok tisztázásában hatékony, míg a házigalambfajtákon belül jóval korlátozottabb felbontást ad.

### 2.5.2. Mikroszatellit markereken alapuló vizsgálatok házigalamb fajtákban

A mikroszatellit a genomban szétszórtan előforduló, 2–8 bázispár hosszúságú szekvenciák ismétlődései, amelyek elsősorban a nem kódoló régiókban találhatók (BUDURAM, 2004). Az egyes mikroszatellit egységek a repetíciók, vagyis ismétlődések hossza és mérete alapján különíthetők el (PÁLINKÁS-BODZSÁR és mtsai., 2020).

A galambfajták genetikai diverzitását vizsgáló nemzetközi tanulmányok jelentős része mikroszatellit markereket alkalmaz, ezek a tanulmányok pedig változatos elemszámmal dolgoznak (LEE és mtsai., 2007; ANDO és mtsai., 2011; STRINGHAM és mtsai., 2012; JACOB és mtsai., 2014). LEE és mtsai. (2007) 96 tajvani versenygalambot vizsgált 7 SSR markerrel és a CHD gén (chromo-helicase DNA binding) bevonásával, az apasági vizsgálathoz (paternity test) pedig 17 galambcsaládot vontak be. A megközelítés során megállapították, hogy ezek a markerek kiválóan alkalmasak lehetnek egy gyors, DNS-alapú azonosító rendszer létrehozásában, mely remek segítség lehet a tajvani versenygalamb-sportban előforduló csalások (pl. madárcsere, vitatott származás) kezelésére. ANDO és mtsai. (2011) a japán erdei galamb (*Columba janthina*) két alfajának genetikai állapotát vizsgálták természetvédelmi célból. A szerzők 7 új mikroszatellit markert fejlesztettek, és ezek mellé egy, házigalambból származó, sikeresen keresztamplifikálható SSR-markert is bevontak (ClipD01). Eredményeik szerint a vizsgált populációk genetikai elkülönülése kimutatható volt, ugyanakkor az egyik alfajban rendkívül alacsony genetikai diverzitást találtak. STRINGHAM és mtsai., 2012-ben egy nagyobb volumenű vizsgálatot végeztek el, amely 32 mikroszatellit markeren alapult. A kísérlet során összesen 361 egyedet vizsgáltak, 70 házigalamb fajta, illetve 2 szabadon élő galamb populáció között vizsgálva a genetikai kapcsolatokat. A genetikai struktúra vizsgálata során az első klaszterben morfológiailag különböző fajtacsoportok voltak, illetve nem várt kapcsolatokat találtak a konvergens evolúció során szerzett tulajdonságok között több csoportban. Eredményeik alapján arra következtettek, hogy a házigalamboknak inkább hálószerű és nem hierarchikus az evolúciós fejlődése és változása.

Lényegesen nagyobb elemszámmal dolgoztak JACOB és mtsai. 2014-ben, ők ugyanis a városi/parlagi galamb populációk genetikai szerkezetét vizsgálták 14 mintavételi helyről, 8 urbanizált térségből (Franciaország, Spanyolország, Svájc), melyhez összesen 469 egyedet vontak be az elemzésbe, a populációkat pedig 6 lókusszal vizsgálták. A markerek informatívak voltak (lókuszonként 9–26 allél, a genotipizálási siker pedig 98,5–100%), a

diverzitás összességében magas volt. A helyszínek megfigyelt heterozigotitása ( $H_o$ ) 0,62–0,87 között mozgott, az átlagos  $F_{IS}$  többnyire kismértékben pozitív (enyhe alstruktúra/beltenyésztettség jele), az allélgazdagság ( $r$ ) pedig 5,92–9,87. Fő eredményként kimutatták, hogy a genetikai differenciálódás földrajzi távolsággal nő, ugyanakkor egy nagy, összefüggő városi régió belül (pl. Párizs és a környező városok, illetve Montélimar/Viviers) a mintavételi pontok többnyire nem különülnek el genetikailag. BIAŁA és mtsai. 2015-ben 7 mikroszatellit markert használtak házigalambokban, melyek között volt fajtatiszta és városi vonal egyaránt. A vizsgálathoz 364 egyedből gyűjtöttek mintát, olyan fajtákat/populációkat bevonva, mint például a bécsi magasszálló keringő, indiai páva galamb, kasseli keringő, king, német apáca keringő, német szakállas keringő, pávagalamb, strasszer, szirti galamb és wroclawi húsgalamb. A genetikai szerkezet vizsgálata alapján arra a következtetésre jutottak, hogy a történelem során ugyan előfordult a palacknyakhatás a fajták kialakulása során, például a háborúk alatt, de úgy tűnik, hogy a galambfajták leginkább állandó keresztezéseknek vannak kitéve. Később, 2016-ban BIGI és mtsai. összesen 19 fajta 427 egyedet vizsgálták, melyből 8 olasz házigalamb-populáció volt, 11 pedig nemzetközi fajtákhoz tartozott, a vizsgált fajtákat pedig 6 hagyományos fajtacsoportba sorolták be. Az alkalmazott 12 lókuszt alapján a genetikai variabilitás nem mutatott jelentős eltérést a fajták között, a megfigyelt heterozigotitás átlagát 0,45–0,55 közötti tartományban írták le. A legmagasabb megfigyelt heterozigotitás értéket az alakgalambok közé sorolt sottobanca mutatta ( $H_o = 0,661$ ), míg a legalacsonyabbat a fodros galamb ( $H_o = 0,411$ ). Ezek az eredmények összességében jól illeszkednek a RAMADAN és mtsai. (2011) által közölt értéktartományokhoz is, jelezve, hogy a mikroszatellit markerekkel becsült genetikai diverzitás több ország házigalamb fajtáiban hasonló nagyságrendben mozoghat.

Egy későbbi vizsgálatban RAMADAN (2018) összesen 10 egyiptomi galambfajta, 179 egyedének analízisét végezték el 11 mikroszatellit lókuszt segítségével. Az összehasonlítás érdekében 37 mintát vontak be vad populációból is, melyek az Oszakai Természettudományi Múzeumból származtak. A japán vadon élő házigalamb populációból származó minták közel álltak két helyi fajtahoz genetikailag, míg az  $F_{ST}$  értékek alapján a leginkább elkülönültek a nemssawy fajta számított. Ezt pedig azzal magyarázták, hogy erre a díszgalamb fajtára hosszú és puha tollak jellemzőek a fej és a nyak körül, amely egy hosszú szelekciós folyamatnak köszönhető, így a genetikai szerkezete is változatosabb a többi fajtahoz képest.

A bemutatott vizsgálatok jelzik, hogy a mikroszatellit markereket széles körben alkalmazzák házigalambban az egyedazonosítás, a származásellenőrzés, a genetikai diverzitás és a populáció-/fajtaszerkezet feltárására. Az egyes tanulmányok eredményei ugyanakkor arra is rámutatnak, hogy a kimutatott genetikai mintázatok jelentős mértékben függhetnek a vizsgált fajták tenyésztéstörténetétől, illetve a génáramlás mértékétől, valamint az alkalmazott markerek és a mintaszám nagyságától.

### 2.5.3. Genomikai megközelítések és génpolimorfizmus vizsgálatok a házigalamb fajban

A házigalamb fajták közötti rokonsági kapcsolatok és genetikai keveredés nagyléptékű feltárásában az SNP-alapú genomszintű vizsgálatok jelentettek áttörést. SHAPIRO és mtsai. (2013) nagyszámú genomiális SNP felhasználásával készítettek filogenetikai rekonstrukciót, amely több ponton rámutatott a fajták közötti keveredésre: például a parlagi egyedek több esetben a postagalambokhoz közeli csoportba rendeződtek. PACHECO és mtsai. (2020) több mint 200 egyed és 67 fajta bevonásával, az Amerikai Egyesült Államok Nemzeti Galamb Szövetsége (National Pigeon Association, NPA) fajtacsoport-besorolását követve vizsgálták a populációs szerkezetet. Eredményeik szerint bár a hagyományos fajtacsoportok többnyire kirajzolódtak, ezek eredete sok esetben nem bizonyult monofiletikusnak, vagyis a hasonló küllemi vagy szelekciós célok alapján létrejött csoportok genetikai háttere nem feltétlenül vezethető vissza egyetlen közös forrásra. A házigalamb eredetének és a szirti galamb evolúciós viszonyainak újraértelmezésében különösen fontos előrelépést jelentett HERNANDEZ-ALONSO és mtsai. (2023) teljesgenom-szekvenáláson alapuló vizsgálata. A szerzők 65 db, 1865 és 1986 között gyűjtött szirti galamb mintát elemeztek, amelyek a jelenleg elfogadott összes alfajt, továbbá Darwin gyűjteményéből származó és típuspéldányokat is magukban foglaltak. Az alacsony lefedettségű történeti minták miatt egy pszeudo-haploid, átmeneteket kizáró, mintegy 1,64 millió transzverziós SNP-ből álló panelt alkalmaztak, majd MDS- (multidimensional scaling, többdimenziós skálázás), ADMIXTURE-, Neighbor-Joining- és maximum likelihood-elemzésekkel, valamint D-statisztikákkal vizsgálták a rokonságot és az introgressziót. Eredményeik szerint a nyugat-afrikai szirti galamb-populációk bazális helyzetet foglalnak el a többi szirti galambhoz és a házigalambokhoz képest, míg a *Columba rupestris* introgressziójának jelei gyakorlatilag minden más vizsgált populációban kimutathatók voltak. Ez a munka jól mutatja, hogy a genomszintű megközelítések nemcsak a fajták közötti viszonyok, hanem a

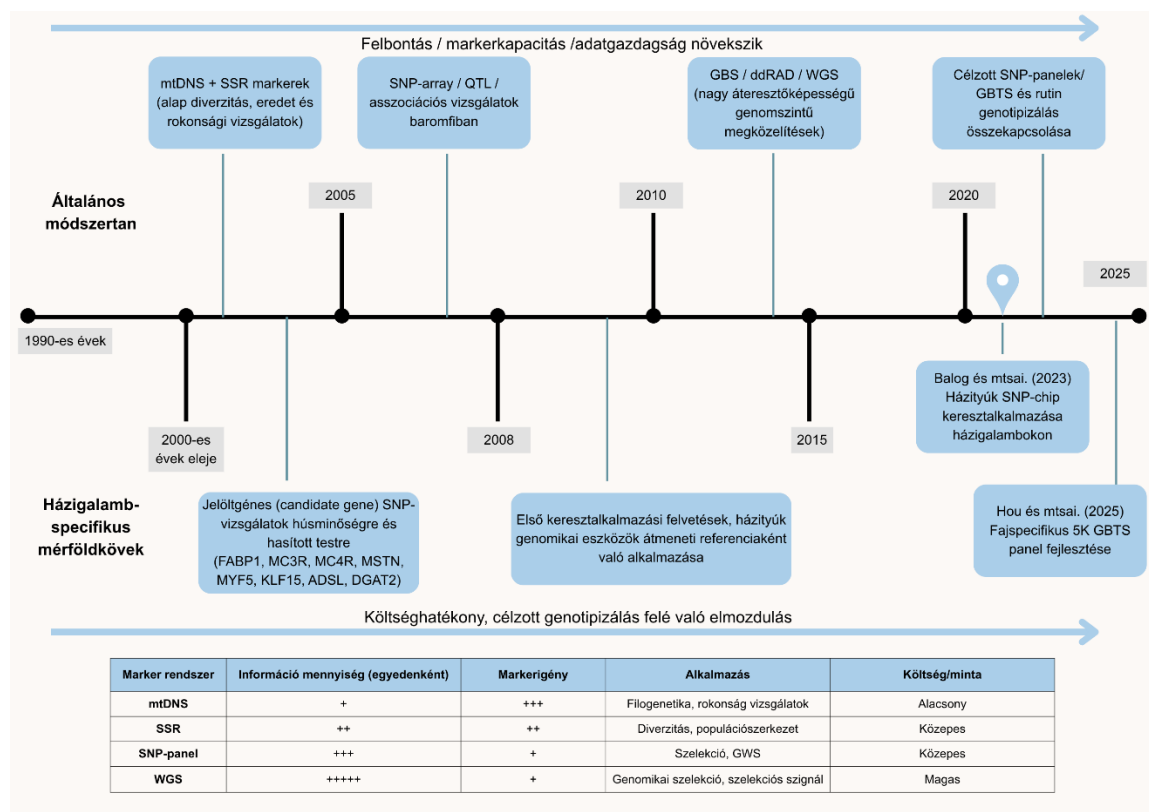
domesztikációs folyamatok és a történeti génáramlás rekonstruálásában is alapvető jelentőségűek. A genomszintű megközelítések térnyerése ugyanakkor nem csupán a filogenetikai és populációgenetikai kérdések szempontjából fontos, hanem a tenyésztési célokhoz kapcsolódó genetikai vizsgálatokban is (GIRI és mtsai., 2022; GUAN és mtsai., 2023). A húsmínőséghez, testösszetételhez és termelési tulajdonságokhoz kapcsolódó szelekciós célok ugyanis jellemzően komplex, poligénes háttérűek, és jelentős környezeti hatás alatt állnak (MAGENIS és mtsai., 1994; DALL'OLIO, és mtsai., 2010; JEAN PIERRE és mtsai., 2022). Emiatt a klasszikus fenotípusos szelekció önmagában korlátozott hatékonyságú lehet, különösen olyan tulajdonságok esetében, mint az intramuszkuláris zsírtartalom, az izomrost-szerkezet, a víztartóképeség vagy az érzékszervi minőség (NEWBERRY és mtsai., 2012). A modern állattenyésztésben ezért egyre nagyobb szerepet kapnak azok a genomikai markerek, különösen az SNP-k, amelyek lehetővé teszik a genetikai háttér finomabb felbontású feltárását, valamint a tenyésztési döntések korábbi életkorban történő megalapozását (GAO és mtsai., 2007; DAVIS és mtsai., 2008; GILL és mtsai., 2010; SODHI és mtsai., 2013; MAGALHÃES és mtsai., 2019). A baromfi genomikai kutatások fejlődése jól szemlélteti, hogy az SNP-alapú módszerek miért váltak kulcsfontosságúvá (MANJULA és mtsai., 2018). A házityúk genomjában leírt nagy SNP-sűrűség, valamint a nagy denzitású markerkészletek megjelenése jelentősen felgyorsította a QTL- és asszociációs vizsgálatokat, és megalapozta a genomikai szelekció gyakorlati alkalmazását is (BURT, 2005; WRIGHT és mtsai., 2009; TIXIER-BOICHARD és mtsai., 2011; ASADOLLAHI és mtsai., 2022). A néhány polimorf markerre vagy rövidebb genomi szakaszra fókuszáló molekuláris genetikai módszerekkel szemben az SNP-chipek egyszerre több tíz- vagy akár százezer genomi pozíció vizsgálatát teszik lehetővé, ezáltal lényegesen nagyobb információtartalmat biztosítanak populációgenetikai, rokonsági és szelekciós vizsgálatokhoz. Emiatt az SNP-chip alapú genotipizálás számos háziállott faj genetikai kutatásának meghatározó eszközévé vált. A házigalamb esetében sokáig nem állt rendelkezésre fajspecifikus SNP-chip (kereskedelmi forgalomban továbbra sem elérhető), ezért logikus átmeneti megoldásként merülhet fel más háziállott fajokra, elsősorban a házityúkra fejlesztett platformok keresztalkalmazása, ugyanis az ilyen típusú platformok rendszertanilag viszonylag közeli fajokban történő keresztalkalmazása nem példa nélküli (RAO és mtsai., 2016; YE és mtsai., 2018). Több esetben sikerrel alkalmaztak háziállott fajokra fejlesztett SNP-chipeket közeli vad rokonfajokban:

kutyára (*Canis familiaris*) fejlesztett chipet farkasban (*Canis lupus*) és aranybakálban (*Canis aureus*) (PERTOLDI és mtsai., 2010; POLLINGER és mtsai., 2011), sertésre (*Sus domesticus*) fejlesztett chipet vaddisznóban (*Sus scrofa*) (HERRERO-MEDRANO és mtsai., 2013), szarvasmarhára (*Bos taurus*) fejlesztett chipet európai bölényben (*Bison bonasus*) és amerikai bölényben (*Bison bison*) (MINIAS és mtsai., 2019), valamint házityúkra fejlesztett chipet egyes vadon élő fajdfélékben (*Tetraoninae*) (HARMOINEN és mtsai., 2021). Ugyanakkor fontos korlát, hogy a házi tyúk és a házigalamb közötti jelentős evolúciós távolság várhatóan csökkenti a hívási arányt és a polimorf markerek arányát (MILLER és mtsai., 2012; CLARAMUNT és CRACRAFT, 2015). Ezt részben ellensúlyozhatja, hogy egyes fejlődésbiológiai és szelekciós mechanizmusok funkcionális szinten párhuzamokat mutathatnak a különböző baromfifajok között (BERRI és mtsai., 2001), illetve házigalambban korábban csirkéből származó mikroszatellit markerek sikeres keresztamplifikációját is leírták (LI és mtsai., 2020; SATHYAKUMAR, 2013). A házigalambban a húsminőséghez és a hasított test tulajdonságaihoz kapcsolódó SNP-vizsgálatok kezdetben elsősorban jelöltgénés (candidate gene) megközelítéssel indultak. Ezek a vizsgálatok olyan paraméterek genetikai hátterét igyekeztek feltárni, mint az élősúly, a hasított testsúly, a mellizom tömege, a hasi zsír mennyisége vagy az intramuszkuláris zsírtartalom (RAZA és mtsai., 2019). A növekedés és testösszetétel területén LI és mtsai. (2008) és YAN és mtsai. (2010) a melanokortin-3 receptor (MC3R) és melanokortin-4 receptor (MC4R) génekben azonosított polimorfizmusokat, amelyek egyes genotípusai kedvezőbb növekedési és súlygyarapodási paraméterekkel társultak. Az izomfejlődés szempontjából YIN és mtsai. (2016) a myogenic faktor 5 (MYF5) gén bizonyos SNP-it kapcsolta össze a hasított test tulajdonságaival, míg a Krüppel-like factor 15 (KLF15) esetében nem találtak egyértelmű összefüggést. A miosztatin (MSTN) polimorfizmusok vizsgálata azt jelezte, hogy a ritkább allélok nagyobb gyakorisággal fordulhatnak elő a húshasznú csoportokban, ami összhangban áll az MSTN ismert izomnövekedést gátló szerepével (DYBUS és mtsai., 2013). A hús érzékszervi és technológiai minőségéhez kapcsolódó jelölt gének között külön figyelmet kaptak az ízanyagok és a lipidanyagcsere szabályozásában szerepet játszó gének (KAWAI és mtsai., 2002; BELLINGE és mtsai., 2005; KAWAI és AKIRA, 2010). Az IMP-tartalommal összefüggésben az ADSL gén (adenil-szukcinát-liáz) bizonyult fontos jelöltnek (KMOCH és mtsai., 2000; YE és mtsai., 2010), míg az intramuszkuláris zsír és a zsíryanagcsere vizsgálatában a FABP1 (fatty acid binding

protein 1, 1-es típusú zsírsavkötő fehérje), H-FABP (heart-type fatty acid binding protein, szív típusú zsírsavkötő fehérje), valamint a DGAT1 és DGAT2 (diacilglicerol-aciltranszferáz 1 és 2) gének polimorfizmusai kerültek előtérbe (WANG és mtsai., 2006; STORCH és mtsai., 2008; MAO és mtsai., 2018a; 2018b; 2020). E vizsgálatok azt mutatják, hogy a húsmínőség a házigalambban is erősen összekapcsolódik a lipidanyagcserét és izomfejlődést szabályozó genetikai hálózatokkal. Ugyanakkor a rendelkezésre álló markerkészlet továbbra is korlátozott (ZHANG és mtsai., 2024), ami részben azzal magyarázható, hogy a korábbi molekuláris genetikai kutatások inkább a versenygalambokra fókuszáltak, ahol a szelekció középpontjában egy viszonylag jól definiálható teljesítmény, a röpképesség állt (PROSKURA és mtsai., 2014; PROSKURA és mtsai., 2015). A húshasznú galambok esetében ezzel szemben a növekedési és húsmínőségi tulajdonságokat a genetikai háttér mellett erősen befolyásolja a korai életkor, a szülői és nevelői hatás, a szaporaság, valamint a tartási és takarmányozási környezet is (WANG és mtsai., 2014; LAN és mtsai., 2025), ami a markerek azonosítását és validálását módszertanilag jóval összetettebbé teszi. Mindezek alapján a poligénes tulajdonságok vizsgálatához hosszabb távon olyan genotipizálási megoldások lehetnek előnyösek, amelyek egyszerre több ezer vagy több tízezer markert vizsgálnak standardizált módon (HOU és mtsai., 2025). Ez nemcsak megbízhatóbb populációgenetikai és rokonsági elemzést tesz lehetővé, hanem megnyitja az utat a teljesgenom-asszociációs vizsgálatok, a szelekciós szignatúra-keresés és a genomikai szelekció előtt is (HOU és mtsai., 2025; ESKIOĞLU és mtsai., 2025). Az újabb húsgalamb kutatások is ebbe az irányba mutatnak. A különböző denzitású chipplatformok, a ddRAD, a célzott SNP-panelek és más nagy áteresztőképességű genotipizálási megoldások egyre nagyobb szerepet kapnak a faj genetikai vizsgálatában (ESKIOĞLU és mtsai., 2025). Az SNP-markerek népszerűségének alapja széles körű előfordulásuk, gyors kimutathatóságuk, a szabványosítás viszonylagos egyszerűsége és az alacsony genotipizálási hibaarány (SAUNDERS és mtsai., 2007; WANG és mtsai., 1998; ZHI és mtsai., 2025). Jelentős mérföldkönek tekinthető, hogy HOU és mtsai. (2025) sikeresen kifejlesztettek egy fajspecifikus, célzott genotipizálásra alkalmas 5K SNP-panelt házigalambok számára (3. ábra). A panel húsgalamb-, versenygalamb- és díszgalambfajták genomikai adatain alapult, és GenoBaits alapú folyadékfázisú célzott szekvenálási (GBTS) megközelítéssel készült. A validáció során a rendszer nagyon jó technikai teljesítményt mutatott, átlagosan 99,913%-os detektálási hatékonyságot érték

el, és 5484 SNP, valamint 2 indel bizonyult megbízhatóan használhatónak. A szerzők 137 egyed vizsgáltak 10 fajta bevonásával, és PCA- Neighbor-Joining- és Admixture-elemzésekkel azt mutatták ki, hogy a panel alkalmas a populációszerkezet, a genetikai diverzitás, valamint a fajták közötti kapcsolatok feltárására. Ez azért különösen fontos, mert a módszer a teljesgenom-szekvenálásnál költséghatékonyabb, mégis kellően nagy felbontást biztosíthat a tenyésztésszervezési és populációgenetikai alkalmazásokhoz, ugyanakkor ez a fajspecifikus chip kereskedelmi forgalomban még nem érhető el.

Míg a mikroszatellit- és mitokondriális markerek továbbra is fontos szerepet töltenek be a genetikai diverzitás és a leszármazási kapcsolatok alapvető vizsgálatában, az SNP-alapú megközelítések lényegesen részletesebb képet adnak a fajták közötti és fajtán belüli genetikai mintázatokról, valamint a domesztikációs és szelekciós folyamatok háttéréről. A klasszikus és genomszintű markerek integrált alkalmazása ezért jelenleg a legígéretesebb kutatási irány, különösen olyan alulreprezentált régiókban, mint Közép-Európa, ahol a házigalambfajták átfogó genetikai feltárása továbbra is hiányos.



**3. ábra:** SNP-alapú genomikai módszerek időbeli fejlődésének idővonalbeli szemléltetése. (Megjegyzés: az időpontok részben közelítő mérföldkövek, az ábra a módszertani elmozdulás szemléltetésére szolgál. A „+” szimbólumok a vizsgált tulajdonságok (információmennyiség, markerigény, költség) relatív nagyságrendi összehasonlítását szolgálják, ahol a jelölések számának növekedése az adott paraméter nagyobb mértékét jelzi.)

### 3. ANYAG ÉS MÓDSZER

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 között 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 fajtaban 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 legrepresentatívabb mintakészlet kialakítására. A vizsgálatokhoz minden esetben szárnyvénából vett vérmintákat használtunk, míg a mintaelőkészítési eljárások az egyes vizsgálat típusoknak megfelelően különböztek.

#### 3.1. Mintagyűjtés és mintaelőkészítés

##### 3.1.1. 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 (M1. 1. táblázat). 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.

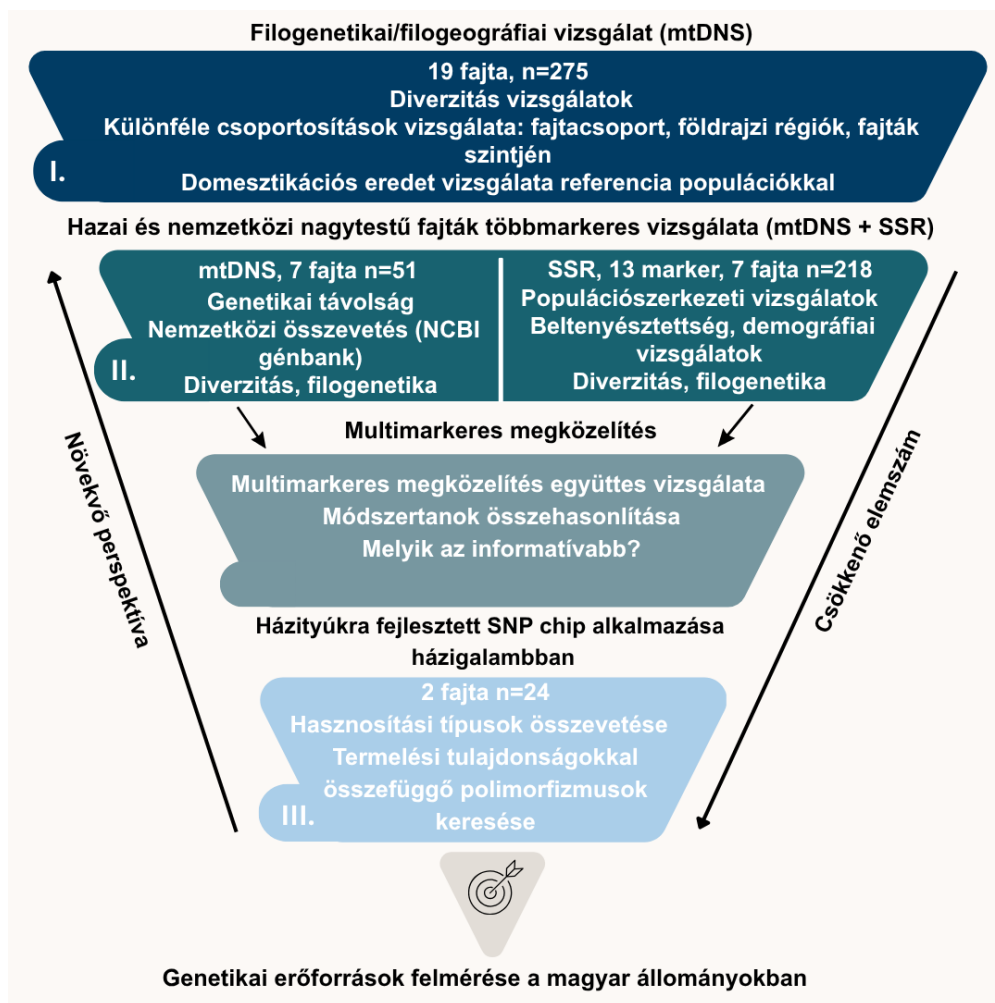
A mintavétel nem járt az egyedek elhullásával; az állatok a mintavételt követően a tenyészállományban maradtak. A mintagyűjtést a Debreceni Egyetem helyi etikai bizottsága hagyta jóvá 20/2023/DEMÁB nyilvántartási engedélyszám alatt.

A vizsgálatban szereplő minták részletes felsorolását, illetve a minták feldolgozási módját az 1. melléklet tartalmazza. A vizsgálatba vont fajták rövid történetét és fenotípusos leírását a 2. melléklet foglalja össze.

A vérminták DNS izolálása a Debreceni Egyetem Agrár Genomikai és Biotechnológiai Központjában történt. A vizsgálatok során összesen 395 vérminta genomialis 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.

### **3.2. Az alkalmazott vizsgálatok logikai rendszere**

A disszertációban alkalmazott vizsgálatok egymásra épülő, fokozatosan szűkülő logikai rend szerint kerültek kialakításra (4. ábra). A kutatás kiindulópontját egy szélesebb léptékű filogenetikai és filogeográfiai vizsgálat jelentette, amelynek célja a vizsgált házizgalambfajták genetikai diverzitásának, rokonsági viszonyainak és feltételezett 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.



**4. ábra:** Az alkalmazott vizsgálatok logikai rendszere

### 3.2.1. Filogenetikai/filogeográfiai vizsgálat (mtDNS) – I. vizsgálat

Az első vizsgálat a filogenetikai és filogeográfiai elemzésekre épült, amely a mtDNS-COI régiójának alkalmazásával történt. Ezen a vizsgálati szinten az volt a cél, hogy pontosabb képet kapjunk a nagytestű galambfajták eredetéről, valamint, hogy molekuláris genetikai adatokkal hozzájáruljunk a Kárpát-medencében őshonos óriás galambfajták, európai fajták, illetve két iraki fajta genealógiai kapcsolatainak feltárásához.

Összesen 19 fajta 275 egyedét vontuk be a vizsgálatba, melynek során diverzitás indexeket, haplotípus-megoszlás elemzéseket, genetikai távolság vizsgálatokat és AMOVA-elemzést végeztünk, továbbá többféle elméleti csoportosítást is teszteltünk (M3.1 táblázat). Erre azért volt szükség, mert a fajták hagyományos fajtacsoportok szerinti besorolásának biológiai relevanciája, illetve a fajták tényleges genetikai elkülönülése nem minden esetben tekinthető egyértelműnek. Ennek megfelelően a

mintákat egyrészt hagyományos fajtacsoportok szerint, másrészt földrajzi régiók alapján is csoportosítottuk, illetve fajta szintű elemzéseket is végeztünk.

A hagyományos fajtacsoportok szerinti felosztás során az Európai Baromfi-, Galamb-, Ketreces Madár-, Nyúl- és Tengerimalac-tenyésztők Szövetsége (Entente Européenne d'Aviculture et de Cuniculture, EE) által alkalmazott besorolási rendszert vettük alapul. Ez a rendszer alapvetően morfológiai, tollazati és részben viselkedési sajátosságok mentén alakult ki, és történetileg a fajták küllemi jellegzetességeire épülő rendszerezést tükrözi. A vizsgálatban ennek megfelelően alakgalamb, begyes galamb, dobos galamb, hústípusú galamb, keringő galamb, tollalakzatos galamb és tyúkidomú galamb fajtacsoportokat különítettünk el. E csoportosítás genetikai szempontból történő tesztelése azért volt lényeges, mert a tradicionális tenyésztői és bírálati kategóriák nem feltétlenül fedik a genetikai rokonsági viszonyokat.

A földrajzi alapú csoportosítás szintén fontos elemét képezte az I. vizsgálat logikájának, ugyanakkor részben önkényes jellegű volt, mivel a történeti, tenyésztéstörténeti és genetikai szempontok együttes figyelembevételével történt. Ennek során alföldi fajták, amerikai fajták, ázsiai fajták, magyar húsgalambok és mediterrán galambok csoportjait különítettük el. A magyar húsgalambok külön kezelése azért volt indokolt, mert ezek olyan, Magyarországon hústermelési céllal kialakított genotípusok, amelyek elsősorban a 20. század második felének tenyésztési munkájához köthetők, és eredetük, valamint tenyésztéstörténetük alapján nem tekinthetők közeli rokonainak a régebbi múltra visszavezethető, nagytestű magyar fajtáknak, mint például a magyar óriás galambnak vagy az alföldi buga galambnak. E megfontolásból jött létre az alföldi fajták csoportja is, mivel Magyarországon a nagytestű galambfajták jelentős részének kialakulása és fenntartása az Alföldhöz köthető.

A 19 fajtát felölelő vizsgálatba bevont két iraki galambfajta, továbbá a parókás galamb és a bucharai dobos, mint ázsiai típusok kiválasztása szintén tudatos mintatervezési döntés volt. Ezek a fajták azért kaptak kiemelt szerepet, mert a házigalamb-domesztikáció egyik feltételezett centrumterülete a Közel-Kelethez és a tágabb ázsiai térséghez köthetőek, továbbá írásos és tenyésztéstörténeti források alapján is valószínűsíthető, hogy a galambfajták elterjedése részben ezekről a területekről indult ki. Ennek megfelelően e fajták alkalmas referencia-populációként szolgálhattak a közép-európai és különösen a kárpát-medencei fajták eredetének és kapcsolatrendszerének értelmezésében.

### *3.2.2. Hazai és nemzetközi nagytestű galambfajták többmarkeres vizsgálata (mtDNS + SSR) – II. vizsgálat*

A második vizsgálatban a kutatás fókusza már jelentősen szűkült. Ennek során kiemelt figyelmet fordítottunk a Kárpát-medencében kialakult és elterjedt galambfajtákra, valamint olyan nemzetközileg elterjedt, nagytestű hústípusú fajtákra, amelyek meghatározóak lehetnek és fontos szerepet játszanak a hazai hústípusú galambtenyésztésben. E szűkítés célja az volt, hogy olyan genotípusokat vizsgáljunk részletesebben, amelyek a modern hústípusú galambállományok kialakításában genetikai erőforrásként vagy történeti alapként meghatározó jelentőségűek lehetnek. Ezért ebbe a vizsgálatba hét olyan nagytestű fajta került bevonásra, amelyek esetében elegendő írásos, tenyésztéstörténeti és fajtaleíró forrás állt rendelkezésre. A fajták kiválasztása elsősorban testméret, származás és a hivatalos fajtasztenderdek figyelembevételével történt. Ennek során „óriás” vagy nagytestű kategóriába azokat a fajtákat soroltuk be, amelyek a tipikus házigalambnál – például a rendszerint 400–500 g testtömegű és 28–38 cm testhosszúságú postagalambnál – számottevően nagyobb testméretűek, és amelyek átlagos kifejtett testtömege meghaladja a 700 grammot.

Ebben a második blokkban a vizsgált fajták köre ugyan szűkült, viszont a módszertani megközelítés bővült. A hét kiválasztott fajta esetében a mtDNS-alapú vizsgálat mellett mikroszatellit markerekkel végzett populációszerkezeti elemzésekre is sor került, így ez a blokk jelentette a disszertáció többmarkeres megközelítésének központi részét. A mtDNS-vizsgálat 51 egyed bevonásával történt, és elsődlegesen a genetikai távolságok, a diverzitás, a filogenetikai mintázatok, valamint a génbanki szekvenciákkal való összevethetőséget célozta, ugyanis ebben az adatbázisban lehetőség nyílt a saját eredmények NCBI génbankból származó haplotípusokkal történő összehasonlítására, ami a történeti és földrajzi kapcsolatok értelmezését tovább erősítette (4. melléklet).

A második vizsgálatssorozat részei voltak a 13 mikroszatellit marker felhasználásával és 218 egyed bevonásával végzett elemzések (M3.2. táblázat). Ezek elsődleges célja a populációszerkezet, a genetikai elkülönülés, a diverzitás, valamint a beltenyésztettség és demográfiai mintázatok érzékenyebb feltárása volt. Míg a mtDNS az anyai vonalak és a történeti-filogeográfiai kapcsolatok vizsgálatában bizonyult hasznosnak, addig az SSR-markerek biparentális jellegük és nagyobb felbontásuk révén a jelenkori populációszerkezeti sajátosságok leírásában nyújtottak többletinformációt. A második blokk módszertani központi kérdése ezért az volt, hogy a vizsgált hazai nagytestű fajták

esetében mely marker-rendszer bizonyul informatívabbnak, illetve, hogy a két megközelítés együttes alkalmazása mennyiben ad robusztusabb képet a genetikai erőforrások értékeléséhez. További előnyt jelentett, hogy a mtDNS-vizsgálat 51 egyede a mikroszatellit elemzésben szereplő 218 egyed részhalmazát alkotta, ami lehetővé tette a két marker-rendszer eredményeinek közvetlenebb összehasonlítását is.

A két mtDNS-vizsgálat (I. és II.) között részleges mintaátfedés volt, ugyanakkor a két elemzés nem azonos szekvenciaszakaszokon alapult. Bár mindkét vizsgálat a COI régióhoz kapcsolódik, a felhasznált primerpárok eltérő szakaszokat amplifikáltak, ezért a kapott szekvenciák nem voltak közvetlenül összevonhatók egyetlen adathalmazzá.

A II. vizsgálat során alkalmazott primerpár alkalmazhatósága korlátozottabbnak bizonyult a rendelkezésre álló mintákon, ezért az I. vizsgálatban egy új, saját tervezésű primerpár került bevezetésre, amely nagyobb számú egyed sikeres vizsgálatát tette lehetővé. Ennek eredményeként a két vizsgálat eltérő erősségekkel rendelkezett: a szakirodalmi primerekkel előállított adatkészlet lehetőséget biztosított a nemzetközi adatbázisokban elérhető COI-szekvenciákkal történő közvetlen összehasonlításra, míg a saját tervezésű primerrel végzett vizsgálat nagyobb mintaszám mellett tette lehetővé a hazai állományok genetikai diverzitásának részletesebb feltárását.

Mivel a két adatkészlet nem azonos szekvenciaszakaszokon alapult, azok közvetlen összevonása torzíthatta volna az elemzéseket, ezért a két vizsgálat eredményeit külön kezeltem és értékeltem a dolgozatban alkalmazott elemzések során.

### *3.2.3. Házityúkra fejlesztett SNP-chip alkalmazása házigalambban – III. vizsgálat*

A harmadik vizsgálati blokkban a kutatás tovább szűkült, és már csupán két, eltérő hasznosítási típusba tartozó állomány összehasonlítására irányult. E vizsgálatban az egyik csoportot a francia mirthys húshibrid, a másikat pedig a postagalamb képviselte. A vizsgálat célja az volt, hogy összehasonlíthatóvá váljanak a hústípusú, illetve sportcélú hasznosítási irányok genetikai sajátosságai, továbbá, hogy kiderüljön, azonosíthatók-e olyan polimorfizmusok, amelyek összefüggésbe hozhatók a húsminőséggel vagy általánosabban a termelési tulajdonságokkal.

E harmadik blokk módszertani sajátossága az volt, hogy házityúkra fejlesztett SNP-chip keresztalkalmazását végeztük el házigalambban. A vizsgálat elsődleges célja nem egy teljes genomléptékű, nagyszámú markerre kiterjedő populációgenetikai feltárás volt, hanem annak tesztelése, hogy a közelrokon fajok közötti bevett módon használt

keresztalkalmazás mennyiben nyújthat használható információt a házityúk és a házigalamb viszonylatában. Ennek keretében minimális diverzitáselemzést végeztünk, ugyanakkor a hangsúly már egyértelműen a termelési tulajdonságokra, ezen belül elsősorban a hústermeléssel kapcsolatos SNP-k azonosítására helyeződött. A vizsgálatba összesen 24 egyed került bevonásra, 12 húshibrid és 12 postagalamb megoszlásban. Ez a blokk tehát már a potenciálisan hasznosítható markerjelöltek keresését szolgálta.

Összességében a disszertáció vizsgálati rendszere egy olyan lépcsőzetesen felépített kutatási modellt követett, amely a szélesebb filogeográfiai és diverzitásalapú megközelítéstől a célzottabb, többmarker-alapú populációszerkezeti elemzésen át jutott el a gyakorlati hasznosítás szempontjából releváns SNP-k kereséséig. Ez a felépítés lehetővé tette, hogy a házigalambfajták genetikai erőforrásait egyszerre történeti, populációgenetikai és alkalmazott tenyésztési szempontból értelmezzük.

### **3.3. 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.

#### *3.3.1. I. vizsgálat*

##### Primertervezés és polimeráz-láncreakció (PCR) amplifikáció

Mivel a PCR reakció hatékonysága és érzékenysége nagymértékben függ a primerek specificitásától és kötődési hatékonyságától (VINAY és KUMAR, 2001), az I. vizsgálat optimalizálása érdekében saját primerpárt terveztünk, amely egy 664 bp hosszúságú szekvenciaszakaszt amplifikált. A II. vizsgálatban ezzel szemben az AWAN és mtsai. (2013) által közölt primerpárt alkalmaztam, mivel ez lehetővé tette az eredmények közvetlen összehasonlítását a nemzetközi adatbázisokban elérhető COI-szekvenciákkal. Ugyanakkor ez a primerpár a PCR reakciók során alacsony hatékonysággal működött, így összesen 51 egyed esetében sikerült megfelelő minőségű szekvenciaadatot nyerni.

Az alacsony amplifikációs sikeresség hátterében több tényező is állhat. Elképzelhető, hogy a célzott mtDNS-régió a vizsgált állományokban nagyobb variabilitást mutatott, és a primerkötő helyeken előforduló mutációk csökkentették a primerkötődés hatékonyságát. Emellett a szakirodalom alapján a mitokondriális genom bizonyos szakaszain heteroplazmia is előfordulhat, amely szintén nehezítheti az amplifikációt és a szekvenálást (BIRAY és mtsai., 2019). A primertervezéshez a házigalamb teljes

mitokondriális genomját használtuk fel (SINGH és mtsai., 2001), amely elérhető az NCBI GenBank adatbázisban (GenBank ID: NC\_013978.1). Összesen négy primerpárt terveztünk a COI régió különböző, egymással részben átfedő szakaszainak amplifikálására. A kísérleti optimalizálás során a G\_728 jelű primerpár bizonyult a leghatékonyabbnak és legstabilabbnak, ezért ezt alkalmaztuk a PCR amplifikációhoz. A PCR reakcióhoz tervezett saját primerek szekvenciáját és jellemzőit a 2. táblázat mutatja be. A 2. táblázat továbbá egy szakirodalomból átvett primerpárt is (BirdF1–BirdR1) tartalmaz, amely AWAN és mtsai. (2013) munkájából származik.

**2. táblázat:** A PCR reakció során használt primerek adatai

| Primer                    | Primerek szekvenciái                                          | Amplifikált termék hossza(bp) | Tapadási hőmérséklet (°C) |
|---------------------------|---------------------------------------------------------------|-------------------------------|---------------------------|
| <b>G_728</b>              | F: CTGCTCACAGACCGAAACCT<br>R: GACGCCTACACCCTGTGAAA            | 728                           | 64                        |
| <b>G_901</b>              | F: TAGCCTCCTCCACAGTCGAA<br>R: TGGGCTTTAGCTCATGTGGG            | 901                           | 64                        |
| <b>G_1299</b>             | F: CTGCTCACAGACCGAAACCT<br>R: TGATGGAAGGGCGAGTAGGA            | 1299                          | 64                        |
| <b>BirdF1–<br/>BirdR1</b> | F: TTCTCCAACCACAAAGACATTGGCAC<br>R: ACGTGGGAGATAATTCCAAATCCTG | 650                           | 56                        |

A G\_728 jelű primerpárral végzett amplifikációk során a PCR teljes reakciótérfogata 50 µl volt, amely 18 µl desztillált vizet (dH<sub>2</sub>O), 5 µl dNTP keveréket (2 mM), 10 µl 5× GoTaq Flexi puffert, 8 µl MgCl<sub>2</sub> 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 előtt.

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 az elektroferogramokat először a Chromas 2.6.6 szoftverrel (Technelysium Pty Ltd) ellenőriztük, majd a szekvenciák minőségét manuálisan is ellenőriztük. Az ellenőrzött szekvenciákat ClustalW algoritmussal illesztettük (LARKIN és mtsai., 2007). Az illesztett szekvenciák vágását és további szerkesztését MEGA11 szoftverrel végeztük (TAMURA és mtsai., 2021).

A haplotípusok számának és eloszlásának, valamint a polimorfizmusok számát és nukleotid-gyakorisági értékek meghatározásához a DnaSP 6 (DNA Sequence Polymorphism Analysis of Large Data Sets) szoftvert használtuk (ROZAS és mtsai., 2017). A populációk közötti genetikai különbségek vizsgálatához kiszámítottuk a fixációs indexet ( $F_{ST}$ ), a genetikai távolságokat, valamint molekuláris varianciaanalízist (AMOVA) végeztünk az Arlequin 3.5.2.2 szoftver segítségével (EXCOFFIER és LISCHER, 2010). A páronkénti genetikai távolságok hőtésképes vizualizációját az Arlequin kimeneti fájljaiból R 2.11.1 (University of Auckland, Új-Zéland) szoftverrel készítettük el. A haplotípusok közötti evolúciós kapcsolatok vizsgálatához Tamura-Nei módszerrel dendrogramot készítettünk a MEGA11 program segítségével (TAMURA és mtsai., 2021). Az I. vizsgálatból származó adatkészlet esetében a haplotípus-kapcsolatok vizsgálatához külső csoportként a balkáni gerlét (*Streptopelia decaocto*) alkalmaztuk (NCBI azonosító: MF381976.1). Az evolúciós kapcsolatok szemléltetésére alkalmas filogenetikai fát Neighbor-Joining analízissel, a Network 5.0.1.1 (ROZAS és mtsai., 2017) szoftvercsomag segítségével állítottuk össze. A genetikai szerkezet mintázatainak vizsgálatához a STRUCTURE 2.3.4 programot használtuk (HUBISZ és mtsai., 2009; PRITCHARD és mtsai., 2010). A beállított paraméterek a következők voltak: MCMC algoritmus 100 000 ismétléssel, 10 000 burn-in lépéssel és 10 iterációval különböző K értékenként, az elemzés eredményeit pedig a STRUCTURE Harvester (EARL és VONHOLDT, 2012) programmal validáltuk, amelyben az Evanno-módszert (EVANNO és mtsai., 2005) alkalmaztuk a legvalószínűbb csoportosítás meghatározására.

Az egyedek genetikai távolságon alapuló vizualizációját főkoordináta-analízissel (PCoA) végeztük el (PEAKALL és SMOUSE 2006, 2012).

Az I. vizsgálatból származó adatkészletben azonosított haplotípusokat az NCBI GenBank adatbázisába töltöttük fel, ahol a következő hozzáférési számok alatt érhetők el: PP952127–PP952153.

### 3.3.2. II. vizsgálat

#### PCR amplifikáció és fragment analízis

Az AWAN és mtsai. (2013) által közölt BirdF1–BirdR1 primerpárral végzett PCR reakciók esetében a teljes reakciótérfogat 30 µl volt, amely 7,2 µl desztillált vizet (dH<sub>2</sub>O), 6 µl DreamTaq Flexi puffert, 6 µl MgCl<sub>2</sub> 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 agaróz gélen 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), melyeket a 3. táblázatban foglaltam össze.

A mikroszatellit markerek amplifikációját is polimeráz láncreakcióval (PCR) végeztük. 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 MgCl<sub>2</sub> 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 (dH<sub>2</sub>O), 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 MgCl<sub>2</sub> 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 (dH<sub>2</sub>O), valamint 2 µl templát DNS-t tartalmazott.

Az „A” protokoll esetében a PCR reakciók kezdeti denaturációval indultak 95 °C-on 10 percig, 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 leírt módszertani lépésekkel azonos módon történt, beleértve a nyers szekvenciaadatok és elektroferogramok Chromas 2.6.6 szoftverrel (Technelysium Pty Ltd) végzett ellenőrzését, a ClustalW algoritmussal történő illesztést (LARKIN és mtsai., 2007), az illesztett szekvenciák MEGA11 szoftverrel végzett vágását és szerkesztését (TAMURA és mtsai., 2021), valamint a DnaSP 6 (DNA Sequence Polymorphism Analysis of Large Data Sets) szoftverrel végzett haplotípus- és polimorfizmus elemzést (ROZAS és mtsai., 2017). A populációk közötti genetikai különbségek feltárásához szintén az Arlequin 3.5.2.2 szoftvert alkalmaztuk (EXCOFFIER és LISCHER, 2010), azonban a páronkénti genetikai távolságok hőterképes vizualizációja mellett mismatch-eloszlás elemzést is végeztünk az Arlequin kimeneti fájljai alapján R 2.11.1 szoftverrel. Ezen túlmenően a haplotípusok közötti evolúciós kapcsolatok vizsgálatához Neighbor-Joining módszerrel filogenetikai fát készítettünk a MEGA11 program segítségével (TAMURA és mtsai., 2021), míg a haplotípusok közötti kapcsolatok szemléltetésére Median-Joining haplotípus-hálózatot készítettünk a PopART (Population Analysis with Reticulate Trees) szoftverrel (LEIGH és mtsai., 2015). A II. vizsgálatból származó adatkészlet esetében a filogenetikai

elemzések pontosabb értelmezése érdekében az NCBI GenBank adatbázisából további 50 COI szekvenciát töltöttünk le (4. melléklet). A filogenetikai elemzések során külső csoportként (outgroup) pedig az örvös galambot (*Columba palumbus*) használtuk (NCBI hozzáférési szám: MF381976.1). A II. vizsgálatból származó adatok elemzése során azonosított új haplotípusok az Európai Nukleotid Archívumban (ENA) (<https://www.ebi.ac.uk/ena/browser/home>) érhetők el az alábbi hozzáférési számok 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, tehát az allélgyakoriságokat, a különböző allélek átlagos számát ( $N_a$ ), a privát (csak egy adott populációban előforduló) allélek számát, a megfigyelt ( $H_o$ ) és a várt heterozigotizást ( $H_e$ ), valamint a beltenyésztettségi együtthatót ( $F_{IS}$ ) egyaránt a GenAlEx v6.5 szoftverrel számoltuk (PEAKALL és SMOUSE, 2012). A páronkénti és globális F-statisztikákat ( $F_{ST}$ ,  $F_{IT}$ ,  $F_{IS}$ ), a génáramlást ( $N_m$ ), valamint a polimorf információtartalmat (PIC) minden lókuszra és fajtánkénti bontásban R 4.4.3 verzióval (University of Auckland, Új-Zéland) számoltuk az *ape*, *poppr*, *adegenet* és *hierfstat* package felhasználásával RStudio környezetben. Az egyes populációkra vonatkozó AMOVA-analízist az Arlequin 3.5.2.2 szoftverrel generáltattuk (EXCOFFIER és LISCHER, 2010), az eredményeket pedig R 2.11.1 verzióval vizualizáltuk. A Bruvo-féle távolságmátrixot (BRUVO és mtsai., 2004) populációszinten számítottuk a GenAlEx-ből exportált kimeneti fájlok felhasználásával, az így kapott dendrogramot és hőtésképet pedig a *poppr*, *dendextend* és *ggplot* package felhasználásával vizualizáltuk. A hiányzó csúcsok (missing peaks) számát figyelembe véve, a genetikai struktúra mintázatainak értékeléséhez egy robusztusabb, Structure 2.3.4 verziójú elemzést alkalmaztunk (PRITCHARD és mtsai., 2010) az adatkészlet feldolgozására: Markov-chain Monte Carlo (MCMC) algoritmust futtattunk 500.000 ismétléssel, 100.000 burn-in lépéssel, és minden egyes  $K$  értékre ( $K$  = csoportszám) 10 iterációval ( $K_2$ – $K_{15}$ ). Az elemzés eredményeit és a legjobb  $\Delta K$  értéket a STRUCTURE Harvester (EARL és VONHOLDT, 2012) python szkript segítségével validáltuk, az Evanno-módszer alkalmazásával (EVANNO és mtsai., 2005).

**3. táblázat:** A mikroszatellit vizsgálatba vont primerek jellemzői

| Lókuszt | Marker neve                 | Primer kódja | Fragment hossz | Ismétlődő szakasz | Forward (5'-3')        | Reverse (5'-3')          | TM (C°) | PCR protokoll | Forrás                                                   |
|---------|-----------------------------|--------------|----------------|-------------------|------------------------|--------------------------|---------|---------------|----------------------------------------------------------|
| L22     | ClipT47                     | P1           | 190-220        | TATC              | ATGTGTGTTTGTGCATGAAG   | ATGAAAGCCTGTTAGTGGAA     | 60      | “B”           | LEE és mtsai., 2007                                      |
| L21     | PG2/CliM<br>T24/ClipT<br>24 | P2           | 265-310        | TGGA              | CCTTCCAACCCACATTATT    | CCAGCCTAAGTGAAACTGTC     | 58      | “B”           | LEE és mtsai., 2007;<br>ACHMANN és mtsai., nem publikált |
| L01     | ClipT17                     | P3           | 200-245        | CATC              | ATGGGTTTGGAGATGTTTTG   | GTTTGATGGAGTTGCTATTTTGCT | 55      | “A”           | TRAXLER és mtsai., 2000                                  |
| L27     | PG4                         | P4           | 130-170        | TCCA              | CCCATCTCCTTGCCTGATGC   | CACAGCAGGATGCTGCCTGC     | 58      | “B”           | LEE és mtsai., 2007                                      |
| L28     | PG5                         | P5           | 250-270        | TTTG              | GTTCTTGGTGTTCATGGATGC  | AGTTACGAAATGATTGCCAGAAG  | 58      | “B”           | LEE és mtsai., 2007                                      |
| n.a.    | PG6                         | P6           | 127-150        | AAAC              | AAGCAATCAGAACAGTGCTTCG | GTCCCTATGTTGCCTTCCCTC    | 58      | “B”           | LEE és mtsai., 2007                                      |
| L30     | PG7                         | P7           | 170-225        | TTG               | CATTGGTCAGGAGGTGGTGGG  | TCTGCCACTCACTCGCCCTC     | 58      | “B”           | LEE és mtsai., 2007                                      |
| L03     | ClipD01                     | P8           | 68-120         | CA                | GATTTCTCAAGCTGTAGGACT  | GTTTGATTTGGTTGGGCCATC    | 55      | “A”           | TRAXLER és mtsai., 2000                                  |
| n.a.    | ClipT13                     | P10          | 190-212        | GATA              | TCCAGAAGACACAGGCTAGT   | GTTTGCAAGCCCTGGTTATCTCA  | 54      | “A”           | TRAXLER és mtsai., 2000                                  |
| L06     | UU-Cli11                    | P11          | 193-215        | CAAA              | CCTTCAAAGGTCACCTAGTCC  | TTCCTGAACACCTCAGTAAAAGG  | 56      | “A”           | STRINGHAM és mtsai.,<br>2012                             |
| L25     | ClipD16                     | P13          | 85-134         | GT                | GCAGTGATAAAGTTCTGGAACA | GTTTGCCTCACCGTGACATCA    | 55      | “A”           | TRAXLER és mtsai., 2000                                  |
| L14     | UU-Cli14                    | P14          | 255-274        | GT                | CAGAACGTTTTGTTCTGTTTGG | TCTTGCTGCAGTCTTCATCC     | 55      | “A”           | STRINGHAM és mtsai.,<br>2012                             |
| L24     | ClipD35                     | P15          | 355-374        | GT                | GGGAGCTTAAGGGATTATTG   | ATTCCTTGCATGCCTACTTA     | 60      | “B”           | ACHMANN és mtsai., nem publikált                         |

Jelmagyarázat:  
n.a.: nincs adat

### 3.3.3. III. vizsgálat

#### SNP-chip keresztalkalmazás

A házigalamb minták vizsgálatához a Chicken\_50K\_CobbCons SNP-array-t alkalmaztuk (Illumina, San Diego, CA, USA). A chip fejlesztése során brojler- és tojóvonalak egyaránt felhasználásra kerültek; a panel összesen 57 636 SNP-t tartalmaz. A chip tervezése során többek között a validáció, az Illumina design score, illetve a (házityúk populációkban mért) minor allélfrekvencia információk is szerepet játszottak (GROENEN és mtsai., 2011). Az egyedi genotipizálást szolgáltatásként a Neogen Corporation végezte el (Lansing, Michigan, USA). A vizsgálatba a mirthys hibrid és a postagalamb került bevonásra, mivel ezek a házigalamb két legjelentősebb hasznosítási irányát (hústermelés és versenysport) képviselik. A mirthys hibrid kialakításában postagalambok nem vettek részt, így a két populáció között ismert közvetlen tenyésztési vagy rokonsági kapcsolat nem áll fenn.

#### Minőségellenőrzés és adatfeldolgozás

A kapott nyers genotipizálási adatok ellenőrzésére a SNPviewer 4.1.2 szoftvert (Biosearch Technologies, UK) alkalmaztuk, illetve ezzel értékeltük a GenCall és GenTrain pontszámokat. A további szűrést és statisztikai előkészítést PLINK v1.9 és az *argyle* R package felhasználásával végeztük RStudio környezetben. A fajspecifikus eltérések miatt a PLINK beállításait a galamb kariotípushoz igazítottuk: mivel a galamb 80 kromoszómával rendelkezik, a házityúk pedig 78, ezért az autoszómák kezeléséhez a `--chr-set 40` opciót állítottuk be. A madarak ivari kromoszóma-jelölése (ZZ/ZW) miatt az extra kromoszómák elfogadására az `--allow-extra-chr` opciót alkalmaztuk. A változók mintaszintű hiányzásának szűrésére a `--geno 0.05` beállítást használtuk, a ritka allélek kizárására pedig minor allélfrekvencia (MAF) alapú szűrést alkalmaztunk ( $MAF < 0,01$  kizárása). Linkage disequilibrium (LD) alapú ritkításra az `--indep-pairwise 50 5 0.5`, illetve alternatív küszöbvel az `--indep-pairwise 50 5 0.9` paramétereket futtattuk.

#### Statisztikai elemzések és az eredmények kiértékelése

A minőségellenőrzést követően főkomponens-analízist (PCA) végeztünk a két hasznosítási típus genetikai mintázatainak összehasonlítására. Továbbá, a keresztalkalmazás optimalizálását és a minőségellenőrzést követően a markerhalmazt célzott szakirodalmi szűréssel szűkítettük, és olyan SNP-ket azonosítottunk és emeltünk ki, amelyekhez korábbi tanulmányok húsminőséget befolyásoló fenotípusokat, illetve húsminőségi QTL-eket rendeltek.

## 4. EREDMÉNYEK ÉS ÉRTÉKELÉSÜK

### 4.1. Mitokondriális markeren alapuló vizsgálatok eredményei (I. és II. vizsgálat)

#### 4.1.1. Genetikai diverzitás indexek

A genetikai diverzitás és a populációk közötti kapcsolatok vizsgálatát mitokondriális és nukleáris markerek felhasználásával végeztük. A mitokondriális DNS COI régióján alapuló elemzések két, eltérő primerkészlettel előállított adatkészleten alapultak, amelyek egymástól függetlenül kerültek feldolgozásra.

Az I. vizsgálatban a hagyományos fajtacsoportosításon alapuló genetikai diverzitás indexeket a 4. táblázatban foglaltam össze.

**4. táblázat:** Az I. vizsgálat hagyományos fajtacsoport szerinti genetikai diverzitás indexei

| Indexek<br>Csoportok   | Elemszám (n) | Polimorfizmusok<br>száma | Haplotípusok<br>száma | Haplotípus<br>diverzitás ( $H_d$ )<br>$\pm$ SD | Nukleotid<br>diverzitás ( $\pi$ ) $\pm$ 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 átlagosnál 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. A különböző diverzitási indexek összessége alapján az alakgalambok a házigalamb fajon belül viszonylag magas genetikai diverzitású csoportot képviselhetnek, ami a hústípusú genotípusok fejlesztése szempontjából fontos eredmény.

Az adatokat a fajták kitenyésztési helye szerinti földrajzi csoportok alapján is értékeltük, az így képzett régiók genetikai diverzitás indexeit az 5. táblázat foglalja össze.

**5. táblázat:** Az I. vizsgálat földrajzi régiók szerinti csoportosításának genetikai diverzitás indexei

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

Az 5. táblázatban az látható, hogy az ázsiai fajtákban (129) és az alföldi fajtákban (91) magas a polimorfizmusok száma, és ezzel összhangban ebben a két csoportban magas a haplotípusok száma is. A haplotípusok számát tekintve a legtöbb haplotípus az ázsiai fajták (15) és az alföldi fajták (13) esetében volt, mely értékek a többi földrajzi csoport esetében jóval alacsonyabbak. A mediterrán fajták csoportjában mért magas haplotípus diverzitás ( $H_d$  = 0,576  $\pm$  0,078) feltehetően összefügg a fajták összetettebb eredetével és tenyésztéstörténetével. A szakirodalom alapján a házigalambfajták genetikai mintázatát a hosszú mesterséges szelekció, az ismételt fajták közötti keresztezések és introgresszió, valamint az eltérő földrajzi és tenyésztéstörténeti háttér egyaránt alakította (STRINGHAM és mtsai., 2013; SHAPIRO és DOMYAN, 2013). Ennek megfelelően a mediterrán csoport magasabb diverzitása összhangban lehet e fajták hosszabb tenyésztéstörténetével és összetettebb eredetével. Ez különösen szembeötlő az amerikai fajták ( $H_d$  = 0,191  $\pm$  0,093) és a magyar húsgalamb fajták ( $H_d$  = 0,105  $\pm$  0,092)

csoportjához képest, amelyek kevesebb mintát is tartalmaztak. A fajták földrajzi eredetén alapuló vizsgálat során kapott eredmények elsősorban a kárpát-medencei (alföldi) csoport ősiségére vonatkozó hipotézist támasztják alá. Mindemellett a mediterrán és a kárpát-medencei térség fajtái közötti történeti-genetikai kapcsolat lehetősége egyelőre nem zárható ki, így az sem, hogy egyes magyar fajták kialakulásában mediterrán eredetű állományoknak is szerepük lehetett.

Noha az amerikai, ázsiai és mediterrán térségben a korai galambtenyésztés jól dokumentált, a Kárpát-medencéből kevés ilyen jellegű közvetlen bizonyíték maradt fenn, így a térség galambtenyésztésének eredete bizonytalan. Az eredmények alapján az eltérő mintaszámok ellenére az alföldi fajták haplotípus diverzitás ( $H_d=0,486 \pm 0,071$ ) értékei is magasak voltak, csak úgy, mint a mediterrán ( $H_d=0,576 \pm 0,078$ ) és az ázsiai csoportokban ( $H_d=0,305 \pm 0,057$ ). Ez arra utal, hogy a nagytestű házigalambok a Kárpát-medencében feltehetően hosszú ideje jelen lehetnek, és nem csupán az elmúlt 100–200 évben kerültek ide, ami összhangban áll azzal, hogy a magyar óriás galambról már a 17. századból is maradtak fenn írásos említések, miszerint a fajta ekkor a Nagy-Alföldön már ismert és elterjedt volt (SZŰCS, 1990; SIPOS és mtsai., 2019).

Hasonló tendencia rajzolódott ki a nukleotid diverzitás ( $\pi$ ) alapján is. A legmagasabb  $\pi$  értéket az ázsiai fajták esetében kaptuk ( $\pi = 0,0313 \pm 0,0165$ ), ezt követték az alföldi fajták ( $\pi = 0,0245 \pm 0,0133$ ), majd a mediterrán fajták ( $\pi = 0,0181 \pm 0,0104$ ). Mivel a nukleotid diverzitás a két véletlenszerűen kiválasztott DNS-szekvencia közötti átlagos nukleotid különbséget fejezi ki, ezek a magasabb értékek arra utalnak, hogy a csoportokban a mitokondriális szekvenciák közötti átlagos eltérés nagyobb, vagyis a genetikai változatosság is nagyobb mértékű. Ezzel szemben a magyar húsgalamb fajták ( $\pi = 0,0092 \pm 0,0061$ ), különösen pedig az amerikai fajták ( $\pi = 0,0009 \pm 0,0014$ ) alacsony nukleotid diverzitást mutattak, ami kisebb átlagos szekvenciakülönbségre és homogénebb maternális állományra utal. A jelen vizsgálat csoportjait összehasonlítva tehát az ázsiai és alföldi csoportok nukleotid diverzitása viszonylag magasnak, a mediterrán csoporté közepesnek, míg a magyar húsgalamboké és az amerikai fajtáké alacsonynak tekinthető. Az elemszámbeli különbségek ellenére a fent említett csoportokban kiegyenlített nukleotid diverzitás értékeket kaptunk, annak ellenére, hogy a mediterrán és az ázsiai régiók történetileg és időben is hosszabb evolúciós periódusokat tartanak nyilván. Mivel Ázsia volt a faj házasításának központja, így logikus, hogy ott a legnagyobb a változatosság. Nemcsak a galambok, de más fajok esetében is igaz, hogy a Kárpát-

medencében számos érintkezési zóna található, ahol mind a faji diverzitás, mind a populáció diverzitás magas. Ezért gyakran a biodiverzitás gócpontjaként is emlegetik ezt a területet (MRÁZ és MICHAŁ., 2016; KAJTOCH és mtsai., 2016).

Az I. vizsgálatban a diverzitás indexeket közvetlenül fajtákra vonatkozóan is kiszámoltuk, melyek a 6. táblázatban kerültek összefoglalásra.

**6. táblázat:** Az I. vizsgálatba vont fajták genetikai diverzitás indexei

| Fajták                  | Indexek | Elemsszám<br>(n) | Polimorfizmusok<br>száma | Haplotípusok<br>száma | Haplotípus<br>diverzitás<br>( $H_d$ ) $\pm$ SD | Nukleotid<br>diverzitás<br>( $\pi$ ) $\pm$ SD |
|-------------------------|---------|------------------|--------------------------|-----------------------|------------------------------------------------|-----------------------------------------------|
| alföldi buga galamb     |         | 12               | 3                        | 3                     | 0,318 $\pm$ 0,164                              | 0,0024 $\pm$ 0,0025                           |
| alföldi parasztgatyás   |         | 10               | 61                       | 2                     | 0,200 $\pm$ 0,154                              | 0,0589 $\pm$ 0,0329                           |
| bucharai dobos          |         | 7                | 1                        | 2                     | 0,286 $\pm$ 0,196                              | 0,0014 $\pm$ 0,0019                           |
| hubbel                  |         | 10               | 2                        | 3                     | 0,378 $\pm$ 0,181                              | 0,0019 $\pm$ 0,0022                           |
| iraki raabi galamb      |         | 50               | 2                        | 5                     | 0,191 $\pm$ 0,074                              | 0,0006 $\pm$ 0,0010                           |
| iraki vörös galamb      |         | 47               | 4                        | 4                     | 0,125 $\pm$ 0,065                              | 0,0010 $\pm$ 0,0014                           |
| kárnó                   |         | 10               | 1                        | 2                     | 0,356 $\pm$ 0,159                              | 0,0017 $\pm$ 0,0021                           |
| king                    |         | 11               | 1                        | 2                     | 0,182 $\pm$ 0,144                              | 0,0009 $\pm$ 0,0014                           |
| magyar csirke<br>galamb |         | 8                | 0                        | 1                     | 0,000 $\pm$ 0,000                              | 0,0000 $\pm$ 0,0000                           |
| magyar házigalamb       |         | 9                | 3                        | 2                     | 0,222 $\pm$ 0,166                              | 0,0032 $\pm$ 0,0031                           |
| magyar óriás galamb     |         | 15               | 42                       | 5                     | 0,629 $\pm$ 0,125                              | 0,0284 $\pm$ 0,0161                           |
| magyar óriás begyes     |         | 14               | 2                        | 3                     | 0,275 $\pm$ 0,148                              | 0,0014 $\pm$ 0,0017                           |
| mirthys                 |         | 10               | 34                       | 3                     | 0,378 $\pm$ 0,181                              | 0,0329 $\pm$ 0,0191                           |
| mondain                 |         | 10               | 32                       | 4                     | 0,533 $\pm$ 0,180                              | 0,0317 $\pm$ 0,0185                           |
| parókás galamb          |         | 10               | 120                      | 6                     | 0,778 $\pm$ 0,137                              | 0,1894 $\pm$ 0,1019                           |
| római galamb            |         | 10               | 1                        | 2                     | 0,356 $\pm$ 0,159                              | 0,0017 $\pm$ 0,0021                           |
| szalontai óriás         |         | 13               | 66                       | 5                     | 0,731 $\pm$ 0,096                              | 0,0521 $\pm$ 0,0285                           |
| szováti kék             |         | 11               | 18                       | 2                     | 0,182 $\pm$ 0,144                              | 0,0158 $\pm$ 0,0099                           |
| texán                   |         | 9                | 0                        | 1                     | 0,000 $\pm$ 0,000                              | 0,0000 $\pm$ 0,0000                           |

Ebben a táblázatban a haplotípus diverzitás magasabb értékeit mutattuk ki a parókás galambban ( $H_d=0,778\pm0,137$ ), a szalontai óriásban ( $H_d=0,731\pm0,096$ ), a magyar óriás galambban ( $H_d=0,629\pm0,125$ ) és a mondain fajtában ( $H_d=0,533 \pm0,180$ ). A legalacsonyabb értéket pedig a magyar csirkegalamb és a texán esetében (0,0000) kaptuk, ami legalább részben ezen fajták alacsony elemszámának tudható be (magyar csirkegalamb  $n=8$ , texán  $n=9$ ). Az iraki vörös galamb ( $H_d=0,125\pm0,065$ ) és a raabi galamb ( $H_d=0,191\pm0,074$ ) egymással hasonló haplotípus diverzitás értékeket mutatnak, de a polimorfizmusok száma magasabb az iraki vörös galambban (4), mint az iraki raabi esetében (2). A parókás galamb, a szalontai óriás és a magyar óriás galamb esetében kapott magas haplotípus diverzitás értékek arra utalhatnak, hogy ezekben a fajtákban az anyai vonalak változatossága nagyobb. Ennek hátterében nemcsak az állhat, hogy e fajták tenyésztéstörténete korábbra nyúlik vissza, hanem az is, hogy több maternális vonal öröközhetett meg bennük, illetve a kialakításukban több alapító állomány vehetett részt, illetve a fajták közötti génáramlás és keresztezések is hozzájárulhattak a magasabb

mtDNS-diverzitáshoz (NADERI és mtsai., 2007; CIESLAK ÉS MTSAL., 2010; FERRANDO és mtsai., 2015). Ezzel szemben az alacsonyabb  $H_d$  értékek zártabb tenyésztési gyakorlatra, alapítóhatásra vagy szűkebb anyai bázisra is utalhatnak, bár az alacsony elemszám egyes esetekben az értékek értelmezését korlátozhatja (TOALOMBO és mtsai., 2019). A mondain esetében pedig egy világszinten is elterjedt és népszerű fajtáról van szó, melynek kialakításához számos fajtát felhasználtak, ami magyarázhatja a mért értékeket.

A különböző elemszámú, illetve elméleti- és szakmai csoportosítások közötti különbségek szemléltetésére megfelelőek lehetnek az eltérő adatkészletekkel elvégzett hasonló vizsgálatok, ezért a 7. táblázatban a II. vizsgálatból származó, eltérő mtDNS COI szakasz szekvenciáinkon alapuló elemzés diverzitás indexeit foglaltuk össze.

**7. táblázat:** A II. vizsgálatból származó mtDNS diverzitás indexek a 7 nagytestű házigalamb populációra vonatkozóan

| Indexek<br>Fajták      | Elemszám<br>(n) | Polimorfizmusok<br>száma | Haplotípusok<br>száma | Haplotípus<br>diverzitás ( $H_d$ ) $\pm$<br>SD | Nukleotid<br>diverzitás ( $\pi$ ) $\pm$<br>SD |
|------------------------|-----------------|--------------------------|-----------------------|------------------------------------------------|-----------------------------------------------|
| alföldi buga<br>galamb | 6               | 9                        | 4                     | 0,800 $\pm$ 0,172                              | 0,006 $\pm$ 0,002                             |
| magyar óriás<br>begyes | 9               | 3                        | 4                     | 0,583 $\pm$ 0,183                              | 0,002 $\pm$ 0,001                             |
| magyar óriás<br>galamb | 7               | 17                       | 5                     | 0,905 $\pm$ 0,103                              | 0,014 $\pm$ 0,002                             |
| king                   | 8               | 7                        | 5                     | 0,786 $\pm$ 0,151                              | 0,003 $\pm$ 0,001                             |
| mondain                | 7               | 16                       | 4                     | 0,857 $\pm$ 0,102                              | 0,014 $\pm$ 0,003                             |
| római galamb           | 8               | 9                        | 7                     | 0,964 $\pm$ 0,077                              | 0,004 $\pm$ 0,001                             |
| szalontai óriás        | 6               | 10                       | 3                     | 0,600 $\pm$ 0,046                              | 0,006 $\pm$ 0,003                             |

A genetikai diverzitás indexek eltérő mértékű genetikai variációt jeleznek ezen fajták esetében. A magyar óriás galamb rendelkezett a legmagasabb polimorfizmus-számmal (17), ezt követte a mondain (16) és a szalontai óriás (10). A legalacsonyabb polimorfizmus-számot a magyar óriás begyes galambban detektáltuk (3), míg a king (7) és a római galamb (9) esetében szintén alacsonyabb számok voltak a jellemzőek.

A haplotípusok száma egyenletesebben oszlott el a fajták között. A római galamb rendelkezett a legtöbb haplotípussal (7), míg a king és a magyar óriás azonos számú haplotípust mutatott (5). A haplotípus diverzitás ( $H_d$ ) hasonló trendet követett, mint a polimorfizmusok száma. A római galamb ( $H_d = 0,964 \pm 0,077$ ) és a magyar óriás galamb ( $H_d = 0,905 \pm 0,103$ ) mutatta a legmagasabb haplotípus diverzitás értékeket, illetve a

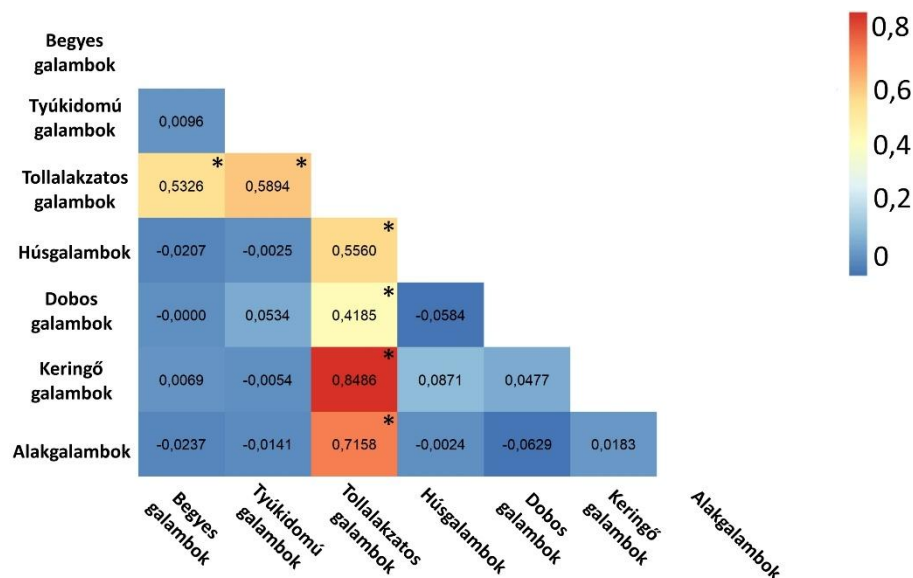
mondain ( $H_d = 0,857 \pm 0,102$ ), valamint az alföldi buga galamb ( $H_d = 0,800 \pm 0,172$ ) is magas értékeket mutatott. A legalacsonyabb haplotípus diverzitás a magyar óriás begyes galambnál volt megfigyelhető ( $H_d = 0,583 \pm 0,183$ ).

A nukleotid diverzitás általánosságban alacsony volt, kivéve a mondain ( $\pi = 0,014 \pm 0,003$ ) és a magyar óriás galamb ( $\pi = 0,014 \pm 0,002$ ) esetében.

A két primerpárral kapott mtDNS diverzitási eredmények a hét, mindkét vizsgálatban szereplő fajta esetében részben hasonló, részben pedig markerfüggő mintázatot mutattak. A II. vizsgálatban használt BirdF1-BirdR1 primer párral a legtöbb fajtában nagyobb haplotípus számot és magasabb haplotípus diverzitást kaptunk, ami arra utal, hogy ez a szakasz érzékenyebben különítette el a közeli maternális variánsokat. Ugyanakkor a nukleotid-diverzitás nem változott egységes irányban. A magyar óriás galamb és a mondain mindkét primerrel a diverzebb fajták közé tartozott, míg a magyar óriás begyes mindkét esetben alacsonyabb diverzitást mutatott. A legmarkánsabb eltérés a szalontai óriásnál jelentkezett, ahol az I. vizsgálatból származó, általunk tervezett primer párral jóval magasabb polimorfizmuszámot és nukleotid-diverzitást detektáltunk, míg a szakirodalmi primer párral mérsékeltebb változatosság rajzolódott ki. Ezzel szemben a római galambnál a BirdF1-BirdR1 primer lényegesen több haplotípust és magasabb haplotípus diverzitást tárt fel. Összességében a két primer pár által kirajzolt kép nem ellentmondásos, de nem is teljesen azonos. A második vizsgálat több esetben finomabb haplotípusos tagoltságot mutatott, míg az első vizsgálat néhány fajtában jelentősebb szekvencia eltéréseket tárt fel.

#### *4.1.2. Genetikai távolság értékek Fixációs index alapján*

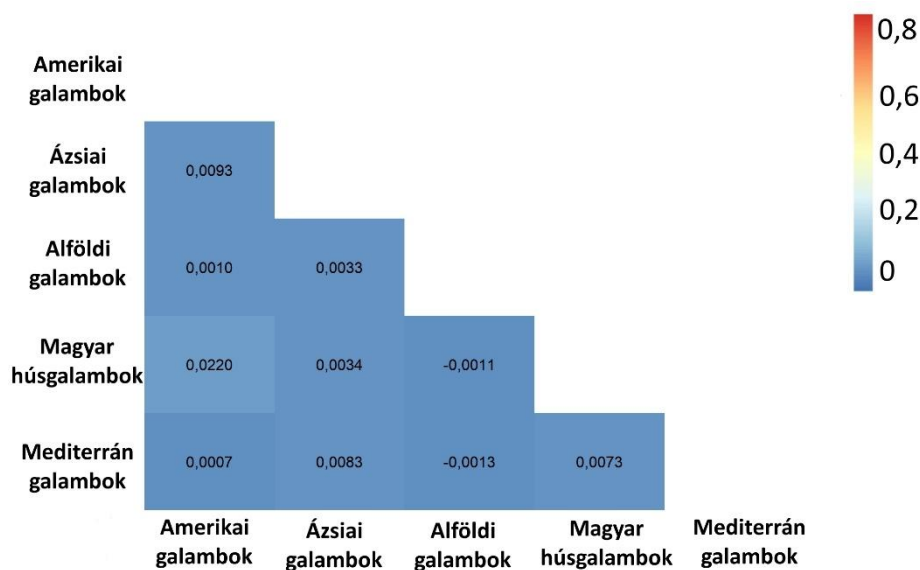
A fixációs index ( $F_{ST}$  érték) azon nukleotid helyek arányát jelenti, ahol a szekvenciák különböző bázisokat tartalmaznak az összehasonlított párok között. Az 5. ábra az I. vizsgálatból származó hagyományos fajtacsoportosításra vonatkozó genetikai távolságokat foglalja össze az  $F_{ST}$  értékek alapján páronkénti összehasonlításban, hőtérképen ábrázolva. Az ábrán látható negatív  $F_{ST}$  értékek pedig azt jelentik, hogy a két összehasonlított fél között annyira szoros a kapcsolat, hogy gyakorlatilag nem érzékelhető a köztük lévő genetikai távolság, illetve az is előfordulhat, hogy a csoportokban lévő elemszám nem volt elegendő a teszt elvégzéséhez (GERLACH és mtsai., 2010; PRISKIN, 2010).



**5. ábra:** Az I. vizsgálatból származó páronkénti  $F_{ST}$  összehasonlítás a hagyományos fajtacsoportosítás alapján (\*: a statisztikailag szignifikáns értékeket ( $p < 0,05$ ) jelölik)

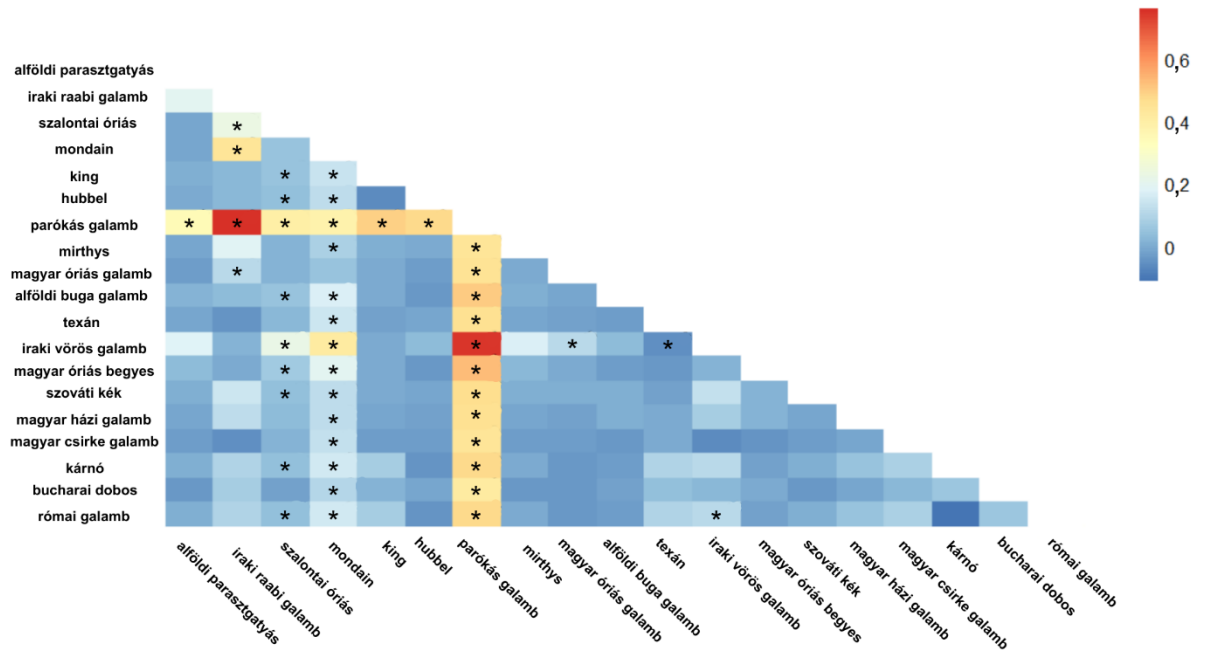
Az 5. ábrán látható, hogy a tollalakzatos galambok csoportja minden összehasonlításban nagy és szignifikáns genetikai távolságot mutatott. Az eredmény értelmezésekor azonban figyelembe kell venni, hogy ebben az adathalmazban ezt a fajtacsoportot egyetlen fajta reprezentálta, így a megfigyelt eltérés valószínűleg elsősorban a fajta sajátos tenyésztéstörténetével függ össze, ugyanis a fajta jelenlegi formája 3 különböző kontinensen alakult ki az 1500-as évektől kezdődően (HE és JIA, 2015).

A földrajzi régiók szerinti csoportok közötti genetikai távolság páronkénti  $F_{ST}$  értékeit a 6. ábrán látható hőtérkép foglalja össze.



**6. ábra:** Páronkénti genetikai távolság ( $F_{ST}$ ) földrajzi régiók szerinti csoportok között – I. vizsgálat

Az 5. és 6. ábrán szereplő hő térképek egységes színskálával kerültek ábrázolásra, így a különböző csoportosításokból származó  $F_{ST}$ -értékek közvetlenül összehasonlíthatók. Az ábrák alapján jól látható, hogy a földrajzi régiók szerinti csoportok közötti genetikai differenciálódás lényegesen kisebb mértékű, mint a hagyományos fajtacsoportok között megfigyelhető különbségek. A 6. ábrán bemutatott  $F_{ST}$ -értékek rendkívül szűk tartományban mozognak, és egyik összehasonlítás sem bizonyult statisztikailag szignifikánsnak. Eredményeink alapján a földrajzi régiók szerinti csoportosítás a vizsgált minták genetikai szerkezetét nem magyarázza érdemi mértékben. A legnagyobb távolság az amerikai fajták és a magyar húsgalambok csoportja között van (0,022), míg a mediterrán fajták közel állnak az ázsiai fajtákhoz (0,008) és a magyar húsgalamb fajtákhoz (0,007). Az amerikai fajták és a magyar húsgalambok közötti eredmény arra utal, hogy a magyar húsgalamb fajták kialakulása még az 1970-es években zajló amerikai fajták térhódítása előtti alapokra épült, így létrehozásuk során nem a korabeli legkorszerűbbnek tartott amerikai állományt, hanem inkább európai, illetve saját genotípusokat használtak fel. Az alföldi csoport mind a mediterrán, mind a magyar húsgalamb fajtákhoz képest negatív értékeket mutatott, ami arra utal, hogy a csoporton belüli variancia nagyobb volt, mint a csoportok közötti variancia. Ez kis genetikai távolságra utal, melyből arra lehet következtetni, hogy a mediterrán térségből származó nagytestű galamb fajtákkal közeli rokonságban állnak, a régiótól függetlenül. A kutyafajták példája jól mutatja, hogy zárt tenyésztési rendszerekben a fajták között nagy genetikai távolságok alakulhatnak ki (PARKER és mtsai., 2004; VAYSSE és mtsai., 2011), míg a házigalambok többsége esetében a zárt (törzskönyves) tenyésztési rendszerek hiánya és a vonalak közötti génáramlás miatt kevésbé éles genetikai határokat mutatnak (átlagos  $F_{ST}$ : kutya = 0,33; galamb = 0,24) (STRINGHAM és mtsai., 2012). A 7. ábrán láthatóak a fajták szerinti összehasonlítások genetikai távolságai, melyet a könnyebb áttekinthetőség érdekében számértékek nélkül vizualizáltunk.



**7. ábra:** Az I. vizsgálatba vont fajták közötti genetikai távolságmátrix hőterképen ábrázolva  $F_{ST}$  alapján, (\*: a statisztikailag szignifikáns értékeket ( $p < 0,05$ ) jelölik.)

Az I. vizsgálatba vont fajtánkénti genetikai távolságokat bemutató hőterkép alapján megfigyelhető, hogy egyes fajták genetikai távolság szempontjából igen közel állnak egymáshoz. A magyar óriás galamb és a magyar óriás begyes közötti genetikai távolság különösen alacsony ( $F_{ST} = 0,002$ ), ami a két fajta közeli rokonságára és valószínűsíthető közös eredetére utal. A magyar fajták általában viszonylag kis genetikai távolságot mutatnak egymáshoz képest, viszont a statisztikai módszer korlátai miatt bizonyos értékek nem számszerűsíthetők, ugyanakkor ez a közelség a közös tenyésztési háttérrel és a földrajzi közelséggel is magyarázható.

Kivételt képez a szováti kék, amely több fajtától nagyobb genetikai távolságot mutat, különösen a parókás galambbal ( $F_{ST} = 0,470$ ), az iraki vörös galambbal ( $F_{ST} = 0,126$ ) és az iraki raabi galambbal ( $F_{ST} = 0,149$ ) összevetve. Az ezekhez az összevetésekhez tartozó értékek statisztikailag szignifikánsak, ami a populációk közötti jelentős genetikai elkülönülést támasztja alá.

A magyar házi galamb – amely nem hivatalosan elismert fajta – szoros genetikai kapcsolatot mutat több magyar fajtával. A legkisebb genetikai távolság az alföldi buga galambbal figyelhető meg ( $F_{ST} = 0,004$ ), ami arra utalhat, hogy ezek a fajták közeli genetikai háttérrel, esetleg azonos forrás populációval rendelkeznek. Ezek az eredmények

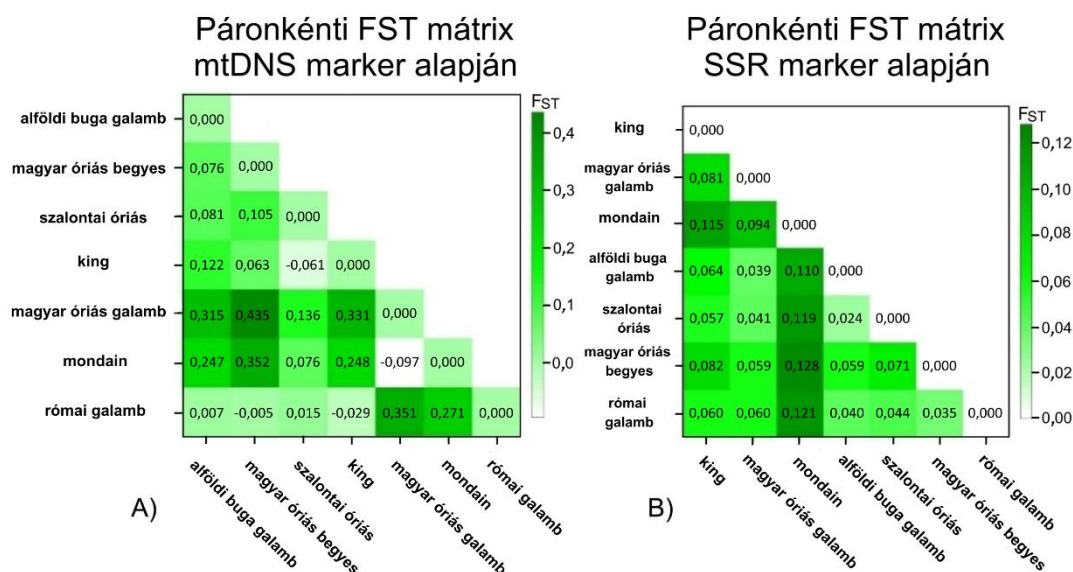
egybecsengenek a tenyésztők körében élő tenyésztéstörténettel és a fajták nagyrészt átfedő földrajzi elterjedtségével is.

A hőtérképen különösen jól látható, hogy a parókás galamb az összes fajtával összevetve viszonylag nagy genetikai távolságot mutat, ami a vizsgált fajták között egy markáns genetikai elkülönülést jelez. Ez arra utalhat, hogy ez a fajta eltérő tenyésztési háttérrel vagy hosszabb idő óta elkülönülten fejlődő genetikai állománnyal rendelkezik. Erre magyarázattal szolgálhatnak rendkívül extrém fajtajegyei, amiket keresztezésekkel azonnal elveszítenek a tenyésztők (M2.4. táblázat).

A texán galambra vonatkozó eredményeket fenntartásokkal kell kezelni, mivel ebben a fajtában mindössze egy haplotípust detektáltunk, és a genetikai diverzitási index értéke is alacsony volt, ami valószínűleg a kis mintaszámmal magyarázható. A king és a kárnó viszonylag kis genetikai távolságot mutat több fajtától, ami arra utalhat, hogy ezek a hústípusú galambfajták genetikai szempontból kevésbé különültek el a vizsgált populációk többségétől, ami egybevág a hús-/nagytestű fajták közös eredetéről és a köztük zajló keresztezésekről szóló korábbi leírásokkal (EGGLESTON, 1921).

#### 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 hőtérkép formájában a 8A–B ábrán találhatók. A hőtérképek színskálája az adott  $F_{ST}$ -mátrix értéktartományához igazodik, ezért a különböző markerrendszerekből származó ábrák színintenzitása közvetlenül nem hasonlítható össze.



**8. ábra:** Genetikai távolságértékek hőtérképpel ábrázolva mindkét marker esetében

A két markerrendszer eltérő genetikai mintázatot mutatott. Az mtDNS alapú  $F_{ST}$ -mátrix bizonyos fajtapárok esetében nagyobb genetikai differenciálódást jelzett (8A), míg a mikroszatellit markerek összességében alacsonyabb  $F_{ST}$ -tartományban mozogtak (8B), ugyanakkor több lókuszon alapuló, nukleáris genetikai képet adtak. A mikroszatellit eredmények ezért a vizsgált fajták közötti kapcsolatok értelmezésében kiegészítő, és bizonyos szempontból stabilabb információt nyújtanak, míg az mtDNS eredmények elsősorban az anyai leszármazási vonalak eltéréseit tükrözik. A legkisebb genetikai távolságot a mondain és a magyar óriás galamb között detektáltuk, míg a legnagyobbat a magyar óriás galamb és a magyar óriás begyes között. Ez az eredmény ugyanakkor eltér a mikroszatellit markerrel kapott képtől, valamint a 19 fajtát felölelő korábbi elemzésben kirajzolódó mintázattól is, ahol a magyar óriás és a magyar óriás begyes inkább közelebbi kapcsolatot mutatott. Ennek alapján a két fajta közötti mtDNS-alapú nagyobb távolságot nem célszerű általános genetikai elkülönülésként értelmezni, hanem inkább úgy, mint amely elsősorban a maternális leszármazási vonalak eltérő szerveződését tükrözi.

A mikroszatellit markerrel készült hőtérkép (8B) ezzel szemben rendezettebb képet adott, és jobban illeszkedett a nagyobb elemszámú, 19 fajtát vizsgáló elemzés eredményeihez (7. ábra). Ebben az esetben a mondain egyértelműbben elkülönült a többi fajtától, míg a magyar óriás galamb és a magyar óriás begyes közötti kapcsolat a mitokondriális eredményekhez képest közelebbinek mutatkozott. Ez arra utal, hogy a több lókuszon alapuló, biparentálisan öröklődő mikroszatellit markerek megbízhatóbban tükrözik a fajták teljes genetikai kapcsolatát, mint az egyetlen maternális markerre épülő mtDNS-

vizsgálat. A nemzetközi fajták közül a római galamb és a king genetikailag közelebbinek tűnt a magyar fajtához, míg a mondain a II. vizsgálatban kapott mindkét marker alapján izoláltabbnak bizonyult. Ezt a mikroszatellit marker-elemzés alapján készített hőtérkép is alátámasztja (8B ábra), ahol a mondain egyértelműen elkülönül a többi fajtától. Ebben az esetben a magyar óriás galamb mutatta a legnagyobb távolságot a mondaintól, ami megerősíti a mitokondriális adatokból kirajzolódó trendeket, ugyan csak mérsékelt következetességgel. A vizsgálatban alkalmazott genetikai markerek variabilitása és evolúciós „jele” eltérő, ami  $F_{ST}$  értékekben és populációk közötti távolságokban is különbségekhez vezet. Ezek az eltérések befolyásolhatják a klaszterezési mintázatokat, illetve a hőtérképeken látható elrendeződést, ahogyan azt a két hőtérkép is szemlélteti. Összességében a mitokondriális és a mikroszatellit markerekkel kapott eredmények eltérő rokonsági mintázatokat mutattak a vizsgált fajták között, ami a két markertípus eltérő felbontóképességével (AKIB és mtsai., 2015), illetve a leszármazási vonalak eltérő rendeződésével (lineage sorting), illetve a vizsgálatok során eltérő elemszámokkal magyarázható.

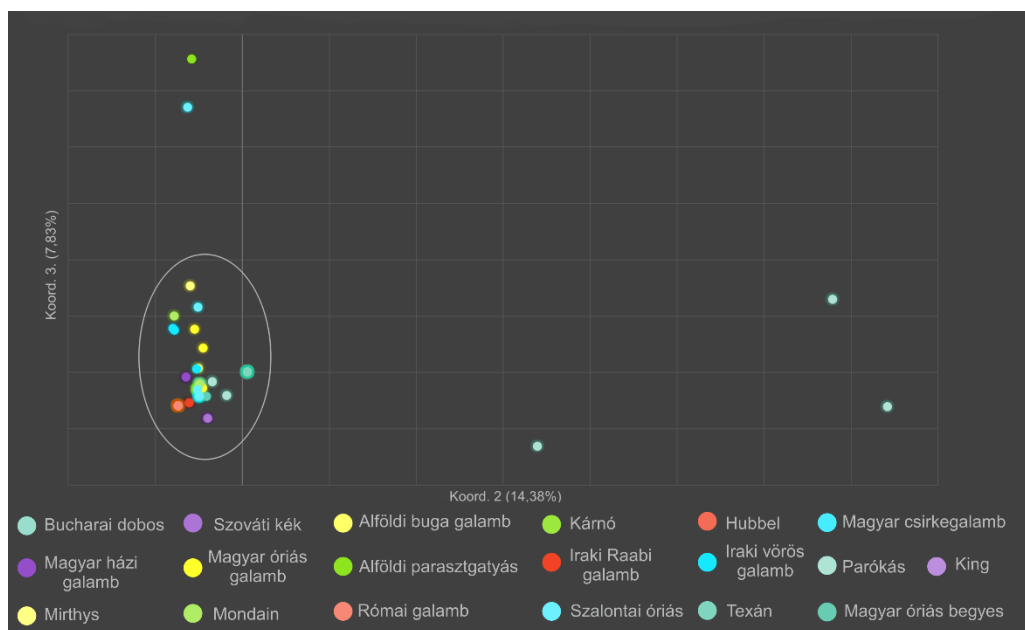
A 13 mikroszatellit lókuszt használó elemzés összességében magasabb  $F_{ST}$  értékeket eredményezett, ami arra utal, hogy ez a markertípus nagyobb felbontást biztosít a galambfajták közötti genetikai differenciálódás kimutatásában.

A két markertípuson alapuló genetikai távolság vizsgálat során kapott  $F_{ST}$ -értékek magasabbak voltak, mint a más galambfajokon, illetve az elvadult házigalamb-populációkon végzett egyes vizsgálatokban közölt értékek (MONCEAU és mtsai., 2013; GIUNCHI és mtsai., 2020), ugyanakkor összemérhetők voltak az európai–mediterrán típusú házigalamb fajták körében leírt eredményekkel (BIGI és mtsai., 2016). Lengyel populációkhoz képest (PODBIELSKA és RADKO, 2022) erősebb differenciálódást és kisebb génáramlást találtunk, ami inkább a célzott szelekcióval és lokális tenyésztési preferenciákkal, semmint pusztán földrajzi szeparációval magyarázható. Mivel egyik érték sem haladta meg a 0,430-at, a géncsere korlátozottsága valószínűleg inkább szelektív tenyésztési döntésekből, mintsem természetes térbeli akadályokból ered (HALL és mtsai., 2022).

#### *4.1.3. Főkoordináta elemzések*

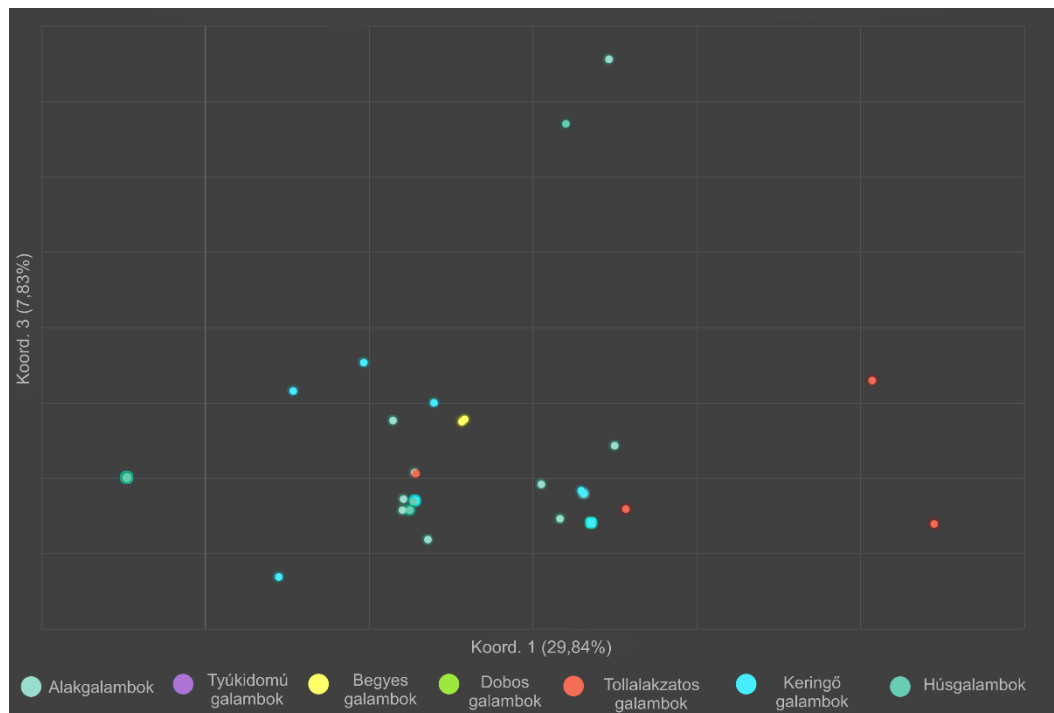
A főkoordináta analízis (PCoA) egy népszerű többváltozós elemzési módszer, amely lehetővé teszi a közelségi mátrixok elemzését és megjelenítését, például a genetikai

távolság értékek felhasználásával. A genetikai távolságértékek felhasználásával többféle csoportosítási rendszerre is elvégeztük a PCoA-t, mely eredményei jól alátámasztják a páronkénti  $F_{ST}$  érték alapján kapott távolságértékeket. A 9. ábra az I. vizsgálatba vont fajtánkénti összehasonlítás eredményeit reprezentálja. Ebben az esetben a szováti kék (amely az  $F_{ST}$ -értékek alapján is szignifikáns és jelentős távolságértékeket mutatott) egyedei olyan messze voltak a koordináta-rendszerben a többi fajtától, hogy nem lehetséges vizualizálni őket. A vizsgálat alapján látható, hogy a fajták többnyire egy csoportba tömörülnek, az eltérések inkább az egyedek között jelennek meg. Egyes ázsiai és mediterrán fajták pedig távolabb jelentek meg a többihez képest.



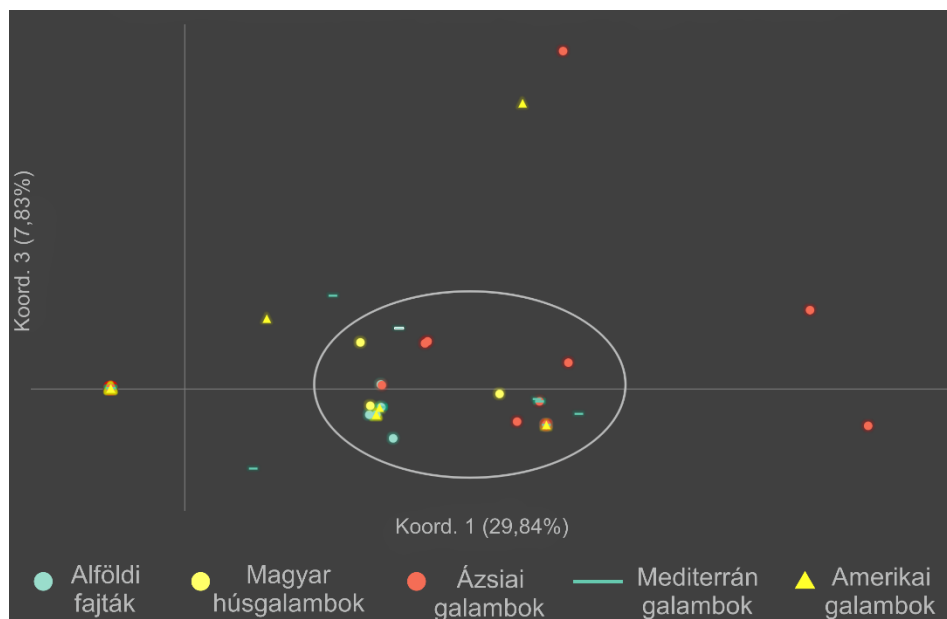
**9. ábra:** Az I. vizsgálatba vont fajták PCoA elemzése

A 10. ábra pedig az I. vizsgálat PCoA eredményeit mutatja hagyományos fajtacsoportonként, szintén genetikai távolság alapján számítva. Ebben az esetben nem tudtuk vizualizálni a tyúkidomú galambok és a dobos galambok csoportját a jelentős elkülönülés miatt. Az elvégzett PCoA elemzések közül a hagyományos fajtacsoportosítás alapján végzett elemzés alátámasztja és igazolja a hagyományos fajtacsoportok alapján való megkülönböztetés elvét és relevanciáját.



**10. ábra:** Az I. vizsgálat PCoA elemzés eredményei a hagyományos fajtacsoportok elve alapján

A 11. ábra az I. vizsgálat földrajzi régiók szerinti csoportosítás alapján mutatja be a PCoA elemzés eredményeit. Ez az ábra nem mutat egyértelmű mintázatot, nagyfokú keveredés látható az ábrán, ami eltér PACHECO és mtsai. (2020) multidimenzionális skálázásában bemutatott, részben elkülönülőbb szerkezetétől. Az eltérés csak részben magyarázható az alkalmazott csoportosítási rendszerek különbségével, mivel a korábbi vizsgálatok (STRINGHAM és mtsai., 2012; SHAPIRO és mtsai., 2013; PACHECO és mtsai., 2020) az amerikai NPA-felosztást, míg mi az EE-rendszert alkalmaztuk. Az egyes fajták besorolása ugyanis különbözik a két rendszerben. Az NPA-besorolás alapján elvégzett elemzések esetében bár bizonyos csoportoknál kimutatható volt elkülönülés, több csoport között átfedések és filogenetikai ellentmondások is megjelentek. Ennek megfelelően az általunk kapott, kevésbé éles mintázat nem feltétlenül tekinthető a korábbi vizsgálatokkal ellentétesnek, inkább arra utal, hogy a különböző besorolási rendszerek eltérő mértékben tükrözik a fajták genetikai kapcsolatait. Az összehasonlítást tovább nehezíti, hogy a korábbi tanulmányokban szereplő minták jelentős része nem az adott fajták eredeti kialakulási régiójából származtak, ezért azok következtetései is fenntartásokkal kezelendők.



**11. ábra:** Az I. vizsgálat PCoA elemzés eredményei földrajzi régiók alapján

#### 4.1.4. 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 (8. táblázat).

**8. táblázat:** AMOVA eredmények az összes csoportosítási típus szerint

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

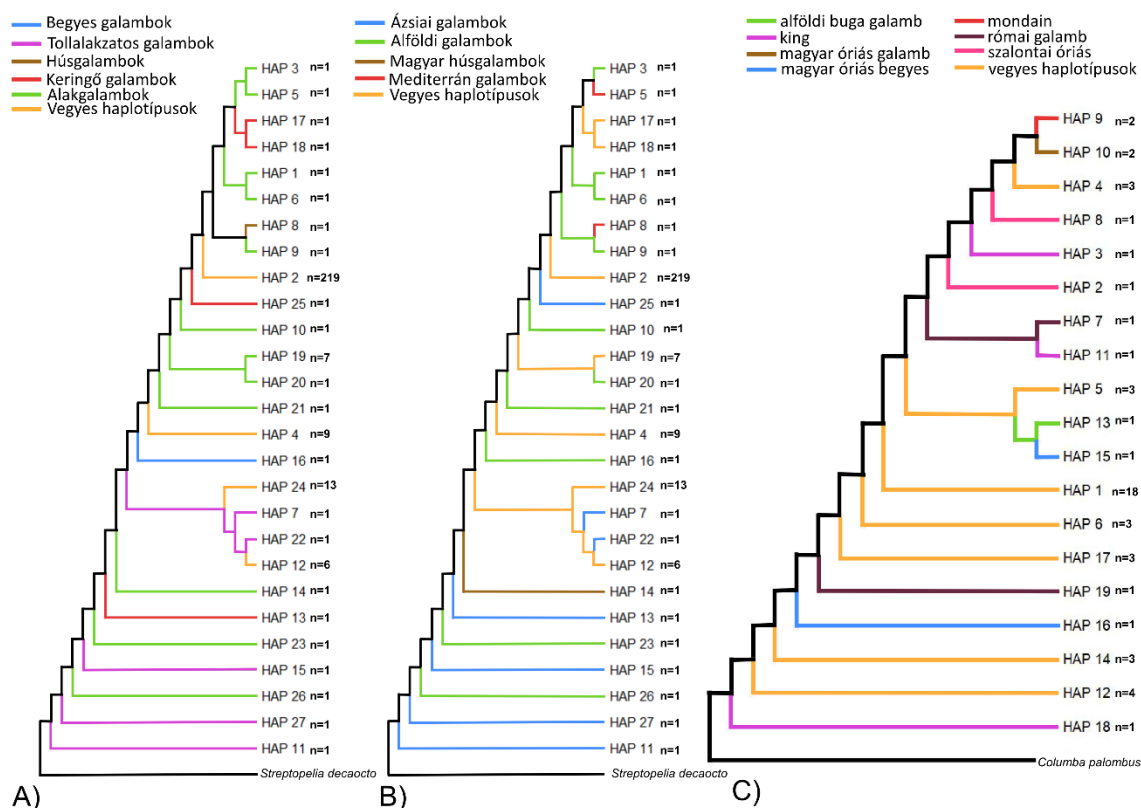
Az I. vizsgálat (IA) esetben a teljes genetikai variancia 35,07%-a a csoportok között, 64,93%-a pedig a csoportokon belül jelent meg. A fajta alapú felosztás szintén számottevő elkülönülést mutatott, de a csoportok közötti komponens itt valamivel alacsonyabb volt (30,52%). Ez arra utal, hogy a hagyományos fajtacsoportok nem csupán tenyésztéstörténeti vagy fenotípusos kategóriák, hanem genetikai szempontból is releváns egységek. Ezt az eredményt azért érdemes kiemelni, mert a háziállatfajtákon végzett AMOVA- és  $F_{ST}$ -alapú vizsgálatokban a csoportok közötti komponens gyakran ennél alacsonyabb nagyságrendű. Olasz galambfajtákban 21,34% (BIGI és mtsai., 2016), indiai kecskefajtákban 6,59% (ROUT és mtsai., 2008), etióp juhpopulációkban 8,23% (EDEA és mtsai., 2017), ibériai sertés fajtacsoportokban pedig 11,92% (GAMA és mtsai., 2013) közötti értékeket közöltek.

A II. vizsgálatban a két markertípus eltérő képet mutatott a genetikai tagoltságról. Ugyanazon egyedeket vizsgálva a COI-alapú mtDNS-elemzés (IIA) nagyobb mértékű populációk közötti varianciát mutatott ki (20,34%), mint a mikroszatellit marker (6,84%) (IIB). Eredményeink összhangban állnak GIUNCHI és mtsai. (2020) eredményeivel (90% populáción belül, 4% populációk között 12 mikroszatellit lókuszon,  $n = 194$ ). Bár galamboknál a mikroszatellit-alapú AMOVA-elemzés ritkábban jelenik meg a tanulmányokban, a két marker-típus együttes eredménye is egyértelműen arra utal, hogy a genetikai variancia döntő része a populációkon belül található.

Mivel a COI-marker a mtDNS részeként maternálisan öröklődik és nem rekombinálódik, ezért elsősorban a maternális vonalak hosszabb időléptékű jelét őrzi és a mélyebb történeti kapcsolatokat tükrözi. A markerek összevetéséből kapott információk is arra utalnak, hogy a konzervált jellege miatt a mitokondriális marker alkalmasabb lehet a házigalambfajták filogenetikai kérdéseinek tisztázásában. Habár az egyes vizsgálatok nem teljesen azonos mintavételi és marker-rendszerre épülnek, de összehasonlító keretként a kapott értékek összességében így is erős genetikai strukturáltságra utalnak.

#### *4.1.5. Haplotípusok kapcsolatainak vizsgálata*

A 12. ábrán az I. és II. vizsgálatban vizsgált fajták haplotípusai közötti kapcsolatokat dendrogramok szemléltetik. A 12A ábrán az I. vizsgálat haplotípusai láthatóak fajtacsoportok szerinti bontásban, a 12B ábrán ugyanezek földrajzi régiók szerint csoportosítva, míg a 12C ábrán a II. vizsgálat fajtánkénti haplotípus-megoszlása látható.



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

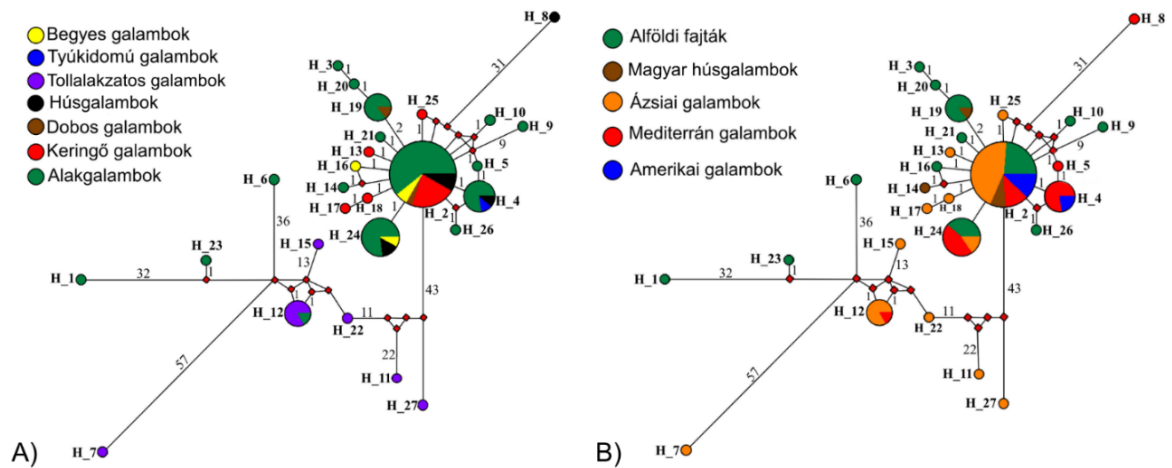
A 12A) és 12B) ábrák alapján a 27 azonosított haplotípus közül négy vegyes haplotípusként jelenik meg (HAP\_2, HAP\_4, HAP\_12 és HAP\_24), vagyis ezek több csoportban is előfordulnak. Ez arra utal, hogy a vizsgált állományban nem minden haplotípus köthető kizárólag egyetlen fajtacsoporthoz vagy földrajzi régióhoz. Különösen szembetűnő a HAP\_2 dominanciája (n=219), amely több csoportban is megjelenik, ezért ez a haplotípus általánosnak, és feltehetően ősi eredetűnek tekinthető. Ezzel szemben a legtöbb további haplotípus alacsony elemszámmal, gyakran egyetlen egyedhez kapcsolódva fordul elő, ami jelentős mitokondriális változatosságot jelez.

A fajtacsoportok szerinti dendrogramon (12A) jól látható, hogy a tollalakzatos galambok több haplotípusa a törzshöz közelebbi, alsóbb elhelyezkedésű ágakon található, ami arra utal, hogy e csoporton belül régebbi eredetű, önálló mitokondriális vonalak is fennmaradhattak. Ugyanakkor az egyes fajtacsoportok haplotípusai nem külön kládokba rendeződnek, hanem több esetben közös vagy egymáshoz közeli leszármazási ágakon fordulnak elő. A húsgalambok és az alakgalambok haplotípusai például részben egymás közelében helyezkednek el, ami a csoportok közötti szorosabb rokonságra vagy közös eredetre utalhat. Ez a mintázat összhangban áll STRINGHAM és mtsai. (2012) SNP-

alapú eredményeivel, amelyek szerint a galambfajták genetikai szerkezete csoportszinten jól követhető, ugyanakkor a csoportok között átmenetek is kimutathatók.

A földrajzi régiók szerinti felosztásban (12B) szintén megfigyelhető bizonyos fokú csoportosulás, de teljes elkülönülés itt sem látható. Az alföldi fajták több önálló haplotípussal is rendelkeznek, ugyanakkor a vegyes haplotípusok jelenléte azt mutatja, hogy a földrajzi eredet önmagában nem magyarázza teljes mértékben a haplotípusok eloszlását. Ennek megfelelően a dendrogram inkább részleges földrajzi strukturáltságot jelez, mintsem éles regionális elkülönülést. A lokális haplotípusok mellett a régiók közötti megosztott haplotípusok arra utalnak, hogy a maternális vonalak egy része széles földrajzi elterjedésű. Hasonló mintázatot írt le a mtDNS COI régióban BIRAY (2019) is, aki házigalamb-populációkban egy domináns haplotípus magas gyakoriságát találta, és ezt a háziasítás korai, közös eredetével hozta összefüggésbe. A jelen vizsgálatban a megosztott haplotípusok és a régiók közötti átfedések ezért egyaránt értelmezhetők közös eredetű vonalak és későbbi tenyésztési/kereskedelmi kapcsolatok következményeként. A 12C ábrán a II. vizsgálatban szereplő nagytestű fajták haplotípusainak dendrogramja látható. Az ábrán leginkább az látszik, hogy a fa bazálisabb, a törzshöz közelebb elhelyezkedő részét döntően több fajtában is előforduló, megosztott haplotípusok jellemzik. Ebbe a csoportba tartozik a legnagyobb elemszámú, HAP\_1-gyel jelölt haplotípus is (n=18), amely a vizsgált állomány meghatározó haplotípusának tekinthető. Ezzel szemben a fa felsőbb, terminálisabb részén nagyobb arányban jelennek meg egy-egy fajtahoz köthető haplotípusok. Ezek között több magyar fajtaához kapcsolódó haplotípus is megfigyelhető, például az alföldi buga galambhoz köthető HAP\_13, a magyar óriás begyeshez tartozó HAP\_15, a szalontai óriáshoz kapcsolódó HAP\_2 és HAP\_8, valamint a magyar óriás galambhoz tartozó HAP\_10. Ez arra utal, hogy a nagytestű galambfajták között a közös maternális eredetre utaló haplotípus-megosztás mellett részben elkülönülő, fajtaspecifikusabb fejlődési vonalak is fennmaradtak. A dendrogram tehát nem teljes fajtaszintű elkülönülést, hanem közös eredet és részleges differenciálódás együttes jelenlétét mutatja, miközben a magyar fajták több esetben önállóbb haplotípus ágakkal is képviseltetik magukat. Figyelemre méltó továbbá, hogy a HAP\_1 nagy elemszámú, megosztott haplotípusától eltekintve a dendrogram alsó és felső része közel azonos mintaszámot képvisel (16, illetve 17 egyed), ugyanakkor ezek az egyedek eltérő számú haplotípus között oszlanak meg (7 vs. 11). Ez arra utal, hogy a magyar eredetű nagytestű fajtákban belül a haplotípus-diverzitás nagyobb mértékű, ami összhangban áll azzal a

feltételezéssel, hogy e fajtákon belül differenciáltabb, részben önálló fejlődési vonalak maradhattak fenn. A haplotípusok közötti kapcsolatok feltárására haplotípus-hálózat (network) elemzést végeztünk. A 13 ábrán az I. vizsgálatban több szempont alapján kialakított csoportok láthatóak.



**13. 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.)

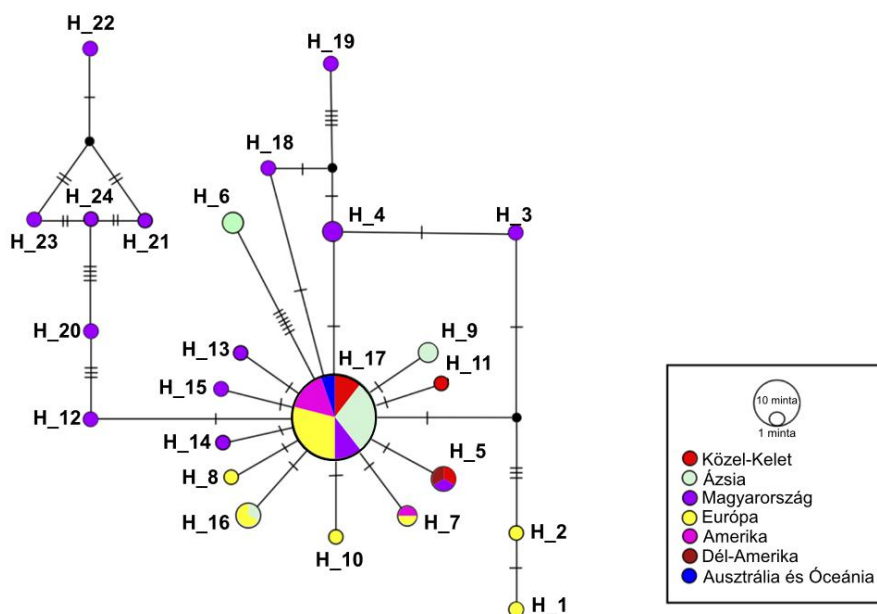
A 13A ábrán a hagyományos fajtacsoportokon alapuló besorolás szerint láthatóak a haplotípusok. Az alakgalambok több, egymástól távolabb elhelyezkedő haplotípussal képviseltetik magukat, ami e csoport nagyobb belső változatosságára utal. A keringő galamboknál szintén megjelennek ritkább, csak egy-egy mintában előforduló haplotípusok; ezek közül több jelen vizsgálatban kizárólag az iraki vörös galambhoz kapcsolódott. A tollalakzatos csoportot képviselő parókás galamb különálló pozíciója arra utal, hogy maternális háttere eltér a gyakoribb, központibb haplotípusoktól. Ez összhangban lehet a fajta összetett tenyésztéstörténetével (MOORE, 1735; SELL, 1986; STRINGHAM és mtsai., 2012; HE és JIA., 2015). Összességében a 13A ábra azt mutatja, hogy a hagyományos fajtacsoportok nem minden esetben alkotnak élesen elkülönülő maternális egységeket, ugyanakkor egyes csoportokon belül több önálló haplotípusvonal is azonosítható. Ez jól illeszkedik ahhoz, hogy a fajtacsoportok fenotípusosan jól körülírhatók, eredetüket tekintve azonban nem szükségszerűen homogének (STRINGHAM és mtsai., 2012; SHAPIRO és mtsai., 2013; PACHECO és mtsai., 2020). A 13B ábrán a haplotípusok földrajzi régiók szerinti eloszlása látható. A hálózat összképe

alapján az amerikai minták jelentős része a mediterrán régióhoz közeli vagy azzal közös haplotípusokban jelenik meg, ami összhangban áll azzal, hogy a vizsgálatba bevont nagytestű amerikai fajták kialakításában mediterrán eredetű állományok is szerepet játszhattak. Ezzel szemben a kárpát-medencei minták több kis gyakoriságú, részben lokális haplotípust is hordoznak, ami arra utal, hogy a térségben részben önálló fejlődési vonalak alakulhattak ki. A hálózatban az is megfigyelhető, hogy a kárpát-medencei haplotípusok több ponton az ázsiai mintákkal mutatnak közvetlenebb kapcsolatot (előbb ázsiai, majd kárpát-medencei haplotípusok ugyanazon ágon), míg a mediterrán csoporttal való kapcsolat inkább részleges átfedések formájában rajzolódik ki. Ez a mintázat nem támaszt alá kizárólagos eredetmodellt, de összhangban van azzal a lehetőséggel, hogy a térség állományainak kialakulásában az ázsiai irányú kapcsolatok hangsúlyos szerepet játszhattak, de helyben diverzifikálódó állományokat őrizhet. Ha a kárpát-medencei fajták inkább mediterrán eredetűek lennének, erősebb keveredést és egyértelműbb leszármazási kapcsolatokat várnánk a mediterrán mintákkal. Ezzel szemben eredményeink nagyobb átfedést jeleznek az ázsiai régióval. Mindez felveti a „genetikai híd” hipotézist, amely szerint a Kárpát-medence a házigalambok terjedésében Ázsia és a mediterrán térség között közvetítő régió lehetett.

A II. vizsgálatból származó, eltérő szekvencia adatokon alapuló és génbanki referencia szekvenciákkal kiegészített hálózat (14. ábra) összességében megerősíti a fenti mintázatokat. Ebben a vizsgálatban összesen 24 haplotípust különítettünk el. Ezek közül 13 kizárólag magyar mintákban fordult elő, melyek között génbanki referencia-szekvencia nem volt, vagyis ezek a jelen vizsgálatban újonnan leírt haplotípusoknak tekinthetők. Ez a vizsgált magyar állomány jelentős belső változatosságát támasztja alá. Emellett több olyan haplotípus is azonosítható volt, amely magyar és más régiókból származó mintákban egyaránt előfordult, ami a magyar állomány tágabb földrajzi kapcsolódására utal. Ennek egyik példája a HAP\_5 haplotípus, amely argentin, szaúd-arábiai és magyar mintában is jelen volt.

A hálózatok szerkezetének értelmezésében fontos, hogy az I. és a II. vizsgálat eltérő adatkészletei hasonló alapmintázatot mutattak. A II. vizsgálat 14. ábráján egy nagy elemszámú, több mintában megjelenő domináns haplotípus volt azonosítható (H\_2), míg a referencia-szekvenciákat is tartalmazó összehasonlító hálózatban (14. ábra) a H\_17-es haplotípus 38 egyedben fordult elő, ráadásul az összes földrajzi régióban képviseltetve volt. A két elemzés közös vonása tehát az, hogy egy széles körben megosztott, domináns

haplotípus mellett több kisebb gyakoriságú, periférikus helyzetű haplotípus is megjelenik. Az ilyen szerkezetű hálózatok általában közös eredetből kiinduló, későbbi helyi differenciálódással és alkalmi introgresszióval egyeztethetők össze (NOWICKI és mtsai., 2007; SELL, 2012; SHAPIRO és mtsai., 2013). A saját elemzéseinkben azonosított mintázat is inkább egy közös, majd később regionálisan diverzifikálódó maternális háttérrel egyeztethető össze, mint több, egymástól független házasítási eseménnyel. Az elmúlt évtizedekben a szirti galamb (*Columba livia*) házasítására több hipotézis is született: a korábbi elképzelések gyakran több, közel egyidejű domesztikációs központtal számoltak a mediterrán medencében és a Közel-Keleten (JOHNSTON, 1992; JOHNSTON és JANIGA, 1995; SHAPIRO és DOMYAN, 2013), míg az újabb eredmények a levantei térséget (Szíria, Irak és Palesztina) jelölik meg elsődleges domesztikációs központként (HERNANDEZ-ALONSO és mtsai., 2023).

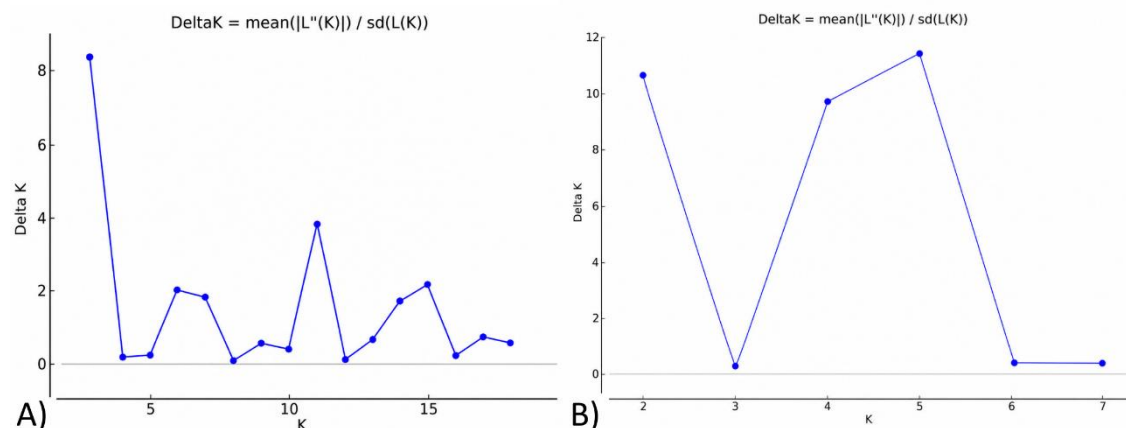


**14. ábra:** A II. vizsgálat Neighbor-Joining haplotípus elemzése a mtDNS szekvencia adatok alapján, amely saját mintákból és az NCBI GenBank adatbázisából származó szekvenciákból áll. (Megjegyzés: A haplotípusokat jelző körök mérete arányos az egyedek számával. Az ágak hossza nem mindig reprezentálja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

#### 4.1.6. Populációszerkezet vizsgálata bayesi klaszterezéssel (I. és II. vizsgálat)

A populációszerkezet és a legvalószínűbb genetikai klasztereződés feltárására a STRUCTURE programot alkalmaztuk admixture modellben, előzetes populációcímkék (*a priori* besorolás) megadása nélkül. A vizsgálatot két adatkészleten végeztük el. Az I. vizsgálatból származó szekvencia adatok alapján (ezt a mitokondriális adatkészletet

átkódolva), illetve a II. vizsgálatból származó mikroszatellit markerek eredményeit használva. A klaszterszám (K) kiválasztásához a  $\Delta K$  kritériumot használtuk (15. ábra).

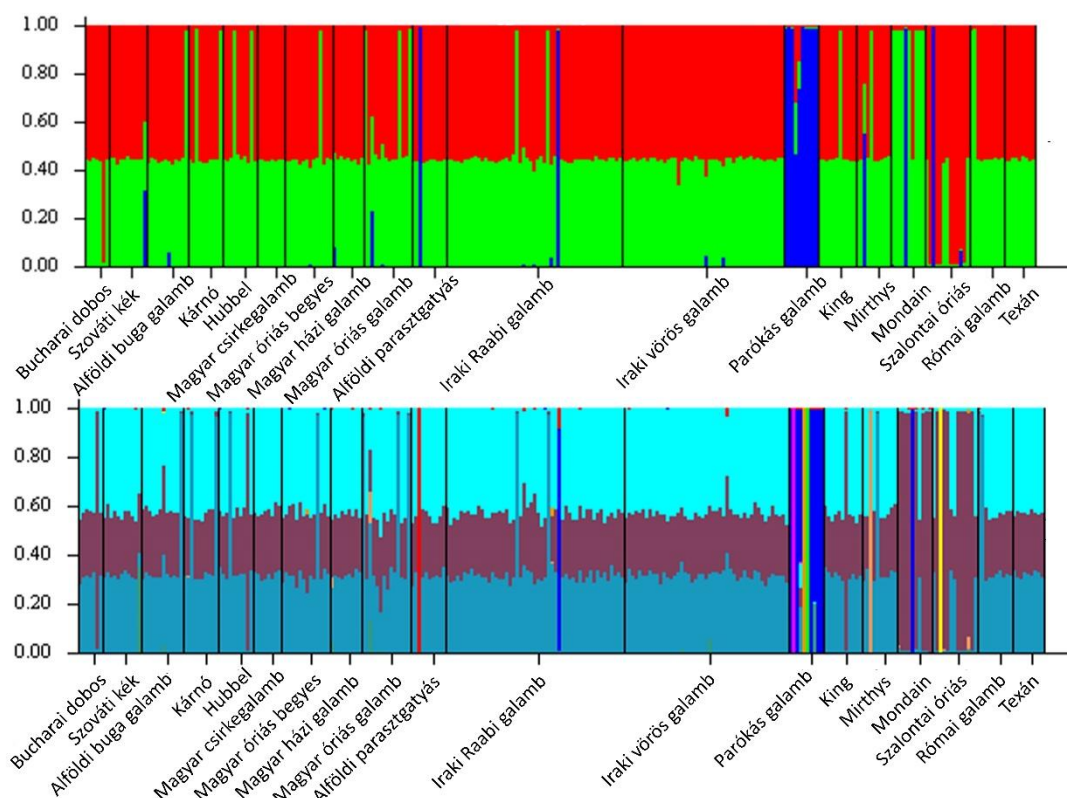


**15. ábra:** A  $\Delta K$  értékek alakulása a két vizsgálatban. A) Az I. vizsgálat során számított  $\Delta K$  értékek a különböző K klaszterszámok esetén. B) A II. vizsgálat során számított  $\Delta K$  értékek a különböző K klaszterszámok esetén.

Az I. vizsgálat 19 fajtát tartalmazó elemzésében a vizsgált  $K=1-19$  tartományon belül a  $\Delta K$  első csúcsa  $K=3$ -nál, míg a második csúcsa  $K=11$ -nél jelentkezett, ezért a fő mintázatok bemutatására a  $K=3$  és  $K=11$  klaszterezést ábráztuk (15. ábra).

$K=3$  esetén a legtöbb fajtában a klasztertagság kevert, vagyis az egyedek döntő többsége több komponensből származó genetikai hozzájárulást mutatnak. Mindössze csak három fajta (mondain, parókás galamb és szalontai óriás) mutat egységesebb klaszterprofilokat, ami arra utal, hogy ezekben az allélmintázatok bizonyos komponensekhez nagyobb arányban rendelődnek (16. ábra).

$K=11$  esetén finomabb alszerkezet jelenik meg, azonban a teljes mintázatot továbbra is a kiterjedt keveredés jellemzi. Az említett három fajta esetében a klasztertagsági arányok fajtaszinten nem válnak „tisztá” blokkokká, hanem egyedenként változó, kevert képet adnak.

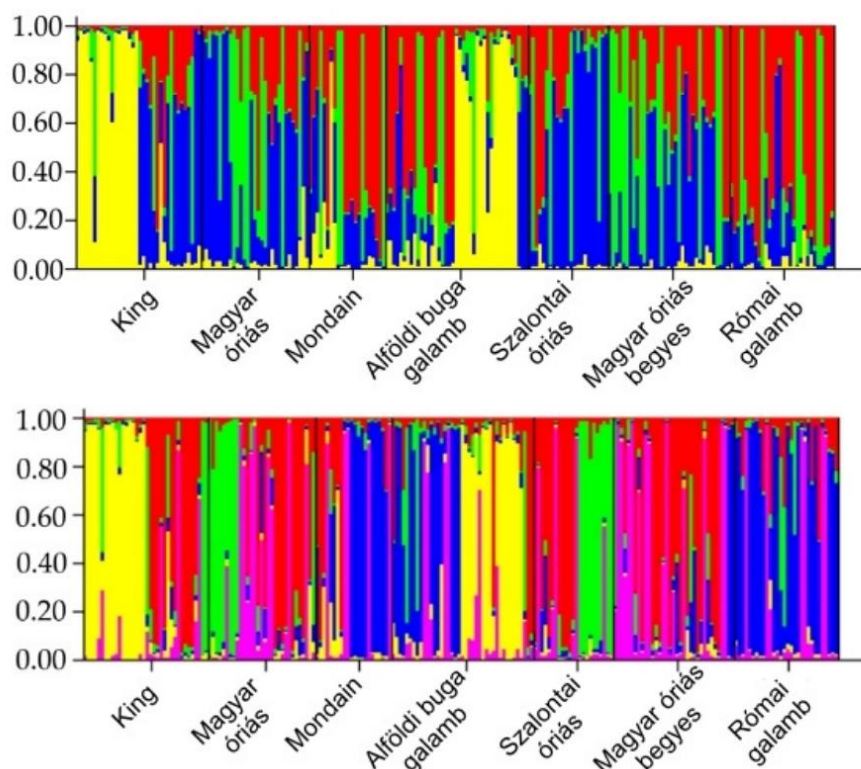


**16. ábra:** A STRUCTURE elemzés eredményei K=3 és K=11 esetén az I. vizsgálatból származó adatok alapján. (Megjegyzés: Minden oszlop egy egyedek képvisel, és az oszlopokon belüli színek a különböző genetikai klaszterekhez tartozó genetikai komponensek arányát jelzik.)

A II. vizsgálat elemzésében a  $\Delta K$  a legerősebb támogatást K=4 mellett adta, míg K=5-nél egy másodlagos csúcs finomabb alszerkezet jelenlétére utal (17. ábra).

K=4 esetén a fajták között már kirajzolódnak a fő különbségek, de az egyes fajták összetétele továbbra is rendkívül diverz képet mutat, és a különbségtétel alapja a fajtákon belül észlelt genetikai klaszterek eltérő frekvenciáiban jelenik meg. Ennek alapján a mondain és a szalontai óriás több egyedben magasabb arányú hozzárendelést mutatnak bizonyos komponensekhez, míg másokat, mint a magyar óriás galambot, a magyar óriás begyest és a római galambot kifejezettebb keveredés jellemez.

K=5 esetén nő a felbontás, és további komponens jelenik meg, ami több fajtában szélesebb szórást és egyedenként változóbb hozzárendelési arányokat eredményez. A K=5 ugyanakkor a K=4-hez képest nem írja felül a fő mintázatot, hanem annak finomabb részleteit mutatja meg.



**17. 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 keveredés (admixture) dominanciája több, a galambfajták történetére jellemző folyamattal magyarázható. A tenyésztői gyakorlatban a vonalak kicserélése és célzott keresztezése gyakori, ami a nukleáris markereken keveredésként, mtDNS szinten pedig haplotípusok „átvitelében” jelenhet meg, csökkentve a csoportok közötti különbségeket (STRINGHAM és mtsai., 2012; SHAPIRO és mtsai., 2013; BIRAY és mtsai., 2019). Ennek megfelelően a STRUCTURE klaszterek nem tekinthetők a hagyományos fajtacsoportok egyszerű genetikai megfelelőinek. A megfigyelt klasztertagsági arányok inkább a közös tenyésztéstörténeti elemeket és a keveredés mértékét jelzik, mintsem egyértelmű, diszkrét populációhatárokat. Ezért a fajtacsoportok értelmezésénél a STRUCTURE eredményeket érdemes a dendrogramok/hálózatok és a távolsági hő térképek mintázataival együtt értékelni.

#### 4.1.7. Demográfiai történet becslése és mismatch eloszlás elemzése

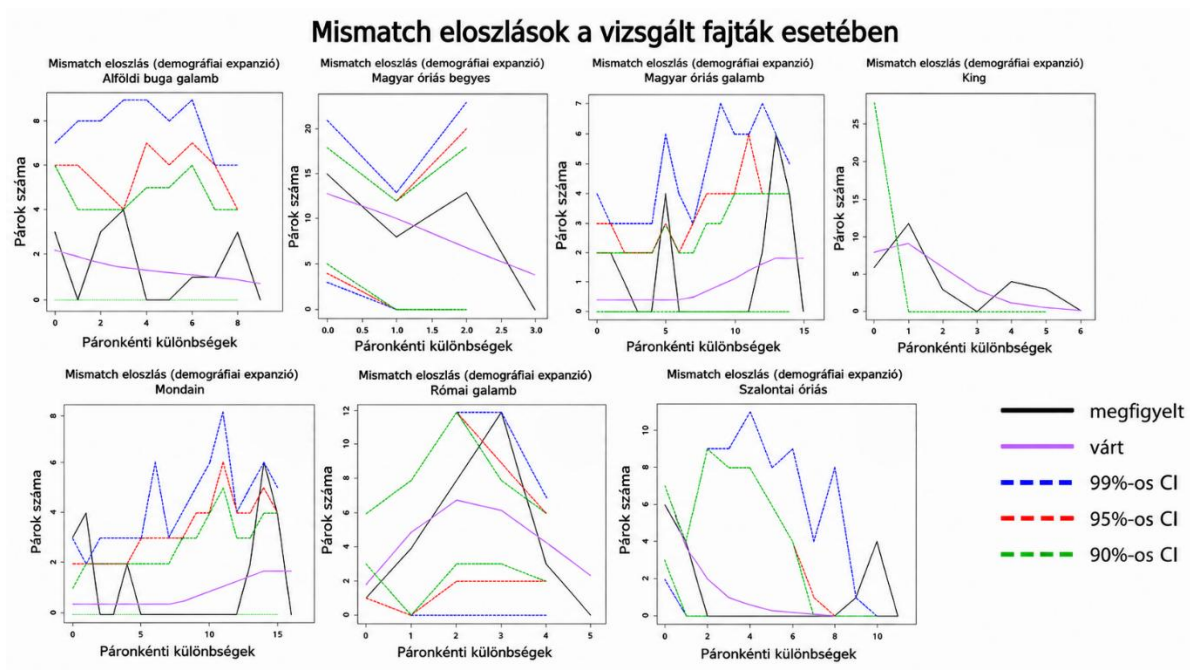
A mismatch eloszlás értelmezése akkor megalapozott, ha az adott fajta eredete, tenyésztéstörténete, valamint a közelmúltbeli állományméret-változások (alapítóhatás,

palacknyakhatás, intenzív szelekció, vonalak közötti keveredés) legalább vázlatosan dokumentáltak (LENSTRA és mtsai., 2012). Emiatt ezt az elemzést csak arra a 7 nagytestű fajtára végeztük el, amelyeknél megfelelő történeti háttérinformáció áll rendelkezésre, így a görbék mintázatai érdemben összevethetők a lejegyzett demográfiai ismeretekkel. A teljes, 19 fajtát lefedő adatkészlet esetében több populációnál (különösen egyes iraki és egyéb ázsiai fajtáknál) a dokumentáció hiányos vagy ellentmondásos, ezért ott a mismatch-eloszlásból levont demográfiai következtetések jóval bizonytalanabbak lennének. Hiába közel 150 éves Magyarországon a szervezett galambtenyésztés, a helyi tenyésztőkről és populációkról szóló átfogó, kvantitatív adatok továbbra is hiányosak. A legutóbbi országos felmérést 2012-ben BAGI készítette, amely a fajtaállományok helyzetéről és trendjeiről nyújtott áttekintést. A kiállítási és tenyésztői adatok alapján több esetben a nemzetközi fajták dominanciája és gyors populációváltozások is valószínűsíthetők. Az országos felméréshez kapcsolódó fajtaértékelési pontozórendszer több ponton jól illeszkedik a mismatch eloszlás vizsgálatok megállapításaihoz, így a görbék mintázatai az állományfenntartási kockázatok (pl. sérülékenység, beltenyésztettségi veszély) gyors jelzőiként is értelmezhetők (BAGI, 2012).

A mismatch eloszlás a haplotípusok közötti páronkénti nukleotid-különbségek gyakorisági eloszlása. Hirtelen demográfiai expanzió esetén az eloszlás jellemzően simább, közel unimodális képet mutat, míg a többcsúcsos mintázat gyakran populációs strukturáltságra, keveredésre, vagy több egymást követő demográfiai esemény (pl. alapítóhatás és későbbi génáramlás) kombinációjára utal. A fajtánkénti eloszlásokat a 18. ábra mutatja. Az alföldi buga galamb esetében a megfigyelt eloszlás több csúcsot és szabálytalan mintázatot mutat, és az expanziós modellhez képest gyenge illeszkedés figyelhető meg. Ez a kép strukturált populációra utalhat (izolált alcsoportok / vonalak), illetve olyan összetettebb történetre, ahol alapítóhatás/palacknyak-hatás és/vagy különböző genetikai forrásokból származó génáramlás is szerepet játszhatott. A többcsúcsú görbe mögött földrajzilag vagy tenyésztési vonalak mentén tagolt állomány is állhat. A fajta Dél-Alföldhöz kötődő, lokális jellegét és lehetséges izolációját tenyésztéstörténeti források is felvetik (MACKROTT, 2012).

A magyar óriás begyes galambnál a megfigyelt eloszlás alacsony páronkénti különbségekre koncentrálódik. Ez alacsony genetikai diverzitásra utal, ami összhangban lehet alapítóhatással és/vagy palacknyak-hatással, illetve a tenyésztés során alkalmazott erős szelekcióval és a korlátozott tenyészállományból történő származással. A mintázat

illeszkedik ahhoz a forgatókönyvhöz, amikor a korlátozott alapítóállomány és a szűk tenyészlétszám beltenyésztettséget és gyors genetikai sodródást eredményezhet (HORN, 1991). A magyar óriás galamb esetében a páronkénti különbségek szélesebb tartományt fednek le és az eloszlás szabálytalanabb, ami nagyobb genetikai változatosságra, illetve a fajtán belül több genetikai vonal vagy részleges strukturáltság jelenlétére utalhat. Ez a kép egy olyan, kevésbé sérülékeny populációval is összeegyeztethető, amelyben több vonal párhuzamosan fennmaradt, és nem dominált közelmúltbeli erős palacknyak-hatás (BAGI, 2012). A king populációban a megfigyelt eloszlás erősen balra tolódott, és a várható expanziós görbéhez képest nem mutat jó illeszkedést. Ez a mintázat általában csökkent genetikai diverzitással jár együtt, ami magyarázható palacknyak-hatással vagy alapítóhatással, illetve intenzív szelekcióval is. Az eredmények a hazai állomány történetével összefüggésbe hozhatók, mivel a King fajta Magyarországon viszonylag későn, az 1950-es évek végén jelent meg (az első egyedek 1958-ban kerültek be az országba), így egy szűk alapítóállományból kiinduló populáció alakulhatott ki, amit a korai, hiányos dokumentációk is alátámasztanak (BAGI, 2012). A mondain fajta kiemelkedik a vizsgált populációk közül. A megfigyelt eloszlás több csúcsot és nagyobb páronkénti különbségeket mutat. Ez utalhat magasabb genetikai diverzitásra, de egyben felveti több genetikai forrás hozzájárulását, illetve vonalak közötti keveredést vagy strukturáltságot is. A római galamb esetében a megfigyelt eloszlás szorosan követi az expanziós modell várható görbáját, és a különbségek többsége szűk tartományban koncentrálódik. Ez a kép az expanzióval kompatibilis (és nem utal erős strukturáltságra vagy markáns palacknyak-jelre), ami inkább rendezettebb, homogénebb demográfiai mintázatra utal. A szalontai óriás galambnál az eloszlás szabálytalan és a különbségek szélesebb skálán jelennek meg. Ez arra utalhat, hogy a fajta történetében keveredés, genetikai sodródás (drift) és/vagy izolációs hatások is szerepet játszottak, ami összhangban állhat a dokumentált tenyésztéstörténeti eseményekkel. A tenyésztéstörténeti leírások alapján a fajta állománya több időszakban erősen beszűkülhetett, ami a mismatch eltérésekben is tükröződik (BAGI, 2012). A mintázatokat a nukleáris markereken alapuló Bruvo-távolság és hőtérképes eredmények is alátámasztják, ami arra utal, hogy a demográfiai jel és a populációszerkezet részben ugyanabba az irányba mutat.



**18. ábra:** A 7 vizsgált fajta mismatch eloszlása

(Megjegyzés: A fekete vonal a megfigyelt eloszlást, a szürke vonal pedig a várható eloszlást jelöli. A különböző szaggatott vonalak (zöld, piros és kék) a 90%, 95% és 99% konfidencia intervallumokat (CI) jelölik, amelyek segítenek megérteni, hogy az adatok mennyire illeszkednek az elméleti modellhez.)

## 4.2. Mikroszatellit markeren alapuló vizsgálat eredményei (II. vizsgálat)

A II. vizsgálatban a mitokondriális markerrel végzett vizsgálatok mellett a 7, Magyarországon meghatározó nagytestű galamb fajta populációjának genetikai mintázatát nukleáris mikroszatellit markerek felhasználásával is elemeztük. A két marker-típus eltérő öröklődési és evolúciós sajátosságai miatt az összehasonlítás különösen hasznos. A mikroszatellit markeres eredmények így elsősorban arra szolgáltak, hogy független, nagyobb elemszámú nukleáris adatokkal alátámasszák és validálják a mitokondriális markerekkel kapott mintázatokat, illetve jelezzék, ha a maternális (mtDNS) és a biparentális (nukleáris) jel eltérő demográfiai vagy tenyésztéstörténeti folyamatokra utal.

### 4.2.1. Diverzitás indexek a mikroszatellit markerek alapján

A mikroszatellit markeren alapuló diverzitási indexek összefoglalását a 9. táblázat tartalmazza, a vizsgált populációkra vonatkozóan. Az eredmények alapján összességében magasnak bizonyult a vizsgált fajták genetikai változatossága, amit a várt heterozigotitás ( $H_e$ ) viszonylag magas és kiegyenlített értékei jelentkeznek (0,771–0,853).

**9. táblázat:** A II. vizsgálat diverzitás indexei a mikroszatellit markerek alapján

| Fajták              | Megfigyelt heterozigotitás ( $H_o$ ) | Várt heterozigotitás ( $H_e$ ) | Fixációs index ( $F_{IS}$ ) |
|---------------------|--------------------------------------|--------------------------------|-----------------------------|
| alföldi buga galamb | 0,425                                | 0,843                          | 0,502                       |
| magyar óriás begyes | 0,489                                | 0,853                          | 0,434                       |
| magyar óriás galamb | 0,468                                | 0,771                          | 0,426                       |
| king                | 0,406                                | 0,776                          | 0,490                       |
| mondain             | 0,417                                | 0,781                          | 0,482                       |
| római galamb        | 0,476                                | 0,830                          | 0,427                       |
| szalontai óriás     | 0,395                                | 0,778                          | 0,499                       |

A legkisebb  $H_e$ -értéket a magyar óriás galamb esetében mértük ( $H_e = 0,771$ ), míg a legnagyobbat a magyar óriás begyesnél ( $H_e = 0,853$ ), de az egyes fajták közötti különbségek nem voltak számottevőek. A megfigyelt heterozigotitás ( $H_o$ ) ezzel szemben minden vizsgált fajtában lényegesen alacsonyabb volt a  $H_e$ -nél (0,395–0,489), ami azt jelenti, hogy a megfigyelt heterozigóták aránya a várható értéknek csupán mintegy 50–61%-át érte el. A legkisebb  $H_o/H_e$  arányt az alföldi buga galambnál ( $0,425/0,843 = 0,50$ ), illetve a szalontai óriásnál ( $0,395/0,778 = 0,51$ ), míg a legnagyobbat a magyar óriás galambnál figyeltük meg ( $0,468/0,771 = 0,61$ ). Ezt a mintázatot a beltenyésztettség együttható ( $F_{IS}$ ) értékei is alátámasztják, amelyek valamennyi fajtában pozitívak és viszonylag magasak voltak (0,426–0,502). A legnagyobb  $F_{IS}$ -értéket az alföldi buga galambnál (0,502), a legkisebbet a magyar óriás galambnál (0,426) mértük. A pozitív  $F_{IS}$ -értékek általános heterozigótahiányra utalnak, ami a Hardy–Weinberg-egyensúlytól való eltérés jele lehet. Ennek hátterében beltenyésztettség, a nem véletlenszerű párosodás és az állományon belüli genetikai tagoltság is állhat. Összességében tehát a mikroszatellit adatok alapján a vizsgált galambfajtákban a genetikai diverzitás magas, ugyanakkor a heterozigóták tényleges aránya minden esetben elmarad a várttól, ami a populációk genetikai szerkezetének véletlen hatástól mentes alakulására utal (RAMADAN és mtsai., 2011; BIAŁA és mtsai., 2015; BIGI és mtsai., 2016). Ugyanakkor a pozitív és viszonylag magas  $F_{IS}$  értékek rejtett alpopulációs szerkezetre (Wahlund-hatás) is utalhatnak, emellett technikai okok (pl. null allélok) is befolyásolhatják a heterozigóta-hiány becslését (HEDRICK, 2005). Ezért a  $F_{IS}$  értékeket lókuszonként is ellenőriztük (10. táblázat).

A lókuszonként számolt fixációs indexek változékonyságot mutattak ( $F_{ST}$ : 0,017 – 0,098), ami ugyan nem nagy mértékű, de érdemi populációs elkülönülésre utalhat – különösen más vizsgálatokkal összevetve (RAMADAN és mtsai., 2011; BIGI és mtsai., 2016).

**10. táblázat:** A II. vizsgálat diverzitás indexei lókuszonkénti lebontásban

| Lókuszt | Marker      | Megfigyelt heterozigotizáció (H <sub>o</sub> ) | Várt heterozigotizáció (H <sub>e</sub> ) | Fixáció index (F <sub>ST</sub> ) | Beltenyészeti együttható (F <sub>IS</sub> ) | Lókuszonkénti beltenyészeti együttható (I) a teljes populációhoz viszonyítva (T) (F <sub>IT</sub> ) | Génáramlás (N <sub>m</sub> ) | Polimorf információ tartalma (PIC) |
|---------|-------------|------------------------------------------------|------------------------------------------|----------------------------------|---------------------------------------------|-----------------------------------------------------------------------------------------------------|------------------------------|------------------------------------|
| L22     | ClpT47      | 0,450                                          | 0,843                                    | 0,042                            | 0,466                                       | 0,466                                                                                               | 5,646                        | 0,860                              |
| L21     | PG2/ClpMT24 | 0,469                                          | 0,880                                    | 0,017                            | 0,467                                       | 0,467                                                                                               | 14,201                       | 0,880                              |
| L01     | ClpT17      | 0,566                                          | 0,890                                    | 0,053                            | 0,364                                       | 0,364                                                                                               | 4,467                        | 0,934                              |
| L27     | PG4         | 0,526                                          | 0,873                                    | 0,056                            | 0,398                                       | 0,398                                                                                               | 4,230                        | 0,895                              |
| L28     | PG5         | 0,208                                          | 0,746                                    | 0,035                            | 0,721                                       | 0,721                                                                                               | 6,913                        | 0,764                              |
| n.a.    | PG6         | 0,351                                          | 0,810                                    | 0,037                            | 0,567                                       | 0,567                                                                                               | 6,507                        | 0,828                              |
| L30     | PG7         | 0,406                                          | 0,870                                    | 0,056                            | 0,533                                       | 0,533                                                                                               | 4,230                        | 0,913                              |
| L03     | ClpD01      | 0,626                                          | 0,902                                    | 0,028                            | 0,305                                       | 0,305                                                                                               | 8,679                        | 0,918                              |
| n.a.    | ClpT13      | 0,399                                          | 0,795                                    | 0,054                            | 0,498                                       | 0,498                                                                                               | 4,414                        | 0,823                              |
| L06     | UU-Clp11    | 0,408                                          | 0,742                                    | 0,076                            | 0,450                                       | 0,450                                                                                               | 3,061                        | 0,746                              |
| L25     | ClpD16      | 0,406                                          | 0,803                                    | 0,028                            | 0,495                                       | 0,495                                                                                               | 8,743                        | 0,773                              |
| L14     | UU-Clp14    | 0,332                                          | 0,774                                    | 0,098                            | 0,572                                       | 0,572                                                                                               | 2,298                        | 0,840                              |
| L24     | ClpD35      | 0,568                                          | 0,858                                    | 0,054                            | 0,338                                       | 0,338                                                                                               | 4,405                        | 0,897                              |

Jelmagyarázat:  
n. a.: nincs adat

#### 4.2.2. Beltenyésztettségi együtthatók és allélmintázatok alakulása

A 13 lókuszos magas várt heterozigotizációs és polimorf információtartalom (PIC) értékeket mutatott, ami informativitásukra és a genetikai diverzitás vizsgálatára való alkalmasságukra utal. A megfigyelt heterozigotizációs értékei következetesen alacsonyabbak voltak a vártnál, ami a populációkon belüli magas beltenyésztettségi szintre utal (különösen a PG5 lókuszos esetében, ahol  $F_{IS} = 0,721$ ).

A lókuszosok alacsony  $F_{ST}$  értékei a populációk közötti korlátozott genetikai differenciálódást jelzik, amit tovább erősítenek a magas génáramlás ( $N_m$ ) értékek, különösen a  $ClpT24$  és a  $ClpD01$  lókuszosoknál. Ezek az eredmények alátámasztják a marker készlet hasznosságát a populációszerkezet elemzésére, annak ellenére, hogy a fajtak szintjén enyhe beltenyésztettség jelei is megfigyelhetők.

A 11. táblázatban szereplő, fajta/lókuszos bontású  $F_{IS}$  összefoglaló a galambfajtak beltenyésztettségi dinamikáját vizsgálja.

**11. táblázat:** A II. vizsgálat fajta/lókuszos bontású beltenyésztési együttható értékei

| Lókuszos | Marker                       | alföldi<br>buga<br>galamb | magyar<br>óriás<br>begyes | magyar<br>óriás<br>galamb | king  | mondain | római<br>galamb | szalontai<br>óriás |
|----------|------------------------------|---------------------------|---------------------------|---------------------------|-------|---------|-----------------|--------------------|
| L22      | $ClpT47$                     | 0,629                     | 0,675                     | 0,376                     | 0,624 | 0,094   | 0,368           | 0,495              |
| L21      | PG2/ $ClpMT24$ /<br>$ClpT24$ | 0,607                     | 0,372                     | 0,428                     | 0,292 | 0,476   | 0,512           | 0,582              |
| L01      | $ClpT17$                     | 0,188                     | 0,511                     | 0,354                     | 0,410 | 0,333   | 0,479           | 0,288              |
| L27      | PG4                          | 0,294                     | 0,433                     | 0,234                     | 0,208 | 0,336   | 0,596           | 0,672              |
| L28      | PG5                          | 0,504                     | 0,740                     | 0,928                     | 1,000 | 0,424   | 0,811           | 0,700              |
| n.a.     | PG6                          | 0,616                     | 0,483                     | 0,517                     | 0,436 | 0,906   | 0,570           | 0,590              |
| L30      | PG7                          | 0,603                     | 0,384                     | 0,369                     | 0,488 | 0,599   | 0,516           | 0,778              |
| L03      | $ClpD01$                     | 0,547                     | 0,250                     | 0,270                     | 0,277 | 0,526   | 0,170           | 0,089              |
| n.a.     | $ClpT13$                     | 0,555                     | 0,382                     | 0,362                     | 0,900 | 0,480   | 0,427           | 0,469              |
| L06      | UU- $Clp11$                  | 0,636                     | 0,397                     | 0,550                     | 0,431 | 0,397   | 0,189           | 0,607              |
| L25      | $ClpD16$                     | 0,608                     | 0,762                     | 0,298                     | 0,333 | 0,590   | 0,465           | 0,414              |
| L14      | UU- $Clp14$                  | 0,595                     | 0,323                     | 0,826                     | 0,680 | 0,854   | 0,412           | 0,459              |
| L24      | $ClpD35$                     | 0,267                     | 0,129                     | 0,210                     | 0,439 | 0,548   | 0,247           | 0,571              |

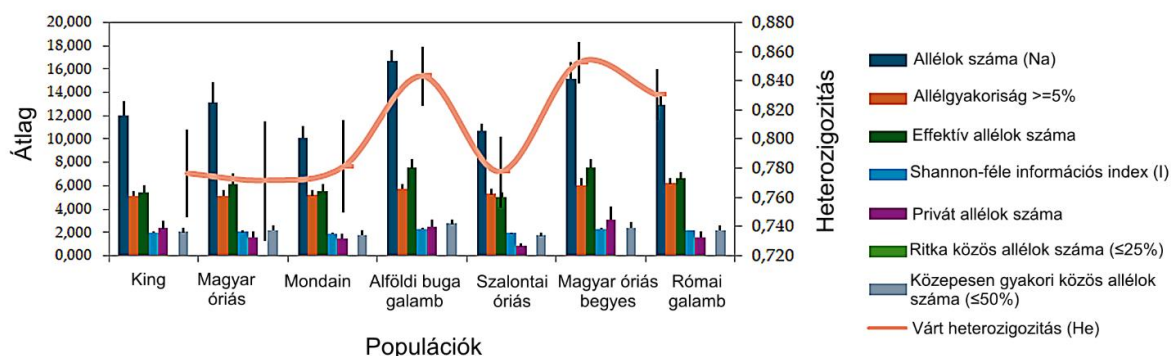
Jelmagyarázat: n. a.: nincs adat

A magyar óriás galamb a legtöbb lókuszoson következetesen magas beltenyésztettségi együtthatót mutat, különösen a PG5 ( $F_{IS} = 0,928$ ) és az UU- $Clp14$  ( $F_{IS} = 0,826$ ) lókuszosokon, ami erős genetikai izolációra vagy hosszú ideje zárt tenyésztésre utal. A szalontai óriás szintén magasabb beltenyésztettségi értékeket mutat. Ezzel szemben a mondain mutatta összességében a legalacsonyabb  $F_{IS}$  értékeket ( $F_{IS} = 0,094$ – $0,906$ ), míg

a king ( $F_{IS} = 0,208-1,000$ ) és a római galamb ( $F_{IS} = 0,170-0,811$ ) fajták közepes értékeket mutattak a többiekhez képest.

A PG5 lókusz kiemelkedik, mivel szinte minden fajtában egységesen magas  $F_{IS}$  értékeket mutat, míg például a ClpD35 és a ClpT17 lókuszok alacsonyabb értékeket jeleznek.

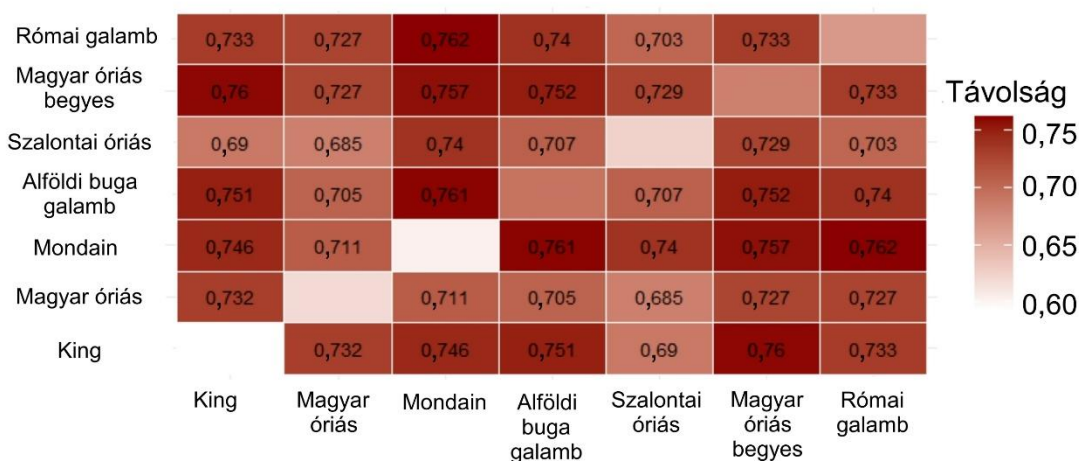
A 19. ábrán szemléltetett allélmintázatok azt mutatják, hogy a galambfajták között jelentős különbségek vannak az allélvariáció mértékében. Az alföldi buga galamb és a magyar óriás begyes galamb populációi mutattak magasabb allélgazdagságot ( $N_a$ ) és az effektív allélek száma is magas volt ( $N_e$ ), míg a legalacsonyabb értékeket a szalontai óriás galamb populációjában figyelték meg. A várt heterozigotitás ( $H_e$ ) minden vizsgált populációban magas volt. A magas  $H_e$  összességében a diverzitás fenntartására utal, ugyanakkor a privát allélek és az alacsony gyakoriságú változatok jelenléte több fajtában lokális genetikai strukturáltságot jelez. A magas allélgazdagság ( $N_a$ ) ezt a trendet tovább erősíti, különösen a magyar óriás és a king fajtákban, a  $F_{IS}$  értékekkel összevetve a king ( $F_{IS} = 0,208-1,000$ ) és a római galamb ( $F_{IS} = 0,170-0,811$ ) mérsékeltebb, de széles tartományú értékei inkább lókusz- vagy alcsoport-szintű hatásokat jelezhetnek. Ezek a populációk így sérülékenyek lehetnek a diverzitásvesztéssel és annak kedvezőtlen következményeivel szemben; ezért a tudatos tenyésztésmenedzsment és a nem rokon egyedek közötti keresztezés (outbreeding) megfontolható.



**19. ábra:** A II. vizsgálatba vont populációk allélmintázatai

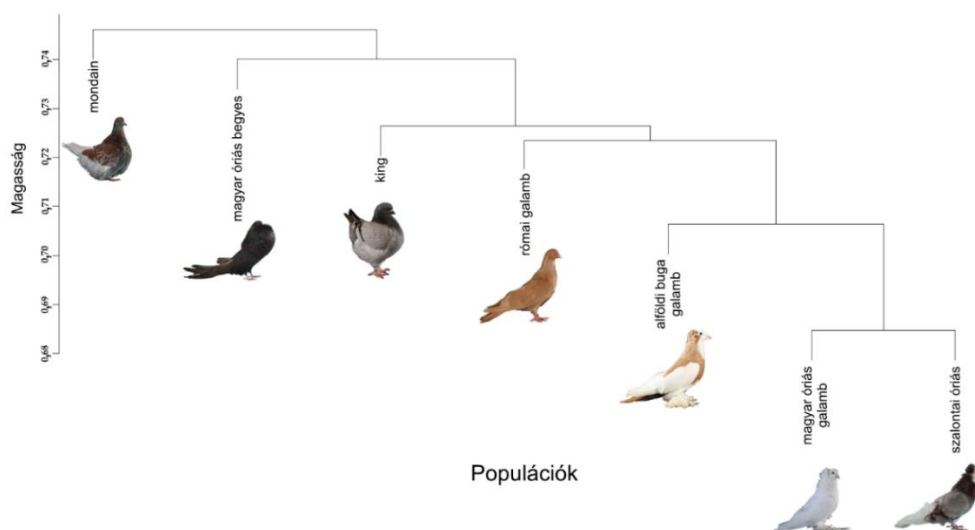
#### 4.2.3. Genetikai távolság elemzése mikroszatellit markerekkel

A Bruvo-féle genetikai távolság a populációban szereplő összes lókusz átlagértékeit veszi figyelembe (BAYRAKTAR és mtsai., 2024), így a korábban megfigyelt mintázatok ezzel a hőtérképpel jól validálhatók (20. ábra).



**20. ábra:** Bruvo-féle genetikai távolság hő térképes ábrázolása a II. vizsgálat mikroszatellit marker eredményeire vonatkozóan

A Bruvo-féle genetikai távolságokon alapuló hő térkép hasonló mintázatokat mutat a hét vizsgált galambfajta közötti genetikai kapcsolatok és differenciálódás mértékét illetően. A hő térkép alapján a mondain fajta áll genetikailag legtávolabb a többi fajtától, mivel összességében a távolságértékek jellemzően magasak (0,740 felett), különösen az alföldi buga galamb (0,761) és a magyar óriás begyes (0,757) fajtákkal való összevetésben. Ezzel szemben kisebb genetikai távolság figyelhető meg a magyar óriás galamb, a szalontai óriás, a magyar óriás begyes és a római galamb fajták között. Az elemzés legkisebb távolságértékeit (0,685) a magyar óriás galamb és a szalontai óriás galamb összevetése szolgáltatta. Ez arra utal, hogy ezen fajták genetikailag közelebbi rokonságban állhatnak, és közös tenyésztési múlttal rendelkezhetnek, míg a mondain fajta egy elkülönülőbb/távolabbi genetikai vonalat képvisel. Összességében a távolságértékek 0,685 és 0,762 között mozognak, ami a populációk között közepes szintű genetikai elkülönülést jelez.



**21. ábra:** A II. vizsgálatból származó Bruvo-féle genetikai távolság dendrogramja

A Bruvo-féle genetikai távolságon alapuló dendrogram a fajták közötti nukleáris genetikai különbségeket tükrözi (21. ábra), szemben a mitokondriális markerre épülő fával, ami az anyai ágon öröklődő genetikai mintázatokat reprezentálja. A Bruvo-féle genetikai távolságon alapuló dendrogramon a klaszterek „magassága” arányos a genetikai távolsággal. Minél magasabban van az elágazás, annál nagyobb a genetikai eltérés.

A szalontai óriás és a magyar óriás szoros kapcsolatot mutat ebben az esetben is, ami korábbi eredményeinkkel együttvéve arra utal, hogy a két fajta nukleáris és mitokondriális szinten is hasonló genetikai háttérrel rendelkezik. Ezek a mintázatok összességében széles körben közös eredetre utalnak, markertípusonkénti árnyalatokkal, és megerősítik, hogy fajták szintjén hozott következtetésekhez mind a nukleáris, mind a mitokondriális marker együttes alkalmazása szükséges.

A mondain fajta ebben az elemzésben a fa tetején helyezkedik el, csak úgy, mint a mitokondriális marker elemzés mediterrán csoportosításban (12B és 12C ábra), mely nagy genetikai divergenciát jelez. Ez a nagymértékű genetikai távolság valószínűleg a mondain eredetére vezethető vissza, mely a 19. századi Franciaországig nyúlik vissza, ahol a fő tenyésztési cél egy gyorsan növekvő húsgalamb-típus kialakítása volt. Ennek érdekében több fajtát is bevontak a keresztezésekbe, köztük a montauban galambot, a római galambot és nagy valószínűséggel bagdetta típusú galambokat is (HORN, 1991; SELL, 2009). A 19. század eleji leírások már akkor több mondain-típust különböztettek meg, köztük a nagy és a közepes mondaint, valamint az úgynevezett berlini mondaint, amely a források szerint Poroszországból került Franciaországba. A fajta tehát francia

eredetű, de korai formálódásában más térségek hatása is feltételezhető (CHARONNAT, 2016). Ez a sokforrású genetikai alap, valamint az, hogy a fajta különböző térségekben eltérő szelekciós célok mellett formálódott, jelentősen hozzájárulhatott a mondain magas genetikai diverzitásához (LEVI, 1996). A fajta változatosságát újabb vizsgálatok is megerősítették. A mondain diverzitása feltehetően annak is köszönhető, hogy az elmúlt évtizedekben nem esett át olyan mértékű beltenyésztettség, mint sok más házigalambfajta (EGGLESTON, 1921; CHARONNAT, 2016). A nemzetközi fajták közül a king és a római galamb több elemzéstípusban is közel áll egymáshoz. A magyar fajták közül az alföldi buga galamb helyezkedik el a legközelebb a nemzetközi fajtákhoz.

#### **4.3. DNS-chip vizsgálat házigalamb fajban**

A vizsgálat célja az volt, hogy egy házityúkra fejlesztett SNP-chip házigalambban történő keresztalkalmazásával feltárjuk a hústípusú (mirthys hibrid) és a versenyípusú (postagalamb) állományok genetikai eltéréseit, valamint azonosítsuk azokat a polimorfizmusokat, amelyek a hasznosítási iránnyal, illetve termelési tulajdonságokkal hozhatók összefüggésbe. Ezért az Illumina Chicken\_50K\_CobbCons SNP-array-t 24 házigalamb mintán alkalmaztuk (n=12 mirthys hibrid/hústípusú; n=12 postagalamb/versenyípusú). A chip 57 636 SNP-t tartalmaz, amelyek közül a galamb mintákon 53 313 SNP-t sikerült detektálnunk.

Az átlagos mintaszintű call rate 0,474 volt, míg a csoportátlag hústípusban 0,501, versenyípusban 0,447 (12. táblázat). Az allélszintű hívási arány SNPviewer-rel becsülve ~49% volt. Ez az alacsony érték valószínűleg az alacsony egyedszám és a hiányzó fenotípusos értékeknek köszönhető, ugyanis 2021-ben BERRY és mtsai. 771 szarvasmarha- és 80 juhmintán számszerűsítették a GenCall (GC) pontszámban eltérő SNP-genotípusok közötti genotípus- és allélegyezési arányt, mely összefüggésben volt az eltérő elemszámokkal. A hívás hatásfoka nagyobb és következetesebb volt a több egyedet tartalmazó szarvasmarha-populációban, mint a juhpopulációban.

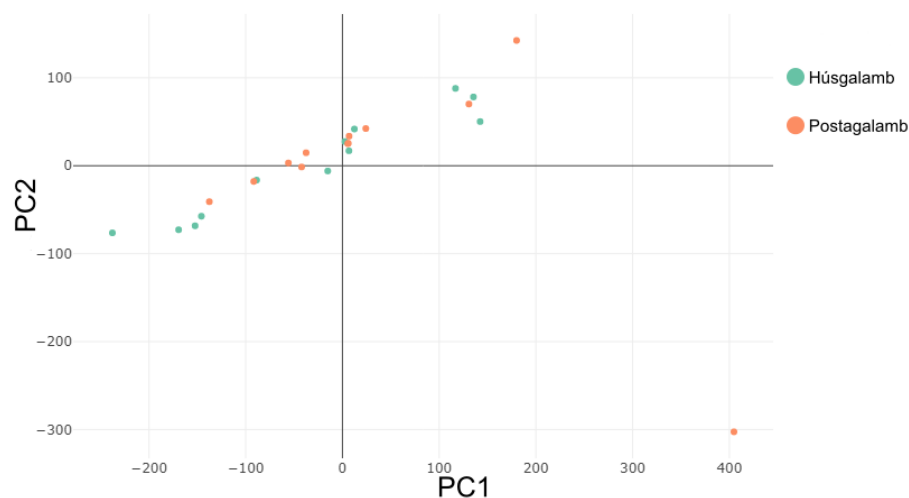
**12. táblázat:** GeneCall (hívási) arány értékek egyedenként

| Minta azonosító | Csoport   | GeneCall hívási arány |
|-----------------|-----------|-----------------------|
| 334             | Hústípusú | 0,501                 |
| 358             | Hústípusú | 0,384                 |
| 370             | Hústípusú | 0,456                 |
| 371             | Hústípusú | 0,430                 |
| 385             | Hústípusú | 0,473                 |
| 388             | Hústípusú | 0,465                 |
| 392             | Hústípusú | 0,593                 |
| 411             | Hústípusú | 0,761                 |
| 412             | Hústípusú | 0,368                 |
| 417             | Hústípusú | 0,451                 |
| 420             | Hústípusú | 0,572                 |
| 499             | Hústípusú | 0,562                 |
| 533             | Verseny   | 0,557                 |
| 534             | Verseny   | 0,576                 |
| 535             | Verseny   | 0,443                 |
| 536             | Verseny   | 0,452                 |
| 537             | Verseny   | 0,433                 |
| 539             | Verseny   | 0,381                 |
| 541             | Verseny   | 0,408                 |
| 542             | Verseny   | 0,500                 |
| 543             | Verseny   | 0,345                 |
| 544             | Verseny   | 0,424                 |
| 545             | Verseny   | 0,396                 |
| 546             | Verseny   | 0,448                 |

A minőségellenőrzés során a GenCall és GenTrain mutatókat, illetve az 50%-os GC-pontszám és a 10%-os GC-pontszámot is értékeltük. Ez minden egyes minta esetében a GenCall-pontszámok eloszlásának 10., illetve 50. percentilisét jelenti az összes hívott genotípusra vonatkozóan (OLIPHANT és mtsai., 2002). GenCall alapján nem jelentkeztek „sikertelen” genotípusok (0,2 alatti értékek), ugyanakkor a lókuszt szintű megbízhatóságot jelző GC-percentilisek mellett nagyon szigorú küszöbök esetén csak kevés lókuszt maradt: 50% GC  $\geq 0,97$  mellett 11, míg 10% GC  $\geq 0,96$  mellett 21 lókuszt volt megtartható. A GenTrain küszöbértékek (Luigi-Sierra és mtsai., 2021) eloszlása alapján az adatok 5,29%-a esett 0,5 vagy az alatti, míg ~75% 0,8 vagy magasabb kategóriába. A GenTrain pontszám egy 0 és 1 közötti minőségi mutató, amely azt jelzi, hogy egy SNP esetében mennyire jól különülnek el a genotípus klaszterek (AA, AB, BB). Minél magasabb az érték, annál megbízhatóbb a genotípus-meghatározás, míg alacsony érték esetén a marker gyakran kiszűrésre kerül (LAKHSSASSI és mtsai., 2021). A filogenetikailag távoli taxonokon végzett vizsgálatok fontos támpontot adnak az alacsony hívási arányok értelmezéséhez. HOFFMAN és mtsai. (2013) a CanineHD BeadChip-et használták 24 antarktiszi medvefőka (*Arctocephalus gazella*) genotipizálására, mivel a

fókák és a kutyák körülbelül 44 millió évvel ezelőtt váltak el egymástól, ami 19,2%-os genotipizálási arányt eredményezett. A DNS-chipek hatékonyságát nem modellorganizmusokon, hanem közeli rokon főemlős fajokban – orangutánokban (*Pongo spp.*), csimpánzokban (*Pan troglodytes*) és gorillákban (*Gorilla spp.*) – is tesztelték (FOUNTAIN és mtsai., 2021). Speciális microarray-technikával a polimorf SNP-k visszanyerési aránya kissé magasabb volt korábbi vizsgálataikhoz képest (4% csimpánzoknál, 4% gorilláknál és 5% orangutánoknál), ami feltehetően a közös őstől való viszonylag friss elkülönülésnek tudható be. Esetünkben a galamb és a házityúk szétválása ~85 millió évvel ezelőtt történt (CLARAMUNT és CRACRAFT, 2015), ami – az alacsony egyedszám és a hiányzó fenotípusadatok mellett – nagy valószínűséggel magyarázza az alacsony, mindössze 49%-os hívási arányt.

Az SNP-k közötti kapcsoltsági egyensúlyhiányt (linkage disequilibrium, LD) az  $R^2$  mutatóval jellemeztük. Az  $R^2$  értéke 0 és 1 között változhat, ahol a 0 a két marker alléljai közötti kapcsolat hiányát, míg az 1 a teljes korrelációt jelzi. Magas  $R^2$  érték esetén a két marker alléljai nem függetlenül fordulnak elő a populációban, ezért az egyik marker információt hordozhat a másik állapotáról (WRAY, 2005). A teljes SNP-készletben az összehasonlítások ~27%-a teljes kapcsolódást ( $R^2=1$ ) mutatott. A minőségellenőrzési lépések (és az LD vizsgálat) után 356 SNP maradt a további elemzésekben. A 356 SNP további LD-alapú ritkításakor az indep-pairwise szűrés 0,5 küszöb mellett 179, míg 0,9 küszöb mellett 38 SNP eltávolítását eredményezte, ami összhangban áll az  $R^2$ -eloszlással. A két hasznosítási típus genetikai átfedésének vizsgálatára a 356 SNP-re főkomponens-analízist (PCA) végeztünk. A PCA alapján a két csoport jelentős átfedést mutat; míg 1 hústípusú és 2 versenytípusú egyed kiugró értéket mutatott (22. ábra).



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

Az LD ( $R^2$ ) alapján végzett marker-ritkítás olyan bevett stratégia, amely asszociációs vizsgálatoknál a redundáns, magas LD-ben lévő markerek kiszűrésével csökkenti a többszörös tesztelési terhet és javítja a lefedettséget. Ennek elvi hátterét többek között OHASHI és TOKUNAGA (2001), GARNER és SLATKIN (2003), valamint CARLSON és mtsai. (2004), illetve WRAY (2005) foglalja össze. Jelen vizsgálatban ennek megfelelően az  $R^2$ -küszöbök mentén értékeltük a 356 SNP redundanciáját.

A szigorú minőségi szűrések után fennmaradó 356 SNP-s halmazon célzott szakirodalmi/adatbázis szűrést végeztünk a húsminőséggel összefüggésbe hozott markerek azonosítására. Az NCBI dbSNP adatbázis (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/snp/>) és a kapcsolódó publikációk áttekintése alapján 7 tanulmányban összesen 8 olyan SNP szerepelt, amely a mi markerhalmazunkban is kimutatható volt, és baromfiban, illetve néhány esetben galambban a szakirodalom alapján hústermeléssel, takarmányhasznosítással, illetve hasi zsír fejlődésével hozható összefüggésbe (13. táblázat).

**13. táblázat:** Húsminőséghez/teljesítményhez kapcsolt irodalmi SNP-k és vizsgálati mutatóik

| SNP azonosító  | Kromoszóma | Irodalmi kapcsolat                               | GenTrain | $R^2$ (min–max) | Irodalom                                              |
|----------------|------------|--------------------------------------------------|----------|-----------------|-------------------------------------------------------|
| GGaluGA273676  | 5          | Testtömeg kakasokban                             | 0,833    | 0,251 – 1,000   | LI és LI, 2019                                        |
| GGaluGA263381  | 4          | PMY és BMY szabályozása                          | 0,921    | 0,214 – 1,000   | MARKLJUNG és mtsai., 2012; PAMPOUILLE és mtsai., 2018 |
| Gga_rs14769351 | Z          | Növekedés, takarmányfelvétel, mell- és hasi zsír | 0,898    | 0,044 – 0,329   | MIGNON-GRAST EAU és mtsai., 2015                      |
| GGaluGA287132  | 5          | IBV-vel szembeni immunválasz                     | 0,923    | 0,245 – 1,000   | LUO és mtsai., 2014                                   |
| Gga_rs15060839 | 2          | Hasított test és húsminőség                      | 0,8208   | 0,200 – 1,000   | ZHANG és mtsai., 2020                                 |
| Gga_rs14988623 | 13         | Hasi zsírtartalom / zsírlerakódás                | 0,761    | 0,228 – 1,000   | LI és mtsai., 2013                                    |
| Gga_rs14902012 | 1          | Gyomorkapu (pylorus) és pH vizsgálatok           | 0,893    | 0,323 – 1,000   | BIHAN-DUVAL és mtsai., 2018                           |
| Gga_rs15990597 | Z          | Gyomorkapu (pylorus) és pH vizsgálatok           | 0,893    | 0,217 – 1,000   | BIHAN-DUVAL és mtsai., 2018                           |

LI és mtsai. (2013) egy 60K SNP-chip felhasználásával, hasi zsírtartalomra szelektált 11. generációs brojler vonalban vizsgálták a páronkénti episztatikus kölcsönhatásokat. Elemzésükben két SNP (Gga\_rs14303341 és Gga\_rs14988623) kulcspontoknak bizonyultak a hasi zsír kialakulásában (JIANG és mtsai., 2014; JIANG és mtsai., 2019). A tulajdonság kialakulásában szerintük öt gén funkciója is érintett lehetett. A FPGT gén

által kódolt fehérje alternatív útvonalban vesz részt, amely emlős szövetképződéshez kapcsolódik (MAKUNIN és mtsai., 2016). A TNNT3K szívspecifikus kináz, amely fontos a kardiovaszkuláris rendszerben (RABIE és mtsai., 2005). A CRYZ a gerinces szemlencse egyik fő fehérjéje (GRAW, 2009). Az LHX8 gén a LIM homeobox fehérjecsalád tagja, és különböző szövetek mintázat-kialakításában és differenciálódásában játszik szerepet (NAKAMURA és mtsai., 2008). Az általunk is detektált, és a 13. kromoszómán található Gga\_rs14988623 SNP több páronkénti összehasonlításban is magas  $R^2$  értéket és magas GenTrain pontszámot mutatott.

ZHANG és mtsai. (2020) csirkék hasított test, növekedési és húsjellemzői kapcsán végeztek vizsgálatot sovány és zsíros brojler vonalakban. Összesen 132 haplotípust találtak szignifikánsan összefüggésben a hasi zsírtömeggel, ezek közül kiemelték a 2. kromoszómán található Gga\_rs15060839 SNP-t, amelyet mi is azonosítottunk. Nálunk ennél az SNP-nél magas GenTrain érték adódott, az  $R^2$  viszont csak egy esetben volt kifejezetten magas.

LUO és mtsai. (2014) 43 211 SNP markerrel végzett genomszintű asszociációs vizsgálatban (Genome-Wide Association Study, GWAS) elemezték az IBV elleni immunválasz fő lókuszeit, és 20 SNP-t azonosítottak, amelyek az anti-IBV antitestek szintjét befolyásolják (PATTERSON és mtsai., 2006; PETIT és mtsai., 2017). Ezek közé tartozott az 5. kromoszómán elhelyezkedő GGalUGA287132 is, amely a mi galambmintáinkban is az 5. kromoszómán szerepelt. Esetünkben az  $R^2$  értékek többnyire alacsonyak voltak, ugyanakkor a GenTrain pontszám kifejezetten magas volt.

MIGNON-GRASTEAU és mtsai. (2015) 820 hústípusú házityúk egyedben vizsgálták a növekedést, takarmányfelvételt és takarmányhasznosítást, a mell- és hasi zsírt, valamint az emésztőtraktus anatómiáját. Több QTL-t detektáltak a takarmányfelvételre, takarmányhasznosításra, anatómiai jellemzőkre, növekedésre és testösszetételre. Egyes QTL-ek azonos pozícióban jelentek meg különböző életkorokban mérhető, hasonló tulajdonságokra. Vizsgálatukban a Gga\_rs14769351 SNP a Z kromoszómán volt, amelyet mi is kimutattunk. Nálunk az  $R^2$  érték nem volt kiemelkedően magas, a GenTrain pontszám viszont magasnak bizonyult.

PAMPOUILLE és mtsai. (2018) két, húsminőségi rendellenességeket mutató csirkevonalon vizsgálták a húsminőségi tulajdonságokkal összefüggő SNP-eket és QTL régiókat. Több jelölt gént azonosítottak izomanyagcsere- és izomszerkezeti folyamatokban, valamint izomdisztrófiákban. A detektált SNP-k több mint egyharmada

a 4. kromoszómán helyezkedett el, és két QTL régiót (QTL3, QTL4) is leírtak. A QTL3 régiót egy egyedi SNP (GGaluGA263381) határozta meg, amely a nagy mellizom aránya/hozama (pectoralis major yield, PMY) és a mellhús aránya/hozama (breast meat yield, BMY) szabályozásához kapcsolódik (MARKLJUNG és mtsai., 2012; PAMPOUILLE és mtsai., 2018). Saját elemzésünkben is megjelent ez az SNP a 4. kromoszómán, ebben az esetben az  $R^2$  érték változékony volt, a GenTrain érték pedig magas.

A Gga\_rs14902012 SNP-t BIHAN-DUVAL és mtsai. (2018) a gyomorkapu (pylorus) pH-értékével összefüggésben vizsgálták és mi is detektáltuk ezt a markert. A páronkénti összehasonlításokban két esetben jelent meg, egy alacsony és egy maximális (1)  $R^2$  értékkel, magas GenTrain pontszám mellett.

A GGaluGA273676 azonosítószámú SNP-t korábban kakasok testtömegével kapcsolatban elemezték (LI és LI, 2019). Ezt az SNP-t mi is azonosítottuk a galamb mintákban. Az  $R^2$  értékei többnyire alacsonyak voltak, ugyanakkor egy esetben maximális érték is előfordult, míg a GenTrain pontszám magasnak bizonyult.

Összességében a szakirodalom alapján azonosított 8 SNP mindegyike magas GenTrain értéket mutatott a galamb mintákban, és az  $R^2$  eredmények alapján ezek a markerek több esetben viszonylag megbízható öröklődést jeleztek. Az eredmények azt mutatják, hogy a házityúkra fejlesztett SNP-chip technikailag alkalmazható házigalamb mintákon, ugyanakkor a fajok közötti evolúciós távolság miatt a call rate alacsony, és a további elemzésekhez csak korlátozott számú SNP marad a szigorú szűrések után.

A jövőben fenotípus adatok bevonásával, illetve nagyobb elemszámmal ezek a húsminőséggel kapcsolt SNP-k célzottan vizsgálhatók lehetnek, és egyedi szinten az is értékelhetővé válhat, hogy a különböző hasznosítási típusokban milyen gyakorisággal fordulnak elő.

## 5. KÖVETKEZTETÉSEK, JAVASLATOK

A disszertáció célja a magyar galambtenyésztés genetikai erőforrásainak több, egymást kiegészítő molekuláris marker segítségével történő feltárása volt.

### I. vizsgálat – mtDNS alapú diverzitás és eredetvizsgálat

Ebbe a vizsgálatba 19 fajtát és 275 egyedet vontunk be, melyeket hagyományos fajtacsoportok szerint, a fajták kitenyésztési helyének földrajzi régiói szerint, illetve a fajták szintjén is elemeztünk.

1. A magyarországi és nemzetközi házigalamb fajták mtDNS COI régiójában végzett diverzitás vizsgálata alapján a vizsgált állományok magas genetikai változatosságot mutattak, különösen a potenciálisan húscélú hasznosításban alkalmazható fajták esetében. A 27 újonnan azonosított haplotípus alapján a vizsgált fajták maternális háttere kifejezetten változatosnak bizonyult, ugyanakkor a haplotípusok eloszlása nem volt véletlenszerű. A diverzitási indexek alapján összességében fajtacsoport-, földrajzi régió- és fajta szinten is magas genetikai változatosságot mértünk (4-6. táblázat). Ez összhangban áll azzal, hogy a galambfajták kialakulásában a hosszútávú mesterséges szelekció mellett ismételt hibridizációk és introgressziós események is szerepet játszhattak (STRINGHAM és mtsai., 2012; SHAPIRO és mtsai., 2013; PACHECO és mtsai., 2020).

2. A fajták közötti genetikai kapcsolatok és a domesztikációs centrum eredetének vizsgálata alapján a vizsgált házigalamb fajták nem több, egymástól független eredetű vonalakat képviselnek, hanem inkább közös alaptól kiinduló, majd részben elkülönülő fejlődési folyamat eredményének tekinthetők. A vizsgálat eredményei jól illeszkednek a házigalamb monofiletikus eredetét és levantei térség domesztikációjában betöltött meghatározó szerepét hangsúlyozó újabb genomikai eredményekhez (HERNANDEZ-ALONSO és mtsai., 2023). Ugyanakkor fontos megemlíteni, hogy a későbbi történeti időszakokban több forrásból érkező vonalak és eltérő tenyésztői gyakorlatok tovább alakíthatták a ma látható fajtastruktúrákat. A külföldi eredetű fajtákból álló referencia-populációkkal való összevetés alapján a kárpát-medencei galambfajták nem tekinthetők egyszerűen más régiókban kialakult fajták helyi változatainak, ugyanakkor nem is alkotnak genetikailag elszigetelt csoportot. Eredményeink arra utalnak, hogy genetikai állományuk több történeti eredetű vonal hozzájárulásával alakult ki, miközben saját, regionális jellegzetességeiket is megőrizték.

## **II. vizsgálat – Multimarker alapú populációgenetikai elemzés**

3. A 7 nagytestű házigalamb fajta mtDNS és 13 mikroszatellit markerrel végzett többmarkeres vizsgálata alapján a fajták között számottevő különbségek mutatkoztak genetikai diverzitás, populációszerkezet és filogenetikai kapcsolatok tekintetében. A római galamb mutatta a legmagasabb haplotípus diverzitást ( $H_d = 0,964 \pm 0,077$ ), míg a magyar óriás begyes ( $H_d = 0,583 \pm 0,183$ ) a legalacsonyabbat. A magyar óriás galamb és a mondain fajta mindkét mtDNS COI régió meghatározott szakaszát érintő vizsgálatban a diverzebb csoportok közé tartozott, ami arra utal, hogy ezekben a fajtákban számosabb anyai vonal maradhatott fenn. Ezzel szemben a magyar óriás begyes alacsonyabb diverzitásából arra következtethetünk, hogy a fajta története során a genetikai diverzitást csökkentő populációtörténeti folyamatok játszhattak szerepet. A szalontai óriás esetében a két mtDNS-régió elemzése nem teljesen azonos diverzitási képet rajzolt ki, ami arra utal, hogy a genetikai diverzitásra vonatkozó következtetéseket a vizsgált genomi szakasz és a mintavétel sajátosságai egyaránt befolyásolhatják. Ez megerősíti azt az érvelést, hogy a kis létszámú vagy veszélyeztetett állományok esetében a mtDNS-alapú következtetések fokozott óvatosságot igényelnek (SZALAY, 2017).

4. A különböző marker-rendszerek információtartalmának összehasonlítása alapján a mtDNS elsősorban a maternális eredet és a történetileg mélyebb kapcsolatok feltárásában bizonyult informatívnak, míg a mikroszatellit markerek a jelenkori populációszerkezet és a beltenyésztettségi viszonyok értékelésében adtak pontosabb képet. A heterozigotizációs mutatók több fajtában magas diverzitást jeleztek (9. táblázat), ugyanakkor a megfigyelt heterozigotizáció minden esetben elmaradt a várt értéktől, és a pozitív  $F_{IS}$ -értékek is általános heterozigótahiányra utaltak. Ez a mintázat arra utal, hogy a vizsgált állományokban a genetikai sokféleség még számottevő, ugyanakkor a tenyésztés relatív zártságának, a kis effektív populációméretnek és az esetleges történeti állományszűküléseknek a hatása is kimutatható. Több esetben éppen az látszik, hogy a még meglévő genetikai változatosság mellett a beltenyésztettségi terhelés is emelkedett. Ez a génmegőrzés szempontjából kulcsfontosságú felismerés lehet. A markertípusok közötti eltérés különösen informatív volt az AMOVA esetében, a mtDNS COI 20,34%-os csoportok közötti varianciát mutatott, míg a mikroszatellit markerek esetében ez az érték mindössze 6,84% volt. A kapott eredmények az eltérő genetikai szinteket jelenítették meg, melyek megerősítették, hogy a házigalamb fajták genetikai

értékeléséhez a többmarkeres megközelítés megbízhatóbb, mint az egyetlen markerre épülő következtetés, ugyanakkor a populációk jelenlegi genetikai állapotának, az allélvesztés mértékének és a heterozigózia fenntartásának értékelésében a nukleáris markerek eredményei tekinthetők meghatározóbbnak, míg az mtDNS elsősorban a maternális eredet és a történeti kapcsolatok feltárásához járul hozzá.

### **III. vizsgálat – SNP chip vizsgálat a házigalamb fajban**

5. A házityúkra fejlesztett SNP-chip házigalambban történő alkalmazhatóságának vizsgálata alapján a heterológ platformhasználat csak korlátozott hatékonyságúnak bizonyult. Az átlagos GenCall hívási arány 0,474 volt, és a teljes markerkészletből szigorú szűrés után mindössze 356 SNP maradt a további elemzésekre. A 356 marker alapján végzett PCA azt mutatta (22. ábra), hogy a hústípusú és versenytípusú galambok között nincs teljes elkülönülés, vagyis a két hasznosítási irány genetikai határai a vizsgált markerhalmazon nem rajzolódtak ki élesen. Ez arra utal, hogy a két hasznosítási irány genetikai háttere részben átfed, és nem tekinthetők egymástól teljesen független génforrásoknak. A csoportok közötti átfedés ugyanakkor részben a markerkészlet sajátosságaival is összefügghet, mivel a 356 SNP nem a galambfajták közötti diverzitás mérésére célzottan kiválasztott markerhalmaz, hanem a házityúkra fejlesztett SNP-chip szigorú minőségi szűrések után fennmaradó polimorf markerkészlete volt.

6. A termelési tulajdonságokkal összefüggő SNP-k azonosítása során 8 olyan SNP-t sikerült azonosítani, amelyeket korábbi tanulmányok baromfiban húsminőségi, termelési vagy kapcsolódó teljesítményjellegekkel hoztak összefüggésbe. Ez azt jelzi, hogy még korlátozott platformhasználat mellett is kinyerhető olyan információ, amely a későbbi célzott marker validációk kiindulópontjául szolgálhat. Eredményeink alapján a házityúkra fejlesztett SNP-chip házigalambban történő keresztalkalmazása átmeneti megoldásként értelmezhető, amely alkalmas lehet potenciálisan releváns markerek előszűrésére. Ugyanakkor a megbízható validációhoz és a pontosabb genetikai értékeléshez a fajspecifikus fejlesztések megkerülhetetlenek.

#### 5.4. Javaslatok

1. A veszélyeztetett fajták fenntartásához javasolt a tenyésztési vonalak dokumentálása, illetve a tudatos párosítási stratégiák alkalmazása a beltenyésztettség csökkentésére, amit érdemes lenne meghatározott időnként genetikai monitoring vizsgálatokkal is kiegészíteni az általános diverzitásmutatók és allélkészletek változásainak nyomonkövetése érdekében.
3. Eredményeink alapján több esetben sajátos genetikai mintázat volt megfigyelhető a nagytestű magyar fajták esetében, ezért ezen fajták önálló genetikai erőforrásként való megőrzése is ajánlott.
4. A jövőbeni populációgenetikai vizsgálatokban célszerű a mitokondriális és nukleáris markerek együttes alkalmazása, mivel ezek egymást kiegészítve szolgáltatnak információt a fajták maternális eredetéről, történeti kapcsolatairól és jelenlegi genetikai állapotáról.
5. A jövőbeni genomikai kutatások támogatásához indokolt a házigalambra optimalizált genotipizálási és szekvenálási módszerek továbbfejlesztése, különös tekintettel a populációgenetikai diverzitásvizsgálatok, valamint a QTL- és asszociációs elemzések igényeire.
6. Javasoljuk továbbá a jelen vizsgálatban azonosított, nem fajspecifikus eredetű SNP-k nagyobb mintán és megfelelő fenotípusos adatok bevonásával történő validálását és asszociációs vizsgálatát, amely hozzájárulhat a jövőbeni tenyésztési és génmegőrzési programok megalapozásához.

## 6. ÚJ TUDOMÁNYOS EREDMÉNYEK

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 útjukra utal.

5. Igazoltuk, hogy a házityúkra 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.

## **7. 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.

## 8. ÖSSZEFOGLALÁS

A magyar házigalamb fajták a Kárpát-medence állattenyésztési és kultúrtörténeti örökségének fontos elemei, azonban genetikai hátterük feltárása mindeddig korlátozott volt, és a rendelkezésre álló ismeretek jelentős része tenyésztéstörténeti hagyományokon, ritkábban írott forrásokon alapult, ezért volt indokolt olyan objektív vizsgálati keret alkalmazása, amely genetikai markerekkel is képes jellemezni ezeket az állományokat. Doktori kutatásom célja ezért a magyar- és nemzetközi házigalamb fajták egy meghatározott körére vonatkozó genetikai változatosság, populációszerkezet és rokonsági mintázatok feltárása volt több, egymást kiegészítő marker segítségével. A munka két mitokondriális DNS-alapú COI adatkészletre, egy 13 mikroszatellit markerre alapuló adatkészletre, valamint kísérleti jelleggel egy fajok közötti alkalmazásban tesztelt SNP-chip platformra épült.

Az I. vizsgálat 19 fajta 275 mintáját foglalta magába. A haplotípusok elemzése során ebben a vizsgálatban összesen 27 újonnan azonosított haplotípust detektáltunk. Eredményeink alapján a házigalamb fajták anyai vonalai részben közös eredetre vezethetők vissza, ugyanakkor több helyen jól érzékelhetők a differenciálódás és a sajátos tenyésztéstörténeti háttér nyomai is. A földrajzi csoportok közül az ázsiai (129 polimorf hely, 15 haplotípus) és a magyar alföldi (91 polimorf hely, 13 haplotípus) csoport bizonyult a legváltozatosabbnak, ami azt jelzi, hogy e két csoport jelentős anyai vonalkészleteket őrzött meg. Fajta szinten markáns különbségek jelentkeztek. A szalontai óriás az I. vizsgálatban magas haplotípus diverzitást mutatott ( $H_d = 0,731 \pm 0,096$ ), a parókás galamb ( $H_d = 0,778 \pm 0,137$ ) és a magyar óriás galamb mellett. Ezzel szemben az iraki vörös galamb ( $H_d = 0,125 \pm 0,065$ ) és az iraki raabi galamb ( $H_d = 0,191 \pm 0,074$ ) szűkebb variabilitást képviselt, mely eredmény feltehetően a helyi, zártabb tenyésztési gyakorlatból adódó genetikai egységesedéssel is összefügghet. Az AMOVA egyértelműen igazolta, hogy a hagyományos fajtacsoportok genetikai szempontból sem önkényes kategóriák. 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. Ez a genetikai struktúra a fajták közötti részleges elkülönülés és génáramlás együttes jelenlétére utal. Az I. vizsgálat páronkénti  $F_{ST}$ -értékei alapján a szováti kék galamb esetében több összevetésben is elkülönült, a parókás galambbal ( $F_{ST} = 0,470$ ), az iraki vörös galambbal ( $F_{ST} = 0,126$ ) és

az iraki raabi galambbal ( $F_{ST} = 0,149$ ) szemben is szignifikáns genetikai távolságot mutatott. Ez arra utal, hogy a fajta már most karakteresebb genetikai háttérrel rendelkezik, jóllehet a fajta fiatal kora miatt saját genetikai karaktere még formálódóban lehet. A II. vizsgálat tovább árnyalta a képet, mitokondriális alapon a római galamb ( $H_d = 0,964 \pm 0,077$ ), a magyar óriás galamb ( $H_d = 0,905 \pm 0,103$ ), a mondain ( $H_d = 0,857 \pm 0,102$ ) és az alföldi buga galamb ( $H_d = 0,800 \pm 0,172$ ) tartoztak a legdiverzebb fajták közé, míg a magyar óriás begyes galamb mutatta a legalacsonyabb haplotípus diverzitást ( $H_d = 0,583 \pm 0,183$ ). A mondain nukleotid diverzitása is kiemelkedett ( $\pi = 0,014 \pm 0,003$ ), ami több anyai vonal együttes fennmaradására utal. A mikroszatellit eredmények alapján az alföldi buga galamb és a szalontai óriás külön figyelmet érdemel. Az alföldi buga galamb esetében kaptuk a legmagasabb beltenyésztettségi együtthatót ( $F_{IS} = 0,502$ ), és itt volt a legalacsonyabb  $H_o/H_e$  arány is ( $0,425/0,843$ ), miközben allélgazdagsága magas maradt. Ez azt jelzi, hogy a fajta még jelentős genetikai változatosságot őriz, de a populáció már erősen sérülékeny a beszűkülésre. A szalontai óriásnál a viszonylag magas  $F_{IS}$  ( $0,499$ ), a legalacsonyabb allélgazdagság, valamint a szabálytalan mismatch-eloszlás egyaránt kis effektív populációméretre és történeti állományszűkülésre utal. A mondain ezzel szemben a legtöbb elemzésben elkülönülő, diverz fajtaként rajzolódott ki. A mondain mismatch-görbéje multimodális volt, ami kevert eredetre vagy több fennmaradt genetikai komponens együttes jelenlétére utal, ami alátámasztja a többi vizsgálatban is kimutatott elkülönülést. A házityúkra fejlesztett Illumina Chicken\_50K\_CobbCons SNP-chip házigalambon történő keresztalkalmazása korlátozott hatékonyságúnak bizonyult, azonban a minőségellenőrzést követően 356 megbízhatóan detektálható SNP maradt, amelyek közül szakirodalmak alapján azonosítottunk 8 olyan SNP-t, amelyek a hústermeléssel összefüggésben lehetnek. A PCoA-analízis nem mutatott teljes elkülönülést a hústípusú és versenyípusú állományok között, ami a két hasznosítási irány genetikai hátterének részleges átfedésére utalt. A disszertáció egyik lényeges következtetése, hogy a különböző markertípusok egymást kiegészítve adnak átfogó képet a házigalamb fajták genetikai diverzitásáról, rokonsági kapcsolatairól és populációszerkezetéről. Eredményeink hozzájárulnak ahhoz, hogy a házigalamb fajták megőrzése a tenyésztéstörténeti narratívák mellett molekuláris adatokon is alapuljon, hitelesebben feltárva a magyar fajták genetikai sajátosságait és erőforrásait.

## 9. SUMMARY

Hungarian domestic pigeon breeds represent an important component of the livestock and cultural heritage of the Carpathian Basin, however, their genetic background has so far been only partially explored, and existing knowledge is largely based on breeding history observations. Therefore, the application of an analytical framework using objective genetic markers is justified for the characterization of these populations. The aim of my doctoral research was to investigate the genetic diversity, population structure, and phylogenetic relationships of selected Hungarian and international domestic pigeon breeds using multiple, complementary molecular markers. The study was based on two mitochondrial DNA COI datasets, a dataset comprising 13 microsatellite markers, and, on an experimental basis, an SNP-chip platform tested in a cross-species application.

Study I. included 275 samples from 19 breeds. A total of 27 novel haplotypes were identified. Our results indicate that the maternal lineages of domestic pigeon breeds partly originate from a common ancestral background, while also reflecting differentiation and breed-specific breeding histories. Among the geographical groups, the Asian (129 polymorphic sites, 15 haplotypes) and the breeds from the Great Hungarian Plain (91 polymorphic sites, 13 haplotypes) groups exhibited the highest diversity, indicating the preservation of substantial maternal lineage variation. At the breed level, marked differences were observed: the Salonta Giant, along with the Jacobin and Hungarian Giant pigeon breeds, showed relatively high haplotype diversity ( $H_d = 0.731 \pm 0.096$ ;  $H_d = 0.778 \pm 0.137$ ), whereas the Iraqi red ( $H_d = 0.125 \pm 0.065$ ) and Iraqi Raabi ( $H_d = 0.191 \pm 0.074$ ) pigeons displayed lower variability, likely reflecting more closed breeding systems. AMOVA results confirmed that traditional breed group classifications are genetically meaningful, with 35.07% of total genetic variance among breed groups and 30.52% among breeds. This pattern indicates the combined effect of partial genetic differentiation and gene flow among breeds. Pairwise  $F_{ST}$  values further showed that the Blue Sovater exhibited significant genetic differentiation from several breeds, including the Jacobin ( $F_{ST} = 0.470$ ), Iraqi red ( $F_{ST} = 0.126$ ), and Iraqi Raabi ( $F_{ST} = 0.149$ ), suggesting the emergence of a distinct genetic background. Study II. provided a more detailed insight into large-bodied breeds. Based on mtDNA data, the Runt pigeon ( $H_d = 0.964 \pm 0.077$ ), Hungarian Giant ( $H_d = 0.905 \pm 0.103$ ), Mondain ( $H_d = 0.857 \pm 0.102$ ), and the breeds from the Great Hungarian Plain ( $H_d = 0.800 \pm 0.172$ ) showed high diversity, whereas the Hungarian Cropper pigeon exhibited the lowest haplotype diversity

( $H_d = 0.583 \pm 0.183$ ). The Mondain breed also showed high nucleotide diversity ( $\pi = 0.014 \pm 0.003$ ), suggesting the persistence of multiple maternal lineages. Microsatellite analyses highlighted the breeds from the Great Hungarian Plain and Salonta Giant breeds as particularly noteworthy. The breeds from the Great Hungarian Plain breed exhibited the highest inbreeding coefficient ( $F_{IS} = 0.502$ ) and the lowest observed-to-expected heterozygosity ratio ( $H_o/H_e = 0.425/0.843$ ), despite maintaining high allelic richness, indicating genetic vulnerability. The Salonta Giant showed similarly high  $F_{IS}$  (0.499), low allelic richness, and irregular mismatch distribution, suggesting a small effective population size and historical bottlenecks. In contrast, the Mondain breed consistently appeared as a genetically distinct and diverse population. The cross-species application of the Illumina Chicken\_50K\_CobbCons SNP-chip demonstrated limited efficiency in domestic pigeons, however, after quality filtering, 356 informative SNPs remained. Among these, 8 candidate SNPs potentially associated with meat production traits were identified based on literature data. PCoA analysis did not reveal clear separation between meat-type and racing-type pigeons, indicating partial overlap in their genetic background. One of the key conclusions of this dissertation is that different marker systems should not be considered alternatives, but rather complementary sources of information. mtDNA COI sequences proved useful for revealing maternal lineages and historical patterns, whereas microsatellite and genomic approaches provided a more detailed picture of recent population structure, admixture, and breed differentiation. Overall, the results provide a comprehensive genetic characterization of Hungarian and international domestic pigeon breeds and contribute to the development of conservation strategies based not only on breeding history but also on molecular data, thereby enabling a more accurate understanding of the genetic resources and diversity of Hungarian breeds.

## 10. IRODALOMJEGYZÉK

1. Akib, N. A. M., Tam, B. M., Phumee, P., Abidin, M. Z., Tamadoni, S., Mather, P. B., Nor, S. A. M. 2015. High connectivity in *Rastrelliger kanagurta*: influence of historical signatures and migratory behaviour inferred from mtDNA cytochrome b. *PLoS One*. 10(3), e0119749.
2. Ando, H., Kaneko, S., Suzuki, H., Horikoshi, K., Takano, H., Ogawa, H., Isagi, Y. 2011. Genetic Diversity of the Japanese Wood Pigeon, *Columba janthina*, Endemic to Islands of East Asia, Estimated by Newly Developed Microsatellite Markers. *Zoological Science*. 28(12), 891–896.
3. Anderson, P. K. 2011. Pigeon. *Anthrozoös*. 24(3), 333–336.
4. Andrew, D. B. 2006. Pigeons: *The Fascinating Saga of the World's Most Revered and Reviled Bird*. University of Queensland Press. St Lucia. 239 p.
5. Asadollahi, H., Vaez Torshizi, R., Ehsani, A., Masoudi, A. A. 2022. An association of CEP78, MEF2C, VPS13A and ARRDC3 genes with survivability to heat stress in an F2 chicken population. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 139(5), 574–582.
6. 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.
7. 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.
8. Bagi, Z. 2012. *Őshonos magyar galambfajták helyzete és védelme* [Szakdolgozat, Debreceni Egyetem]. Debrecen. 54 p.
9. Bagi, Z., Kusza, Sz. 2014. Values of Hungarian pigeon breeding. *Acta Agraria Debreceniensis*. (57), 9–14.
10. Balassa, Gy. 1901. *Az okszerű galambtenyésztés*. Ferenczy B. Miskolc. 248 p.
11. Ballard, J. W. O. & Whitlock, M. C. 2004. The incomplete natural history of mitochondria. *Molecular Ecology*. 13(4), 729–744.
12. Bangó, F. 1964. *A galambtenyésztésről*. Mezőgazdasági kiadó. Budapest. 151 p.

13. Bayraktar, M., Shoshin, O., Cabeci, Z. 2024. Characterizing the population structure and genetic diversity of Iraqi pigeons using ssr markers. *Brazilian Journal of Poultry Science*. 26(3), 1–16.
14. Bazin, E., Glémin, S., Galtier, N. 2006. Population size does not influence mitochondrial genetic diversity in animals. *Science*. 312(5773), 570–572.
15. Báldy, B. 1933. *A baromfitenyésztés gyakorlati útmutatásai*. Kiadó és tulajdonos: BÁLDY Bálint. Hungária nyomda. Gödöllő. 300 p.
16. Bálint, S. 1956. *A szegedi galambászat*. Néprajzi Közlemények. Budapest. 26 p.
17. Bárány, I. 2017. *Magyar tájak galambfajtai*. V-61 Alba Regia Galamb- és Kisállattenyésztők Egyesülete. Székesfehérvár. 257 p.
18. Bellinge, R. H. S., Liberles, D. A., Iaschi, S. P. A., O'brien, P. A., Tay, G. K. 2005. Myostatin and its implications on animal breeding: a review. *Animal Genetics*. 36(1), 1–6.
19. Berri, C., Wacrenier, N., Millet, N., Le Bihan-Duval, E. 2001. Effect of selection for improved body composition on muscle and meat characteristics of broilers from experimental and commercial lines. *Poultry Science*. 80(7), 833–838.
20. Berry, D. P., Dunne, F. L., Evans, R. D., McDermott, K., O'Brien, A. C. 2021. Concordance rate in cattle and sheep between genotypes differing in Illumina GenCall quality score. *Animal Genetics*. 52(2), 208–213.
21. Beuzen, N. D., Stear, M. J., Chang, K. C. 2000. Molecular markers and their use in animal breeding. *The Veterinary Journal*. 160(1), 42–52.
22. Biała, A., Dybus, A., Pawlina, E., Proskura, W. S. 2015. Genetic diversity in eight pure breeds and urban form of domestic pigeon (*Columbia livia* var. *domestica*) based on seven microsatellite loci. *The Journal of Animal & Plant Sciences*. 25(6), 1741–1745.
23. Bihan-Duval, E. L., Hennequet-Antier, C., Berri, C., Beauclercq, S. A., Bourin, M. C., Boulay, M., Boitard, S. 2018. Identification of genomic regions and candidate genes for chicken meat ultimate pH by combined detection of selection signatures and QTL. *BMC Genomics*. 19(1), 1–294.
24. 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.
25. Biray, B. 2019. *Mitochondrial DNA analyses of domestic pigeon breeds (Columba Livia domestica) in Turkey*. [Diplomadolgozat, Middle East Technical University, Ankara] Törökország. 141 p.
  26. Biray, B., Pekşen, Ç. A. Bilgin, C. C. 2025. Heteroplasmy in the mitochondrial D-loop region in Turkish domestic pigeon breeds (*Columba livia domestica*) obfuscates their phylogeny. *European Poultry Science*. 89(1-2), 100006.
  27. Biscarini, F., Nicolazzi, E. L., Stella, A., Boettcher, P. J., Gandini, G. 2015. Challenges and opportunities in genetic improvement of local livestock breeds. *Frontiers in Genetics*. 6(33), 1–7.
  28. Blazich, F. A. 2025. Feathers and formats: Information, technology, and homing pigeons in war. [In: *The Routledge handbook of information history*] Routledge, London, Egyesült Királyság. 516–535.
  29. Bodzsár, N. 2012. *Őshonos magyar tyúkállományok genetikai diverzitásának vizsgálata különböző molekuláris genetikai markerek segítségével* [Doktori disszertáció, Szent István Egyetem]. Gödöllő.
  30. Boore, J. L. 1999. Animal mitochondrial genomes. *Nucleic Acids Research*. 27(8), 1767–1780.
  31. Bosnyák, I. 1997. A galamb a középkori magyarság éltrendjében. Magyar óriás Galambtenyésztők Fajtaklub híradója. 1. 18.
  32. Brito, L. F., Bédère, N., Douhard, F., Oliveira, H. R., Arnal, M., Peñagaricano, F., Miglior, F. 2021. Genetic selection of high-yielding dairy cattle toward sustainable farming systems in a rapidly changing world. *Animal*. 15, 100292.
  33. Brown, W. M., George, Jr. M., Wilson, A. C. 1979. Rapid evolution of animal mitochondrial DNA. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 76(4), 1967–1971.
  34. 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.
  35. Bucklin, A., Steinke, D., Blanco-Bercial, L. 2011. DNA barcoding of marine metazoa. *Annual Review of Marine Science*. 3(1), 471–508.

36. Buduram, P. 2004. *Genetic characterization of Southern African sheep breeds using DNA markers* [Diplomadolgozat, University of the Free State]. University of the Free State. Dél-afrikai Köztársaság. 145 p.
37. Burt, D. W. 2005. Chicken genome: Current status and future opportunities. *Genome Research*. 15(12), 1692–1698.
38. Calderón, L., Campagna, L., Wilke, T., Lormee, H., Eraud, C., Dunn, J. C., 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), 1–11.
39. Caliński, T. 2014. Dendrogram. *Wiley StatsRef: Statistics Reference Online*.
40. Cambrone, C., Cézilly, F., Wattier, R., Eraud, C., Bezault, E. 2021. Levels of genetic differentiation and gene flow between four populations of the Scaly-naped Pigeon, *Patagioenas squamosa*: implications for conservation. *Studies on Neotropical Fauna and Environment*. 57(3), 349–361.
41. Canova, J. 2005. Monuments to the birds: Dovecotes and pigeon eating in the land of fields. *Gastronomica: The Journal for Food Studies*. 5(2), 50–59.
42. Carlson, C. S., Eberle, M. A., Rieder, M. J., Yi, Q., Kruglyak, L., Nickerson, D. A. 2004. Selecting a maximally informative set of single-nucleotide polymorphisms for association analyses using linkage disequilibrium. *American Journal of Human Genetics*. 74(1), 106–120.
43. Cárdenas, L., Silva, A. X., Magoulas, A., Cabezas, J., Poulin, E., Ojeda, F. P. 2009. Genetic population structure in the Chilean jack mackerel, *Trachurus murphyi* (Nichols), across the South-eastern Pacific Ocean. *Fisheries Research*. 100(2), 109–115.
44. Chang, C.-C., Silva, B. B. I., Huang, H.-Y., Tsai, C.-Y., Flores, R. J. D., Tayo, L. L., Tyan, Y.-C., Tsai, M.-A., Catulin, G. E. M., Chuang, K.-P. 2021. Development and Validation of KASP Assays for the Genotyping of Racing Performance-Associated Single Nucleotide Polymorphisms in Pigeons. *Genes*. 12(9), 1383.
45. Charonnat, J. 2016. The Mondain: An old French pigeon breed. *Aviculture-Europe Foundation Magazine*. 12, 1–5.
46. Chen, C. Y., Misztal, I., Aguilar, I., Tsuruta, S., Meuwissen, T. H. E., Aggrey, S. E., Muir, W. M. 2011. Genome-wide marker-assisted selection combining all

- pedigree phenotypic information with genotypic data in one step: An example using broiler chickens. *Journal of Animal Science*. 89(1), 23–28.
47. Chen, M. 2019. The growth and nutrition regulation of domestic pigeon (*Columba livia*). *Poultry Science*. 8, 49–52.
  48. Cieslak, M., Pruvost, M., Benecke, N., Hofreiter, M., Morales, A., Reissmann, M., Ludwig, A. 2010. Origin and history of mitochondrial DNA lineages in domestic horses. *PLoS One*. 5(12), e15311.
  49. Claramunt, S., Cracraft, J. 2015. A new time tree reveals Earth history's imprint on the evolution of modern birds. *Science Advances*. 1(11), e1501005.
  50. Dall'Olio, S., Fontanesi, L., Nanni Costa, L., Tassinari, M., Minieri, L., Falaschini, A. 2010. Analysis of horse myostatin gene and identification of single nucleotide polymorphisms in breeds of different morphological types. *Journal of Biotechnology and Biomedicine*. 2010(1), 542945.
  51. Davis, G. P., Moore, S. S., Drinkwater, R. D., Shorthose, W. R., Loxton, I. D., Barendse, W., Hetzel, D. J. S. 2008. QTL for meat tenderness in the *M. longissimus lumborum* of cattle. *Animal Genetics*. 39(1), 40–45.
  52. de Souza-Vilela, J., Andrew, N. R., Ruhnke, I. 2019. Insect protein in animal nutrition. *Animal Production Science*. 59(11), 2029–2036.
  53. Dong, X., Cao, H., Mao, H., Hong, Q., Yin, Z. 2019. Association of MyoD1 Gene Polymorphisms with Meat Quality Traits in Domestic Pigeons (*Columba livia*). *The Journal of Poultry Science*. 56(1), 20–26.
  54. Driscoll, C. A., Macdonald, D. W., O'Brien, S. J. 2009. From wild animals to domestic pets: An evolutionary view of domestication. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 106(Supplement 1), 9971–9978.
  55. Dybus, A., Proskura, W. S., Sadkowski, S., Pawlina, E. 2013. A single nucleotide polymorphism in exon 3 of the myostatin gene in different breeds of domestic pigeon (*Columba livia* var. *domestica*). *Veterinární medicína*. 58(1), 32–38.
  56. Dybus, A., Proskura, W. S., Pawlina, E., Nowak, B. 2018. Associations between polymorphisms in the myostatin,  $\alpha$ A-globin and lactate dehydrogenase B genes and racing performance in homing pigeons. *Veterinární medicína*. 63(8), 390–394.

57. 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.
58. Edea, Z., Dessie, T., Dadi, H., Do, K. T., Kim, K. S. 2017. Genetic diversity and population structure of Ethiopian sheep populations revealed by high-density SNP markers. *Frontiers in Genetics*. 8, 218.
59. Eggleston, E. H. 1921. *American squab culture* (2nd ed.). American Pigeon Journal Company. Oakland, California. 278 p.
60. Ellegren, H. & Galtier, N. 2016. Determinants of genetic diversity. *Nature Reviews Genetics*. 17(7), 422–433.
61. Eskioğlu, K., Manav, G., Özdemir, D. 2025. The SNP chip approach in the development of chicken genomic maps for conservation and breeding purposes. *Turkish Journal of Agriculture-Food Science and Technology*. 13(S3), 4029–4033.
62. 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.
63. Excoffier, L. & Lischer, H. E. L. 2010. Arlequin suite ver 3.5: A new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Molecular Ecology Resources*. 10(3), 564–567.
64. Fang, X., Zhang, J., Xu, H., Zhang, C., Du, Y., Shi, X., Chen, H. 2012. Polymorphisms of diacylglycerol acyltransferase 2 gene and their relationship with growth traits in goats. *Molecular Biology Reports*. 39(2), 1801–1807.
65. Faria, P. J. & Miyaki, C. Y. 2006. Molecular markers for population genetic analyses in the family Psittacidae (Psittaciformes, Aves). *Genetics and Molecular Biology*. 29(2), 231–240.
66. Fejérpataky, L. 1885. *Magyarországi városok régi számadáskönyvei:(Selmecebánya, Pozsony, Besztercebánya, Nagyszombat, Sopron, Bártfa és Körmöczbánya városok levéltáraiból)*. MTA. Budapest. 682 p.
67. Ferrando, A., Manunza, A., Jordana, J., Capote, J., Pons, A., Pais, J., Amills, M. 2015. A mitochondrial analysis reveals distinct founder effect signatures in Canarian and Balearic goats. *Animal Genetics*. 46(4), 452–456.

68. Firyal, S., Awan, A. R., Yaqub, T., Anjum, A. A., Asif, M., Tayyab, M. 2013. Molecular classification of Pakistani domestic pigeon using Cytochrome b Gene. *Pakistan Veterinary Journal*. 34(2), 254–256.
69. Fisch, S., Gray, S., Heymans, S., Haldar, S. M., Wang, B., Pfister, O., Jain, M. K. 2007. Kruppel-like factor 15 is a regulator of cardiomyocyte hypertrophy. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 104(17), 7074–7079.
70. Fletcher, D. L. 2002. Poultry meat quality. *World's Poultry Science Journal*. 58(2), 131–145.
71. Fountain, E. D., Zhou, L-C., Karklus, A., Liu, Q-X., Meyers, J., Fontanilla, I. K. C., Rafael, E. F., Yu, J-Y., Zhang, Q., Zhu, X-L., Pei, E-L., Yuan, Y-H., Banes, G. L. 2021. Cross-Species Application of Illumina iScan Microarrays for Cost-Effective, High-Throughput SNP Discovery. *Frontiers in Ecology and Evolution*. 9, 629252.
72. Gama, L. T., Martínez, A. M., Carolino, I., Landi, V., Delgado, J. V., Vicente, A. A., BioPig Consortium. 2013. Genetic structure, relationships and admixture with wild relatives in native pig breeds from Iberia and its islands. *Genetics Selection Evolution*. 45(1), 18.
73. Gao, Y. U., Zhang, R., Hu, X., Li, N. 2007. Application of genomic technologies to the improvement of meat quality of farm animals. *Meat Science*. 77(1), 36–45.
74. Gao, C. Q., Yang, J. X., Chen, M. X., Yan, H. C., Wang, X. Q. 2016. Growth curves and age-related changes in carcass characteristics, organs, serum parameters, and intestinal transporter gene expression in domestic pigeon (*Columba livia*). *Poultry Science*. 95(4), 867–877.
75. Garner, C., Slatkin, M. 2003. On selecting markers for association studies: Patterns of linkage disequilibrium between two and three diallelic loci. *Genetic Epidemiology*. 24(1), 57–67.
76. Gál, E. 2020. Remains of small domestic and game birds from medieval sites in Hungary. *Quaternary International*. 543, 99–107.
77. Gerlach, G., Jueterbock, A., Kraemer, P., Deppermann, J., Harmand, P. 2010. Calculations of population differentiation based on GST and D: Forget GST but not all statistics! *Molecular Ecology*. 19(18), 3845–3852.

78. Gibbs, D., Barnes, E., Cox, J. 2001. *Pigeons and doves: a guide to the pigeons and doves of the world*. PICA, Yale University Press. New Haven and London. 615 p.
79. Gill, J. L., Bishop, S. C., McCorquodale, C., Williams, J. L., Wiener, P. 2010. Associations between single nucleotide polymorphisms in multiple candidate genes and carcass and meat quality traits in a commercial Angus-cross population. *Meat Science*. 86(4), 985–993.
80. Giri, S. K., Nayan, V., Legha, R. A., Pal, Y., Bhardwaj, A. 2022. Characterization of Partial Sequence of Myostatin Gene Exon 2 along with SNP detection in Indian Horse Breeds (*Equus caballus*). *Journal of Equine Veterinary Science*. 116. 104047.
81. 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.
82. Goodall-Copestake, W., Tarling, G., Murphy, E. 2012. On the comparison of population-level estimates of haplotype and nucleotide diversity: A case study using the gene *cox1* in animals. *Heredity*. 109(1), 50–56.
83. Graw, J. 2009. Genetics of crystallins: Cataract and beyond. *Experimental Eye Research*. 88(2), 173–189.
84. Groenen, A. M., Megens, H. J., Zare, Y., Warren, W. C., Hillier, LaDeana, W., Crooijmans, R. P., Vereijken, A., Okimoto, R., Muir, W. M., Cheng, H. H. 2011. The development and characterization of a 60K SNP chip for chicken. *BMC Genomics*. 12(1), 1–274.
85. Guan, S., Li, W., Jin, H., Zhang, L., Liu, G. 2023. Development and validation of a 54K genome-wide liquid SNP chip panel by target sequencing for dairy goat. *Genes*. 14(5), 1122.
86. Güntürkün, O., Stüttgen, M. C., Manns, M. 2014. Pigeons as a model species for cognitive neuroscience. *e-Neuroforum*. 5(4), 86–92.
87. Hall, S. J. 2022. Genetic differentiation among livestock breeds—Values for Fst. *Animals (Basel)*. 12(9), 1115.
88. Harmoinen, J., von Thaden, A., Aspi, J., Kvist, L., Cocchiararo, B., Jarausch, A., Nowak, C. 2021. Reliable Wolf-Dog Hybrid Detection in Europe Using a

- Reduced SNP Panel Developed for Non-Invasively Collected Samples. *BMC Genomics*. 22(1), 473.
89. Hascik, P., Pavelková, A., Fik, M., Bučko, O. 2024. Meat Performance and Physicochemical Evaluation of Pigeon Meat. *Journal of microbiology, biotechnology and food sciences*. 13(6), e10997-e10997.
  90. Hedrick, P. 2005. Large variance in reproductive success and the Ne/N ratio. *Evolution*. (N. Y). 59(7), 1596–1599.
  91. He, C., Holme, J., Anthony, J. 2014. SNP Genotyping: The KASP Assay. *Crop Breeding*. 75–86.
  92. He, W.-X. & Jia, J.-F. 2015. The complete mitochondrial genome of the Jacobin pigeon (*Columba livia* breed Jacobin). *Mitochondrial DNA*. 26(3), 493–494.
  93. 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.
  94. Herrero-Medrano, J. M., Megens, H. J., Groenen, M. A. 2013. Conservation genomic analysis of domestic and wild pig populations from the Iberian Peninsula. *BMC Genetics*. 14(1), 106.
  95. Hickford, J. G. H., Forrest, R. H., Zhou, H., Fang, Q., Han, J., Frampton, C. M. Horrell, A. L. 2010. Polymorphisms in the ovine myostatin gene (MSTN) and their association with growth and carcass traits in New Zealand Romney sheep. *Animal Genetics*. 41(1). 64–72.
  96. Hoffman, J. I., Thorne, M. A. S., McEwing, R., Forcada, J., Ogden, R. 2013. Cross-Amplification and Validation of SNPs Conserved over 44 Million Years between Seals and Dogs. *PLoS One*. 8(7), e68365.
  97. Horn, P. 1991. *Galambtenyésztők kézikönyve*. Mezőgazdasági kiadó. Budapest. 460 p.
  98. Hou, H., Li, X., Wang, X., Cai, X., Tu, Y., Lv, W., Shen, X., Yang, C., Yao, J. 2025. The genetic structure and diversity of different pigeon breeds based on a 5K single nucleotide polymorphism chip. *Animals (Basel)*. 15(19), 2864.
  99. Hoque, M. M., Valentine, M. J., Kelly, P. J., Barua, S., Murillo, D. F. B. Wang, C. 2022. Modification of the Folmer primers for the cytochrome c oxidase gene facilitates identification of mosquitoes. *Parasites & Vectors*. 15(437), 1–11.

100. Hubisz, M. J., Falush, D., Stephens, M., Pritchard, J. K. 2009. Inferring weak population structure with the assistance of sample group information. *Molecular Ecology Resources*. 9(5), 1322–1332.
101. Jacob, G., Prévot-Julliard, A.-C., Baudry, E. 2014. The geographic scale of genetic differentiation in the feral pigeon (*Columba livia*): implications for management. *Biological Invasions*. 17(1), 23–29.
102. Jean Pierre, M., Kalhari, E. T., Choi, E., Jung, A. Choi, H. J. 2022. Genome-wide association studies of meat quality traits in chickens: A review. *Korean Journal of Agricultural Science*. 49(3), 407–420.
103. Jędrzejczak-Silicka, M., Dudaniec, K., Dybus, A. 2019. Association of alpha-a globin gene polymorphism with its expression level in racing pigeons. *Acta Scientiarum Polonorum Zootechnica*. 18(1), 19–26.
104. Jerolmack, C. 2007. Animal archeology: Domestic pigeons and the nature – culture dialectic. *Qualitative Sociology Review*. 3. 74–95.
105. Ji, F., Zhang, S., An, Y., Wang, Z., Shao, Y., Du, S., Li, X., Sun, X. 2022. Influence of dietary phosphorus concentrations on the performance of rearing pigeons (*Columba livia*), and bone properties of squabs. *Poultry Science*. 101(4), 101744.
106. Jia, X., Chen, S., Zhou, H., Li, D., Liu, W., Yang, N. 2012. Copy number variations identified in the chicken using a 60K SNP BeadChip. *Animal Genetics*. 44(3), 276–284.
107. Jiang, J. H., Liu, Y. F., Ke, A. W., Gu, F. M., Yu, Y., Dai, Z. Zhou, J. 2014. Clinical significance of the ubiquitin ligase UBE3C in hepatocellular carcinoma revealed by exome sequencing. *Hepatology*. 59(6), 2216–2227.
108. Jiang, S. G., Pan, N. X., Chen, M. J., Wang, X. Q., Yan, H. C., Gao, C. Q. 2019. Effects of Dietary Supplementation with DL-Methionine and DL-Methionyl-DL-Methionine in Breeding Pigeons on the Carcass Characteristics, Meat Quality and Antioxidant Activity of Squabs. *Antioxidants (Basel)*. 8(10), 435.
109. Jilly, B. 2015. Háztáji és magángazdasági haszongalamb-tartás, fejlesztése, jövedelmezősége, foglalkoztatást elősegítő hatása. *Animal Welfare, Etológia és Tartástechnológia*. 11(2), 96–103.
110. Jilly, B. 2018. Development opportunities and profitability of private utility pigeon breeding in Hungary. *Hungarian Agricultural Research*. 27(1), 20–25.

111. Jin, C. L., He, Y. A., Jiang, S. G., Wang, X. Q., Yan, H. C., Tan, H. Z. Gao, C. Q. 2023. Chemical composition of pigeon crop milk and factors affecting its production: A review. *Poultry Science*. 102(6), 102681.
112. Johnston, R. F. 1992. Geographic size variation in rock pigeons, *Columba livia*. *Bollettino di Zoologia*. 59(1), 111–116.
113. Johnston, R. F. & Janiga, M. 1995. *Feral pigeons* (Vol. 4). Oxford University Press. Oxford, Egyesült Királyság. 320 p.
114. Kabir, M. A., Hawkeswood, T. J., Makhan, D. 2020. “Pigeon flying in the world: a brief review”. *Calodema*. 809, 1–4.
115. 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.
116. Kawai, M., Okiyama, A., Ueda, Y. 2002. Taste enhancements between various amino acids and IMP. *Chemical Senses*. 27(8), 739–745.
117. Kawai, T., & Akira, S. 2010. The role of pattern-recognition receptors in innate immunity: update on Toll-like receptors. *Nature Immunology*. 11(5), 373–384.
118. Khan, H. A. & Arif, I. A. 2013. COI barcodes and phylogeny of doves (Columbidae family). *Mitochondrial DNA*. 24(6), 689–696.
119. Kim, J. Y., Eo, S. H., Kang, S. G. 2022. Population genetic structure and conservation management of hill pigeons (*Columba rupestris*) recently endangered in South Korea. *Genes Genomics*. 44(11), 1437–1444.
120. Kindie, B. 2021. Assess molecular marker applications for genetic variety analysis in biodiversity conservation status. *Molecular Biology*. 10. 287.
121. Kiss, J. & Béres, E. 2008. *Gondolatok és vélemények a magyar galambfajták kitenyésztéséről*. Bába Kiadó, Szeged 354 p.
122. Kmoch, S., Hartmannová, H., Stibůrková, B., Krijt, J., Zikánová, M., Šebesta, I. 2000. Human adenylosuccinate lyase (ADSL), cloning and characterization of full-length cDNA and its isoform, gene structure and molecular basis for ADSL deficiency in six patients. *Human Molecular Genetics*. 9(10), 1501–1513.
123. Kokoszyński, D., Stęczny, K., Żochowska-Kujawska, J., Sobczak, M., Kotowicz, M., Saleh, M., Fik, M., Arpášová, H., Hrnčár, C., Włodarczyk, K. 2020. Carcass Characteristics, Physicochemical Properties, and Texture and

- Microstructure of the Meat and Internal Organs of Carrier and King Pigeons. *Animals*. 10(8), 1315.
124. Kovácsné, L. Á. 2014. Katonagalambok, a postagalambok szerepe a világháborúkban II. *Műszaki Katonai Közlöny*. 24(4), 117–146.
  125. Kováts, D. 2016. *Közelrokon fűlemüle fajok elterjedése és állományaik jellemzése*. [Doktori disszertáció, Debreceni Egyetem] Debrecen. 151 p.
  126. Koziol, K., Pałka, S., Migdał, W., Otwinowska-Mindur, A., Kmiecik, M., Migdał, A., Bieniek, J. 2018. Single nucleotide polymorphisms within rabbits (*Oryctolagus cuniculus*) fatty acids binding protein 4 (FABP4) are associated with meat quality traits. *Livestock Science*. 210. 21–24.
  127. Lakhssassi, K., Iguacel, L. P., Sarto, M. P., Lahoz, B., Folch, J., Jiménez, M. A., Alabart, J. L., Serrano, M., Calvo, J. H. 2021. Marker assisted selection in Rasa Aragonesa sheep breed by using a SNP panel for parentage assignment. *Options Méditerranéennes A*. 125, 619–624.
  128. Lan, Y., He, Q., Gibril, B. A. A., Xu, J., Shang, H., Xiong, X. 2025. Influencing factors and quality traits of pigeon meat: A systematic review. *Poultry Science*. 105000.
  129. Larkin, M. A., Blackshields, G., Brown, N. P., Chenna, R., McGettigan, P. A., McWilliam, H., Higgins, D. G. 2007. Clustal W and Clustal X version 2.0. *Bioinformatics*. 23(21), 2947–2948.
  130. 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.
  131. 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.
  132. Lengyel, A. 2020. Húsgalambtenyésztés - A franciák így csinálják. *Kistermelők Lapja*. 10. 22–23.
  133. Lengyel, Á., Pap, T. I., Szabó, R. T., Kovács-Weber, M. 2021. Eltérő kiegészítő takarmányozási módok hatása galambfiókák egyes növekedési mutatóira. *Animal Welfare, Etológia és Tartástechnológia*. 17(2), 154–163.
  134. Lenstra, J. A., Groeneveld, L. F., Eding, H., Kantanen, J., Williams, J. L., Taberlet, P., Nicolazzi, E. L., Sölkner, J., Simianer, H., Ciani, E., Garcia, J. F.,

- Bruford, M. W., Ajmone-Marsan, P., Weigend, S. 2012. Molecular tools and analytical approaches for the characterization of farm animal genetic diversity. *Animal Genetics*. 43(5), 483–502.
135. Levi, W. M. 1947. *Making Pigeons Pay-A manual of practical information on the management, selection, breeding, feeding, and marketing of pigeons*. Orange Judd Publishing Company. New York (USA). 263 p.
136. Levi, W. M. 1963. *The pigeon*. Levi Publishing Co. Sumter, South Carolina. 667 p.
137. Levi, W. M. 1996. *Encyclopedia of pigeon breeds*. TFH Publ. Sumter, South Carolina. 790 p.
138. Li, S. P., Ning, Z. H. D., Sun, F. Y., Bai, X. J. 2008. Correlation analysis between MC3R and MC4R gene polymorphism and growth traits in pigeon. *Yi Chuan=Hereditas*. 30(10), 1333–1340.
139. Li, F., Hu, G., Zhang, H., Wang, S., Wang, Z. 2013. Epistatic Effects on Abdominal Fat Content in Chickens: Results from a Genome-Wide SNP-SNP Interaction Analysis. *PLoS One*. 8(12), e81520.
140. Li, B., Dong, C., Li, P., Ren, Z., Wang, H., Yu, F., Ning, C., Liu, K., Wei, W., Huang, R., Chen, J., Wu, W., Liu, H. 2016. Identification of candidate genes associated with porcine meat color traits by genome-wide transcriptome analysis. *Scientific Reports*. 6(1), 35224.
141. Li, F.-G. & Li, H. 2019. A time-dependent genome-wide SNP-SNP interaction analysis of chicken body weight. *BMC Genomics*. 20(1), 771.
142. Liu, X., Li, H., Lu, A., Zhong, Y., Hou, X., Wang, N., Jia, D., Zan, J., Zhao, H., Xu, J. Liu, F. 2012. Reduction of intestinal mucosal immune function in heat-stressed rats and bacterial translocation. *International Journal of Hyperthermia*. 28(8), 756–765.
143. Liu, R., Sun, Y., Zhao, G., Wang, F., Wu, D., Zheng, M., Wen, J. 2013. Genome-Wide Association Study Identifies Loci and Candidate Genes for Body Composition and Meat Quality Traits in Beijing-You Chickens. *PLoS One*. 8(4), e61172.
144. Luo, C., Qu, H., Ma, J., Wang, J., Hu, X., Li, N., Shu, D. 2014. A genome-wide association study identifies major loci affecting the immune response against

- infectious bronchitis virus in chicken. *Infection, Genetics and Evolution*. 21, 351–358.
145. Mackrott, H. 1998. *Galambtenyésztés*. Mezőgazda Kiadó. Budapest. 185 p.
  146. Mackrott, H. 2004. *Galambtenyésztés*. Hogyf Editio. Budapest. 178 p.
  147. Mackrott, H. 2012. *Galambtenyésztés*. Mezőgazda Kiadó. 168 p.
  148. Magalhães, A. F. B., Schenkel, F. S., Garcia, D. A., Gordo, D. G. M., Tonussi, R. L., Espigolan, R., de Albuquerque, L. G. 2019. Genomic selection for meat quality traits in Nelore cattle. *Meat Science*. 148. 32–37.
  149. Magenis, R. E., Smith, L., Nadeau, J. H., Johnson, K. R., Mountjoy, K. G., Cone, R. D. 1994. Mapping of the ACTH, MSH, and neural (MC3 and MC4) melanocortin receptors in the mouse and human. *Mammalian Genome*. 5(8), 503–508.
  150. Makunin, A. I., Kichigin, I. G., Larkin, D. M., O'Brien, P. C. M., Ferguson-Smith, M. A., Yang, F., Trifonov, V. A. 2016. Contrasting origin of B chromosomes in two cervids (Siberian roe deer and grey brocket deer) unravelled by chromosome specific DNA sequencing. *BMC Genomics*. 17(1), 1–14.
  151. Manjula, P., Cho, S., Suh, J. K., Seo, D., Lee, J. H. 2018. Single Nucleotide Polymorphism of TBC1D1 Gene Association with Growth Traits and Serum Clinical-Chemical Traits in Chicken. *Korean Journal of Poultry Science*. 45(4), 291–298.
  152. Mao, H. G., Cao, H. Y., Liu, H. H., Dong, X. Y., Xu, N. Y., Yin, Z. Z. 2018. Association of ADSL gene polymorphisms with meat quality and carcass traits in domestic pigeons (*Columba livia*). *British Poultry Science*. 59. 604–607.
  153. Mao, H., Xu, X., Liu, H., Cao, H., Dong, X., Xu, N., Yin, Z. 2020. The temporal-spatial patterns, polymorphisms and association analysis with meat quality traits of FABP1 gene in domestic pigeons (*Columba livia*). *British Poultry Science*. 61. 232–241.
  154. Markljung, E., Adamovic, T., Cao, J., Naji, H., Kaiser, S., Wester, T., Nordenskjöld, A. 2012. Novel mutations in the *MNX1* gene in two families with Currarino syndrome and variable phenotype. *Gene*. 507(1), 50–53.
  155. Martins, G., Balbino, E., Marques, A., Almeida, C. 2019. Complete mitochondrial genomes of the *Spondias tuberosa* Arr. Cam and *Spondias mombin* L. reveal highly repetitive DNA sequences. *Gene*. 720. 144026.

156. Marton, S. 2007. Középkori galambposta Magyarországon. *Acta Historica* (Szeged). 125, 93–105.
157. Meirmans, P. G. 2012. AMOVA-based clustering of population genetic data. *Journal of Heredity*. 103(5), 744–750.
158. Meleg, I. 2001a. *A galamb és tenyésztése 1.* Gazda Kistermelői Lap- és Könyvkiadó Kft. Budapest. 197 p.
159. Meleg, I. 2001b. *A galamb és tenyésztése 2.* Gazda Kiadó. Budapest. 285 p.
160. Mignon-Grasteau, S., Rideau, N., Gabriel, I., Chantry-Darmon, C., Boscher, M.-Y., Sellier, N., Narcy, A. 2015. Detection of QTL controlling feed efficiency and excretion in chickens fed a wheat-based diet. *Genetics Selection Evolution*. 47(1), 47–74.
161. Miller, J. M., Kijas, J. W., Heaton, M. P., McEwan, J. C., Coltman, D. W. 2012. Consistent divergence times and allele sharing measured from cross-species application of SNP chips developed for three domestic species. *Molecular Ecology Resources*. 12(6), 1145–1150.
162. Minias, P., Dunn, P. O., Whittingham, L. A., Johnson, J. A., Oyler-McCance, S. J. 2019. Evaluation of a Chicken 600K SNP genotyping array in non-model species of grouse. *Scientific Reports*. 9(1), 1–10.
163. Mohamed, O. A., El-Deen, M. B., Abaza, I. M., Abo Ghadega, G. S. 2022. Productive performance of three strains of pigeons (*Columba livia domestica*) under Egyptian conditions. *Egyptian Poultry Science Journal*. 42(4), 579–592.
164. Moldvai, F. 1938. *Galambtenyésztők kézikönyve*. Columbia kisállattenyésztő egyesület. Kolozsvár. 204 p.
165. 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.
166. Moore, J. 1735. *Columbarium: Or, the pigeon-house. [Followed by] An account of some medicines prepared by John Moore* (Vol. 1). University of Oxford. London, Egyesült Királyság. 80 p.
167. Muñoz, M., Bozzi, R., García-Casco, J., Núñez, Y., Ribani, A., Franci, O., Óvilo, C. 2019. Genomic diversity, linkage disequilibrium and selection signatures

- in European local pig breeds assessed with a high density SNP chip. *Scientific Reports*. 9(1), 13546.
168. Mráz, P. & Michał, R. 2016. Biogeography of the Carpathians: Evolutionary and spatial facets of biodiversity. *Biological Journal of the Linnean Society*. 119(3), 528–559.
  169. Nabholz, B., Lanfear, R., Fuchs, J. 2016. Body mass-corrected molecular rate for bird mitochondrial DNA. *Molecular Ecology*. 25(18), 4438–4449.
  170. Naderi, S., Rezaei, H. R., Taberlet, P., Zundel, S., Rafat, S. A., Naghash, H. R., Econogene Consortium. 2007. Large-scale mitochondrial DNA analysis of the domestic goat reveals six haplogroups with high diversity. *PloS One*. 2(10), e1012.
  171. Nakamura, Y., Fumitake, U., Yasuhiro, Y., Yusuke, A., Tamao, O., Kumiko, T., Keijiro, N., Hiroshi, K. Takahiro, T. 2008. A novel strategy for preservation of genetic resources in birds. *Biology of Reproduction*. 78, 203.
  172. Nei, M. 1978. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics*. 89(3), 583–590.
  173. Nei, M. & Li, W. H. 1979. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 76(10), 5269–5273.
  174. Newberry, E. P., Kennedy, S. M., Xie, Y., Luo, J., Crooke, R. M., Graham, M. J., Davidson, N. O. 2012. Decreased body weight and hepatic steatosis with altered fatty acid ethanolamide metabolism in aged L-Fabp<sup>-/-</sup> mice. *Journal of Lipid Research*. 53(4), 744–754.
  175. Nowicki, B., Pawlina, E., Dubiel, A. 2007. *Golębie rasowe*. Państwowe Wydawnictwo Rolnicze i Leśne. Lengyelország. 220 p.
  176. Ohashi, J., Tokunaga, K. 2001. The power of genome-wide association studies of complex disease genes: Statistical limitations of indirect approaches using SNP markers. *Journal of Human Genetics*. 46(8), 478–482.
  177. Oliphant, A., Barker, D. L., Stuelpnagel, J. R., Chee, M. S. 2002. BeadArray™ Technology: Enabling an Accurate, Cost-Effective Approach to High-Throughput Genotyping. *Biotechniques*. Suppl:56-8, 60–61.
  178. Osman, K. M., Marouf, S. H., Mehana, O. A., Al Atfeehy, N. 2014. *Salmonella enterica* serotypes isolated from squabs reveal multidrug resistance and a distinct

- pathogenicity gene repertoire. *Revue scientifique et technique* (International Office of Epizootics). 33(3), 997–1006.
179. Pacheco, G., van Grouw, H., Shapiro, M. D., Gilbert, M. T. P., Vieira, F. G. 2020. Darwin's Fancy Revised: An Updated Understanding of the Genomic Constitution of Pigeon Breeds. *Genome Biology and Evolution*. 12(3), 136–150.
  180. Pampouille, E., Berri, C., Boitard, S., Hennequet-Antier, C., Beauclercq, S. A., Godet, E., Le Bihan-Duval, E. 2018. Mapping QTL for white striping in relation to breast muscle yield and meat quality traits in broiler chickens. *BMC Genomics*. 19(1), 19:202 1–14.
  181. Papanagiotou, P., Tzimitra-Kalogianni, I., Melfou, K. 2013. Consumers' expected quality and intention to purchase high quality pork meat. *Meat Science*. 93(3). 449–454.
  182. Parker, H. G., Kim, L. V., Sutter, N. B., Carlson, S., Lorentzen, T. D., Malek, T. B., Johnson, G. S., DeFrance, H. B., Ostrander, E. A., Kruglyak, L. 2004. Genetic structure of the purebred domestic dog. *Science*. 304(5674), 1160–1164.
  183. Patterson, N., Price, A. L., Reich, D. 2006. Population structure and eigen analysis. *PLoS Genetics*. 2(12), 2074–2093.
  184. Pálinkás-Bodzsár, N., Sztan, N., Molnár, T. Hidas, A. 2020. Gene conservation of six Hungarian local chicken breeds maintained in small populations over time. *PLoS One*. 15(9), e0238849.
  185. 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.
  186. Peakall, R. & Smouse, P. E. 2012. GenAlEx 6.5: Genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research—An update. *Bioinformatics*. 28(19), 2537–2539.
  187. Pecsénye, K. 2017. *Védett lepkék populációinak genetikai diverzitása* [MTA doktori disszertáció, Debreceni Egyetem]. Debrecen. 160 p.
  188. Petit, F., Clermont, O., Delannoy, S., Servais, P., Gourmelon, M., Fach, P., Oberlé, K., Fournier, M., Denamur, E., Berthe, T. 2017. Change in the structure of *Escherichia coli* population and the pattern of virulence genes along a rural aquatic continuum. *Frontiers in Microbiology*. 18(8), 609.

189. Pertoldi, C., Wójcik, J. M., Tokarska, M., Kawałko, A., Kristensen, T. N., Loeschcke, V., Bendixen, C. 2010. Genome variability in European and American bison detected using the BovineSNP50 BeadChip. *Conservation Genetics*. 11(2), 627–634.
190. Péterfi, I. 1970. *A házigalamb és tenyésztése*. Ceres könyvkiadó. Bukarest. Románia 265 p.
191. Podbielska, A., Radko, A. 2022. Genetic structure of racing pigeons (*Columba livia*) kept in Poland based on microsatellite markers. *Genes (Basel)*. 13(7), 1175.
192. Pollinger, J. P., Earl, D. A., Knowles, J. C., Boyko, A. R., Parker, H., Geffen, E., Wayne, R. K. 2011. A genome-wide perspective on the evolutionary history of enigmatic wolf-like canids. *Genetic Resources*. 21(8), 1294–1305.
193. Pomianowski, J. F., Mikulski, D., Pudyszak, K., Cooper, R. G., Angowski, M., Jozwik, A., Horbanczuk, J. O. 2009. Chemical composition, cholesterol content, and fatty acid profile of pigeon meat as influenced by meat-type breeds. *Poultry Science*. 88(6), 1306–1309.
194. Priskin, K. 2010. *A Kárpát-medence avar és honfoglalás kori lóállományának archaeogenetikai elemzése*. [Doktori disszertáció, Szegedi Tudományegyetem]. Szeged. 93 p.
195. Pritchard, J. K., Wen, X., Falush, D. 2010. Documentation for structure software: Version 2.3. University of Chicago. Chicago, USA. 1, 37. p.
196. Proskura, W. S., Cichoń, D., Grzesiak, W., Zaborski, D., Sell-Kubiak, E., Cheng, Y. H., Dybus, A. 2014. Single nucleotide polymorphism in the LDHA gene as a potential marker for the racing performance of pigeons. *The Journal of Poultry Science*. 51(4), 364–368. 0130237.
197. Proskura, W. S., Dybus, A., Łukaszewicz, A., Hardziejewicz, E., Pawlina, E. 2015. The single nucleotide polymorphisms in lactate dehydrogenase-a (LDHA) and feather keratin (F-KER) genes and racing performance of domestic pigeon. *Zeszyty Naukowe Uniwersytetu Przyrodniczego we Wrocławiu-Biologia i Hodowla Zwierząt*. 76(608), 37–42.
198. Rabie, T. S. K. M., Crooijmans, R. P. M. A., Bovenhuis, H., Vereijken, A. L. J., Veenendaal, T., Poel, J. J., Groenen, M. A. M. 2005. Genetic mapping of quantitative trait loci affecting susceptibility in chicken to develop pulmonary hypertension syndrome. *Animal Genetics*. 36(6), 468–476.

199. Rafiq, H., Abbas, F., Nazir, F., Khan, F. M. 2020. Molecular Taxonomy and Phylogenetic Analysis of Dove and Pigeon Species (Aves: *Columbidae*) of Pakistan, Based on COI Region of Mitochondrial DNA. *Journal of Bioresource Management*. 7(3), 35–44.
200. Ramadan, S., Abe, H., Hayano, A., Yamaura, J., Onoda, T., Miyake, T., Inoue-Murayama, M. 2011. Analysis of Genetic Diversity of Egyptian Pigeon Breeds. *The Journal of Poultry Science*. 48(2), 79–84.
201. Ramadan, S., Dawod, A., El-Garhy, O., Nowier, A. M., Eltanany, M., Inoue-Murayama, M. 2018. Genetic characterization of 11 microsatellite loci in Egyptian pigeons (*Columba livia domestica*) and their cross-species amplification in other *Columbidae* populations. *Veterinary World*. 11(4), 497–505.
202. Rao, Y. S., Li, J., Zhang, R., Lin, X. R., Xu, J. G., Xie, L., Zhang, X. Q. 2016. Copy number variation identification and analysis of the chicken genome using a 60K SNP BeadChip. *Poultry Science*. 95(8), 1750–1756.
203. Raza, S. H. A., Khan, R., Abdelnour, S. A., Abd El-Hack, M. E., Khafaga, A. F., Taha, A., Ohran, H., Mei, C., Schreurs, N. M., Zan.L. S. 2019. Advances of Molecular Markers and Their Application for Body Aariables and Carcass Traits in Qinchuan Cattle. *Genes*. 10(9), 717–740.
204. Rout, P. K., Joshi, M. B., Mandal, A., Laloe, D., Singh, L., Thangaraj, K. 2008. Microsatellite-based phylogeny of Indian domestic goats. *BMC Genetics*. 9(1), 11.
205. Rozas, J., Ferrer-Mata, A., Sanchez-DelBarrio, J. C., Guirao-Rico, S., Librado, P., Ramos-Onsins, S. E., Sanchez-Gracia, A. 2017. DnaSP 6: DNA sequence polymorphism analysis of large data sets. *Molecular Biology and Evolution*. 34(12), 3299–3302.
206. Sathyakumar, S. 2013. Eighteen polymorphic microsatellites for domestic pigeon *Columba livia var. domestica* developed by cross species amplification of chicken markers. *Journal of Genetics*. 9(3), 86–89.
207. Saunders, I. W., Brohede, J., Hannan, G. N. 2007. Estimating genotyping error rates from Mendelian errors in SNP array genotypes and their impact on inference. *Genomics*. 90(3), 291–296.
208. Schilling, A.-K., Mazzamuto, M.V., Romeo, C. 2022. A Review of Non-Invasive Sampling in Wildlife Disease and Health Research: What’s New? *Animals*. 12, 1719.

209. Schmidt, H. & Roll, R. 2010. *Galamblexikon*. Elektra Kiadóház. Érd. 189 p.
210. Sell, A. 1986. *Handbuch der Tauben* (Vol. 1: *Zucht und Vererbung bei Tauben*). Schober Verlag. Németország. 203 p.
211. Sell, A. 2009. *Taubenrassen: Entstehung, Herkunft, Verwandtschaften*. Sell Publishing. Németország. 328 p.
212. Sell, A. 2012. *Pigeon genetics: Applied genetics in the domestic pigeon*. Sell Publishing. Németország. 528 p.
213. Shabtay, A. 2015. Adaptive traits of indigenous cattle breeds: The Mediterranean Baladi as a case study. *Meat Science*. 109(2015), 27–39.
214. Shapiro, M. D. & Domyan, E. T. 2013. Domestic pigeons. *Current Biology*. 23(8), R302–R303.
215. Shapiro, M. D., Kronenberg, Z., Li, C., Domyan, E. T., Pan, H., Campbell, M., Wang, J. 2013. Genomic Diversity and Evolution of the Head Crest in the Rock Pigeon. *Science*. 339(6123), 1063–1067.
216. Shokolenko, I. & Alexeyev, M. 2022. Mitochondrial DNA: consensuses and controversies. *Dna*. 2(2), 131–148.
217. Singh, V. K. & Kumar, A. 2001. PCR primer design. *Molecular Biology Today*. 2(2), 27–32.
218. Sipos, B., Bagi, Z., Kusza, S. 2019. Óshonos magyar óriásgalamb fajtacsoport genetikai vizsgálatának első lépései–Irodalmi áttekintés és mikroszatellit optimalizálás. *Acta Agronomica Óváriensis*. 60(1), 48–78.
219. Sodhi, S. S., Jeong, D. K., Sharma, N., Lee, J. H., Kim, J. H., Kim, S. H., Kim, S. W., Jon, S. 2013. Marker Assisted Selection-Applications and Evaluation for Commercial Poultry Breeding. *Korean Journal of Poultry Science*. 40(3), 223–234.
220. Stefaniuk-Szmukier, M., Andres, K., Piórkowska, K., Ropka-Molik, K. 2021. Low diversity of mitochondrial DNA in fancy pigeons (*Columba livia*) revealed by partial D-loop sequencing. *Structure*. 52(3), 380–382.
221. Storch, J., Corsico, B. 2008. The emerging functions and mechanisms of mammalian fatty acid-binding proteins. *Annual Review of Nutrition*. 28. 73–95.
222. 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.

223. Su, Y., Jiang, X. S., Zhu, Q. 2006. *Studies on the single nucleotide polymorphism (SNP) sites in melanocortin receptor -3, -4 genes and the relations between the SNPs and slaughter & meat quality traits in chickens*. [Disszertáció, Sichuan Agriculture University]. Kína.
224. Szalay, I. 2017. *Génbanki kutatások régi haszonállataink védelmében*. Mezőgazda Lap- és Könyvkiadó. Budapest. 212 p.
225. Szikora, A. 1974. A galamb, mint exportcikk. *Galambjaink*. 16(5), 7.
226. Szűcs, L. & Szécsényi, I. 1965. *Galambtenyésztés*. Mezőgazdasági kiadó. Budapest. 381 p.
227. Szűcs, L. 1990. *Galambok a ház körül*. Magyar Galamb- és Kisállattenyésztők Országos Szövetsége. Budapest. 105 p.
228. Taanman, J. W. 1999. The mitochondrial genome: structure, transcription, translation and replication. *Biochimica et Biophysica Acta (BBA)-Bioenergetics*. 1410(2), 103–123.
229. Tamura, K., Stecher, G., Kumar, S. 2021. MEGA11: Molecular evolutionary genetics analysis version 11. *Molecular Biology and Evolution*. 38(7), 3022–3027.
230. Timón-Gómez, A., Nývltová, E., Abriata, L. A., Vila, A. J., Hosler, J., Barrientos, A. 2018. Mitochondrial cytochrome c oxidase biogenesis: Recent developments. *Seminars in Cell & Developmental Biology*. 76. 163–178.
231. Tixier-Boichard, M., Bed’Hom, B., Rognon, X. 2011. Chicken domestication: From archeology to genomics. *Comptes Rendus Biologies*. 334(3), 197–204.
232. Toalombo, Vargas, P. A., Le’on, J. M., Fiallos, Ortega, L. R., Martinez, A., Villafuerte Gavilanes, A. A., Delgado, J. V., Landi, V. 2019. Deciphering the patterns of genetic admixture and diversity in the Ecuadorian creole chicken. *Animals*. 9(9), 670.
233. Török, I. 1991. A galambbehozatal. *Kisállataink*. 33(1), 12.
234. 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.
235. Varro, M. T. 1912. *Varro on farming: M. Terenti Varronis rerum rusticarum libri tres*. G. Bell and Sons. LTD. 416 p.
236. Vaysse, A., Ratnakumar, A., Derrien, T., Axelsson, E., Rosengren Pielberg, G., Sigurdsson, S., Fall, T., Seppä, E. H., Hansen, M. S., Lawley, C. T. 2011.

- Identification of genomic regions associated with phenotypic variation between dog breeds using selection mapping. *PLoS Genetics*. 7(10), e1002316.
237. Vekić, M., Kalamujić Stroil, B., Trivunović, S., Pojskić, N., 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.
  238. Verrier, É., Tixier-Boichard, M., Bernigaud, R., Naves, M. 2005. Conservation and value of local livestock breeds: usefulness of niche products and/or adaptation to specific environments. *Animal Genetic Resources/Resources Génétiques Animales/Recursos Genéticos Animales*. 36, 21–31.
  239. Vinay, K. S. & Kumar, A. 2001. PCR Primer Design. *Molecular Biology Today*. 2, 27–32.
  240. Wang, D. G., Fan, J.-B., Siao, C.-J., Berno, A., Young, P., Sapolsky, R., Ghandour, G., Perkins, N., Winchester, E., Spencer, J., Kruglyak, L., Stein, L., Hsie, L., Topaloglou, T., Hubbell, E., Robinson, E., Mittmann, M., Morris, M. S., Shen, N., Kilburn, D., Rioux, J., Nusbaum, C., Rozen, S., Hudson, T. J., Lipshutz, R., Chee, M., Lander, E. S. 1998. Large-scale identification, mapping, and genotyping of single-nucleotide polymorphisms in the human genome. *Science*. 280(5366), 1077–1082.
  241. Wang, Q., Li, H., Li, N., Leng, L., Wang, Y., Tang, Z. 2006. Identification of single nucleotide polymorphism of adipocyte fatty acid-binding protein gene and its association with fatness traits in the chicken. *Poultry Science*. 85(3), 429–434.
  242. Wang, Y, Xu, H., Y., Gilbert, E., R., Peng, X., Zhao, X., L., Liu, Y., P., Zhu, Q. 2014. Detection of SNPs in the TBC1D1 gene and their association with carcass traits in chicken. *Gene*. 547(2), 288–294.
  243. Wang, X., Hu, Y., Liu, Y., Li, C., Wang, Z., Liu, M., Zhou, J., Wang, M. 2025. Multi-omics characterization of quality attributes in pigeon meat. *Foods*. 14(18), 3230.
  244. Wares, J. P. 2010. Natural distributions of mitochondrial sequence diversity support new null hypotheses. *Evolution*. 64(4), 1136–1142.
  245. Wasserman, E. A., Turner, B. M., Güntürkün, O. 2024. The pigeon as a model of complex visual processing and category learning. *Neuroscience Insights*. 19, 26331055241235918.

246. Wray, N. R. 2005. Allele Frequencies and the  $r^2$  Measure of Linkage Disequilibrium: Impact on Design and Interpretation of Association Studies. *Twin Research and Human Genetics*. 8(2), 87–94.
247. Wright, S. 1978. *Variability within and among natural populations*. [In: Evolution and the Genetics of Populations] Volume 4. University of Chicago Press. Chicago. 590 p.
248. Wright, D., Boije, H., Meadows, J. R. S., Bed'hom, B., Gourichon, D., Vieaud, A., Boichard, M. T., Rubin, C. J., Imsland, F., Hallböök, F., Andersson, L. 2009. Copy number variation in intron 1 of SOX5 causes the pea-comb phenotype in chickens. *PLoS Genetics*. 5(6), e1000512.
249. Yan, W., Yi, S., Yiping, L., Xiao-Song, J., Liang, L., Huarui, D., Qing, Z. 2010. Genetic diversity of MC3R gene and its association with slaughter traits and meat quality traits in chickens. *Acta Veterinaria et Zootechnica Sinica*. 38. 1027–1031.
250. Yang, P., Song, X., Wu, W., Zhang, L., Han, Z., Wang, X., Zhang, Z. 2025. Nutritional profiling of breast muscle: A comparative study between Yuzhong pigeons and European meat pigeons. *Food Chemistry*. 10(25), 102157.
251. Ye, M. H., Chen, J. L., Zhao, G. P., Zheng, M. Q., Wen, J. 2010. Correlation between polymorphisms in ADSL and GARS-AIRS-GART genes with inosine 5'-monophosphate (IMP) contents in Beijing-you chickens. *British Poultry Science*. 51(5), 609–613.
252. Ye, S., Yuan, X., Lin, X., Gao, N., Luo, Y., Chen, Z., Zhang, Z. 2018. Imputation from SNP chip to sequence: a case study in a Chinese indigenous chicken population. *Journal of Animal Science and Biotechnology*. 9(1), 1–12.
253. Yin, Z. Z., Dong, X. Y., Dong, D. J., Ma, Y. Z. 2016. Association of MYF5 and KLF15 gene polymorphisms with carcass traits in domestic pigeons (*Columba livia*). *British Poultry Science*. 57(5), 612–618.
254. Zhang, H., Shen, L.-Y., Xu, Z.-C., Kramer, L. M., Yu, J.-Q., Zhang, X.-Y., Li, H. 2020. Haplotype-based genome-wide association studies for carcass and growth traits in chicken. *Poultry Science*. 99(5), 2349–2361.
255. Zhang, B., Gao, Y., Shao, Y., Shen, L., Liu, W., Li, H., Li, Y., Li, J., Ma, T., Wang, Z. 2024. Effect of dietary riboflavin levels on reproductive performance of pigeon breeders, and growth performance and carcass traits of offspring squabs. *Animals*. 14(16), 2414.

256. Zhi, Y., Geng, W., Li, S., Chen, X., Challioui, M. K., Chen, B., Wang, D., Li, Z., Tian, Y., Li, H., Bouabid, B., Kang, X., Liu, X. 2025. Advanced molecular system for accurate identification of chicken genetic resources. *Computers and Electronics in Agriculture*. 231. 109989.
257. Zubor, F. 2016. A szervezett magyarországi galambtenyésztés története és szakirodalma (1882–1918). Bizottság, M. T. A. A. Agrártörténeti szemle= *Historia rerum rusticarum*. 143–159.
258. Zubor, F. 2018. A szervezett magyar galambtenyésztés szakirodalma és tárgyi emlékei a Magyar Mezőgazdasági Múzeum és Könyvtárban (1918–1945). *Magyar Mezőgazdasági Múzeum Közleményei*. 159 p.
259. Zubor, F. 2019. A Magyar Mezőgazdasági Múzeum Közleményei 2018–2019 - A szervezett magyar galambtenyésztés szakirodalma és tárgyi emlékei a Magyar Mezőgazdasági Múzeum és Könyvtárban (1918–1945). 159–193.
260. 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.
261. Zsolnay, M. 2019. Elindult a Szárnyaló gazdaság: Nemzeti Húsgalamb Program. *Kistermelők lapja*. 63(2), 24.

### Internetes források

Net1:

<https://squab.com/coop/?srsltid=AfmBOOpICZmnoOyMIKCPv0Q5xMh9mwxRqMFhG9rNjNWa3sUjWzIg3xhO> Utolsó elérés dátuma: 2026. 01. 31.

Net2: <https://www.scencyclopedia.org/sce/entries/palmetto-pigeon-plant/> Utolsó elérés dátuma: 2026. 02. 15.

Net3: <https://njt.hu/jogszabaly/2004-32-30-41> Utolsó elérés dátuma: 2024. 06. 15.

Net4: <https://magyarmezogazdasag.hu/2012/09/12/legendas-feszekszeretok/> Utolsó elérés dátuma: 2024. 09. 28.

Net5: <https://produckkft.com/?product=pecsenye-galamb-400-600gr> Utolsó elérés dátuma: 2025. 11. 20.

Net6: <https://news.cgtn.com/news/2020-10-20/Pigeon-breeding-lifts-Xinjiang-villagers-out-of-extreme-poverty-UKiSrni2xW/index.html> Utolsó elérés dátuma: 2025. 11. 07.

## 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/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.**, Mizeranschi, 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 Bíborka, 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 Bíborka, 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 Bíborka, 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 Bíborka, 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 Bíborka, 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 fishing 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 kiskállat 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 feketepiac - 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 kisélet 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 kisélet 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 kisélet 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 kisélet 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 kisélet 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 kisélet 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.



## 12. ÁBRÁK, TÁBLÁZATOK JEGYZÉKE

### Ábrák jegyzéke

1. **ábra:** A galambok különböző hasznosítási típusai
2. **ábra:** Különböző markertípusokhoz alkalmazható biostatistikai eljárások és gyakorlati előnyök összegzése
3. **ábra:** SNP-alapú genomikai módszerek időbeli fejlődésének idővonalbeli szemléltetése.
4. **ábra:** Az alkalmazott vizsgálatok logikai rendszere
5. **ábra:** Az I. vizsgálatból származó páronkénti  $F_{ST}$  összehasonlítás a hagyományos fajtacsoportosítás alapján (\*: a statisztikailag szignifikáns értékeket ( $p < 0,05$ ) jelölik)
7. **ábra:** Páronkénti genetikai távolság ( $F_{ST}$ ) földrajzi régiók szerinti csoportok között – I. vizsgálat
8. **ábra:** Genetikai távolságértékek hőtérrképpel ábrázolva mindkét marker esetében
9. **ábra:** Az I. vizsgálatba vont fajták PCoA elemzése
10. **ábra:** Az I. vizsgálat PCoA elemzés eredményei a hagyományos fajtacsoportok elve alapján
11. **ábra:** Az I vizsgálat PCoA elemzés eredményei földrajzi régiók alapján
12. **ábra:** A vizsgált galambfajták haplotípusai közötti kapcsolatok dendrogramokon ábrázolva.
13. **ábra:** Neighbor-Joining Network diagramja A) a hagyományos fajtacsoportok alapján, B) a földrajzi régiók alapján a haplotípusokat jelző körök mérete arányos az egyedszámmal.
14. **ábra:** A II. vizsgálat Neighbor-Joining haplotípus elemzése a mtDNS szekvencia adatok alapján, amely saját mintákból és az NCBI GenBank adatbázisából származó szekvenciákból áll.
15. **ábra:** A  $\Delta K$  értékek alakulása a két vizsgálatban. A) Az I. vizsgálat során számított  $\Delta K$  értékek a különböző K klaszterszámok esetén. B) A II. vizsgálat során számított  $\Delta K$  értékek a különböző K klaszterszámok esetén.
16. **ábra:** A Structure elemzés eredményei  $K=3$  és  $K=11$  esetén az I. vizsgálatból származó adatok alapján.
17. **ábra:** A Structure elemzés eredményei  $K=4$  és  $K=5$  bontásban a 7 nagytestű fajta esetében a II. vizsgálatból származó adatok alapján.
18. **ábra:** A 7 vizsgált fajta mismatch eloszlása
19. **ábra:** A II. vizsgálatba vont populációk allélmintázatai
20. **ábra:** Bruvo-féle genetikai távolság hőtérrképes ábrázolása a II. vizsgálat mikroszatellit marker eredményeire vonatkozóan
21. **ábra:** A II. vizsgálatból származó Bruvo-féle genetikai távolság dendrogramja
22. **ábra:** 356 SNP-vel végzett főkomponens elemzés a két hasznosítási típusra

### Táblázatok jegyzéke

- 1. táblázat:** A galambhús tápértéke az Egyesült Államok Mezőgazdasági Minisztérium adatai alapján
- 2. táblázat:** A PCR reakció során használt primerek adatai
- 3. táblázat:** A mikroszatellit vizsgálatba vont primerek jellemzői
- 4. táblázat:** Az I. vizsgálat hagyományos fajtacsoport szerinti genetikai diverzitás indexei
- 5. táblázat:** Az I. vizsgálat földrajzi régiók szerinti csoportosításának genetikai diverzitás indexei
- 6. táblázat:** Az I. vizsgálatba vont fajták genetikai diverzitás indexei
- 7. táblázat:** A II. vizsgálatból származó mtDNS diverzitás indexek a 7 nagytestű házigalamb populációra vonatkozóan
- 8. táblázat:** AMOVA eredmények az összes csoportosítási típus szerint
- 9. táblázat:** A II. vizsgálat diverzitás indexei a mikroszatellit markerek alapján
- 10. táblázat:** A II. vizsgálat diverzitás indexei lókuszonkénti lebontásban
- 11. táblázat:** A II. vizsgálat fajta/lókuszbontású beltenyésztési együttható értékei
- 12. táblázat:** GeneCall (hívási) arány értékek egyedenként
- 13. táblázat:** Húsminőséghez/teljesítményhez kapcsolt irodalmi SNP-k és vizsgálati mutatóik

### 13. KÖSZÖNETNYILVÁNÍTÁS

Szeretném kifejezni hálás köszönetemet témavezetőmnek, **Dr. Bagi Zoltánnak**, aki széles körű segítséget nyújtott, valamint biztosította a kutatás elvégzéséhez szükséges feltételeket. Szakmai munkámat lelkiismeretesen és türelmesen irányította, emellett bevezetett a kutatói életbe is. Mentorálásának köszönhetően megtanultam, hogy a tudományos eredmények valódi értékét azok gyakorlati hasznosíthatósága adja, ezért a jövőben is arra törekszem, hogy munkámmal a gyakorlat számára is értékes és alkalmazható eredményekhez járuljak hozzá.

Nagyon hálás vagyok **Prof. Dr. Kusza Szilvia** professzor asszonynak, kutatócsoportunk vezetőjének a vizsgálataimhoz szükséges feltételek és háttér biztosításáért, valamint azért, hogy dolgozatomat szakmailag lektorálta. Építő kritikái jelentős mértékben hozzájárultak a dolgozat színvonalának emeléséhez.

Köszönettel tartozom **Dr. Stéger Viktornak**, **Dr. Fehér Péter Árpádnak** és **Ali Al-Sallami Wadday-nak** az iraki galambminták gyűjtésében és laboratóriumi feldolgozásában nyújtott segítségükért.

Köszönöm **Hegedűs Bettina**, **Dr. Putri Kusuma Astuti** és **Véghné Dr. Tóth Bianka Mónika** kollégáimnak a kutatással kapcsolatos szakmai tanácskozásokat, melyek a dolgozat összeállításában pótolhatatlan segítséget jelentettek.

Köszönet illeti továbbá az **Agrár Genomikai és Biotechnológiai Központ Állatgenomikai Kutatócsoport** minden volt és jelenlegi munkatársát, akik segítették a laboratóriumban végzett munkámat.

Köszönettel tartozom a **Gróf Tisza István Debreceni Egyetemért Alapítvány Kiválósági PhD Ösztöndíj Program** támogatásáért, mely a szakmai előremeneteletem segítette.

Kiemelt köszönet illeti mindazon **galambtenyésztőket**, akik hozzájárultak a genetikai vizsgálatokhoz szükséges mintavételekhez, valamint a dolgozat és a cikkek illusztrálásában nyújtott segítségükért is, hogy a fényképek elkészítéséhez biztosították madaraikat.

Végezetül szeretném köszönetemet kifejezni férjemnek **Szabó Ákosnak**, **Szüleimnek**, **Testvéremnek**, **Családomnak** és **Barátaimnak**, akik az évek során lelki támogatással és végtelen türelemmel mindvégig mellettem álltak. Biztatásuk nélkül jelen dolgozat nem készülhetett volna el.

## 14. NYILATKOZATOK

### NYILATKOZAT

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

Debrecen, 2026.08.24.

Balog Katalin  
a jelölt aláírása

### NYILATKOZAT

Tanúsítom, hogy **Balog Katalin** doktorjelölt 2022 – 2026 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 javaslom/javasoljuk.

Debrecen, 2026.08.24.

Dr. Bagi Zoltán  
témavezető

## 15. MELLÉKLETEK

### 1. Melléklet: A vizsgálatban szereplő minták összefoglaló táblázata

#### M1. 1. táblázat: A minták származásának összefoglaló táblázata

Jelmagyarázat: I. Filogenetikai/filogeográfiai vizsgálatba vont minták

II.: a hét nagytestű fajta vizsgálatába vont minták

III. DNS-chip vizsgálatba vont fajták

n. a.: nincs adat

BUGA = alföldi buga galamb, BUCH = bucharai dobos, CAR = kárnó, CSIRKE = magyar csirke galamb, HÁZI = magyar házi galamb, HUB = hubbel, KING = king, MIRTHYS = mirthys, MOND = mondain MÓ = magyar óriás galamb MÓB = magyar óriás begyes, PAR = parókás galamb, PG = alföldi parasztygtyás, RÓMAI = római galamb SZAL = szalontai óriás, SZOVÁTI = szováti kék galamb, TEX = texán, RAABI = iraki raabi galamb, RED = iraki vörös galamb

| Minta azonosító            | Szín        | Minta származási helye   |
|----------------------------|-------------|--------------------------|
| 65_BUGA <sup>I, II.</sup>  | vörös       | Monor, Magyarország      |
| 220_BUGA <sup>II.</sup>    | fekete      | Szeged, Magyarország     |
| 222_BUGA <sup>I, II.</sup> | fekete      | Szeged, Magyarország     |
| 223_BUGA <sup>II.</sup>    | fekete      | Szeged, Magyarország     |
| 224_BUGA <sup>II.</sup>    | fekete      | Szeged, Magyarország     |
| 225_BUGA <sup>I, II.</sup> | fekete      | Szeged, Magyarország     |
| 226_BUGA <sup>II.</sup>    | fekete      | Szeged, Magyarország     |
| 227_BUGA <sup>II.</sup>    | kék         | Szeged, Magyarország     |
| 228_BUGA <sup>I, II.</sup> | kék         | Szeged, Magyarország     |
| 229_BUGA <sup>II.</sup>    | kék         | Szeged, Magyarország     |
| 230_BUGA <sup>II.</sup>    | kék         | Szeged, Magyarország     |
| 231_BUGA <sup>II.</sup>    | kék         | Szeged, Magyarország     |
| 232_BUGA <sup>I.</sup>     | kék         | Szeged, Magyarország     |
| 233_BUGA <sup>II.</sup>    | kék         | Szeged, Magyarország     |
| 235_BUGA <sup>II.</sup>    | kék         | Szeged, Magyarország     |
| 236_BUGA <sup>II.</sup>    | kék         | Szeged, Magyarország     |
| 237_BUGA <sup>II.</sup>    | sárga       | Szeged, Magyarország     |
| 238_BUGA <sup>I, II.</sup> | sárga       | Szeged, Magyarország     |
| 239_BUGA <sup>II.</sup>    | vörös       | Szeged, Magyarország     |
| 240_BUGA <sup>I, II.</sup> | vörös       | Szeged, Magyarország     |
| 241_BUGA <sup>II.</sup>    | vörös       | Szeged, Magyarország     |
| 242_BUGA <sup>II.</sup>    | vörös       | Szeged, Magyarország     |
| 243_BUGA <sup>II.</sup>    | fekete      | Szeged, Magyarország     |
| 245_BUGA <sup>II.</sup>    | fekete      | Szeged, Magyarország     |
| 246_BUGA <sup>II.</sup>    | fekete      | Szeged, Magyarország     |
| 247_BUGA <sup>II.</sup>    | fekete      | Szeged, Magyarország     |
| 248_BUGA <sup>II.</sup>    | fekete      | Szeged, Magyarország     |
| 249_BUGA <sup>I, II.</sup> | fekete      | Szeged, Magyarország     |
| 250_BUGA <sup>I, II.</sup> | fekete      | Szeged, Magyarország     |
| 251_BUGA <sup>II.</sup>    | fekete      | Szeged, Magyarország     |
| 252_BUGA <sup>II.</sup>    | kék         | Szeged, Magyarország     |
| 253_BUGA <sup>II.</sup>    | kék         | Szeged, Magyarország     |
| 254_BUGA <sup>II.</sup>    | sárga       | Szeged, Magyarország     |
| 257_BUGA <sup>I.</sup>     | sárga       | Szeged, Magyarország     |
| 258_BUGA <sup>II.</sup>    | vörös       | Szeged, Magyarország     |
| 259_BUGA <sup>II.</sup>    | sárga       | Szeged, Magyarország     |
| 260_BUGA <sup>II.</sup>    | fekete      | Szeged, Magyarország     |
| 261_BUGA <sup>I.</sup>     | fekete      | Szeged, Magyarország     |
| 262_BUGA <sup>II.</sup>    | sárga       | Szeged, Magyarország     |
| 263_BUGA <sup>I.</sup>     | sárga       | Szeged, Magyarország     |
| 264_BUGA <sup>II.</sup>    | sárga       | Szeged, Magyarország     |
| 265_BUGA <sup>II.</sup>    | sárga       | Szeged, Magyarország     |
| 266_BUGA <sup>I.</sup>     | sárga       | Szeged, Magyarország     |
| 760_BUCH <sup>I.</sup>     | fekete      | Marosbárdos, Románia     |
| 761_BUCH <sup>I.</sup>     | fehér       | Marosbárdos, Románia     |
| 762_BUCH <sup>I.</sup>     | babos       | Marosbárdos, Románia     |
| 828_BUCH <sup>I.</sup>     | sárga tarka | Békéscsaba, Magyarország |
| 829_BUCH <sup>I.</sup>     | fehér       | Békéscsaba, Magyarország |
| 830_BUCH <sup>I.</sup>     | háromszínű  | Békéscsaba, Magyarország |
| 831_BUCH <sup>I.</sup>     | fekete      | Békéscsaba, Magyarország |
| 425_CAR <sup>I.</sup>      | dun         | Farád, Magyarország      |

| 426_CAR <sup>I</sup>      | kék                | Farád, Magyarország         |
|---------------------------|--------------------|-----------------------------|
| 427_CAR <sup>I</sup>      | kovácsolt          | Farád, Magyarország         |
| Minta azonosító           | Szín               | Minta származási helye      |
| 428_CAR <sup>I</sup>      | kék                | Farád, Magyarország         |
| 430_CAR <sup>I</sup>      | kék                | Farád, Magyarország         |
| 431_CAR <sup>I</sup>      | kék                | Farád, Magyarország         |
| 432_CAR <sup>I</sup>      | vörös-tarka        | Farád, Magyarország         |
| 433_CAR <sup>I</sup>      | vörös-tarka        | Farád, Magyarország         |
| 463_CAR <sup>I</sup>      | vörös tarka        | Farád, Magyarország         |
| 470_CAR <sup>I</sup>      | ezüst              | Farád, Magyarország         |
| 267_CSIRKE <sup>I</sup>   | dun                | n.a.                        |
| 268_CSIRKE <sup>I</sup>   | vörös fehér babbal | n.a.                        |
| 270_CSIRKE <sup>I</sup>   | fehér              | Tótkomlós, Magyarország     |
| 273_CSIRKE <sup>I</sup>   | fehér              | Farád, Magyarország         |
| 274_CSIRKE <sup>I</sup>   | fehér tarka        | n.a.                        |
| 275_CSIRKE <sup>I</sup>   | dun                | n.a.                        |
| 277_CSIRKE <sup>I</sup>   | világos dun        | n.a.                        |
| 278_CSIRKE <sup>I</sup>   | vörös              | Farád, Magyarország         |
| 518_HÁZI <sup>I</sup>     | tarka              | Cserefalva, Románia         |
| 520_HÁZI <sup>I</sup>     | tarka              | Cserefalva, Románia         |
| 522_HÁZI <sup>I</sup>     | fehér              | Cserefalva, Románia         |
| 523_HÁZI <sup>I</sup>     | kék deres          | Náznánfalva, Románia        |
| 524_HÁZI <sup>I</sup>     | fehér kontyos      | Náznánfalva, Románia        |
| 525_HÁZI <sup>I</sup>     | fehér kontyos      | Náznánfalva, Románia        |
| 526_HÁZI <sup>I</sup>     | fehér fekete sima  | Náznánfalva, Románia        |
| 530_HÁZI <sup>I</sup>     | fehér kontyos      | Náznánfalva, Románia        |
| 272_HUB <sup>I</sup>      | fehér              | n.a.                        |
| 280_HUB <sup>I</sup>      | fehér              | n.a.                        |
| 442_HUB <sup>I</sup>      | fehér              | Farád, Magyarország         |
| 445_HUB <sup>I</sup>      | fehér              | Farád, Magyarország         |
| 446_HUB <sup>I</sup>      | fehér              | Farád, Magyarország         |
| 447_HUB <sup>I</sup>      | fehér              | Farád, Magyarország         |
| 449_HUB <sup>I</sup>      | fehér              | Farád, Magyarország         |
| 459_HUB <sup>I</sup>      | fehér              | Farád, Magyarország         |
| 460_HUB <sup>I</sup>      | sárga              | Farád, Magyarország         |
| 461_HUB <sup>I</sup>      | ezüst              | Farád, Magyarország         |
| 28_KING <sup>I, II</sup>  | fehér              | Orosháza, Magyarország      |
| 30_KING <sup>I, II</sup>  | fehér              | Orosháza, Magyarország      |
| 31_KING <sup>II</sup>     | fehér              | Orosháza, Magyarország      |
| 32_KING <sup>II</sup>     | fehér              | Orosháza, Magyarország      |
| 33_KING <sup>II</sup>     | fehér              | Orosháza, Magyarország      |
| 34_KING <sup>II</sup>     | fehér              | Orosháza, Magyarország      |
| 35_KING <sup>II</sup>     | fehér              | Orosháza, Magyarország      |
| 36_KING <sup>I, II</sup>  | fakó               | Békéssámsón, Magyarország   |
| 37_KING <sup>II</sup>     | fekete             | Békéssámsón, Magyarország   |
| 38_KING <sup>II</sup>     | vörös              | Békéssámsón, Magyarország   |
| 40_KING <sup>II</sup>     | fekete             | Békéssámsón, Magyarország   |
| 41_KING <sup>II</sup>     | fekete             | Békéssámsón, Magyarország   |
| 42_KING <sup>I, II</sup>  | jeges              | Békéssámsón, Magyarország   |
| 43_KING <sup>II</sup>     | kovácsolt vörös    | Békéssámsón, Magyarország   |
| 44_KING <sup>II</sup>     | indigó             | Békéssámsón, Magyarország   |
| 45_KING <sup>II</sup>     | kovácsolt kék      | Békéssámsón, Magyarország   |
| 46_KING <sup>II</sup>     | fekete             | Békéssámsón, Magyarország   |
| 47_KING <sup>II</sup>     | fekete             | Békéssámsón, Magyarország   |
| 130_KING <sup>II</sup>    | fehér              | Balmazújváros, Magyarország |
| 131_KING <sup>I, II</sup> | fehér              | Balmazújváros, Magyarország |
| 132_KING <sup>I, II</sup> | fehér              | Balmazújváros, Magyarország |
| 154_KING <sup>II</sup>    | kovácsolt kék      | Kaszaper                    |
| 155_KING <sup>II</sup>    | szalagos kék       | Kaszaper                    |
| 156_KING <sup>II</sup>    | világos babos      | Kaszaper                    |
| 157_KING <sup>I</sup>     | fekete             | Kaszaper, Magyarország      |
| 158_KING <sup>II</sup>    | szalagos kék       | Kaszaper, Magyarország      |
| 159_KING <sup>II</sup>    | grizli             | Kaszaper, Magyarország      |
| 160_KING <sup>I, II</sup> | vörösfakó          | Kaszaper, Magyarország      |
| 161_KING <sup>I, II</sup> | vörös              | Kaszaper, Magyarország      |
| 162_KING <sup>II</sup>    | grizli             | Kaszaper, Magyarország      |
| 163_KING <sup>I, II</sup> | grizli             | Kaszaper, Magyarország      |
| 164_KING <sup>II</sup>    | indigó             | Kaszaper, Magyarország      |
| 165_KING <sup>I, II</sup> | grizli             | Kaszaper, Magyarország      |
| 167_KING <sup>I, II</sup> | kovácsolt vörös    | Kaszaper, Magyarország      |

|                                 |                                |                               |
|---------------------------------|--------------------------------|-------------------------------|
| 168_KING <sup>II.</sup>         | kovácsolt vörös                | Kaszaper, Magyarország        |
| <b>Minta azonosító</b>          | <b>Szín</b>                    | <b>Minta származási helye</b> |
| 169_KING <sup>II.</sup>         | kovácsolt barna                | Kaszaper, Magyarország        |
| 170_KING <sup>II.</sup>         | fekete                         | Kaszaper, Magyarország        |
| 334_MIRTHYS <sup>III.</sup>     | fehér                          | Görbeháza, Magyarország       |
| 341_MIRTHYS <sup>I.</sup>       | fehér                          | Görbeháza, Magyarország       |
| 345_MIRTHYS <sup>I.</sup>       | fehér                          | Görbeháza, Magyarország       |
| 355_MIRTHYS <sup>I.</sup>       | fehér                          | Görbeháza, Magyarország       |
| 358_MIRTHYS <sup>III.</sup>     | színes                         | Görbeháza, Magyarország       |
| 370_MIRTHYS <sup>III.</sup>     | fehér                          | Görbeháza, Magyarország       |
| 371_MIRTHYS <sup>III.</sup>     | fehér                          | Görbeháza, Magyarország       |
| 383_MIRTHYS <sup>I.</sup>       | fehér                          | Görbeháza, Magyarország       |
| 385_MIRTHYS <sup>I., III.</sup> | színes                         | Görbeháza, Magyarország       |
| 388_MIRTHYS <sup>III.</sup>     | színes                         | Görbeháza, Magyarország       |
| 390_MIRTHYS <sup>I.</sup>       | színes                         | Görbeháza, Magyarország       |
| 391_MIRTHYS <sup>I.</sup>       | színes                         | Görbeháza, Magyarország       |
| 392_MIRTHYS <sup>III.</sup>     | színes                         | Görbeháza, Magyarország       |
| 411_MIRTHYS <sup>III.</sup>     | fehér                          | Görbeháza, Magyarország       |
| 412_MIRTHYS <sup>III.</sup>     | fehér                          | Görbeháza, Magyarország       |
| 414_MIRTHYS <sup>I.</sup>       | fehér                          | Görbeháza, Magyarország       |
| 417_MIRTHYS <sup>III.</sup>     | fehér                          | Görbeháza, Magyarország       |
| 420_MIRTHYS <sup>III.</sup>     | fehér                          | Görbeháza, Magyarország       |
| 435_MIRTHYS <sup>I.</sup>       | deres                          | Farád, Magyarország           |
| 462_MIRTHYS <sup>I.</sup>       | deres                          | Farád, Magyarország           |
| 499_MIRTHYS <sup>I., III.</sup> | fehér                          | Görbeháza, Magyarország       |
| 48_MOND <sup>I., II.</sup>      | kék deres                      | Balmazújváros, Magyarország   |
| 49_MOND <sup>II.</sup>          | vörös fakó szalagos            | Balmazújváros, Magyarország   |
| 50_MOND <sup>I., II.</sup>      | vörös fakó szalagos            | Balmazújváros, Magyarország   |
| 51_MOND <sup>I., II.</sup>      | kovácsolt kék                  | Balmazújváros, Magyarország   |
| 52_MOND <sup>II.</sup>          | szalagos kék                   | Balmazújváros, Magyarország   |
| 53_MOND <sup>II.</sup>          | vörös fakó szalagos            | Balmazújváros, Magyarország   |
| 54_MOND <sup>I., II.</sup>      | szalagos kék                   | Balmazújváros, Magyarország   |
| 55_MOND <sup>I., II.</sup>      | deres                          | Balmazújváros, Magyarország   |
| 56_MOND <sup>I., II.</sup>      | sárga                          | Balmazújváros, Magyarország   |
| 57_MOND <sup>II.</sup>          | sárga                          | Balmazújváros, Magyarország   |
| 58_MOND <sup>II.</sup>          | deres                          | Balmazújváros, Magyarország   |
| 61_MOND <sup>II.</sup>          | szalagos kék                   | Balmazújváros, Magyarország   |
| 63_MOND <sup>I.</sup>           | szalagos vörös                 | Balmazújváros, Magyarország   |
| 64_MOND <sup>II.</sup>          | babos                          | Balmazújváros, Magyarország   |
| 114_MOND <sup>I., II.</sup>     | vörös                          | Csorvás, Magyarország         |
| 116_MOND <sup>II.</sup>         | fekete                         | Balmazújváros, Magyarország   |
| 117_MOND <sup>II.</sup>         | sárga                          | Balmazújváros, Magyarország   |
| 120_MOND <sup>II.</sup>         | sárga                          | Balmazújváros, Magyarország   |
| 122_MOND <sup>II.</sup>         | fekete                         | Balmazújváros, Magyarország   |
| 123_MOND <sup>I.</sup>          | fehér                          | Balmazújváros, Magyarország   |
| 124_MOND <sup>II.</sup>         | fehér                          | Balmazújváros, Magyarország   |
| 125_MOND <sup>II.</sup>         | vörösfakó szalagos             | Balmazújváros, Magyarország   |
| 128_MOND <sup>I., II.</sup>     | fakó                           | Balmazújváros, Magyarország   |
| 129_MOND <sup>II.</sup>         | szalagos kék                   | Balmazújváros, Magyarország   |
| 144_MOND <sup>II.</sup>         | fakó                           | Hajdúszoboszló, Magyarország  |
| 14_MÓ <sup>II.</sup>            | szíves kék                     | Rábapatona, Magyarország      |
| 15_MÓ <sup>I., II.</sup>        | babos (világos, vörös babbal)  | Rábapatona, Magyarország      |
| 17_MÓ <sup>II.</sup>            | kovácsolt kék                  | Farád, Magyarország           |
| 18_MÓ <sup>I.</sup>             | babos (világos, fekete babbal) | Farád, Magyarország           |
| 68_MÓ <sup>II.</sup>            | fekete babos                   | Balmazújváros, Magyarország   |
| 70_MÓ <sup>II.</sup>            | fekete tarka                   | Balmazújváros, Magyarország   |
| 71_MÓ <sup>I., II.</sup>        | kovácsolt kék                  | Balmazújváros, Magyarország   |
| 72_MÓ <sup>I.</sup>             | tarka/fekete farok             | Balmazújváros, Magyarország   |
| 73_MÓ <sup>II.</sup>            | kovácsolt kék                  | Balmazújváros, Magyarország   |
| 75_MÓ <sup>I., II.</sup>        | fehér, fekete babbal           | Balmazújváros, Magyarország   |
| 76_MÓ <sup>II.</sup>            | fekete                         | Balmazújváros, Magyarország   |
| 78_MÓ <sup>II.</sup>            | fekete (kevés babbal)          | Balmazújváros, Magyarország   |
| 79_MÓ <sup>II.</sup>            | vörös tarka                    | Balmazújváros, Magyarország   |
| 80_MÓ <sup>II.</sup>            | háromszínű                     | Balmazújváros, Magyarország   |
| 81_MÓ <sup>I., II.</sup>        | kovácsolt kék                  | Balmazújváros, Magyarország   |
| 82_MÓ <sup>II.</sup>            | fekete tarka                   | Balmazújváros, Magyarország   |
| 83_MÓ <sup>II.</sup>            | vörös tarka                    | Balmazújváros, Magyarország   |
| 94_MÓ <sup>I., II.</sup>        | fekete babos                   | Csorvás, Magyarország         |
| 95_MÓ <sup>I., II.</sup>        | barna babos                    | Csorvás, Magyarország         |
| 96_MÓ <sup>II.</sup>            | vörös                          | Csorvás, Magyarország         |

| 97_MÓ <sup>II</sup> .      | fekete         | Csorvás, Magyarország       |
|----------------------------|----------------|-----------------------------|
| Minta azonosító            | Szín           | Minta származási helye      |
| 98_MÓ <sup>I, II</sup> .   | vörös          | Csorvás, Magyarország       |
| 99_MÓ <sup>I, II</sup> .   | vörös (tükrös) | Csorvás, Magyarország       |
| 100_MÓ <sup>I, II</sup> .  | fekete csapos  | Csorvás, Magyarország       |
| 101_MÓ <sup>II</sup> .     | világos babos  | Csorvás, Magyarország       |
| 102_MÓ <sup>II</sup> .     | fekete         | Csorvás, Magyarország       |
| 175_MÓ <sup>II</sup> .     | kék tarka      | Nyíregyháza, Magyarország   |
| 176_MÓ <sup>I, II</sup> .  | babos fekete   | Nyíregyháza, Magyarország   |
| 177_MÓ <sup>I, II</sup> .  | babos fekete   | Nyíregyháza, Magyarország   |
| 178_MÓ <sup>II</sup> .     | tarka him      | Nyíregyháza, Magyarország   |
| 179_MÓ <sup>II</sup> .     | babos fekete   | Nyíregyháza, Magyarország   |
| 180_MÓ <sup>I</sup> .      | babos fekete   | Nyíregyháza, Magyarország   |
| 184_MÓ <sup>I, II</sup> .  | fekete tarka   | Nyíregyháza, Magyarország   |
| 133_MÓB <sup>I, II</sup> . | szalagos kék   | Balmazújváros, Magyarország |
| 134_MÓB <sup>II</sup> .    | szalagos kék   | Balmazújváros, Magyarország |
| 135_MÓB <sup>II</sup> .    | fekete         | Balmazújváros, Magyarország |
| 136_MÓB <sup>II</sup> .    | deres          | Balmazújváros, Magyarország |
| 145_MÓB <sup>I, II</sup> . | vörös          | Balmazújváros, Magyarország |
| 146_MÓB <sup>I, II</sup> . | fehér          | Balmazújváros, Magyarország |
| 147_MÓB <sup>II</sup> .    | fekete         | Balmazújváros, Magyarország |
| 148_MÓB <sup>II</sup> .    | kovácsolt kék  | Balmazújváros, Magyarország |
| 149_MÓB <sup>II</sup> .    | fehér          | Balmazújváros, Magyarország |
| 150_MÓB <sup>I, II</sup> . | gólyás         | Balmazújváros, Magyarország |
| 185_MÓB <sup>I, II</sup> . | szalagos kék   | Kakasd, Magyarország        |
| 186_MÓB <sup>II</sup> .    | deres          | Kakasd, Magyarország        |
| 187_MÓB <sup>II</sup> .    | kék            | Kakasd, Magyarország        |
| 188_MÓB <sup>II</sup> .    | kék            | Kakasd, Magyarország        |
| 189_MÓB <sup>II</sup> .    | kék            | Kakasd, Magyarország        |
| 190_MÓB <sup>II</sup> .    | kék            | Kakasd, Magyarország        |
| 191_MÓB <sup>I, II</sup> . | fekete         | Kakasd, Magyarország        |
| 192_MÓB <sup>II</sup> .    | fekete         | Kakasd, Magyarország        |
| 193_MÓB <sup>II</sup> .    | fehér          | Kakasd, Magyarország        |
| 194_MÓB <sup>I, II</sup> . | fehér          | Kakasd, Magyarország        |
| 195_MÓB <sup>II</sup> .    | sárga          | Kakasd, Magyarország        |
| 196_MÓB <sup>I, II</sup> . | vörös          | Kakasd, Magyarország        |
| 197_MÓB <sup>II</sup> .    | sárga          | Kakasd, Magyarország        |
| 198_MÓB <sup>I, II</sup> . | kovácsolt kék  | Kakasd, Magyarország        |
| 199_MÓB <sup>II</sup> .    | fekete         | Kakasd, Magyarország        |
| 200_MÓB <sup>II</sup> .    | fekete         | Pécs, Magyarország          |
| 201_MÓB <sup>II</sup> .    | tarka          | Pécs, Magyarország          |
| 202_MÓB <sup>II</sup> .    | fekete tarka   | Pécs, Magyarország          |
| 203_MÓB <sup>I, II</sup> . | fekete         | Pécs, Magyarország          |
| 204_MÓB <sup>II</sup> .    | fekete         | Pécs, Magyarország          |
| 205_MÓB <sup>I, II</sup> . | tarka          | Pécs, Magyarország          |
| 206_MÓB <sup>II</sup> .    | tarka          | Pécs, Magyarország          |
| 207_MÓB <sup>I, II</sup> . | sárga          | Pécs, Magyarország          |
| 208_MÓB <sup>I, II</sup> . | sárga          | Pécs, Magyarország          |
| 209_MÓB <sup>II</sup> .    | sárga          | Pécs, Magyarország          |
| 210_MÓB <sup>I, II</sup> . | sárga          | Pécs, Magyarország          |
| 655_PAR <sup>I</sup> .     | sárga          | Tótkomlós, Magyarország     |
| 657_PAR <sup>I</sup> .     | fekete         | Tótkomlós, Magyarország     |
| 683_PAR <sup>I</sup> .     | vörös          | Józsa, Magyarország         |
| 686_PAR <sup>I</sup> .     | háromszínű     | Józsa, Magyarország         |
| 689_PAR <sup>I</sup> .     | sárga tarka    | Józsa, Magyarország         |
| 693_PAR <sup>I</sup> .     | vörös deres    | Józsa, Magyarország         |
| 695_PAR <sup>I</sup> .     | vörös deres    | Józsa, Magyarország         |
| 756_PAR <sup>I</sup> .     | vörös tarka    | Marosbárdos, Románia        |
| 757_PAR <sup>I</sup> .     | háromszínű     | Marosbárdos, Románia        |
| 758_PAR <sup>I</sup> .     | domináns vörös | Marosbárdos, Románia        |
| 566_PG <sup>I</sup> .      | fehér          | Balmazújváros, Magyarország |
| 567_PG <sup>I</sup> .      | fehér          | Balmazújváros, Magyarország |
| 570_PG <sup>I</sup> .      | fehér          | Balmazújváros, Magyarország |
| 572_PG <sup>I</sup> .      | fehér          | Pécs, Magyarország          |
| 573_PG <sup>I</sup> .      | fehér          | Balmazújváros, Magyarország |
| 574_PG <sup>I</sup> .      | fehér          | Balmazújváros, Magyarország |
| 576_PG <sup>I</sup> .      | fehér          | Pápa, Magyarország          |
| 815_PG <sup>I</sup> .      | fehér          | Jánoshalma, Magyarország    |
| 817_PG <sup>I</sup> .      | fehér          | Jánoshalma, Magyarország    |
| 818_PG <sup>I</sup> .      | fehér          | Jánoshalma, Magyarország    |

| Minta azonosító              | Szín                         | Minta származási helye       |
|------------------------------|------------------------------|------------------------------|
| 533_POSTA <sup>III.</sup>    | szalagos kék                 | Karcag, Magyarország         |
| 534_POSTA <sup>III.</sup>    | szalagos kék                 | Karcag, Magyarország         |
| 535_POSTA <sup>III.</sup>    | szalagos kék                 | Karcag, Magyarország         |
| 536_POSTA <sup>III.</sup>    | szalagos kék                 | Karcag, Magyarország         |
| 537_POSTA <sup>III.</sup>    | szalagos kék                 | Karcag, Magyarország         |
| 539_POSTA <sup>III.</sup>    | szalagos kék                 | Karcag, Magyarország         |
| 541_POSTA <sup>III.</sup>    | szalagos kék                 | Debrecen, Magyarország       |
| 542_POSTA <sup>III.</sup>    | szalagos kék                 | Debrecen, Magyarország       |
| 543_POSTA <sup>III.</sup>    | szalagos kék                 | Debrecen, Magyarország       |
| 544_POSTA <sup>III.</sup>    | szalagos kék                 | Debrecen, Magyarország       |
| 545_POSTA <sup>III.</sup>    | szalagos kék                 | Debrecen, Magyarország       |
| 546_POSTA <sup>III.</sup>    | szalagos kék                 | Debrecen, Magyarország       |
| 19_RÓMAI <sup>II.</sup>      | szalagos kék                 | Szarvas, Magyarország        |
| 20_RÓMAI <sup>II.</sup>      | fehér                        | Szarvas, Magyarország        |
| 22_RÓMAI <sup>II.</sup>      | fehér                        | Szarvas, Magyarország        |
| 23_RÓMAI <sup>II.</sup>      | szalagos kék                 | Szarvas, Magyarország        |
| 24_RÓMAI <sup>II.</sup>      | fehér                        | Szarvas, Magyarország        |
| 25_RÓMAI <sup>II.</sup>      | szalagos kék                 | Szarvas, Magyarország        |
| 26_RÓMAI <sup>II.</sup>      | fehér                        | Szarvas, Magyarország        |
| 27_RÓMAI <sup>II.</sup>      | n.a.                         | Szarvas, Magyarország        |
| 66_RÓMAI <sup>II.</sup>      | sárga                        | Monor, Magyarország          |
| 137_RÓMAI <sup>II.</sup>     | fakó                         | Hajdúszoboszló, Magyarország |
| 138_RÓMAI <sup>I., II.</sup> | dun                          | Hajdúszoboszló, Magyarország |
| 139_RÓMAI <sup>II.</sup>     | fakó                         | Hajdúszoboszló, Magyarország |
| 140_RÓMAI <sup>II.</sup>     | dun                          | Hajdúszoboszló, Magyarország |
| 141_RÓMAI <sup>I., II.</sup> | szalagos kék                 | Hajdúszoboszló, Magyarország |
| 142_RÓMAI <sup>II.</sup>     | fehér                        | Hajdúszoboszló, Magyarország |
| 143_RÓMAI <sup>II.</sup>     | fakó                         | Hajdúszoboszló, Magyarország |
| 151_RÓMAI <sup>I., II.</sup> | fekete                       | Püspökladány, Magyarország   |
| 152_RÓMAI <sup>II.</sup>     | dun                          | Püspökladány, Magyarország   |
| 153_RÓMAI <sup>I., II.</sup> | szalagos kék                 | Püspökladány, Magyarország   |
| 171_RÓMAI <sup>II.</sup>     | szalagos kék                 | Tótkomlós, Magyarország      |
| 172_RÓMAI <sup>II.</sup>     | csapos szalagos kék          | Tótkomlós, Magyarország      |
| 173_RÓMAI <sup>II.</sup>     | szalagos kék                 | Tótkomlós, Magyarország      |
| 174_RÓMAI <sup>I., II.</sup> | fehér                        | Tótkomlós, Magyarország      |
| 211_RÓMAI <sup>I., II.</sup> | sárga                        | Farád, Magyarország          |
| 212_RÓMAI <sup>II.</sup>     | sárga                        | Farád, Magyarország          |
| 213_RÓMAI <sup>I., II.</sup> | sárga                        | Farád, Magyarország          |
| 214_RÓMAI <sup>I., II.</sup> | fehér                        | Farád, Magyarország          |
| 215_RÓMAI <sup>I., II.</sup> | vörös                        | Farád, Magyarország          |
| 216_RÓMAI <sup>I., II.</sup> | fehér                        | Farád, Magyarország          |
| 217_RÓMAI <sup>II.</sup>     | fehér                        | Farád, Magyarország          |
| 8_SZAL <sup>II.</sup>        | n.a.                         | Rábapatona, Magyarország     |
| 9_SZAL <sup>I., II.</sup>    | n.a.                         | Rábapatona, Magyarország     |
| 10_SZAL <sup>II.</sup>       | n.a.                         | Rábapatona, Magyarország     |
| 11_SZAL <sup>I., II.</sup>   | n.a.                         | Rábapatona, Magyarország     |
| 16_SZAL <sup>I., II.</sup>   | kék, vöröses szárnyszalaggal | Rábapatona, Magyarország     |
| 84_SZAL <sup>I., II.</sup>   | kék                          | Csorvás, Magyarország        |
| 85_SZAL <sup>I., II.</sup>   | kék                          | Csorvás, Magyarország        |
| 86_SZAL <sup>I., II.</sup>   | vörös                        | Csorvás, Magyarország        |
| 87_SZAL <sup>II.</sup>       | deres                        | Csorvás, Magyarország        |
| 88_SZAL <sup>II.</sup>       | fehér                        | Csorvás, Magyarország        |
| 89_SZAL <sup>II.</sup>       | fehér                        | Csorvás, Magyarország        |
| 91_SZAL <sup>II.</sup>       | kék szíves                   | Csorvás, Magyarország        |
| 93_SZAL <sup>II.</sup>       | kék                          | Csorvás, Magyarország        |
| 103_SZAL <sup>II.</sup>      | kék                          | Csorvás, Magyarország        |
| 104_SZAL <sup>II.</sup>      | fehér                        | Csorvás, Magyarország        |
| 105_SZAL <sup>II.</sup>      | kék                          | Csorvás, Magyarország        |
| 106_SZAL <sup>II.</sup>      | kék                          | Csorvás, Magyarország        |
| 107_SZAL <sup>II.</sup>      | kovácsolt kék                | Csorvás, Magyarország        |
| 108_SZAL <sup>II.</sup>      | kék                          | Csorvás, Magyarország        |
| 109_SZAL <sup>I., II.</sup>  | kék                          | Csorvás, Magyarország        |
| 110_SZAL <sup>II.</sup>      | kovácsolt kék                | Csorvás, Magyarország        |
| 111_SZAL <sup>II.</sup>      | kék                          | Csorvás, Magyarország        |
| 112_SZAL <sup>I., II.</sup>  | kovácsolt kék                | Csorvás, Magyarország        |
| 833_SZAL <sup>I.</sup>       | kék                          | Nagyszalonta, Románia        |
| 834_SZAL <sup>I.</sup>       | tarka kék                    | Nagyszalonta, Románia        |
| 835_SZAL <sup>I.</sup>       | sárga                        | Nagyszalonta, Románia        |

| Minta azonosító          | Szín                         | Minta származási helye  |
|--------------------------|------------------------------|-------------------------|
| 837_SZAL <sup>1</sup>    | domináns sárga fehér fésűvel | Nagyszalonta, Románia   |
| 839_SZAL <sup>1</sup>    | szalagos kék duplakontyos    | Nagyszalonta, Románia   |
| 286_SZOVÁTI <sup>1</sup> | kék                          | Görbeháza, Magyarország |
| 287_SZOVÁTI <sup>1</sup> | kék                          | Görbeháza, Magyarország |
| 297_SZOVÁTI <sup>1</sup> | kék                          | Görbeháza, Magyarország |
| 299_SZOVÁTI <sup>1</sup> | kék                          | Görbeháza, Magyarország |
| 300_SZOVÁTI <sup>1</sup> | kék                          | Görbeháza, Magyarország |
| 305_SZOVÁTI <sup>1</sup> | kék                          | Görbeháza, Magyarország |
| 309_SZOVÁTI <sup>1</sup> | kék                          | Görbeháza, Magyarország |
| 315_SZOVÁTI <sup>1</sup> | kék                          | Görbeháza, Magyarország |
| 320_SZOVÁTI <sup>1</sup> | kék                          | Görbeháza, Magyarország |
| 324_SZOVÁTI <sup>1</sup> | kék                          | Görbeháza, Magyarország |
| 759_SZOVÁTI <sup>1</sup> | kék                          | Görbeháza, Magyarország |
| 488_TEX <sup>1</sup>     | fehér                        | Görbeháza, Magyarország |
| 489_TEX <sup>1</sup>     | fakó                         | Görbeháza, Magyarország |
| 491_TEX <sup>1</sup>     | sárga                        | Görbeháza, Magyarország |
| 494_TEX <sup>1</sup>     | fehér                        | Görbeháza, Magyarország |
| 495_TEX <sup>1</sup>     | fekete                       | Görbeháza, Magyarország |
| 497_TEX <sup>1</sup>     | fekete                       | Görbeháza, Magyarország |
| 698_TEX <sup>1</sup>     | spread kék deres             | Józsa, Magyarország     |
| 700_TEX <sup>1</sup>     | recesszív sárga              | Józsa, Magyarország     |
| 703_TEX <sup>1</sup>     | tarka                        | Józsa, Magyarország     |
| 51_RAABI <sup>1</sup>    | vörös                        | Najaf, Irak             |
| 52_RAABI <sup>1</sup>    | vörös                        | Najaf, Irak             |
| 53_RAABI <sup>1</sup>    | vörös                        | Najaf, Irak             |
| 54_RAABI <sup>1</sup>    | vörös                        | Babylon, Irak           |
| 55_RAABI <sup>1</sup>    | vörös                        | Babylon, Irak           |
| 56_RAABI <sup>1</sup>    | vörös                        | Babylon, Irak           |
| 57_RAABI <sup>1</sup>    | vörös                        | Kufa, Irak              |
| 58_RAABI <sup>1</sup>    | vörös                        | Kufa, Irak              |
| 59_RAABI <sup>1</sup>    | vörös                        | Basra, Irak             |
| 60_RAABI <sup>1</sup>    | vörös                        | Basra, Irak             |
| 61_RAABI <sup>1</sup>    | vörös                        | Basra, Irak             |
| 62_RAABI <sup>1</sup>    | vörös                        | Karbala, Irak           |
| 63_RAABI <sup>1</sup>    | vörös                        | Karbala, Irak           |
| 64_RAABI <sup>1</sup>    | vörös                        | Anbar, Irak             |
| 65_RAABI <sup>1</sup>    | vörös                        | Anbar, Irak             |
| 66_RAABI <sup>1</sup>    | vörös                        | Baghdad, Irak           |
| 67_RAABI <sup>1</sup>    | vörös                        | Baghdad, Irak           |
| 68_RAABI <sup>1</sup>    | vörös                        | Baghdad, Irak           |
| 69_RAABI <sup>1</sup>    | vörös                        | Baghdad, Irak           |
| 70_RAABI <sup>1</sup>    | vörös                        | Muthana, Irak           |
| 71_RAABI <sup>1</sup>    | vörös                        | Muthana, Irak           |
| 72_RAABI <sup>1</sup>    | vörös                        | Simawah, Irak           |
| 73_RAABI <sup>1</sup>    | vörös                        | Hannana, Irak           |
| 74_RAABI <sup>1</sup>    | vörös                        | Sader, Irak             |
| 75_RAABI <sup>1</sup>    | vörös                        | Qalaa, Irak             |
| 76_RAABI <sup>1</sup>    | vörös                        | Qalaa, Irak             |
| 77_RAABI <sup>1</sup>    | vörös                        | Rifai, Irak             |
| 78_RAABI <sup>1</sup>    | vörös                        | Rifai, Irak             |
| 79_RAABI <sup>1</sup>    | vörös                        | Wasit, Irak             |
| 80_RAABI <sup>1</sup>    | sárga                        | Wasit, Irak             |
| 81_RAABI <sup>1</sup>    | sárga                        | Saidia, Irak            |
| 82_RAABI <sup>1</sup>    | vörös                        | Saidia, Irak            |
| 83_RAABI <sup>1</sup>    | fehér                        | Simawah, Irak           |
| 84_RAABI <sup>1</sup>    | fehér                        | Simawah, Irak           |
| 85_RAABI <sup>1</sup>    | vörös                        | Gadeer, Irak            |
| 86_RAABI <sup>1</sup>    | vörös                        | Diyala, Irak            |
| 87_RAABI <sup>1</sup>    | vörös                        | Diyala, Irak            |
| 88_RAABI <sup>1</sup>    | vörös                        | Nineveh, Irak           |
| 89_RAABI <sup>1</sup>    | vörös                        | Nineveh, Irak           |
| 90_RAABI <sup>1</sup>    | vörös                        | Nineveh, Irak           |
| 91_RAABI <sup>1</sup>    | vörös                        | Maysan, Irak            |
| 92_RAABI <sup>1</sup>    | vörös                        | Maysan, Irak            |
| 93_RAABI <sup>1</sup>    | vörös                        | Qādisiyyah, Irak        |
| 94_RAABI <sup>1</sup>    | sárga                        | Qādisiyyah, Irak        |
| 95_RAABI <sup>1</sup>    | vörös                        | Duhok, Irak             |

| Minta azonosító        | Szín   | Minta származási helye |
|------------------------|--------|------------------------|
| 96_RAABI <sup>1</sup>  | vörös  | Duhok, Irak            |
| 97_RAABI <sup>1</sup>  | fehér  | Najaf, Irak            |
| 98_RAABI <sup>1</sup>  | fehér  | Najaf, Irak            |
| 99_RAABI <sup>1</sup>  | vörös  | Baghdad, Irak          |
| 100_RAABI <sup>1</sup> | vörös  | Baghdad, Irak          |
| 1_RED <sup>1</sup>     | sárga  | Najaf, Irak            |
| 3_RED <sup>1</sup>     | sárga  | Najaf, Irak            |
| 4_RED <sup>1</sup>     | sárga  | Najaf, Irak            |
| 5_RED <sup>1</sup>     | vörös  | Kufa, Irak             |
| 6_RED <sup>1</sup>     | vörös  | Babylon, Irak          |
| 7_RED <sup>1</sup>     | vörös  | Babylon, Irak          |
| 8_RED <sup>1</sup>     | vörös  | Babylon, Irak          |
| 10_RED <sup>1</sup>    | vörös  | Babylon, Irak          |
| 11_RED <sup>1</sup>    | vörös  | Karbala, Irak          |
| 12_RED <sup>1</sup>    | barna  | Karbala, Irak          |
| 15_RED <sup>1</sup>    | vörös  | Kufa, Irak             |
| 16_RED <sup>1</sup>    | vörös  | Muthanna, Irak         |
| 17_RED <sup>1</sup>    | vörös  | Muthanna, Irak         |
| 18_RED <sup>1</sup>    | vörös  | Muthanna, Irak         |
| 19_RED <sup>1</sup>    | vörös  | Basra, Irak            |
| 20_RED <sup>1</sup>    | ezüst  | Basra, Irak            |
| 21_RED <sup>1</sup>    | vörös  | Karbala, Irak          |
| 22_RED <sup>1</sup>    | vörös  | Baghdad, Irak          |
| 23_RED <sup>1</sup>    | vörös  | Baghdad, Irak          |
| 24_RED <sup>1</sup>    | vörös  | Baghdad, Irak          |
| 25_RED <sup>1</sup>    | vörös  | Abu Garib, Irak        |
| 26_RED <sup>1</sup>    | vörös  | Tarmia, Irak           |
| 27_RED <sup>1</sup>    | vörös  | Tarmia, Irak           |
| 28_RED <sup>1</sup>    | vörös  | Abu Garib, Irak        |
| 31_RED <sup>1</sup>    | vörös  | Fadel, Irak            |
| 32_RED <sup>1</sup>    | vörös  | Salah Al-Din, Irak     |
| 33_RED <sup>1</sup>    | vörös  | Salah Al-Din, Irak     |
| 34_RED <sup>1</sup>    | vörös  | Salah Al-Din, Irak     |
| 35_RED <sup>1</sup>    | vörös  | Wasit, Irak            |
| 37_RED <sup>1</sup>    | vörös  | Wasit, Irak            |
| 38_RED <sup>1</sup>    | vörös  | Al-Hay, Irak           |
| 39_RED <sup>1</sup>    | vörös  | Aziziya, Irak          |
| 40_RED <sup>1</sup>    | vörös  | Aziziya, Irak          |
| 41_RED <sup>1</sup>    | vörös  | Aziziya, Irak          |
| 42_RED <sup>1</sup>    | vörös  | Baghdad, Irak          |
| 43_RED <sup>1</sup>    | vörös  | Baghdad, Irak          |
| 44_RED <sup>1</sup>    | vörös  | Baghdad, Irak          |
| 45_RED <sup>1</sup>    | vörös  | Baghdad, Irak          |
| 46_RED <sup>1</sup>    | fekete | Dhi Qar, Irak          |
| 47_RED <sup>1</sup>    | vörös  | Dhi Qar, Irak          |
| 49_RED <sup>1</sup>    | vörös  | Dhi Qar, Irak          |
| 50_RED <sup>1</sup>    | vörös  | Qādisiyyah, Irak       |
| 110_RED <sup>1</sup>   | vörös  | Qādisiyyah, Irak       |
| 114_RED <sup>1</sup>   | vörös  | Qādisiyyah, Irak       |
| 115_RED <sup>1</sup>   | vörös  | Karbala, Irak          |
| 116_RED <sup>1</sup>   | vörös  | Karbala, Irak          |
| 117_RED <sup>1</sup>   | fekete | Babylon, Irak          |

## 2. Melléklet: A vizsgálatba vont galambfajták rövid összefoglaló táblázatai

M2. 1. táblázat: Alakgalambok (I)

|                          |                                                                                                                                          |                                                                                                    |                                                                                                                                   |                                                                                                                                                                                                                   |                                                                                                                                                                 |                                                                                                                                                                  |
|--------------------------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Galambfajták             | alföldi buga galamb                                                                                                                                                                                                       | alföldi parasztygtyás                                                                                                                                                               | iraki raabi galamb                                                                                                                                                                                                   | kárnó                                                                                                                                                                                                                                                                                                | magyar házi galamb                                                                                                                                                                                                                                 | magyar óriás galamb                                                                                                                                                                                                                                 |
| Hagyományos fajtacsoport | Alakgalambok                                                                                                                                                                                                              | Alakgalambok                                                                                                                                                                        | Alakgalambok                                                                                                                                                                                                         | Alakgalambok                                                                                                                                                                                                                                                                                         | Alakgalambok                                                                                                                                                                                                                                       | Alakgalambok                                                                                                                                                                                                                                        |
| Elterjedtség             | Magyarország                                                                                                                                                                                                              | Kárpát-medence                                                                                                                                                                      | Irak és környéke                                                                                                                                                                                                     | Nemzetközi fajta                                                                                                                                                                                                                                                                                     | Kárpát-medence                                                                                                                                                                                                                                     | Kárpát-medence                                                                                                                                                                                                                                      |
| Földrajzi besorolás      | Alföldi fajták                                                                                                                                                                                                            | Alföldi fajták                                                                                                                                                                      | Ázsiai fajták                                                                                                                                                                                                        | Mediterrán fajták                                                                                                                                                                                                                                                                                    | Magyarország, Románia                                                                                                                                                                                                                              | Alföldi fajták                                                                                                                                                                                                                                      |
| Eredet                   | Őshonos magyar fajta, különösen a Dél-Alföldön gyakori. Egyesek szerint ősei a török hódoltság során behurcolt "török" galambok. Valószínűbb: magyar óriás x szegedi török eredetű keringők leszármazottai.               | Magyarországon tenyésztett házigalamb-fajta. 2007-ben ismerték el hivatalosan, ám a Dél-Alföld városaiban (Csongrád, Szeged, Szentes) évtizedek óta ismert a háztáji gazdaságokban. | Főként Irak déli tartományaiban, különösen Nedzsef környékén tenyésztik. Szorosan kötődik Huszein imám mártírhalálához, ami után a galamb színe vörösre váltott.                                                     | Észak-Franciaország és Dél-Belgium kedvelt húsgalambja. Belgiumba eredetileg Franciaországból vitték be, majd az Egyesült Államokban is széles körben elterjedt. Feljegyzések szerint a francia Mondain és a helyi parlagi galambok keresztezéséből alakították ki, eredetileg Szíriából származhat. | Nem hivatalosan elismert fajta, de Kárpát-medence szerte elterjedt, főként „dajkagalambként” tartják, nem kiállítási célra. Vizsgálatba vonását elterjedtségén túl morfológiai és elnevezésbeli átfedései indokolták az alföldi csoport fajtaival. | Az egyik legjellegzetesebb és legismertebb magyar fajta, „a galambok királynője”. Eredete bizonytalan, sokáig „török galambként” is említették. Hasonló fajta azonban nem ismert sem a Balkánon, sem a mai Törökország területén.                   |
| Fő fenotípusos jellemzők | Az átlagosnál nagyobb, zömök testalkatú, erős, lábtollas, bóbítás, magas tartású, 35-40 cm hosszú. Színváltozatai: szívfoltos mintájú, sárga, vörös, kék és fekete változata van. Nagy, színes, erős lábtollazatú galamb. | Nagy, erős, nem túl hosszú, csaknem vízszintes tartású, simafejű, lábtollas, kizárólag hófehér változatban létezik.                                                                 | Jellegzetességek: hosszú fehér csőr, a fejet takaró konty, a test az összmérethez képest aránylag hosszú lábtollak (közepes hosszúságú). Viselkedése jellegzetes bűgás, „nevetésre” vagy dobolásra emlékeztető hang. | Kiváló haszonfajta, jó bőrminőséggel és kiváló húsformákkal. Nagyon szapora, első osztályú, és nyugodt természetű. Alacsony állású, zömök, jól izmolt hústípusú galamb.                                                                                                                              | Testmérete az átlagosnál nagyobb. Többségük fehér, de tarka és színes egyedek is előfordulnak. Lehet kontyos vagy konty nélküli, de mindig erős lábtollazat jellemzi.                                                                              | Óriás testű, nagy kagylófésűs és lábtoll jellemzi. Az 1930-as években még több változata létezett (sima fejű/lábú). 1960-ban készült el az első egységes fajtaleírás. A csőrtől a farokig mért hossza 45-50 cm, erős csontozatú, jól izmolt törzsű. |
| Testtömeg                | 600-900 g                                                                                                                                                                                                                 | 450-700 g                                                                                                                                                                           | 750 g                                                                                                                                                                                                                | 600-900 g                                                                                                                                                                                                                                                                                            | n.a.                                                                                                                                                                                                                                               | 800-900 g                                                                                                                                                                                                                                           |
| Gyűrűméret               | 12 mm                                                                                                                                                                                                                     | 12 mm                                                                                                                                                                               | n.a.                                                                                                                                                                                                                 | 10 mm                                                                                                                                                                                                                                                                                                | n.a.                                                                                                                                                                                                                                               | 15 mm                                                                                                                                                                                                                                               |

Jelmagyarázat:  
n. a.: nincs adat

M2. 2. táblázat: Alakgalambok (II)

|                                 |                                                                                                                                                                                                                     |                                                                                                                                                                                                                                                                                 |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                    |                                                                                                                                                                                                                                  |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                            |
|---------------------------------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
|                                 |                                                                                                                                    |                                                                                                                                                                                               |                                                                                                                                                                                                                                 |                                                                                                                                               |                                                                                                                                                                                                                                                                                         |
| <b>Galambfajták</b>             | <b>mondain</b>                                                                                                                                                                                                      | <b>római galamb</b>                                                                                                                                                                                                                                                             | <b>szalontai óriás galamb</b>                                                                                                                                                                                                                                                                                      | <b>szováti kék</b>                                                                                                                                                                                                               | <b>texán</b>                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                               |
| <b>Hagyományos fajtacsoport</b> | Alakgalambok                                                                                                                                                                                                        | Alakgalambok                                                                                                                                                                                                                                                                    | Alakgalambok                                                                                                                                                                                                                                                                                                       | Alakgalambok                                                                                                                                                                                                                     | Alakgalambok                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                               |
| <b>Elterjedtség</b>             | Nemzetközi fajták                                                                                                                                                                                                   | Nemzetközi fajták                                                                                                                                                                                                                                                               | Kárpát-medence                                                                                                                                                                                                                                                                                                     | Magyarország                                                                                                                                                                                                                     | Nemzetközi fajták                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                          |
| <b>Földrajzi besorolás</b>      | Mediterrán fajták                                                                                                                                                                                                   | Mediterrán fajták                                                                                                                                                                                                                                                               | Alföldi fajták                                                                                                                                                                                                                                                                                                     | Magyar húsgalambok                                                                                                                                                                                                               | Amerikai fajták                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                            |
| <b>Eredet</b>                   | Régi francia fajta, montauban, római és bagdetta ősökre vezethető vissza. 1931-ben ismerték el, két típus ismert: amerikai és európai (francia) mondain - azonos név, de eltérő változatok.                         | A világ egyik legrégebbi és legnagyobb testű galambfajtája, feltehetően a Róma déli részén, Campaniában élt nagy testű ősi galambokból alakult ki húsgalambként. „Romain Giant” néven is ismert. Bár olasz eredetű, a francia tenyésztésben vált „teljes jogú” francia fajtává. | A 20. században alakult ki a Partiumban, eredetileg magyar fajta, mára csaknem a kihalás szélére sodródott. Szerencsére még néhány helyen megtalálható a Partiumban és Magyarországon is.                                                                                                                          | Hajdúszovátáról származó fajta. Postagalamb, díszposta és king keresztezésével tenyésztették ki, az utódok külső jegyeit 1975-1986 között rögzítették. 1987-ben ismerték el önálló fajtának, és vették fel a magyar fajták közé. | Származása jól dokumentált. A „Auto-Sex Texan Pioneer” tenyésztési programját Delwin V. James indította Houstonban, 1953-ban. Az autosex tulajdonság Auto-Sex king és francia mondain felhasználásával jött létre (3/8 Auto-Sex king, 5/8 francia mondain). Az amerikai NPA 1961-ben ismerte el önálló fajtának. Európába és Magyarországra az 1970-es évek elején került. |
| <b>Fő fenotípusos jellemzők</b> | Nagyon jellegzetes küllem: igen nagy, nehéz, rövid lábú, mellkasa széles és előre ugró, járás közben csaknem vízszintes tartású. Alakja rövid, törzse jól izmolt. Csőrtől farokig a hím közel 43 cm, a tojó ~40 cm. | Könnyen felismerhető nagy méretéről és élénkvrös szembóréről. Hossza elérheti az 55 cm-t, a hím akár 1300 g is lehet. Hosszú, masszív csőr, nagy lábak.                                                                                                                         | Nagy testű, erős felépítésű és csontozatú, kettős kontyú, hosszú és dús tollazatú. Mell széles, domború, hosszú és enyhén előre dőlő, mellkaskörfogat hímeknél 35-36 cm, tojóknál 33-34 cm. Háta hosszú, egyenes, hátrafelé lejt, hasa széles, kevésbé fejlett, bő tollazattal. Jó szaporaságú és nevelőképességű. | Fő küllemi jegyei: közepesnél nagyobb test, jó izmoltság, csaknem vízszintes tartás, kizárólag szalag nélküli kék, színben elismert, hústípusú haszonfajta.                                                                      | Az autosex faktor révén az ivar már keléskor azonosítható: a tojó hosszú pehelytollas és fakó (kék, fekete, domináns vrös), a hím rövid pehelytollú, fehér, kevés színes „spricceléssel” a nyakon és a testen. Az utóbbi években megjelent a recesszív vrös változat is.                                                                                                   |
| <b>Testtömeg</b>                | 1000 g                                                                                                                                                                                                              | 1300 g                                                                                                                                                                                                                                                                          | 700-900 g                                                                                                                                                                                                                                                                                                          | 700-900 g                                                                                                                                                                                                                        | 950 g                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                      |
| <b>Gyűrűméret</b>               | 11 mm                                                                                                                                                                                                               | 11 mm                                                                                                                                                                                                                                                                           | 10 mm                                                                                                                                                                                                                                                                                                              | 10 mm                                                                                                                                                                                                                            | 10 mm                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                      |

**M2. 3. táblázat:** Haszon- és hústípusú fajták (húsgalambok és tyúkidomú)

|                                 |                                                                                                                                                |                                                                                                                                                                                                           |                                                                                                                                  |                                                                                                                                                                                                             |
|---------------------------------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| <b>Galambfajták</b>             | <b>hubbel</b>                                                                                                                                                                                                                   | <b>king</b>                                                                                                                                                                                                                                                                                  | <b>magyar csirkegalamb</b>                                                                                                                                                                                          | <b>mirthys</b>                                                                                                                                                                                                                                                                                 |
| <b>Hagyományos fajtacsoport</b> | Húsgalamb                                                                                                                                                                                                                       | Tyúkidomú galambok                                                                                                                                                                                                                                                                           | Tyúkidomú galambok                                                                                                                                                                                                  | Húsgalamb                                                                                                                                                                                                                                                                                      |
| <b>Elterjedtség</b>             | Nemzetközi fajta                                                                                                                                                                                                                | Nemzetközi fajták                                                                                                                                                                                                                                                                            | Magyarország                                                                                                                                                                                                        | Nemzetközi fajta                                                                                                                                                                                                                                                                               |
| <b>Földrajzi besorolás</b>      | Amerikai fajták                                                                                                                                                                                                                 | Amerikai fajták                                                                                                                                                                                                                                                                              | Magyar húsgalambok                                                                                                                                                                                                  | Mediterrán fajták                                                                                                                                                                                                                                                                              |
| <b>Eredet</b>                   | A fajtát az Egyesült Államokban, Kaliforniában hozták létre az 1960-as években a gazdasági king, valamint a texán és a mondain felhasználásával. 1983-ban került Európába, ahol gyorsan elterjedt az ipari húsgalamb-telepeken. | Az USA nemzeti fajtája, melyet az 1890-es években, több fajta (duchess, postagalamb, máltai, római) keresztezésével alakítottak ki. A king kitenyésztése a vinelandi Harry Bakerhez köthető, az első standardot 1915-ben fogadta el az NPA. Magyarországra az első kingek 1958-ban érkeztek. | Első hivatalos leírását 1970-ben dr. Péterfi István készítette el, de elbeszélések szerint jóval régebb óta jelen van Dél-Magyarországon. Gazdaságilag értékes: kiváló díszgalamb, és „dajkagalambnak” is alkalmas. | A Grimaud Frères vállalat és a francia INRA az Europigeon rendszerben európai piacra szánt vonalaként hozta létre. Az első vonalak előállításához fehér Carnao, fehér és ezüst king, texán és hubbell fajtákat használtak.                                                                     |
| <b>Fő fenotípusos jellemzők</b> | Kezdetben főként fehér színben tenyésztették, ma már vannak recesszív vörös, fekete, ezüst és autosex állományok is. Jellemzőségei: nyugodt vérmérséklet, kellően nagy test, különösen a mellizmok fejlettek.                   | Minden testvonala ívelt, széles, kerek, rövid teste egy elméleti körbe helyezhető. Félmagas állású, a lábak a test középvonalában, feje kerek, erős, vastag nyakba megy át, tartása büszke, elegáns.                                                                                         | Törzse mély, viszonylag rövid és erős, vízszintesen tartja, a mell enyhén domború, arányosan széles, izmos, a lapockák nem látszanak. Hosszú nyak és lábak jellemzik.                                               | Az anyai vonalaknál a keltethetőség és a tojásrakási intervallum volt elsődleges, az apaiknál a testtömeg, a növekedési erély és a szervezeti szilárdság. Ezekből jöttek létre a fenntartható hibridek: le mimas, le mirthys blanc, le mirthys coloré, le mirthys pie és le titan super lourd. |
| <b>Testtömeg</b>                | 650-800 g                                                                                                                                                                                                                       | 800-960 g                                                                                                                                                                                                                                                                                    | 600-800 g                                                                                                                                                                                                           | 650-750 g                                                                                                                                                                                                                                                                                      |
| <b>Gyűrűméret</b>               | 10 mm                                                                                                                                                                                                                           | 10 mm                                                                                                                                                                                                                                                                                        | 10 mm                                                                                                                                                                                                               | 10 mm                                                                                                                                                                                                                                                                                          |

**M2. 4. táblázat:** Egyéb dísz- és röpképes fajták (begyes, dobos, keringő, tollalakzatos)

|                                 |                                                                                                                                                                                                                                                              |                                                                                                                                                                                                                                                                                      |                                                                                                                                                                                                                                                                                                          |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                              |
|---------------------------------|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
|                                 |                                                                                                                                                                             |                                                                                                                                                                                                   |                                                                                                                                                                                                                       |                                                                                                                                                                                                                                           |
| <b>Galambfajták</b>             | <b>bucharai dobos</b>                                                                                                                                                                                                                                        | <b>iraki vörös galamb</b>                                                                                                                                                                                                                                                            | <b>magyar óriás begyes</b>                                                                                                                                                                                                                                                                               | <b>parókás galamb</b>                                                                                                                                                                                                                                                                                                        |
| <b>Hagyományos fajtacsoport</b> | Dobos galambok                                                                                                                                                                                                                                               | Keringő galambok                                                                                                                                                                                                                                                                     | Begyes galambok                                                                                                                                                                                                                                                                                          | Tollalakzatos galambok                                                                                                                                                                                                                                                                                                       |
| <b>Elterjedtség</b>             | Nemzetközi fajta                                                                                                                                                                                                                                             | Irak és környéke                                                                                                                                                                                                                                                                     | Magyarország                                                                                                                                                                                                                                                                                             | Nemzetközi fajta                                                                                                                                                                                                                                                                                                             |
| <b>Földrajzi besorolás</b>      | Ázsiai fajták                                                                                                                                                                                                                                                | Ázsiai fajták                                                                                                                                                                                                                                                                        | Álfoldi fajták                                                                                                                                                                                                                                                                                           | Ázsiai fajták                                                                                                                                                                                                                                                                                                                |
| <b>Eredet</b>                   | A mai Üzbegisztán területén fekvő Buhara kereskedő város mecseteiből terjedt el a fajta, innen került el Nagy-Britanniába. A fajta a hangjáról kapta a nevét - a holland és német tenyésztők „dobolásnak”, az angolok és amerikaiak „trombitálásnak” hívják. | Az iraki társadalomban különleges kulturális jelentőségű fajta. Két alapszín jelenik meg a testen, leggyakoribb a vörös, és aranyárga, illetve előfordul a fekete és kék. A fehér minden változatban jelen van, főként a fejen. Repülőképessége jó: átlagos repülési idő 23-36 perc. | A fajta eredete nem tisztázott. Egyesek szerint őseit a 16-17. században keletről hozták a Kárpát-medencébe, ám erre nincs bizonyíték. Ma az egyik legrégebbi és legjellegzetesebb magyar fajtánk. Az átlagosnál hosszabb testűek, önálló fűző hajlamuk van.                                             | Ázsiából származik, és a fajta hosszú fejlődésen ment keresztül, mire elnyerte mai formáját. Szelektív tenyésztését már az 1500-as évektől alkalmazták. A 16. században felfedező és kereskedők hozták Indiából Európába, jelenlegi formáját az USA-ban alakították ki.                                                      |
| <b>Fő fenotípusos jellemzők</b> | A bucharai dobos nagy, zömök, hosszú, széles, igen jól fejlett, a nagy termetű fajták közé tartozik. Nagyon mély testalkat és hosszú tollak jellemzik, a mell rendkívül széles és kerek.                                                                     | A csőr hossza átlag ~12,5 mm, a szárnyhossz kb. 20 cm, fejhossz ~5 cm, törzhossz ~3 cm. A fejet gyakran konty díszíti, a test az összmérethez képest aránylag hosszú, közepes hosszúságú lábtollazatot visel.                                                                        | Ma 8 színben elismert; az EE fajtajegyzékén is szerepel. Nagyon nagy termetű, főként hosszú (min. 60 cm). A világ legnagyobb szárnyfesztávú házigalambja, a legnagyobb mért érték 124 cm. Egyedi a görbült, kard alakú evezőtoll, rövid, széles állású lábak, hatalmas, gömbölyű „ballon” begy jellemzi. | Nevét a fejen lévő jellegzetes tollgallérról (cowl, „csuklya”) kapta, amely a jakobinus szerzetesek csuklyájára emlékeztet. A tollak a fejen és a nyakon felfelé és hátrafelé nőnek, „borzolt” hatást kelte. A pufók tollazat megtévesztő: valójában kicsi-közepes testű, meredek állású fajta. Tenyésztése kihívást jelent. |
| <b>Testtömeg</b>                | 350-400 g                                                                                                                                                                                                                                                    | 210-370 g                                                                                                                                                                                                                                                                            | 850 g                                                                                                                                                                                                                                                                                                    | n.a.                                                                                                                                                                                                                                                                                                                         |
| <b>Gyűrűméret</b>               | 12 mm                                                                                                                                                                                                                                                        | n.a.                                                                                                                                                                                                                                                                                 | 9 mm                                                                                                                                                                                                                                                                                                     | 8 mm                                                                                                                                                                                                                                                                                                                         |

Jelmagyarázat:  
n.a.: nincs adat

## Felhasznált irodalom

1. Egglesten, E. H. 1921. *American Squab Culture*. Second Edition, American Pigeon Journal Company Warrenton, U.S.A. 278 p.
2. Fülöp, L. 2023. A magyar óriás galamb kialakulása. "Dr. Tussay János" Magyar Óriás Galambtenyésztők Fajtaklub, Klubhíradó. (1), 2–4.
3. Mackrott, H. 2012. *Galambtenyésztés*. Mezőgazda Kiadó, Budapest. 165 p.
4. He, W.-X. & Jia, J.-F. 2015. The complete mitochondrial genome of the Jacobin pigeon (*Columba livia* breed Jacobin). *Mitochondrial DNA*. 26(3), 493–494.
5. Horn, P. 1991. *Galambtenyésztők kézikönyve*. Mezőgazdasági Kiadó, Budapest. 460 p.
6. Kabir, M. A., 2015. Most Beautiful Pigeons of Bangladesh. *Animal and Veterinary Sciences*. 3(2), 34–37.
7. Sell, A. 2012. *Pigeon Genetics Applied Genetics in the Domestic Pigeon*. Germany. 528 p.
8. Shapiro, M. D. & Domyan, E. T. 2013. Domestic pigeons. *Current Biology*. 23(8), 1–5.
9. Szűcs, L. & Szécsényi, I. 1965. *Galambtenyésztés*. Mezőgazdasági Könyv- és Folyóiratkiadó Vállalat. Budapest 381 p.
10. Theo van D. 2018. The Bokhara Trumpeter. 1–16.
11. Winkler, J. 1925. *Galambtenyésztés*. Budapest. 155 p.

## Képek forrása:

bucharai dobos: <https://www.roysfarm.com/bokhara-trumpeter-pigeon/>

hubbel: <https://www.pigeontype.info/2020/12/25/hubble-farming-pigeons/>

iraki raabi és iraki vörös galamb: Ali Al- Sallami Wadday

kárnó: <https://backyardpoultry.iamcountryside.com/poultry-101/pigeon-types-rollers-to-racers/>

parókás galamb és texán: <https://www.envato.com>

A többi fajtáról a képeket Bagi Zoltán készítette

### 3. melléklet

**M3. 1. táblázat:** Az I. vizsgálatba vont fajták csoportosítása és elemszámainak megoszlása

| Mintaszámok és csoportosítás                                                                                                                                                                                                                                               |                                                                                                                                                               |
|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Hagyományos fajtacsoportok szerinti besorolás                                                                                                                                                                                                                              | Fajták eredete szerinti besorolás                                                                                                                             |
| <b>Alakgalambok:</b><br>alföldi buga galamb n=12<br>alföldi parasztagtyás n=10<br>iraki raabi galamb n=50<br>kárnó n=10<br>magyar házigalamb n=9<br>magyar óriás galamb n=15<br>mondain n=10<br>római galamb n=10<br>szalontai óriás n=13<br>szováti kék n=11<br>texán n=9 | <b>Alföldi fajták:</b><br>alföldi buga galamb n=12<br>alföldi parasztagtyás n=10<br>magyar házigalamb n=9<br>magyar óriás galamb n=15<br>szalontai óriás n=13 |
| <b>Begyés galambok:</b><br>magyar óriás begyés n=14                                                                                                                                                                                                                        | <b>Amerikai fajták:</b><br>hubbel n=10<br>king n=11<br>texán n=9                                                                                              |
| <b>Dobos galambok:</b><br>bucharai dobos n=7                                                                                                                                                                                                                               | <b>Ázsiai fajták:</b><br>bucharai dobos n=7<br>iraki raabi galamb n=50<br>iraki vörös galamb n=47<br>parókás galamb n=10                                      |
| <b>Keringő galambok:</b><br>iraki vörös galamb n=47                                                                                                                                                                                                                        | <b>Magyar húsgalambok:</b><br>magyar csirkegalamb n=8<br>szováti kék n=11                                                                                     |
| <b>Húsgalambok:</b><br>hubbel n=10<br>mirthys n=10                                                                                                                                                                                                                         | <b>Mediterrán galambok:</b><br>kárnó n=10<br>mirthys n=10<br>mondain n=10<br>római galamb n=10                                                                |
| <b>Tollalakzatos galambok:</b><br>parókás galamb n=10                                                                                                                                                                                                                      |                                                                                                                                                               |
| <b>Tyúkidomú galambok:</b><br>king n=11<br>magyar csirke galamb n=8                                                                                                                                                                                                        |                                                                                                                                                               |

**M3. 2. táblázat:** A II. vizsgálatban elemzett minták megoszlása markerenként

| Fajták              | mtDNS markerrel vizsgált elemszám | Mikroszatellit markerrel vizsgált elemszám | Fajták származási helye | Minta típusa |
|---------------------|-----------------------------------|--------------------------------------------|-------------------------|--------------|
| alföldi buga galamb | n=6                               | n=41                                       | Magyarország            | vér          |
| king                | n=8                               | n=36                                       | USA                     | vér          |
| magyar óriás galamb | n=7                               | n=31                                       | Magyarország            | vér          |
| magyar óriás begyés | n=9                               | n=35                                       | Magyarország            | vér          |
| mondain             | n=7                               | n=22                                       | Franciaország           | vér          |
| római galamb        | n=8                               | n=30                                       | Franciaország           | vér          |
| szalontai óriás     | n=6                               | n=23                                       | Románia                 | vér          |
| <b>Összesen</b>     | <b>51</b>                         | <b>218</b>                                 |                         |              |

#### 4. Melléklet: A vizsgálatban felhasznált mtDNS COI referencia szekvenciák az

#### NCBI GenBank adatbázisból

**M4. 1. táblázat:** A vizsgálatban felhasznált mtDNS COI referencia szekvenciák és származási helyeik

| NCBI azonosító | Minták származási helye           |
|----------------|-----------------------------------|
| >KC576929.1    | Lengyelország                     |
| >KC576928.1    | Lengyelország                     |
| >KC576927.1    | Lengyelország                     |
| >KC576926.1    | Lengyelország                     |
| >KC576925.1    | Lengyelország                     |
| >KC576924.1    | Lengyelország                     |
| >KC576923.1    | Lengyelország                     |
| >KC576922.1    | Lengyelország                     |
| >KC576921.1    | Lengyelország                     |
| >KC576920.1    | Lengyelország                     |
| >KC576919.1    | Lengyelország                     |
| >KC576918.1    | Lengyelország                     |
| >KC576917.1    | Lengyelország                     |
| >MK262652.1    | Új-Zéland                         |
| >MK262351.1    | Új-Zéland                         |
| >MG373562.1    | Egyiptom                          |
| >MG271864.1    | Egyiptom                          |
| >MG271863.1    | Egyiptom                          |
| >JF498761.1    | Irak                              |
| >JF498842.1    | Hawaii, Kauai-sziget              |
| >GU571831.1    | Stockholm                         |
| >GU571830.1    | Stockholm                         |
| >GU571343.1    | Oslo                              |
| >GQ481606.1    | Oroszország - Gorno-Altajszk      |
| >GQ481605.1    | Oroszország - Mongun-tajgai járás |
| >KU722397.1    | Kelet-Afrika, Dzsubuti            |
| >AY666494.1    | Észak-Amerika                     |
| >JN793567.1    | India                             |
| >FJ808631.1    | Dél-Korea                         |
| >EF373367.1    | Kanada                            |
| >DQ432860.1    | Florida                           |
| >KP975238.1    | India                             |
| >KP975237.1    | India                             |
| >KP975216.1    | India                             |
| >KC439307.1    | India                             |
| >KC182081.1    | Pakisztán                         |
| >KC182080.1    | Pakisztán                         |
| >KC182079.1    | Pakisztán                         |
| >KC182078.1    | Pakisztán                         |
| >KC182077.1    | Pakisztán                         |
| >KC182076.1    | Pakisztán                         |
| >KC182075.1    | Pakisztán                         |
| >KC182074.1    | Pakisztán                         |
| >KC182073.1    | Pakisztán                         |
| >KC182072.1    | Pakisztán                         |
| >JN850761.1    | Amerika                           |
| >JN850758.1    | Amerika                           |
| >JN850716.1    | Amerika                           |
| >FJ027421.1    | Argentína, Buenos Aires           |
| >AB753750.1    | Szaúd-Arábia                      |