

Egyetemi doktori (PhD) értekezés tézisei

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

Bagi Zoltán

Témavezető:

Dr. Kusza Szilvia, PhD

tudományos főmunkatárs



DEBRECENI EGYETEM

DEBRECENI EGYETEM

Állattenyésztési Tudományok Doktori Iskola

Debrecen, 2018

1. A doktori értekezés előzményei és célkitűzései

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

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

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

Munkánk során az alábbi célkitűzéseket követtük:

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

2. Anyag és módszer

2.1. Genetikai vizsgálat

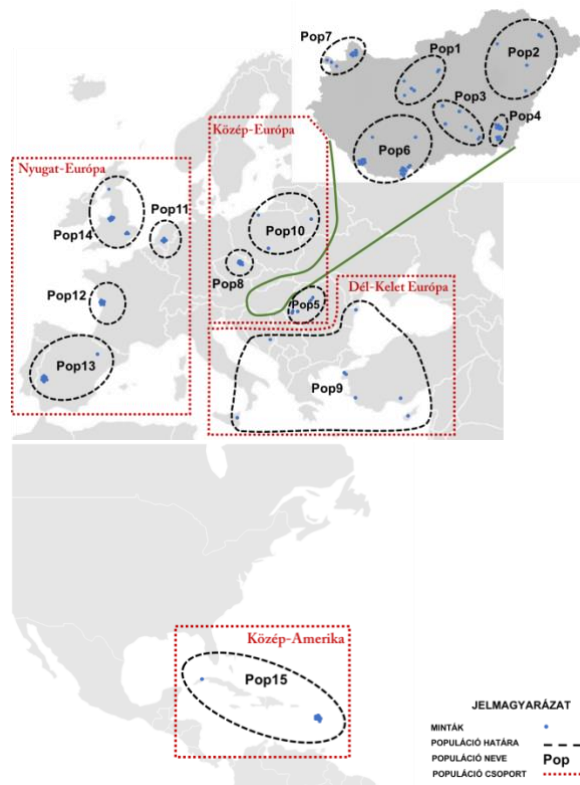
Összesen 14 országból gyűjtöttünk mintát (n=134) 2013 és 2015 között. Bosznia-Hercegovinából 1, Ciprusról 1, Csehországból 6, Fehéroroszországból 1, Franciaországból 11, + 10 minta Guadeloupe tengeren túli megyéből, Hollandiából 4, Kubából 1, Lengyelországból 2, Magyarországról 62, Nagy-Britanniából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

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

szennyeződött tollakat, melyek alkalmatlanok voltak a további munkára. Az azonosítás a balkáni gerle tollak közé esetlegesen bekerült, más fajtól származó tollak kiszűrését jelentette. Ez a fajra jellemző méret és szín adatok alapján történt. Ezt követően a genomiális DNS (gDNS) izolálásához a tollak felső köldökénél (*superior umbilicus*) lévő részt távolítottuk el szikepengével. A legtöbb esetben itt egy szabad szemmel is látható vérrög található, mely a tollfejlődés során visszahúzódó kötőszövet maradványa, mivel az azt tápláló artéria itt lép át a tollcsévén. Az ezen a helyen kialakuló zárványban lévő magvas vörösvérsejtek általában (nagyobb tollak esetében) megfelelő mennyiségű és minőségű DNS-t tartalmaznak a vizsgálatokhoz (HORVÁTH et al., 2005). A kinyerhető DNS mennyiségének maximalizálása érdekében felhasználtuk a csévében található szöveteket és indokolt esetben (vér jelenléte) a cséve hegyét is. A gDNS-kivonáshoz a GeneJET Genomic DNA Purification Kit-et (Thermo Scientific, USA) használtuk. Ez a Kit alkalmas különféle állati szövetekből, baktériumsejtekből és vérből való DNS izolálásra is, ezért izomszövetből, vérből és tojáshéjból is ennek segítségével izoláltunk DNS-t, azonos protokoll szerint. Mivel kifejezetten tollhoz való protokollt nem mellékeltek, az emlős szövet és rágcsáló fark gDNS tisztítására vonatkozó protokollt alkalmaztuk.

A mitokondriális DNS COI génjének 749 bp hosszúságú szakaszait PCR (Polymerase Chain Reaction) segítségével amplifikáltuk, a következő primerpárok felhasználásával (Awans et al., 2013): forward: 5'-TTCTCCAACCACAAAGACATTGGCAC-3'; reverse: 5'-ACGTGGGAGATAATTCCAAATCCTG-3'. A 10 µl-es reakcióelegy 1 µl dNTP-t (2mM) (Thermo Scientific, USA), 2 µl puffert (5u/µl) (Promega, USA), 2 µl MgCl₂-ot (2mM) (Promega, USA), 0,4 µl primert (10 pmol/µl) (Sigma, USA), 0,2 µl GoTaq polimerázt (1,25 U) (Promega, USA), 2,4 µl dH₂O-t és 2 µl DNS templátot tartalmazott. A PCR reakciókörülmények a következők voltak: 94°C 5 perc, majd 35 cikluson keresztül: 94°C 1 perc, 60°C 1 perc, 72°C 1 perc; majd 72°C 5 perc. 3 µl PCR terméket 2%-os agaróz gélen futtattunk (1 X TAE puffer (Thermo Scientific, USA), 0,5 mg/ml GelRed (Biotium, USA), 2%-os SeaKem agaróz (Lonza, USA), majd UV fény alatt ellenőriztük az eredményt. Az eredmények alapján alkalmasnak ítélt PCR termékeket előkészítettük szekvenáltatásra. A PCR termékeket postázásig -20 °C-on tároltuk. A szekvenálást a Macrogen Europe hollandiai laboratóriuma végezte.

A szekvencia leolvasás eredményét minden esetben a MEGA6 (TAMURA et al., 2013) program segítségével ellenőriztük, és az esetlegesen előforduló hibákat manuálisan



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

(π), In/Del pozíciók) meghatározása az Arlequin 3.11 szoftver (EXCOFFIER et al., 2005) segítségével történt. A variábilis pozíciók meghatározása során az NCBI génbankból letöltött teljes mitokondriális *Streptopelia decaocto* genomot használtuk (KX372273). Az azonosított haplotípusaink további elemzése során felhasználtuk az NCBI génbankból letöltött minden elérhető balkáni gerle szekvenciát is, annak érdekében, hogy meg tudjuk határozni a haplotípusok közötti kapcsolatot ázsiai területek bevonásával is. Az ábra Median-Joining Network analízissel, Hasegawa-Kishino-Yano (HKY) modellel készült a Network 4.6 (BANDEL et al., 1999) szoftver alkalmazásával.

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

javítottuk. A szekvenciák illesztése CLUSTALW (LARKIN et al., 2007) programmal történt. A szekvenciák egyenlő hosszúságúra vágásához (658 bp) szintén a MEGA6 programot használtuk. A vizsgált egyedeink között genetikai különbözőséget feltételeztünk azok földrajzi elhelyezkedésén alapulva, ezért közel azonos létszámot tartalmazó csoportokat ($n=15$), ún. priori populációkat hoztunk létre (1. ábra). Minden csoportra, illetve később négy nagyobb földrajzi egységekre is diverzitás indexek (haplotípusok száma (H_t), haplotípus diverzitás (H_d), nukleotid diverzitás

(TAMURA et al., 2013) szoftver segítségével készült a (HKY) modellen alapuló Maximum Likelihood módszerrel (HASEGAWA et al., 1985), mely során 1000 bootstrap ismétlést alkalmaztunk (FELSENSTEIN, 1985).

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

A főkoordináta analízishez (PCoA) és a területi autokorrelációs elemzéshez (Spatial Autocorrelation Analysis) a GenAlEx 6.501 (PEAKALL és SMOUSE, 2006; 2012) szoftvert használtuk. Az adatok haploid jellegéből fakadóan a vizsgált összes mintán belül nem volt lehetséges nagy biztonsággal populációk kijelölése, ezért a területi autokorreláció vizsgálat során a WILLIAMS et al. (2007) által alkalmazott eljárást használtuk, amivel a haploid adatok is felhasználhatóak voltak a vizsgálatban. Ennek lényege, hogy mivel nem lehetséges nagy biztonsággal populációk kijelölése, ezért a területi autokorreláció vizsgálata során egyetlen populációnak tekintettük az összes mintát. Ezáltal lehetővé vált, hogy minden egyedet önálló egységként kezeljen a program és megvalósulhasson a genetikai és a földrajzi adatok közötti kapcsolat vizsgálata.

A genetikai diszkontinuitás vizsgálatát a BARRIER szoftver (MANNI et al., 2004) segítségével végeztük. A vizsgálatba bevontuk az NCBI gébankból letöltött szekvenciákat is. Az elemzéshez a minták földrajzi koordinátáit és a PCoA analízis során felhasznált genetikai távolság mátrixot használtuk fel. A megfelelő számú barrier

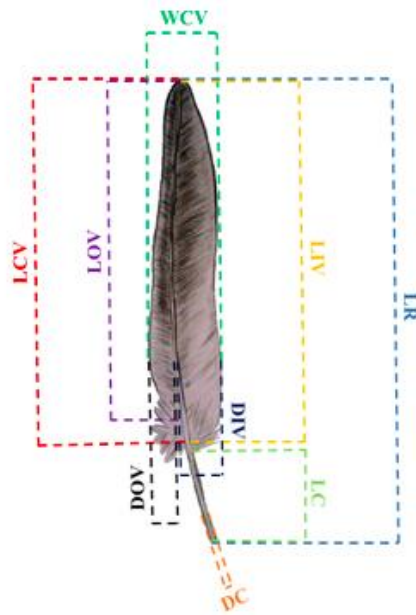
kiszámításához egy bootstrap fázis szükséges, azonban a diploid adatok hiánya miatt ennek futtatása nem volt lehetséges. Mivel nem rendelkezünk előzetes információkkal azon földrajzi akadályok pontos számáról, amelyek esetleg akadályozzák a gerlek mozgását, a korábban meghatározott populációk számával megegyező barriert feltételeztünk, ami 14 darabot jelent (barrierék száma = populációk száma -1).

A demográfiai változások vizsgálatához négyféle mutatót alkalmaztunk. A Tajima-*D* (Tajima's test of selective neutrality) (TAJIMA, 1989) nullhipotézise, hogy a DNS polimorfizmus neutrális mutáció következménye. A modell különböző mintaelemszámokhoz különböző konfidencia intervallumokat rendel, és ha *D* adott konfidencia intervallumba esik ($P < 0,05$), szignifikánsan eltér 0-tól, akkor elvetjük a nullhipotézist, tehát a polimorfizmust nem neutrális mutáció okozza. Amennyiben nem neutrális a populáció, akkor az előjeltől függően az eltérő következtetéseket vonhatunk le. Ha *D* értéke negatív, akkor a populáció növekszik, pl. múltbeli palacknyak- vagy alapító hatást követően, mivel több polimorfizmus hely lesz alacsonyabb frekvenciával jelen, mint az elvárt szint. Ha *D* pozitív értéket vesz fel, akkor az természetes szelekcióra (esetleg csökkenő populáció méretre) utal. Ebben az esetben alacsony a kis és a nagyon nagy frekvenciával rendelkező polimorfizmusok aránya (TAJIMA, 1989). A mutató statisztikai érzékenysége kis mintaelemszámnál a legnagyobb. A Fu-féle *F_s* már a haplotípusok eloszlását is figyelembe veszi, ez az egyik legerősebb teszt a populáció növekedés kimutatására, de nagy mintaelemszám szükséges a megbízható alkalmazásához. Kis mintaszám esetében inkább a Tajima-*D* értékét érdemes figyelembe venni, míg nagyobbakra a Fu féle *F_s* a használhatóbb (LARSSON et al., 2013; TÓTH, 2014). A mismatch distribution vagy „különözöségi eloszlásgörbe” (ROGERS és HARPENDING, 1992) a mintában található haplotípusok páronkénti különbségeiből számol eloszlási értéket, ezen felül a váratlan demográfiai, vagy térbeli expanzió számítására a legkisebb-négyzetek módszerét használja (SCHNEIDER és EXCOFFIER, 1999). Folyamatos demográfiai expanziónál (akár alapító hatást követően) egy csúcsú a görbe és közel Poisson eloszlást mutat, míg a kettő vagy sok csúcsú görbe pedig a differenciált populációkra jellemző (SLATKIN és HUDSON, 1991; ROGERS és HARPENDING, 1992). A teszt nullhipotézise, hogy a genetikai minta állandó létszámú random párosodó populációból származik. A modell valószínűségének megadására a *p* (SSD) értéket használjuk. A Raggedness érték a mismatch görbe csúcsosságára utaló index (HARPENDING et al., 1993). A Tajima-*D*, a Fu féle *F_s*, a Raggedness és a

mismatch eloszlás vizsgálata során 100.000-szeres ismétlést alkalmaztunk. Az analíziseket az Arlequin 3.11 szoftver (EXCOFFIER et al., 2005) segítségével futtatuk.

2.2. Morfometriai vizsgálat

A morfometriai vizsgálathoz felhasznált balkáni gerle (*Streptopelia decaocto*) egyedek (n=25) Előszállás és Hajdúnánás települések határában kerültek terítékre 2014 augusztusa és októbere között. A madarakat preparálásig -20 °C-on tároltuk. Felolvasztás után eltávolítottuk az első- és másodrendű evezőtollakat a testekről. A tollakat egyedi jelöléssel és külön csomagolva tároltuk a továbbiakban. A házigalamb (*Columba livia domestica*) példányok (n=11) szintén Előszállás és Hajdúnánás települések vonzáskörzetében lettek elejtve, és a balkáni gerléknél leírt módszer szerint kezeltük ezeket is. A tollak egyedi jelölőkódjait és a vizsgálattal összefüggésben előforduló rövidítések jelentéseit a 2. ábra és az 1.



2. ábra: Méretfelvételi pontok a tollakon madarak elsődleges evező tollait használtuk fel, mivel a kisebb méretű tollakból tapasztalataink szerint sokkal rosszabb hatásfokkal végezhető el a DNS izolálás, így a mintagyűjtés során ezeknek a nagyobb méretű tollaknak van gyakorlati jelentősége. Méretükből adódóan felhasználhatóak még erre a célra a kormánytollak is, azonban a két vizsgált faj ezen tollai könnyebben elkülöníthetőek színük alapján, mint az evezőtollak.

1. táblázat: A morfometriai vizsgálat során használt rövidítések

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

A tollak morfometriai adatait tolómérő (Digital Meßschieber 150 mm) és milliméterpapír segítségével vettük fel. Tollanként 9 méretfelvételi pontot határoztunk meg (2. ábra, 1. táblázat), melyek értékeivel jellemezhető az adott toll.

A morfometriai méretek felvételekor kiemelt figyelmet fordítottunk a mérések standardizálására. A tollakat minden esetben vízszintes pozícióban, egyenes felületen, milliméterpapíron ugyanabba a pozícióba helyezve vizsgáltuk. A szélességi méreteket minden esetben a vizsgált paraméter legnagyobb szélességénél vettük fel.

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

Az összevonhatóság vizsgálatához párosított t-próbát végeztünk, mellyel az azonos pozícióból, de eltérő oldalról származó tollak változónkénti adatsorainak varianciáit hasonlítottuk össze. A változókön belül a két faj értékeinek statisztikai szempontú elkülönülésének vizsgálatához először Levene teszttel ellenőriztük a csoportok

variánciáinak homogenitását, majd azonos variánciák esetében kétmintás t-próbát, eltérő variánciák esetében Welch próbát alkalmaztunk. Az utóbbi próbák megmutatják, hogy két csoport átlagai szignifikánsan különböznek-e egymástól. A változók fajokra jellemző értékeit leíró statisztikai elemzéssel kaptuk meg. Esetünkben a gyakorlati alkalmazhatóság szempontjából ezek közül a konfidencia-intervallum (valószínűségi intervallum) bír kiemelt jelentőséggel, mivel az intervallumbecslés során a minta alapján egy olyan intervallumot határoztunk meg, amely az előre megadott valószínűséggel tartalmazta a becsléni kívánt jellemzőt. Ezáltal olyan intervallumokat kaptunk, melyek adott szignifikancia szint mellett jellemzik az adott fajt. A gyakorlati alkalmazás szempontjából azonban fontos volt a fajok elkülönítéséhez használt változók számának csökkentése. Ezt a legnagyobb magyarázóerővel bíró változók kiemelésével érhetjük el, amihez két statisztikai próbát használtunk fel. Első lépésben a változók fajokhoz mért magyarázóerejét vizsgáltuk diszkriminancia-analízis segítségével. A diszkriminancia-analízis megfigyelési csoportok szétválasztására alkalmas módszer, több kvantitatív változó egyidejű figyelembevételével (FIDY és MAKARA, 2005). A változók legnagyobb magyarázóerőt biztosító kombinációjának kiválasztása pedig az optimális regressziós modell segítségével történt. Jelen vizsgálatban az optimális modell a binomiális logisztikus regresszió volt, mely esetében mennyiségi változók segítségével magyarázunk minőségi változókat. A logisztikus egy olyan regressziós modell, amelyben a függő változó kétértékű kategoriális (dichotóm) változó és a független változók bármilyen típusúak lehetnek: intervallum, ordinális, nominális (LÁZÁR, 2011). Vizsgálatunkban a függő változó két értékét a két faj jelentette, míg a független változókat a tollakon felvett méretek változói jelentették, melyek intervallum típusúak. A modell segítségével az arányskálán mért változók azon kombinációját tudjuk kiválasztani, amely a maximális magyarázóerőt biztosítja a minőségi változók esetében. A logisztikus regresszió a Maximum Likelihood becslést alkalmazza a függő változó logit változóvá transzformálása után. Ebben a vonatkozásban a logisztikus regresszió megbecsüli egy bizonyos esemény bekövetkezésének valószínűségét. Az elemzést Forward Stepwise módszerrel végeztük. Az eljárás a megadott változók közül próbál mindig egy újabbat bevonni a modellbe (esetleg egy már bevontat el is hagyhat) az F-próba segítségével. Ha az F értéke nagyobb, mint a beállított érték, akkor megtörténik a változó bevonása, s kezdődik előlről az eljárás (FIDY és MAKARA, 2005). A statisztikai vizsgálatokhoz minden esetben az SPSS 21.0 szoftvert használtuk (IBM, 2012).

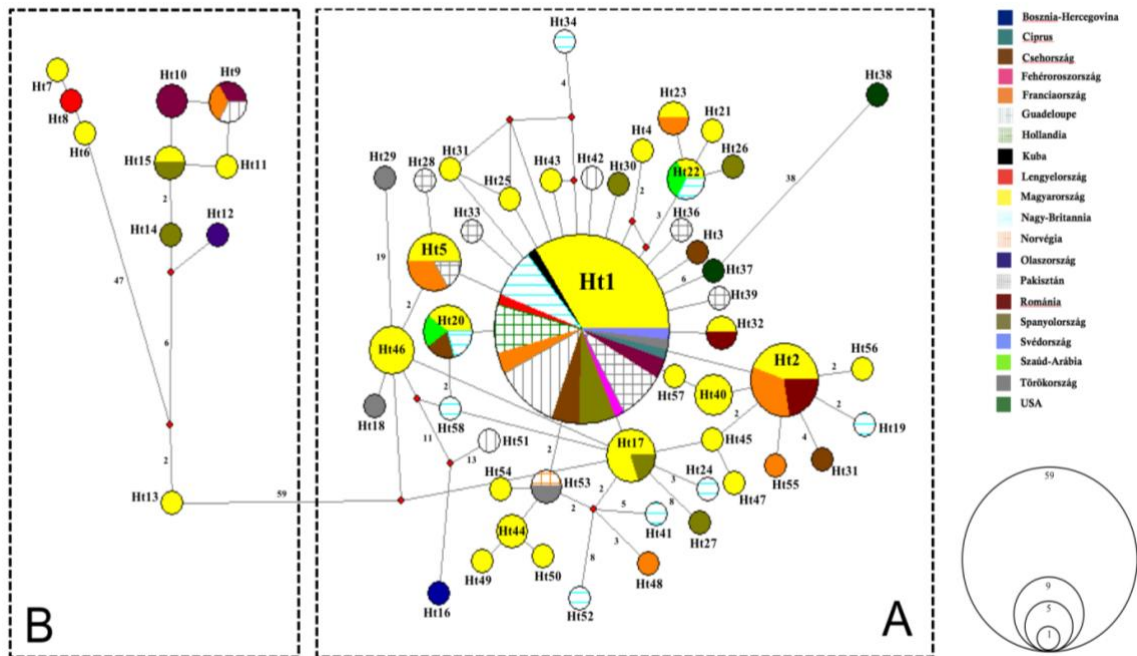
3. Eredmények

3.1. mtDNS vizsgálat

Az összes 134 mintát vizsgálva 171 polimorfizmust és 52 haplotípust találtunk. Az összes minta esetében a haplotípus diverzitás $0,843 (\pm 0,037)$, a nukleotid diverzitás értéke pedig $0,026 (\pm 0,013)$ volt. Az In/Del pozíciók száma 2 volt. A genetikai diverzitás és a genetikai szerkezet vizsgálatához 15 priori populációt jelöltünk ki az anyag és módszer fejezetben részletezett szempontok alapján. A legmagasabb haplotípus diverzitást a nyugat-magyarországi populációban (Pop7) mértük (1,000), de a többi populáció esetében is magas értékeket kaptunk. A legalacsonyabb haplotípus diverzitás a holland populációban (Pop11) volt mérhető. Ebben csak a Ht1 haplotípus jelent meg. Az irodalmi adatok alapján Hollandiából származó karibi populációban a Ht1 frekvenciája (70%) szintén magas volt. A nukleotid diverzitás értéke mind a 15 priori populációban alacsony értéket mutatott. A későbbi eredmények indokoltá tették a populációk régiókba való besorolását is. Ezen régiók szekvenciáinak diverzitásmutatóihoz tartozó értékeiket, úgy mint, a polimorfizmusok számát, a haplotípusok számát (Ht), a haplotípusok diverzitás értékét (H_d), a nukleotid diverzitás értékeket (π), valamint az In/Del pozíciók számát szintén kiszámoltuk. Nagyobb földrajzi régiókat is meghatároztunk, így Dél-Kelet-Európában 7 haplotípus és 117 polimorfizmus jelent meg. A haplotípus diverzitás $0,964$ -os ($\pm 0,077$), a nukleotid diverzitás $0,064$ -os ($\pm 0,036$) értéket vett fel. Közép-Európában 33 haplotípus, 118 polimorfizmus jelenlétét, valamint $0,871$ -os ($\pm 0,035$) haplotípus diverzitás- és $0,023$ -os ($\pm 0,012$) nukleotid diverzitás értékeket sikerült kimutatni. A nyugat-európai populációkban összesen 20 haplotípust találtunk 111 polimorfizmus mellett. A haplotípus diverzitás $0,836 \pm (0,061)$, a nukleotid diverzitás értéke pedig $0,023 (\pm 0,012)$ volt. A közép-amerikai populáció esetében 4 haplotípus mellett 82 polimorfizmust, $0,491$ -os ($\pm 0,175$) haplotípus diverzitás és $0,024$ -os ($\pm 0,013$) nukleotid diverzitás érték volt kimutatható. Összességében elmondható, hogy mind a populációk, a földrajzi régiók, mind az összes szekvencia együttes vizsgálata esetén, a minták számához viszonyítva magas a polimorfizmusok és haplotípusok száma. A közép-amerikai populáció esetében haplotípus diverzitás jelentősen alacsonyabbnak bizonyult a többi földrajzi régióéval összevetve, azonban még így is magas értéknek számít. Az eltérés oka valószínűleg azzal magyarázható, hogy az itteni populáció a legfiatalabb, mindössze az 1970-es évek óta van jelen a faj a régióban. A haplotípusok nagy száma nem egyedülálló jelenség a galambalakúak között. Korábban CALDERÓN et al. (2016) írt le hasonló

arányokat, amikor 95 vadgerle citokróm-b szekvenciáinak vizsgálata során összesen 40 haplotípust talált. Ugyanígy jellemző szinten minden csoportosításra a magas haplotípus diverzitás mellett az alacsony nukleotid diverzitási érték, ami az egyik jellemzője a kis effektív populációméretből (palacknyak- vagy alapító hatás után) induló gyors demográfiai expanzióknak. A palacknyak hatás jeleit CALDERÓN et al. (2016) is felfedezte a vadgerle demográfiai történetének vizsgálata során. Ő egy jelentős és szélsőséges fluktuációról számol be az effektív populáció méret (N_e) esetében, melynek molekuláris genetikai jelei azonban ma már kevésbé észlelhetőek.

A Network Median-Joining analízissel készített 3. ábra a vizsgálatban szereplő egyedek haplotípusainak kapcsolatát mutatja.

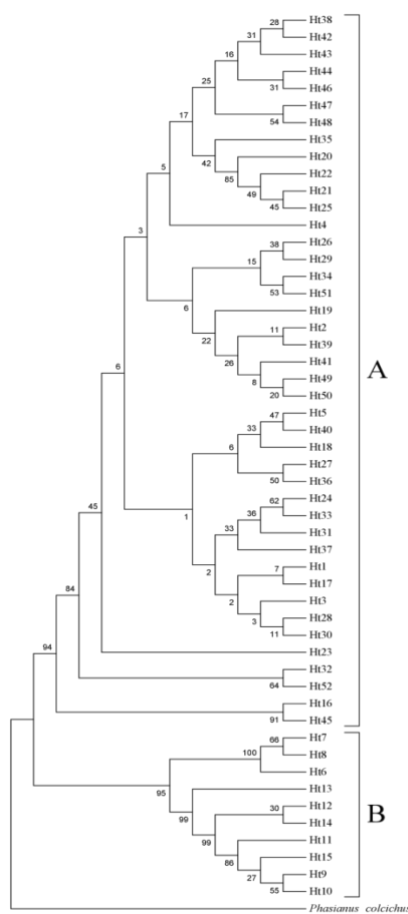


3. ábra: Network Median-Joining ábra a haplotípusok kapcsolatairól. A különböző színek a haplotípusba tartozó minták származási helyeit jelölik. A haplotípusokat jelző körök mérete az egyedek számával arányos. Az ágak hosszai nem reprezentálják minden esetben az evolúciós távolságot, a rajtuk levő számok a mutációk számát jelölik. Az ábrán szembejövő az 1-es haplotípusba (Ht1) tartozó egyedek nagy száma (44,03%).

BAJC et al. (2011) a siketfajd (*Tetrao urogallus*) vizsgálata során megemlíti, hogy a Network fa csillagszerű topográfiája, mely esetében egy központi haplotípushoz (jelen vizsgálatban a Ht1 jelű) sugárirányban kapcsolódik a többi, jellemző a demográfiai expanzióra. A 3. ábra "A" részén szintén megfigyelhető ez a csillag szerű elrendeződés. Jelen esetben a Ht1 haplotípus a legvalószínűbb közös ős. Az ábrán azonban már kisebb, távolabbi csoportok is kirajzolódnak, különösen az ábra "B" jelű részén, amit akár a

kialakulóban lévő genetikai izoláció jeleként is értelmezhetnénk (JOSHI, et al. 2013; TÓTH, 2014). Ennek igazolását azonban más vizsgálatok eredményeinek is támogatniuk kell. A későbbiekben részletesen foglalkozunk ezekkel is.

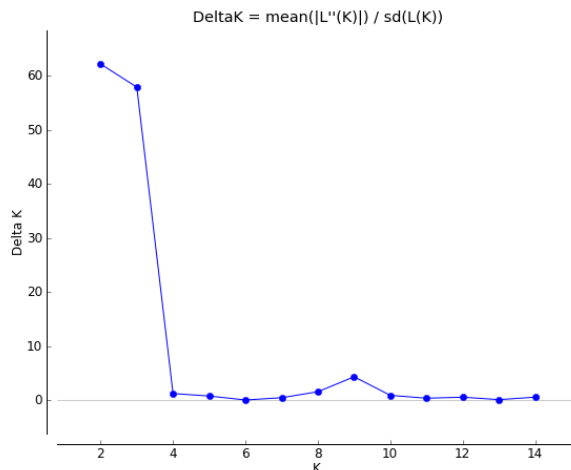
A Ht1 haplotípus jelen volt a felhasznált szekvenciák származási helyeinek 75%-ában. A haplotípus központi elhelyezkedése és földrajzi elterjedése miatt valószínűleg a legősibb haplotípust képviseli, ahogy a hasonló jellemzők más fajok esetében is erre utalnak (POSADA és CRANDALL, 2001; NI et al., 2015).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



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

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

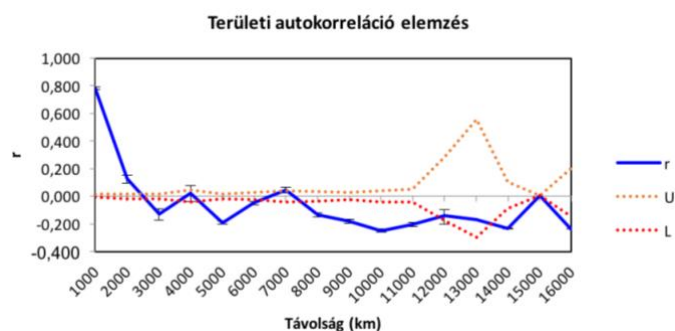
A genetikai klaszterek számát és összetételét a STRUCTURE (FALUSH et al., 2003) programcsomaggal vizsgáltuk. Az összes priori populációt összehasonlítva (K: 1-15) a Delta K viszonylatában a K érték a K=2-nél érte el az első csúcsot, majd a második csúcsot K=3-nál (5. ábra). Az ábra alapján a K=2 csoportosítás a legvalószínűbb, ezt az ábrán a



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

legmagasabb csúcs jelöli. Az azonos genetikai klaszterba sorolt minták és azok földrajzi származása között nem volt megfigyelhető összefüggés, tehát a genetikai és földrajzi adatok között ebben az esetben sem sikerült korrelációt kimutatni. A K=2 csoportosítás pedig azt az eredményt erősíti, hogy a faj populációi között nincsenek jelentős genetikai különbségek.

A genetikai és földrajzi távolságok közötti esetleges korreláció vizsgálatához területi autokorrelációs elemzést és főkoordináta analízist (PCoA) végeztünk. A területi autokorreláció vizsgálatot bemutató 6. ábrán az “U” és “L” vonalak jelölik a nullhipotézis (nincs térbeli struktúra) 95%-os konfidencia értékeit. Az “r” a korrelációs együtthatót ábrázolja. Ahogy az a 6. ábrán is látható, 2000 km-es (r=0,124; P=0,001) távolságig lehetett pozitív korrelációt kimutatni a genetikai differenciálódás és a különböző földrajzi területek között. Ez arra utal, hogy az egyedek között eddig a távolságig mutatható ki genetikai struktúráltság, ezen túl, negatív korreláció esetén pedig megszűnik a

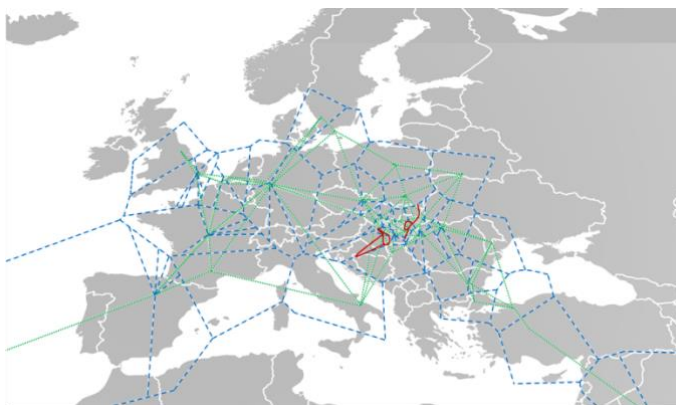


6. ábra: Területi autokorrelációt bemutató korrelogram. Az ábra a genetikai korreláció értékeit ábrázolja a távolság függvényében

génáramlás (ÁLVARES-CARVALHO et al., 2016). A korreláció mértéke az 1000 km-es távolság osztályban meglehetősen magas (r=0,781; P=0,001) értéket vett fel, majd meredek csökkenést mutatott. Egy ilyen mozgékony faj esetében, mely egyedeinek nem

jelent problémát nagyobb távolságok megtétele, számítani lehetett a nagy területi kiterjedésű populációk létrejöttére. A korrelációs együttható meredekségéből viszont valószínűsíthető lehet, hogy a populáció határokat az 1000 km-es távolságérték alatt kell keresni. Az erre vonatkozó adatok pontosítása kisebb kiterjedésű mintaterületek kijelölésével és azokon belül nagyobb elemszám alkalmazásával válna lehetővé. A főkoordináta analízis (PCoA) eredményeként kirajzolódó különböző klaszterekben az egymástól nagy földrajzi távolságban gyűjtött minták is megjelennek. Ebből az következik, hogy a balkáni gerle esetében még nem alakultak ki az egyes földrajzi régiókra jellemző genetikai struktúrák. Eredményeink alapján nem sikerült terjedési mintázatot kimutatni. Ezt egyrészt magyarázhatja a faj időben rendkívül közeli expanziója, másrészt egyáltalán nem is biztos, hogy a Galambformák (*Columbinae*) esetében találunk ilyen genetikai nyomokat. CALDERÓN et al. (2016) a vadgerle három különböző migrációs útvonalán vizsgálta a populációkat, és nem talált azokhoz köthető, egyedi genetikai struktúrákat.

A genetikai diszkontinuitás vizsgálathoz a BARRIER szoftvert (MANNI et al., 2004) alkalmaztuk. Ehhez a minták földrajzi koordinátáit és a PCoA analízis során felhasznált genetikai távolság mátrixot használtuk fel. A 7. ábra a feltételezett terjedési útvonalakat, a feltételezett populáció határokat és a rejtett genetikai barriereket ábrázolja



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

Európában. Az ázsiai és amerikai kontinensen az alacsony elemszám miatt sem lehetett genetikai izoláltság nyomait kimutatni. Az amerikai populáció esetében az is magyarázatot jelenthet, hogy az Európából való betelepítés óta eltelt pár évtized nem volt elegendő ahhoz, hogy jelentős genetikai különbségek

alakuljanak ki. Genetikai barriereket egyedül Magyarország területén sikerült azonosítanunk. Egy populációt az Alföld keleti részén sikerült lehatárolnunk, míg egy másikat Dél, Délnyugat-Magyarországon. Érdekes kérdést jelent ezen populációkkal kapcsolatban, hogy milyen okok vezettek elhatárolódásukhoz a környező populációktól, hiszen látható földrajzi korlátai nincsenek az egyedek mozgásának. A közöttük lévő földrajzi távolság sem jelenthet a gerlek számára leküzdhetetlen akadályt, hiszen

eredményeim alapján akár 2000 km-es távolságig is kimutatható lehet a génáramlás a populációk között. Ennek tudatában az említett populációk közötti génáramlás alacsony szintjére másban kell keresnünk a magyarázatot. A diszperziós viselkedés csökkent aktivitása kézenfekvő magyarázatot jelenthet. Tudvalevő, hogy Kelet- illetve Dél-, Délkelet-Magyarországon a balkáni gerlék számára talán legkedvezőbb élőhelytípusok (intenzív mezőgazdasággal rendelkező vidéki környezet) nagy számban találhatóak meg. A környezeti okokra visszavezethető diszperzió tehát nem lehet jelentős. Ugyanakkor a populációkból történő kivándorlás a populáció sűrűségének növekedésével fokozódik. Jó minőségű élőhelyen a sűrűség nőni fog, ez pedig – figyelembe véve a hímek territorialitását is – kedvez a populációból történő kivándorlásnak. Az új területekre való eljutást biztosító migrációban jelentős szerepe van a juvenil egyedek kóborlásának is. Figyelembe kell azonban venni, hogy a hazai viszonyok között már csak benépesített élőhelyeket találhatnak ezek a gerlék is, ami helyben maradásuk esélyét nagyban csökkentti, így még ha a két populáció egyedei el is jutnak a másik területre, az nem feltétlenül jelenti azt, hogy ott sikeres párkeresés után fészkelőhelyhez is jutnak és a populáció részévé válnak nagy számban. Be kell látni, hogy jelenleg nem rendelkezünk elegendő ismerettel, az említett populációk genetikai határainak kialakulásában szerepet játszó tényezőket illetően. A kérdés részben már túl is mutat a disszertáció célkitűzésein. Megnyugtató válaszokat további vizsgálatok után kaphatunk majd, amelyek körébe éppúgy beletartoznak a gyűrűzéssel vagy GPS telemetria segítségével végzett kutatások, mint a genetikai vizsgálatok folytatása további markerek és minták bevonásával.

Az összes szekvenciát együtt vizsgálva a Tajima- D és Fu féle F_s értéke is negatív értéket vett fel de egyik esetben sem szignifikáns az eredmény, bár a Tajima- D esetében közel szignifikánsnak ($P=0,03$) mondható (2. táblázat). Ezek az értékek nem támogatják az expanziót, azonban figyelembe kell venni, hogy alacsony elemszámmal dolgoztunk, ilyen esetekben pedig a Raggedness értékét nagyobb súllyal érdemes az értékelés során figyelembe venni. Az összes minta esetében sem a mismatch eloszlás sem a Raggedness érték nem mutatott szignifikáns eredményt, (2. táblázat) itt azonban ez a múltbéli expanzió meglétét támasztja alá (JOSHI, et al. 2013). Az eloszlási görbe ugyanakkor több csúccsal rendelkezik, ami arra utal, hogy az elterjedési területen kialakulhattak izolálódott populációk (ROQUES és NEGRO, 2005; TÓTH, 2014). Így amikor az általunk kimutatott két genetikailag elkülönülő csoportot külön vizsgáltuk, akkor az "A" csoport esetében a Tajima- D és a Fu féle F_s negatív és szignifikáns értéke, valamint a Raggedness

2. táblázat: Neutralitás tesztek és a mismatch eredményei

Csoport	Neutralitás teszt				Mismatch			
	Tajima- <i>D</i>	P	Fu- <i>F_s</i>	P	SSD	P	Raggedness	P
A	-2,606	0,000	- 5,914	0,000	0,414	0,000	0,010	1,000
B	0,674	0,779	1,811	0,787	0,050	0,590	0,043	0,800
Összes	-1,566	0,030	-6,399	0,121	0,010	0,980	0,007	0,990

nem szignifikáns értéke (2. táblázat) és a mismatch eloszlás egycsúcsú görbéje egyértelműen megerősíti a közelmúltban bekövetkezett demográfiai expansziót. A "B" csoport esetében az SSD és Raggedness érték szintén az expansziót támogatja. Látható, hogy a neutralitás tesztek, a mismatch eloszlás és a Raggedness érték együttes alkalmazásával az "A" csoporttól eltérően, nem sikerült a demográfiai expanszió egyértelmű genetikai nyomait kimutatni. Nem zárható ki, hogy a "B" csoportra jellemző eltérő értékek torzító hatással vannak az összes minta együttes értékelése során tapasztalt eredményekre is. Figyelembe véve azt, hogy a "B" csoportban mért elem- és haplotípus szám nagyságrendileg különbözik az "A" csoportétól, javasoljuk a "B" csoportra vonatkozó ezen eredmények fenntartásokkal való kezelését mindaddig, amíg más eredmények meg nem erősítik, vagy éppen meg nem cáfolják azok helyességét.

4.2. Morfometriai vizsgálat

A legnagyobb magyarázóerővel bíró változók kiválasztására az általunk fejlesztett módszer alkalmazhatóságának javítása miatt volt szükség. Az elemzés során először tollanként vizsgáltuk a méretváltozók magyarázóerejét diszkriminancia-analízis segítségével (3. táblázat).

3. táblázat: A változók magyarázóereje diszkriminancia-analízis alapján

változó	Wilks' Lambda	magyarázóerő (%)	csoporthoz való tartozás becslésének pontossága (%)	
			gerle	galamb
DC	,144***	85,6	100	100
DIV	,167***	83,3	98,0	95,5
DOV	,296***	70,4	96,0	90,9
LC	,263***	73,7	100	95,5
LCV	,214***	78,6	100	90,9
LIV	,224***	77,6	100	90,9
LOV	,211***	78,9	100	90,9
LR	,114***	88,6	100	95,5
WCV	,161***	83,9	100	100

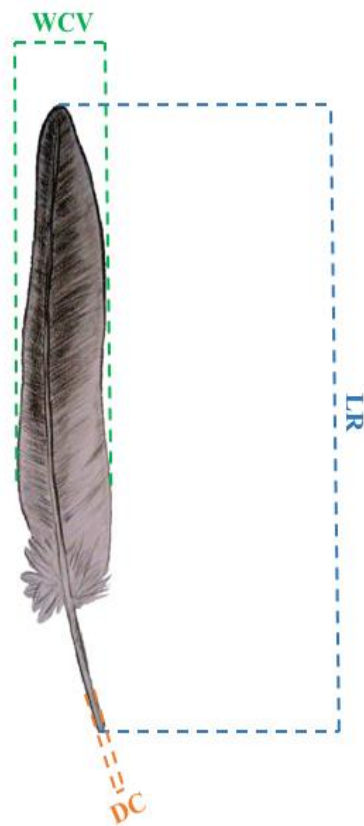
*** $P < 0,001$

A Wilk's Lambda a magyarázóerőt mutató szám, melyet 1-ből kivonva, majd 100-zal szorozva kapható meg a magyarázóerő százalékban. A helyes, illetve helytelen klasszifikációkat bemutató táblázat (Classification Results) jeleníti meg, hogy hány %-os pontossággal állapítja meg a kategóriához való tartozást a modell. Ezek az eredmények a 3. táblázat "csoporthoz való tartozás becslésének pontossága (%)" oszlopaiban láthatóak.

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

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

A legnagyobb magyarázóerővel bíró változók optimális kombinációjának meghatározásához binomiális logisztikus regressziós modellt használtunk (4. táblázat). A modell illeszkedését két, módszertanilag különböző mutató alapján ellenőriztük. A Nagelkerke R négyzet egy magyarázóerőt megadó mutatószám. Azt mutatja meg, hogy a magyarázó változók hány százalékban magyarázzák az eredményváltozó alakulását. A másik mutató az ún. Pontossági táblázat volt, amely azt mutatja be, hogy az esetek hány százalékában találta el a modell azt, hogy a változó értékei melyik fajra jellemzőek.



8. ábra: Gyakorlati alkalmazásra javasolt méretfelvételi pontok a tollon

A fenti eredmények alapján a balkáni gerle és a házigalamb fajok elsődleges evezőtollainak objektív módszerrel való elkülönítéséhez a három legnagyobb magyarázóerővel bíró változó figyelembevételét javasoljuk. A gyakorlatban javasolt tehát a begyűjtött tollakon a cséve átmérőjének (DC), a tollgerinc hosszának (LR) és a teljes zászló szélességének (WCV) méreteit felvenni (8. ábra), majd az adatokat összevetni a tollak leíró statisztikai adatainál közölt, 95%-os szignifikancia szint mellett megállapított konfidencia

intervallumokkal. Egy talált toll esetében problémát jelenthet a pontos toll pozíció beazonosítása, ezáltal nehezített a helyes konfidencia intervallum kiválasztása a határozása során. Ilyen esetekben könnyebbséget jelent a tollvégek alakjának vizsgálata. A madárfajok nagy többsége esetében a szárnyon kijjebb eső 5-6 elsődleges evezőtoll végei hegyesebbek, mint az utánuk következő, beljebb elhelyezkedő tollaké. A tollvégek szögei a szárnyon befelé haladva folyamatosan növekednek. Ez a jól látható különbség segítséget nyújt a talált toll hozzávetőleges helyzetének megállapításához a szárnyon. Bizonytalanság esetén növelhető a határozásba bevont változók száma.

4. Az értekezés új tudományos eredményei

- 1/a. Ismereteink szerint elsőként végeztem a balkáni gerle (*Streptopelia decaocto*) fajra vonatkozó és ilyen széles körűen, a faj genetikai diverzitására, szerkezetére irányuló kutatást. A citokróm-oxidáz I régió 658 bp hosszú szakaszán elsőként írtam le a haplotípusokat. Összesen 152 egyed alapján 58 haplotípust detektáltam, melyből 52-öt saját szekvenciák alapján azonosítottam. Kimutattam a Ht1 haplotípus földrajzi régióktól független dominanciáját (44,03%), egyúttal azt is, hogy a fajon belüli genetikai variancia nincs összefüggésben a földrajzi elterjedéssel.

- 1/b. Leírtam két, genetikai szinten jól elkülönülő csoportot a fajon belül, melyeket "A"-val (n=120) és "B"-vel (n=14) jelöltem. A jelentősen nagyobb elemszámú "A" csoport esetében molekuláris genetikai módszerekkel bizonyítottam a fajt ért alapító hatást követő demográfiai expanzió meglétét, ami alátámasztja, illetve megerősíti a balkáni gerle terjedéséről felállított elméleteket és megfigyeléseket. A balkáni gerle populációk közötti genetikai távolságokra alacsony értékek jellemzőek. Jelentős a fajon belüli génáramlás, amit az alacsony nukleotid diverzitás ($\pi=0,026\pm 0,013$) és a 2000 km-es távolságig kimutatható génáramlás is alátámaszt.

2. A balkáni gerle és a házigalamb elsődleges evezőtollainak vizsgálatával igazoltam a két fajtól gyűjtött hullatott tollak egzakt módon történő elkülönítésének lehetőségét. Az általam épített adatbázis a leíró statisztikai eredmények által lehetőséget nyújt a tollak faji szintű azonosítására is. A vizsgált fajok esetében az elkülönítésre, illetve az azonosításra a cséve átmérője, a tollgerinc hossza és a teljes zászló szélessége a leginkább alkalmas és legnagyobb magyarázóerővel bíró változó.

5. Az eredmények gyakorlati hasznosíthatósága

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

6. Irodalomjegyzék

1. ÁLVARES-CARVALHO, S. V. – DUARTE, J. F. – SANTOS, T. C. – SANTOS, R. M. – SILVA-MANN, R. – CARVALHO, D. (2016): Structure and genetic diversity of natural Brazilian pepper populations (*Schinus terebinthifolius* Raddi). *Genetics and Molecular Research*. 15. 15.
2. AWAN, A. R. – UMAR, E – UL HAQ, M. Z. – FIRYAL, S. (2013): Molecular classification of Pakistani collared dove through DNA barcoding. *Molecular Biology Reports*. 40. 11. 6329-6331.
3. BAJC, M. – ČAS, M. – BALLIAN, D. – KUNOVAC, S. – ZUBIĆ, G. – GRUBEŠIĆ, M. – ZHELEV, P. – PAULE, L. – GREBENC, T. – KRAIGHER, H. (2011): Genetic differentiation of the western capercaillie highlights the importance of south-eastern Europe for understanding the species phylogeography. *PloS one*. 6. 8. e23602.
4. BANDELT, H-J. – FORSTER, P. – RÖHL, A. (1999): Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. *Molecular Biology and Evolution*. 16. 1. 37-48.
5. BELLARD, C. – CASSEY, P. – BLACKBURN, T. M. (2016): Alien species as a driver of recent extinctions. *Biology Letters*. 12. 2. 20150623.
6. BERNDT, T. – BOURDON, N. – BUCHANAN, R. – DOANE, A. – DOYLE, L. – FARRELL, J. – HENRICH, A. – JENNER, B. – LOCKWOOD, C. – NOVAK, A. – O'DONNELL, K. – PULTORAK, H. – SCAMMAN, W. – STROHMEYER, A. – TILSLEY, K. – FREDERICH, M (2014): "An Introduction To Marine Invasive Species". *Marine Sciences Student Projects*. 1.
7. BODZSÁR, N. (2012): Óshonos magyar tyúkállományok genetikai diverzitásának vizsgálata különböző molekuláris genetikai markerek segítségével. Doktori (PhD) értekezés, Szent István Egyetem, Gödöllő.
8. BUTCHART, S. H. M. – WALPOLE, M. – COLLEN, B. – VAN STRIEN, A. – SCHARLEMANN, J. P. – ALMOND, R. E. A. – BAILLIE, J. E. M. – BOMHAR, B. – BROWN, C. – BRUNO, J. – CARPENTER, K. E. – CARR, G. M. – JANICE CHANSON, J. – CHENERY, A. M. – CSIRKE, J. – DAVIDSON, N. C. – DENTENER, F. – FOSTER, M. – GALLI, A. – GALLOWAY, J. N. – GENOVESI, P. – GREGORY, R. D. – HOCKINGS, M. – KAPOS, V. – LAMARQUE, J-F. – LEVERINGTON, F. – LOH, J. – MCGEOCH21, M. A. – MCRAE, L. – MINASYAN, A. – MORCILLO, M. H. – OLDFIELD, T. E. E. – PAULY, D. – QUADER, S. – REVENGA, C. – SAUER, J. R. – SKOLNIK, B. – SPEAR, D. – STANWELL-SMITH, D. – STUART, S. N. –

- SYMES, A. – TIERNEY, M. – TYRRELL, T. D. – VIÉ, J.-C. – WATSON, R. (2010): Global biodiversity: Indicators of recent declines. *Science*. 328. 5982. 1164-1168.
9. CALDERÓN, L. – CAMPAGNA, L. – WILKE, T. – LORMEE, H. – ERAUD, C. – DUNN, J. C. – ROCHA, G. – ZEHTINDJIEV, P. – BAKALOUKIS, D. E. – METZGER, B. – CECERE, J.G. – MARX, M. – QUILLFELDT, P. (2016): Genomic evidence of demographic fluctuations and lack of genetic structure across flyways in a long distance migrant, the European turtle dove. *BMC Evolutionary Biology*. 16. 1. 237.
10. COOMBS, C. F. B. – ISAACSON, A. J. – MURTON, R. K. – THEARLE, R. J. P. – WESTWOOD, W. J. (1981): Collared doves (*Streptopelia decaocto*) in urban habitats. *Journal of Applied Ecology*. 18. 1. 41-62.
11. CRAMP, S. (1985): Handbook of the birds of Europe, the Middle East and North Africa, vol. 4, terns to woodpeckers. Oxford University Press, New York.
12. CROOKS, J. A. - SOULÉ, M. E. - SANDLUND, O. T. (1999): Lag times in population explosions of invasive species: causes and implications. [In Sandland, O. T., Schei, P. J., Viken, A. (szerk.) *Invasive Species and Biodiversity Management*] Kluwer Academic Publishers, The Netherlands. 103-125.
13. 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.
14. ERAUD, C. – BOUTIN, J. – ROUX, D. – FAIVRE, B. (2007): Spatial dynamics of an invasive bird species assessed using robust design occupancy analysis: the case of the Eurasian Collared Dove (*Streptopelia decaocto*) in France. *Journal of Biogeography*. 34. 6. 1077-1086.
15. 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.
16. EXCOFFIER, L. – LAVAL, L. G. – SCHNEIDER, S. (2005): Arlequin Version 3.0: An integrated software package for population genetics data analysis. *Evolutionary Bioinformatics Online*. 1. 47-50.
17. EXCOFFIER, L. – SMOUSE, P. – QUATTRO, J. (1992): Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: Application to human mitochondrial DNA restriction data. *Genetics*. 131. 479-491.

18. FALUSH, D. – STEPHENS, M. – PRITCHARD, J. K. (2003): Inference of population structure using multilocus genotype data: linked loci and correlated allele frequencies. *Genetics*. 164. 4. 1567-1587.
19. FELSENSTEIN, J. (1985): Confidence limits on phylogenies: An approach using the bootstrap. *Evolution*. 39. 783-791.
20. FIDY, J. – MAKARA, G. (2005): *Biostatistika*.
<http://www.tankonyvtar.hu/hu/tartalom/tkt/biostatistika-1/ch16s03.html> Utolsó hozzáférés: 2016.03.17.
21. FUJISAKI, I. – PEARLSTINE, E. V. – MAZZOTTI, F. J. (2010): The rapid spread of invasive Eurasian Collared Doves *Streptopelia decaocto* in the continental USA follows human-altered habitats. *Ibis*. 152. 3. 622-632.
22. GALLARDO, B. – ALDRIDGE, D. C. – GONZÁLEZ-MORENO, P. – PERGL, J. – PIZARRO, M. – PYŠEK, P. – THUILLER, W. – YESSON, C. – VILÀ, M. (2017): Protected areas offer refuge from invasive species spreading under climate change. *Global change biology*, 23. 12. 5331-5343.
23. GLUTZ, V. B. U. – BAUER, K. (1980): *Handbuch der Vögel Mitteleuropas*, Bd. 9. Columbiformes–Piciformes. Akademische Verlagsgesellschaft, Wiesbaden.
24. HARPENDING, H.C. – SHERRY, S.T. – ROGERS, A.R. – STONEKING, M. (1993): Genetic structure of ancient human populations. *Current Anthropology*. 34. 483-496.
25. HASEGAWA, M. – KISHINO, H. – YANO, T. (1985): Dating the human-ape split by a molecular clock of mitochondrial DNA. *Journal of Molecular Evolution*. 22. 160-174.
26. HENGEVELD, R. (1988): Mechanisms of biological invasions. *Journal of Biogeography*. 15. 5-6. 819-828.
27. HORVÁTH, M. B. – MARTÍNEZ-CRUZ, B. – NEGRO, J. J. – KALMÁR, L. – GODOY, J. A. (2005): An overlooked DNA source for noninvasive genetic analysis in birds. *Journal of Avian Biology*. 36. 1. 84-88.
28. HUDSON, R. (1972): Collared Doves in Britain and Ireland during 1965-1970. *British Birds*. 65. 139-155.
29. HULME, P. E. – PYSEK, P. – NENTWIG, W. – VILA, M. (2009): Will threat of biological invasions unite the European Union? *Science*. 324. 5923. 40-41.
30. IUCN. (1999): IUCN guidelines for the prevention of biodiversity loss due to biological invasion. *Species*. 31-32. 28-42.

31. JOSHI, J. – SALAR, R. K. – BANERJEE, P. (2013): Genetic Variation and Phylogenetic Relationships of Indian Buffaloes of Uttar Pradesh. *Asian-Australasian journal of animal sciences*. 26. 9. 1229.
32. KASPAREK, M. (1996): Dispersal and range extension of the Collared Dove (*Streptopelia decaocto*) in Europe. *Journal fur Ornithologie*. 137. 1. 1-34.
33. LARKIN, M. A. – BLACKSHIELDS, G. – BROWN, N. P. – CHENNA, R. – MCGETTIGAN, P. A. – MCWILLIAM, H. – VALENTIN, F. – WALLACE, I. M. – WILM, A. – LOPEZ, R. – THOMPSON, J. D. – GIBSON, T. J. – HIGGINS, D. G. (2007): Clustal W and Clustal X version 2.0. *Bioinformatics*. 23. 2947-2948.
34. LARSSON, H., KÄLLMAN, T., GYLLENSTRAND, N., LASCoux, M. (2013): Distribution of long-range linkage disequilibrium and Tajima's D values in Scandinavian populations of Norway spruce (*Picea abies*). *G3: Genes| Genomes| Genetics*. 3. 5. 795-806.
35. LÁZÁR, E. (2011): Regressziós modellek alkalmazása a kereslet alapú ár kutatásban. Doktori (PhD) értekezés, Szent István Egyetem, Gödöllő.
36. LEE, C. E. (2002): Evolutionary genetics of invasive species. *Trends in Ecology & Evolution*. 17. 8. 386-391.
37. MANNI, F. – GUÉRARD, E. – HEYER, E. (2004): Geographic patterns of (genetic, morphologic, linguistic) variation: how barriers can be detected by “Monmonier's algorithm”. *Human Biology*. 76. 2. 173-190.
38. NI, G. – LI, Q. – NI, L. – KONG, L. – YU, H. (2015): Population subdivision of the surf clam *Macra chinensis* in the East China Sea: Changjiang River outflow is not the sole driver. *PeerJ*. 3. e1240.
39. PEAKALL, R. – SMOUSE, P. E. (2006): GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular Ecology Notes*. 6. 288-295.
40. PEAKALL, R. – SMOUSE, P. E. (2012): GenAIEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research-an update. *Bioinformatics*. 28. 2537-2539.
41. POSADA, D. – CRANDALL, K. A. (2001): Intraspecific gene genealogies: trees grafting into networks. *Trends in Ecology & Evolution*. 16. 1. 37-45.
42. ROBERTSON, H. A. (1990): Breeding of Collared Doves *Streptopelia decaocto* in rural Oxfordshire, England. *Bird Study*. 37. 2. 73-83.

43. ROCHA-CAMERERO, G. – HIDALGO DE TRUCIOS, S. J. (2002): The spread of the Collared Dove *Streptopelia decaocto* in Europe: colonization patterns in the west of the Iberian Peninsula. *Bird Study*. 49. 1. 11-16.
44. ROGERS, A. R. – HARPENDING, H. (1992): Population Growth Makes Waves in the Distribution of Pairwise Genetic Differences. *Molecular Biology and Evolution*. 9. 3. 552-569.
45. ROMAGOSA, C. M. – LABISKY, R. F. (2000): Establishment and dispersal of the Eurasian Collared Dove in Florida. *Journal of Field Ornithology*. 71. 1. 159-166.
46. ROSENBERG, N. A. (2004): Distruct: a program for the graphical display of population structure. *Molecular Ecology Notes*. 4: 137-138.
47. ROQUES, S. – NEGRO, J. J. (2005): MtDNA genetic diversity and population history of a dwindling raptorial bird, the red kite (*Milvus milvus*). *Biological Conservation*. 126. 1. 41-50.
48. SCHINDEL, D. E. – STOECKLE, M. Y. – MILENSKY, C. – TRIZNA, M. – SCHMIDT, B. – GEBHARD, C. – GRAVES, G. (2011): Project description: DNA barcodes of bird species in the national museum of natural history, Smithsonian Institution, USA. *ZooKeys*. 152. 87-92.
49. SCHNEIDER, S. – EXCOFFIER, L. (1999): Estimation of demographic parameters from the distribution of pairwise differences when the mutation rates vary among sites: Application to human mitochondrial DNA. *Genetics*. 152. 1079-1089.
50. SEUTIN, G. – WHITE, B. N. – BOAG, P. T. (1991): Preservation of avian blood and tissue samples for DNA analyses. *Canadian Journal of Zoology*. 69. 1. 82-90.
51. SLATKIN, M. – HUDSON, R. R. (1991): Pairwise comparisons of mitochondrial DNA sequences in stable and exponentially growing populations. *Genetics*. 129. 555-562.
52. SNOW, D. W. – PERRINS, C. M. – GILLMOR, R. (1998): The birds of the western Palearctic, Non-passerines, vol. 1: 1832. Oxford University Press, Oxford.
53. SUN, W. – DONG, H. – GAO, Y. B. – SU, Q. F. – QIAN, H. T. – BAI, H. Y. – Zhang, Z. T. – Cong, B. (2015): Genetic Variation and Geographic Differentiation Among Populations of the Nonmigratory Agricultural Pest *Oedaleus infernalis* (Orthoptera: *Acridoidea*) in China. *Journal of Insect Science*. 15. 1. 150.
54. TAJIMA, F. (1989): The effect of change in population size on DNA polymorphism. *Genetics*. 123. 597-601.

55. TAMURA, K. – STECHER, G. – PETERSON, D. – FILIPSKI, A. – KUMAR, S. (2013): MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 6.0. *Molecular Biology and Evolution*. 30. 2725-2729.
56. TÓTH, V. (2014). A platánlevél-sátorosmoly (*Phyllonorycter platani* Staudinger 1870) populációgenetikai vizsgálata. Ph.D. disszertáció, NYME.
57. TSUTSUI, N. D. – SUAREZ, A. V., – GROSBERG, R. K. (2003): Genetic diversity, asymmetrical aggression, and recognition in a widespread invasive species. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 100. 3. 1078-1083.
58. VILI, N. – HORVÁTH, M. B. – KOVÁCS, S. – HORNUNG, E. – KALMÁR, L. (2009): Alternatív mintavételi módszer gyakorlati alkalmazhatósága madárgenetikai vizsgálatokban: parlagi sasok ivarmeghatározása, mikroszatellitákon alapuló egyedi azonosítása és mtDNS-ének vizsgálata. *Magyar Állatorvosok Lapja*. 131. 7. 426-435.
59. VILI N. – KALMÁR L. – KOVÁCS SZ. – HORVÁTH M. (2007): A parlagi sas genetikai változatossága. [In: Forró, L. (szerk.) *A Kárpát-medence állatvilágának kialakulása*] Magyar Természettudományi Múzeum, Budapest.
60. WEIR, B. S. – COCKERHAM, C. C. (1984): Estimating F-statistics for the analysis of population structure. *Evolution*. 38. 1358-1370.
61. WILLIAMS, D. A. – MUCHUGU, E. – OVERHOLT, W. A. – CUDA, J. P. (2007): Colonization patterns of the invasive Brazilian peppertree, *Schinus terebinthifolius*, in Florida. *Heredity*. 98. 5. 284-293.

7. Publikációk az értekezés témakörében



**DEBRECENI
EGYETEM**

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

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

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

A PhD értekezés alapjául szolgáló közlemények

Magyar nyelvű tudományos közlemények hazai folyóiratban (2)

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

Idegen nyelvű tudományos közlemények hazai folyóiratban (2)

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

Idegen nyelvű tudományos közlemények külföldi folyóiratban (2)

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





Magyar nyelvű konferencia közlemények (2)

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

Magyar nyelvű absztrakt kiadványok (1)

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

Idegen nyelvű absztrakt kiadványok (2)

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

További közlemények

Magyar nyelvű könyvrészletek (1)

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





Idegen nyelvű, hazai könyvrészletek (1)

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

Magyar nyelvű tudományos közlemények hazai folyóiratban (2)

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

Magyar nyelvű absztrakt kiadványok (7)

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





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

Idegen nyelvű absztrakt kiadványok (1)

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

Ismeretterjesztő, népszerűsítő cikkek (4)

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

A közlő folyóiratok összesített impakt faktora: 2,806

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

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



Debrecen, 2018.03.12.