

Nyugat-magyarországi Egyetem
Erdőmérnöki Kar
Erdőművelési és Erdővédelmi Intézet

Egy inváziós rovarfaj (a platán csipkésposloska – *Corythuca ciliata*)
populációgenetikai vizsgálata

(Population genetic investigation of the invasive sycamore lace bug (*Corythuca ciliata*))

Készítette:

Bender Boglárka

V. Természetvédelmi mérnök hallgató

Konzulensek:

Prof. Dr. Lakatos Ferenc

Intézetigazgató

Tóth Viktória

Predoktori ösztöndíjas kutató

A dolgozat a TALENTUM-Hallgatói tehetséggondozás feladatrendszerének fejlesztése a Nyugat-magyarországi Egyetemen c. TÁMOP-4.2.2. B-10/1-2010-0018 számú projekt keretében, az Európai Unió támogatásával, az Európai Szociális Alap társfinanszírozásával valósult meg.

Sopron, 2012

NYILATKOZAT

Alulírott **Bender Boglárka** (neptun kód: **u6s2h0**) jelen nyilatkozat aláírásával kijelentem, hogy az

Egy inváziós rovarfaj (a platán csipkéspoloska – *Corythuca ciliata*) populációgenetikai vizsgálata

(Population genetic investigation of the invasive sycamore lace bug (*Corythuca ciliata*))
című

TDK dolgozat

(a továbbiakban: dolgozat) **önálló munkám**, a dolgozat készítése során betartottam a szerzői jogról szóló 1999. évi LXXVI. tv. szabályait, valamint az egyetem által előírt, a dolgozat készítésére vonatkozó szabályokat, különösen a hivatkozások és idézések tekintetében¹.

Kijelentem továbbá, hogy a dolgozat készítése során az önálló munka kitétel tekintetében a konzulenszt illetve a feladatot kiadó oktatót **nem tévesztettem meg**.

Jelen nyilatkozat aláírásával tudomásul veszem, hogy amennyiben bizonyítható, hogy a dolgozatot **nem magam készítettem**, vagy a dolgozattal kapcsolatban szerzői jogsértés ténye merül fel, a Nyugat-Magyarországi Egyetem **megtagadja a dolgozat befogadását és ellenem fegyelmi eljárást indíthat**.

A dolgozat befogadásának megtagadása és a fegyelmi eljárás indítása nem érinti a szerzői jogsértés miatti egyéb (polgári jogi, szabálysértési jogi, büntetőjogi) jogkövetkezményeket.

Kijelentem, hogy a dolgozatot más szakon – más felsőoktatási intézményre vonatkozóan is - nem nyújtottam be.

Sopron, 2012. november 11.

hallgató

¹ 1999. évi LXXVI. tv. 34. § (1) A mű részletét - az átvett mű jellege és célja által indokolt terjedelemben és az eredetihez híven - a forrás, valamint az ott megjelölt szerző megnevezésével bárki idézheti.

36. § (1) Nyilvánosan tartott előadások és más hasonló művek részletei, valamint politikai beszédek tájékoztatás céljára - a cél által indokolt terjedelemben - szabadon felhasználhatók. Ilyen felhasználás esetén a forrást - a szerző nevével együtt - fel kell tüntetni, hacsak ez lehetetlennek nem bizonyul.

TARTALOMJEGYZÉK

1. BEVEZETÉS.....	4
2. IRODALMI ÁTTEKINTÉS.....	6
2.1. A platán csipkésposloska morfológiája.....	6
2.2. Biológiája.....	8
2.3. Tápnövénye.....	10
2.4. A platán csipkésposloska elterjedése.....	13
2.5. A platán csipkésposloska elleni védekezés lehetőségei.....	13
3. ANYAG ÉS MÓDSZER.....	16
3.1. Genetikai vizsgálatok.....	16
3.2. A kiértékelés során alkalmazott módszerek.....	17
4. EREDMÉNYEK ÉS ÉRTÉKELÉSÜK.....	19
4.1. Eredmények.....	19
4.2. Eredmények összevetése.....	23
5. JAVASLATOK, KÖVETKEZTETÉSEK.....	30
6. ÖSSZEFOGLALÁS.....	31
7. KÖSZÖNETNYILVÁNÍTÁS.....	33
8. FELHASZNÁLT IRODALOM.....	34
9. MELLÉKLETEK.....	38

1. BEVEZETÉS

Napjainkban egyre fontosabb szerepet tölt be az invázió biológia. A legtöbb idegenhonos faj ugyan nem válik invázióssá, vagy nem okoz problémát, azonban mégis azt kell mondanunk, hogy az inváziós fajokat a globális biodiverzitás-csökkenés második fő okaként tartják számon, közvetlenül az élőhelypusztítás mögött. (GENOVESI & SHINE 2007)

Ahogy a technika fejlődik, és a közlekedés valamint az áruszállítás egyre könnyebb lesz, egyszerűbben kerülnek fajok számukra új területekre. Az új területeken természetes ellenség nélkül pedig könnyen elszaporodhatnak, és nagy károkat okozhatnak az őshonos élővilágban. Sokszor kiszorítanak őshonos fajokat, a saját elterjedési területükről, vagy éppen kipusztítják őket. Özönfajok betelepülése miatt kihalással főleg a kis elterjedési területtel rendelkező, reliktum vagy endemikus fajok veszélyeztetettek. Ezek a fajok szűktűrésűek, vagy éppen specialisták. Mivel az özönfajok egy addig jól működő rendszerbe nyomulnak be, ezért megbontják annak a dinamikáját, ezzel veszélyeztetve annak stabilitását, ökológiai egyensúlyát. ([web3](#))

Az özönfajok terjedése közös probléma. Egyik ország sem képes egyedül megállítani az egyes fajok terjedését. Ezért egységes nemzetközi fellépésre van szükség. Az utóbbi években új programokat fejlesztettek ki ezzel a témával kapcsolatban. Az egyik ilyen program az özönfajok elleni globális program (Global Invasive Species Programme, GISP), illetve a biológiai sokféleségről szóló egyezmény is az egyik legösszetettebb témaként azonosítja az özönfajok problémáját. (GENOVESI & SHINE 2007)

Az inváziós fajok elleni védekezéskor fontos szerepet játszanak a fajjal kapcsolatos kutatások. Ezek alapján készíthetők majd modellek, az invázió mértékének meghatározására, illetve az evolúciós és genetikai hatásának vizsgálatára. Ezért fontos, hogy rendelkezünk adatokkal az egyes fajok genetikai jellemzőiről az őshonos, és a nem őshonos elterjedési területről is. ([web3](#))

A platán csipkéspoloska (*Corythuca ciliata* Say.1873) populációgenetikai vizsgálatával szeretnénk jobban megismerni az állat terjedésének tulajdonságait, genetikai változatosságát az őshonos, és az újonnan meghódított területeken. A rovar genetikai kutatottsága alacsony. A génbankban (GénBank, [web1](#)) összesen 10 db szekvencia található a COI génről.

A vizsgálatok kezdetekor célként tűztük ki:

- A modellszervezet genetikai mintázatának megismerését.
- Természetes elterjedési területén kívül milyen haplotípusokat lehet találni?
- Érvényesül-e palacknyak hatás?
- Változik-e a haplotípusok előfordulási gyakorisága, a különböző irányból benépesült populációk között?

2. IRODALMI ÁTTEKINTÉS

2.1. A platán csipkéspoloska morfológiája

A platán csipkés poloska magyar nyelvű morfológiai leírását először 1977-ben publikálta JASINKA János és BOZSITS György.

A poloskák hemimebtabol fejlődésük: tojás, lárva és imágó.

A tojások színe sárgásfehér, a csúcsi résznél világosabb kiöblösödéssel. 450-540 mikron hosszúságúak és 165- 210 μm szélességűek. Az imágók a levélfonákra, a levélerek zugaiba rakják a tojásokat. MACELJSKI és BALARIN (1972) (id. BÜRGÉS et al. 1997) szerint előfordulhat, hogy erős fertőzöttség esetén a levél színére is rak tojást. A változó számú (3-8 darabtól 50-160 darabig) tojások kis csoportokban vannak (JASINKA & BOZSITS, 1977; BALÁS & SÁRINGER, 1982; REIDERNE SALLY & RIPKA 1990, KÜKEDI & PÁLMAI 1992). A júniusi tojásrakás azonban akár 400-600 db-os tojásprodukción is elérhet (BENEDEK 1988, KÜKEDI & PÁLMAI 1992). Magas fertőzöttségi szint esetén a kis tojáskupacokat nem lehet elkülöníteni, azok szinte egybefolynak.

A lárvák teste lapos, szelvényezett, sötétbarna színű. A lárvastádiumok száma a környezeti tényezők függvényében változó lehet. Ettől függ később a kifejlett állat mérete is. Magyarországon REIDERNE és RIPKA (1990) öt vedlést figyelt meg. A lárvák egészen a harmadik vedlésig egy csoportban maradnak, azt követően pedig szétszórta szívogatnak a levélfonákon. Ennek ellenére az alsó ágakon lévő levelek fertőzöttebbek, mint a lombkorona tetején lévők. A tojásból való kikelés után egy csoportban akár 5-40 lárvát is megfigyelhetünk. (JASINKA & BOZSITS 1977)

A kifejlett állat mérete általában 3mm körüli. Az imágók színüket tekintve szürkésfehérek, vagy tejfehérek, testfelületükön hálózatos, vagy sejtes minta van, amely csipkére emlékeztet. Erről a tulajdonságáról kapta a nevét is. A hasi oldal és a potroh fekete. Szájszerve szűrő-szívó szájszerv, mellyel kitűnően képes a levélnedveket szívogatni. A poloska fejét hálózatos, hólyagszerűen felduzzadt kitin borítja. Csápjai sárgák, enyhén bunkós végűek. A csápok 4 ízből állnak, melyekből a 3. és a 4. szőrökkel fedett. A nemeket ez alapján a szőrözöttség alapján el lehet különíteni, mert a hímeknél a csápsörték sűrűbbek, mint a nőstényeknél. A tor felületét egy vese alakú gallér övezi, mely a szárnyhoz hasonlít, és egészen a szemekig lehajlik. A gallér szintén hálózatos mintázatú, a széle pedig finoman recézett, csipkés. A pajzsocská harmad akkora, mint a fedőszárny. Majdnem szív alakú, közepén sötét színű, ívelt lemez húzódik végig. (JASINKA & BOZSITS 1977)



2.1.1. ábra. A *Corythuca ciliata* imágója (Fotó: Tóth Viktória)

A fedőszárnyak jól fejlettek, melyeket a benne futó erek hálózatosan, sejtszerűen osztanak fel. A fedőszárnyak szürkésfehér színűek, átlátszók, szélük pedig a tort fedő gallérhoz hasonlóan finoman csipkézett. A hártvás szárnyak a fedőszárnyak alá húzottak, jól fejlettek. Mindkét szárnyfedőn egy-egy barna folt található. A lábak jól fejlettek, sárga színűek, melyeken barna színű karmok is találhatóak. (JASINKA & BOZSITS 1977)

A platán csipkésposloska őshazájában több *Corythuca* faj is előfordul, ezektől a HALBERT és MEEKER (1998) által megadott bélyegek alapján lehet elkülöníteni. A pajzsoska duzzadt részén (nyakhólyag) a sejtek mérete nagyobb, mint a pajzsoska szélén lévőké. Ha oldalról nézzük, a nyakhólyag nem emelkedik ki számottevően, 1,5-szörösnél kisebb marad minden esetben. Valamint a nyakhólyag tövében található egy barna folt is.

Európában két rokon faja van, az egyik a tölgy csipkésposloska (*Corythuca arcuata*), a másik pedig a körte csipkésposloska (*Stephanitis pyri*).

A tölgy csipkésposloska (*Corythuca arcuata*) legszembeütőbbben azzal különül el a platán csipkésposloskától, hogy az első pár szárnyán három-három barna folt található. Kettő a szárny külső szélén, egy pedig a belső oldalán, közepén. Tápnövénye is különbözik a platán csipkésposloskától. Ez is jó alapot ad a határozásához, mert a tölgy csipkésposloska nem károsít platán fán (*Platanus spp.*), csak lombhullató tölgyeken (*Quercus spp.*), szelídgesztenyén (*Castanea sp.*), esetenként pedig juharokon (*Acer spp.*), almán (*Malus spp.*), és más Rosaceae fajokon, melyeken a platán csipkésposloska nem fordul elő károsítóként. (TUBA et al. 2012)

A körte csipkésposloska (*Stephanitis pyri*) színe világos, ám testén a barna foltok H-alakú mintázatot alkotnak. Főleg gyümölcsfákon károsít, de előfordulhat galagonya- (*Crataegus spp.*) és berkenyefajokon (*Sorbus spp.*) is. (TÓTH 1999)

2.2. Biológija

A platán csipkésposloskák imágó alakban telelnek át a platánfák kérge alatt. A rovar minden esetben a hasi részével a fa felé fordulva található. Erős fertőzés esetén elérhetik akár a 200 egyed/dm² számot is. A rovar számára nem csak a platánfa ad telelőhelyet, hanem minden más olyan fa is, melynek törzse repedezett, és a kérge alá be tud bújni. Az idős platánok kérge alatt azonban sokszor nem találni telelő posloskát, mivel ezeknek a fának a kérge alatt, ragadozó rovarok is telelnek. A fiatal platánfák kérge még kevésbé alkalmas az áttelelésre, mivel kevés felrepedezett kéregrész található rajtuk. (JASINKA & BOZSITS 1977)

A rovar nagyon érzékeny a hőmérséklet változásaira. Az enyhe tél kedvez az imágóknak. A hőmérséklet befolyásolhatja, hogy milyen hosszú idő alatt bújnak elő az imágók a telelőhelyükről. Akkor válnak ismét aktívvá, amikor az átlaghőmérséklet meghaladja a 8 °C-ot. Ez nagyjából április végén, május elején következik be. Az imágók mozgása vertikális irányban történik, és a fiatalabb leveleket keresik. Ehhez a vándorláshoz leginkább a 10-15 °C az ideális. Ezen kívül a rovarok vándorlását befolyásolhatja még a csapadék is, ugyanis a sok csapadék akadályozza az imágókat a mozgásban. (JASINKA & BOZSITS 1977, KÜKEDI & PÁLMAI 1992)

Amint elérik a fiatalabb leveleket, megkezdik a kondicionáló táplálkozást, majd annak végeztével a kopulációt. A nőtények több száz tojást is rakhatnak, amit a levél fonákjára az érzugokba raknak le, kisebb csomókba. Egy nőtény átlagban 50-160 db tojást (JASINKA & BOZSITS 1977), más források szerint 284-350 is rakhat (HALBERT & MEEKER 1998), bár ezt jelentősen befolyásolja a csapadék, és a hőmérséklet. HALBERT és MEEKER (1998) szerint egy levelet általában egy vagy néhány pár posloska kolonizál.

A lárvarajzás május végén, június elején kezdődik. Ez azt jelzi, hogy az embrionális fejlődés az első nemzedék esetében kb. három hét alatt végbe megy. Az embrionális fejlődés időtartamát szintén befolyásolják a klimatikus viszonyok, és ezek közül is leginkább a csapadék mennyisége bír nagy szereppel. (JASINKA & BOZSITS 1977, KÜKEDI & PÁLMAI 1992)

A száraz, aszályos nyár a lárvák fejlődésének kedvező. A lárvák ilyenkor nyugodtan tudnak táplálkozni a levélfonákon, így a lárvastádium ideje is lerövidülhet. A lárvarajzás ideje alatt mindhárom fejlődési alak együtt fordul elő. Egyes források szerint a platán csipkésposloskának 5 lárvastádiuma van, és csak a 4. lárvastádium után mennek át az állatok új levélre, mindaddig pedig a nimfák szoros csoportokban vannak. (JASINKA & BOZSITS 1977, HALBERT & MEEKER 1998)

A második nemzedék tojásrakása július végén, augusztus elején történik, amikor már megjelennek az új imágók. A peterakási időszakban az imágóknak a reggeli óráktól egészen napnyugtáig élénk volt a mozgásuk. A második tojásrakáskor az áttelelt nőstények tojásproduktuma meghaladja a tavaszi tojásrakását. A második alkalommal 100-300 db között változhat a lerakott tojások száma. (JASINKA & BOZSITS 1977)

A második nemzedék lárvái augusztus elején jelennek meg. Rajzásuk alatt több, különböző fejlődési stádium is megfigyelhető, valamint még találkozhatunk ki nem kelt tojásokkal, és imágókkal is. A lárvarajzás a csapadékos idő hatása miatt elhúzódhat. Szeptember elején megjelennek a második nemzedék imágói, és elkezdenek táplálkozni, hogy felkészüljenek a télre. Az imágók október közepétől már tömegesen vonulnak a telelő helyekre, amire tökéletes hely a felpattogott kéregrész. Novemberre az állatok általában már nem tartózkodnak a lombon, viszont ha enyhe az ősz, találni még telelőre vonuló imágót. (JASINKA & BOZSITS 1977)

A platán csipkésposloskák a néhány napig tartó meleg időjárás beköszöntekor előbújnak rejtekhelyeikről, ám amikor hidegebbre fordul az idő, mozgásuk megszűnik, visszabújnak telelőhelyükre. Ezt a nyugalmi állapotot kvieszcenciának (merevségnek) nevezzük. (KÜKEDI & PÁLMAI 1992)

Hazánkban a platán csipkésposloskának évente két nemzedéke van. (BENEDEK 1988, KÜKEDI & PÁLMAI 1992, BÜRGÉS et al. 1997)

HALBERT és MEEKER (1998) szerint a platán csipkésposloskák száraz, meleg időben kitűnően repülnek, a tápnövényüket pedig gyorsan, és pontosan képesek megtalálni.

A platán csipkés posloska adult példányai, és lárvái is a levélfonákon, főleg a főerek mentén szívogatnak szűrő-szívó szájszervükkel. Szájszervük levéllemezbe bocsátásával a szövetekbe nyálat juttatnak. A nyál olyan enzimeket tartalmaz, melyek előkészítik a táplálékfelvételt a növényből. Az enzim hatására először a klorofill bomlik le. Ezt jelzik a szívogatások helyén létrejövő apró sárga pöttyök is. Amikor erős a fertőzőtség, akkor összefüggő sárga foltok alakulnak ki a levélen, és még az is előfordulhat, hogy a nagymértékben károsodott levelek megbarnulnak, és idő előtt, már augusztusban lehullanak. A korai lombvesztés nem csak abból a szempontból fontos, hogy a fa elveszíti dekorációs jellegét, hanem annak pusztulását is okozhatja. (JASINKA 1981, HALBERT & MEEKER 1998)

A kártevő jelenlétére utalhat még az apró, 0,5-1 mm nagyságú átlátszó fehér hártyában található fényes fekete ürülék is. A levelekről lehulló „ürülékharom” higiénias és környezetszennyezési szempontból is kedvezőtlen. Kiemelten fontos ez a kórházak, üdülők, strandok közelében, ahol gyerekekre, és felnőttekre is irritálóan hathatnak jelenlétükkel. (BÜRGÉS et al. 1997)

A platán csipkéspoloskát használták az időjárás, és a klímaváltozás modellezésére is. Ha az éves átlaghőmérséklet 1°C-al nő 2025-ig, és 3 °C-al az évszázad végére, akkor emelkedik az áttelelés esélyessége, valamint a populáció növekedési rátája is változni fog, emelkedik majd a generációk száma. Változás várható a tápnövény herbivor fenológiai szinkronizálásában, interspecifikus interakciókban, és nőni fog az invázió kockázata is. (LADÁNYI 2006)

2.3. Tápnövénye

A platán (*Platanus sp.*) nem őshonos fafajunk. A mediterrán területekről került be hozzánk. Gyökérzete mélyre lenyúlik, koronája terebélyes, mely jól jelzi, fényigényes fajjal állunk szemben. Gyors növekedésű faj, és magas kort elérhet. Ezért is ültetik főként parkokba, terekre, utcákba sorfának, vagy díszítő elemnek. De ártéri, vízparti erdőkben is gyakori. (BÜRGÉS et al. 1997)

Észak- és Közép-Amerikában több platán faj is előfordul, míg Európában csak egy faj őshonos. A platánok Európa egyik legjelentősebb dísz-és sorfái. Párizsban az ültetett fák 40%-a platán, míg Londonban még ennél is több. Ezért is jelent gondot a platán csipkéspoloska károsítása, minek következtében a fák elveszíthetik esztétikai értéküket. A *Platanus orientalis* L. Kelet-Európa mediterrán régiójában, Törökországban valamint Közép-Ázsiában egészen Kasmírig honos, viszont az elterjedési területének pontos megadása lehetetlen, mivel már az ókortól ültették. A *P. occidentalis* L. csak Észak-Amerika keleti felében őshonos, viszont Európában sokfelé ültetik. A *P. racemosa* Nutt. Észak-Amerika nyugati felében őshonos. *P. orientalis* és *P. occidentalis* között megszűnt a földrajzi elkülönülés, amikor felfedezték Amerikát. Európa, és Észak-Amerika több pontján is megtalálhatóak a hibridjeik, amiknek változatos a megjelenési alakjuk. (TÓTH & LAKATOS 2011)

A platánfélék lombhullató fák, tenyeresen tagolt, szórt állású levelekkel, és gallérszerű pálhákkal. A fiatal leveleket és hajtásokat gyapjas szörképletek borítják. Levelei tenyeresen karéjosak. Virágaik váltivarúak, melyek gömbös fejcskékben csoportosulnak a levélhónaljakban. A porzós virágok 3-4 tagú lepelből és ugyan ennyi porzóból állnak. A termős virágok 3-4 tagú lepelből, és 5-9 termőből állnak, melyek hosszú bibében végződnek. A virágok beporzását a szél végzi. Terméságazatuk gömb alakú. A platán kérge nem képes követni a fa növekedését, ezért lemezekben leválik. A platán nemzetségnek 10 faja ismert, melyek közel állnak egymáshoz. Csak a *P. kerrii* tér el tőlük. (GENCSI & VANCSURA 1997)

Hazánkban a platán csipkésposloska károsítását, kizárólag a platánfajokon (*Platanus* spp.) figyelték meg. Más fafajokon eddig még csak teleléskor figyelték meg (RIPKA et al. 1993), ám utána is a platánfákon táplálkozott, a telelőhelyül szolgáló növényt nem károsította. Az imágók telelőhelyeül bármilyen olyan fa szolgálhat, melynek kéregdarabkái alá el tudnak bújni a hideg elől. Ilyen telelőhely lehet pl. egy parkban található pad, amin repedések vannak.

A platán csipkésposloska tápnövényeként még sok más fajt is számon tartanak. Ezeket mutatja be a következő (2.3.1. táblázat) táblázat.

2.3.1. táblázat. Tápnövények

Tápnövény (Latin név)	Tápnövény (Magyar név)	Ország	Szerző
<i>Fraxinus</i> sp.	Kőrisfa	Missouri (USA)	(DRAKE 1919)
<i>Carya ovata</i>	Fehér hikoridió	Missouri (USA)	(DRAKE 1919)
<i>Broussunetia papyrifera</i>	Papíreperfa	Missouri (USA)	(DRAKE 1919)
<i>Chamaedapne</i> sp.		New England USA)	(BAILEY 1951)
<i>Platanus</i> sp. (sycamor)	Platánfa	Maryland, Észak-Karolina, Michigan (USA)	(ANONYMOUS1955)
<i>Platanus</i> sp.	Platánfa	Delaware, Nebraska (USA)	(ANONYMOUS1963)
<i>Platanus</i> sp.	Platánfa	Alabama, Delaware (USA)	(ANONYMOUS1964)
<i>Carya illinoensis</i>	Pekándió	Alabama (USA)	(ANONYMOUS1964)
<i>Juglans regia</i>	Közönséges dió	Alabama (USA)	(ANONYMOUS1964)
<i>Carya ovata</i>	Fehér hikoridió	Alabama (USA)	(ANONYMOUS1964)
<i>Platanus x hybrida</i>	Juharlevelű platán	Magyarország	(JASINKA & BOZSITS 1977)
<i>Platanus x hybrida</i>	Juharlevelű platán	Magyarország	(JASINKA 1981)
<i>Platanus x hybrida</i>	Juharlevelű platán	Magyarország	(REIDERNÉ SALY & RIPKA 1988)
<i>Platanus occidentalis</i>	Nyugati platán	USA	(LINTNER 1888)
<i>Platanus</i>	Nyugati platán	Nyugat-Virginia (USA)	(TORRES-MILLER 1989)

<i>occidentalis</i>			
<i>Platanus orientalis</i>	Keleti platán	Magyarország	(REIDERNÉ SALY & RIPKA 1990)
<i>Platanus occidentalis</i>	Nyugati platán	Magyarország	(REIDERNÉ SALY & RIPKA 1990)
<i>Platanus x hybrida</i>	Juharlevelű platán	Magyarország	(REIDERNÉ SALY & RIPKA 1990)
<i>Platanus x hybrida</i>	Juharlevelű platán	Magyarország	(RIPKA et al. 1993)
<i>Platanus occidentalis</i>	Nyugati platán	Magyarország	(RIPKA et al. 1993)
<i>Platanus sp.</i>	Platánfa	Magyarország	(CZIKLING 1993)
<i>Platanus sp.</i>	Platánfa	Magyarország	(KÜKEDI & PÁLMAI 1997)
<i>Platanus sp.</i>	Platánfa	Magyarország	(BÜRGÉS et al. 1997)
<i>Platanus occidentalis</i>	Nyugati platán	Florida (USA)	(HALBERT & MEEKER 1998)
<i>Quercus laurifolia Michx</i>	Zsindelyes tölgy	Florida (USA)	(HALBERT & MEEKER 1998)
<i>Liquidambar styraciflua</i>	Amerikai ámbrafa	Florida (USA)	(HALBERT & MEEKER 1998)
<i>Platanus sp.</i>	Platánfa	Magyarország	(KÜKEDI 2000)
<i>Platanus sp.</i>	Platánfa	Portugália	(GROSSO-SILVA & AGUIAR 2007)
<i>Platanus occidentalis</i>	Nyugati platán	Szlovákia	(HRUBÍK 2007)
<i>Platanus orientalis</i>	Keleti platán	Szlovákia	(HRUBÍK 2007)
<i>Platanus x hybrida</i>	Juharlevelű platán	Szlovákia	(HRUBÍK 2007)
<i>Platanus x hybrida</i>	Juharlevelű platán	Horvátország	(BARIC et al. 2008)
<i>Platanus occidentalis</i>	Nyugati platán	Korea	(YOON et al. 2008)

<i>Platanus orientalis</i>	Keleti platán	Törökország	(MUTUN 2009)
--------------------------------	---------------	-------------	--------------

2.4. A platán csipkésposloska elterjedése

A platán csipkésposloska Észak-Amerikában őshonos. Főleg az USA-ban gyakori, Kanadában már kevésbé számottevő kártevő, ám HALBERT és MEEKER (1998) szerint Kanada Keleti részén is általánosan elterjedt, Floridában pedig közönséges fajnak számít, mert már olyan nagymértékben elterjedt. Európába 1964-ben került be, először Olaszországban, Paduában észlelték a károsítását. A platán csipkésposloska ezek után viszonylag gyorsan megjelent az északabbi országokban is (Jugoszlávia, Szlovénia, Horvátország) és károsítása egyre jelentősebbé vált. A fertőzött országokban rövid időn belül szinte minden platánfán meg lehetett találni a rovar. (JASINKA & BOZSITS 1977)

A platán csipkésposloska magyarországi megtelepedését először 1976-ban észlelték. Feltételezések szerint a rovarok aktív terjedéssel, a Dráván átrepülve, a mai Horvátországból érték el hazánkat. Nem zárható ki, hogy a rovar passzív módon került be hazánkba. „Mi nem tartjuk kizártnak azt sem, hogy a madarak, sőt az ember is segítettek a behurcolásban.” (JASINKA & BOZSITS 1977, KÜKEDI & PÁLMAI 1992)

2.5. A platán csipkésposloska elleni védekezés lehetőségei

A platán csipkésposloska ellen eddig még nem találtak olyan védekezési módot, amely teljes mértékben megakadályozná a károsítást.

MACELJSKI és BALARIN (1972) (id. KÜKEDI 2000) szerint a legbiztonságosabb védekezés az lenne, ha a kártevőt a természetes ellensége tartaná féken. Azonban ez nem valósul meg, mivel a kártevők jelenleg gyorsabban szaporodnak, mint az ellenségeik. Ezért ha a kártevő populációjában gradáció következik be, mindenképpen kell mechanikai és kémiai védekezést is alkalmazni. (KÜKEDI 2000)

A kemény tél befolyásolhatja az áttelelő imágók számát, és így a szaporulat nagyságát. Télen a legyengült rovarokat megtámadhatja egy rovarpatogén gombafaj (*Beauveria bassiana*), és jelentős fertőzéseket okozhat a legyengült rovarpopulációkban. (UBRIZSY 1965 id. BÜRGÉS et al. 1997)

A biológiai védekezés kapcsán fontos megemlíteni, hogy a behurcolt, vagy betelepített kártevőknek sokszor nincsen természetes ellenségük. Életfeltételeik viszont adottak így minden rendelkezésükre áll, hogy elszaporodjanak. Az elszaporodás ellen védekezhünk a

később tárgyalt mechanikai és kémiai módszerekkel, azonban biológiai védekezést is bevezethetünk. Ez utóbbi néha nagyobb veszélyt hordoz magában, mint a kémikáliák kibocsátása. Nem tudhatjuk ugyanis, hogy a természetes ellenség, amit a kártevő rovar féken tartására telepítünk be, nem válik-e ugyan olyan özőnfajjá. A biológiai védekezést ezért hosszú és alapos vizsgálatok sora kell, hogy megelőzze, nehogy nagyobb bajt okozzunk vele. Az özőnfajok féken tartására idővel a hazai fauna tagjai is képesek lehetnek. HALBERT és MEEKER (1998) említést tesz arról, hogy Észak-Amerikában van olyan parazita, és patogén gomba, ami károsítja a platán csipkésposloskát, ám ez még mindig nem elég ahhoz, hogy a városokban ne okozzon jelentős károkat jelenlétével.

Összességében azonban elmondható, hogy egy fa pusztulásáért általában nem csak a herbivor rovar a felelős. Egy fa pusztulását legtöbbször kárláncolatok okozzák. HALBERT és MEEKER (1998) szerint a városi környezetben a károsítóval való fertőzöttség gyakoribb, és erősebb is. A gyenge termőhelyi viszonyok, az esetleges stressz hatások (pl. útsózás, légszennyezés, csapadékihány) és egyéb más kórokozók és károsítók együttes hatása ezeken a helyeken erősebb. (RIPKA et al. 1993, HALBERT & MEEKER 1998)

Különleges, ám egyre gyakoribb eset az, hogy a károsító és a kórokozó együtt kerül a fára. Méghozzá úgy, hogy a károsító rovar, a kórokozó hordozója. Ez a kapcsolat legtöbbször mindkét fél számára pozitív, hiszen a kórokozó megbetegíti a fát, ami legyengül. Ilyen állapotában pedig kevésbé hatékonyan tud védekezni a herbivor rovar ellen. A rovar így nyugodtabban, és könnyebben tud táplálkozni, valamint az utódainak a fejlődése is nagyobb eséllyel megy végbe. (TÓTH, 1999)

A platán esetén valószínűleg az *Apiognomonina veneta* és a *Ceratocistis fimbriata* használja fel a platán csipkésposloskát vektorként. A két gomba jellemzően platán fákat károsít, és voltak már arra irányuló kutatások, hogy a platán csipkésposloska vállal-e kórokozó terjesztő szerepet. (HALBERT & MEEKER 1998; KIKUCHI et al. 2012)

A fa bizonyos mértékig szintén képes védekezni a kártevők ellen. A platán esetében ilyen védekezési mechanizmus a levél szőrözöttsége. A szőrös, molyhos levélen a rovarok mozgása és táplálkozása nehezített.

Vannak olyan esetek, amikor a fertőzöttség olyan nagy, hogy be kell avatkozni a kártevő ellen. Ezekben az esetekben alkalmazhatunk mechanikai, és kémiai védekezést.

Mechanikai védekezés:

A fa törzsére hullámpapír öveket helyeznek fel, ami megakadályozza a rovarokat a telelőhelyre vonulásban. A hullámpapírt tavasszal távolítják el. Ennél a védekezési módnál ajánlott egy kiegészítő lemosó permetezést, mint kémiai védekezést is alkalmazni. A lemosó

permetezést alkalmazhatjuk mind tavasszal, mind pedig ősszel. A permetezést akkor célszerű elvégezni, amikor az imágók a telelőhelyükről vándorolnak a lombkorona felé, vagy pedig a lombkoronából a telelőhelyük felé. (REIDERNÉ SALY & RIPKA 1990)

KÜKEDI és PÁLMAI (1992) szerint az is viszonylag hatékonyabb védekezési módnak bizonyul, ha a fa kérgét lekaparjuk, és elégetjük mielőtt a rovarok telelőre vonulnak. BÜRGÉS et al. (1997) viszont azt tanácsolja a kéregkaparás mellé, hogy a tél végén ezt a módszert egy kémiai védekezéssel, a lemosó permetezéssel egészítjük ki. Ebben az esetben a gondot a magasán lévő fertőzött vágások okozzák, ahonnan tavasszal visszafertőződhet a fa.

Összességében elmondható, hogy a mechanikai védekezés önmagában véve sajnos nem elég hatékony, és minden esetben be kell mellé vetni egy kémiai védekezést is, hogy a kívánt hatást elérjük.

Kémiai védekezés:

Inszekticidek széles palettája áll rendelkezésünkre, ha arra adnánk fejünket, hogy kémiai úton védekezünk a rovar ellen. Vannak permetszerek, talajkezelési, és törzsbe injektálási lehetőségek is. Ám sajnos ezek általában túl költséges módszerek, és a hatékonyságuk ennek ellenére csekély.

A használt inszekticidek körét behatárolja a fák elhelyezkedése. (pl. lakott terület közelsége, víztől való távolság... stb.). A védekezés eredményességét befolyásolja az időjárás, mivel meleg nyári napokon könnyen visszafertőződik a fa. Az egyedszám veszélyességi szint alá szorításához nemzedékenként egy kezelés szükséges a lárvakelés időszakában, egy hosszú hatástartamú készítménnyel. Rövid hatástartamú készítménnyel 10-12 naponta ismételni kell a kezelést. (CZIKLING 1993)

Végezhetünk lemosó permetezéseket is. Célszerű egyet ősszel, a törzsön tartózkodó imágók ellen, és egyet tavasszal a vándorlásnak induló imágók ellen beiktatni. A tenyészidőszakban akkor érdemes permetezni, amikor az egyes fejlődési alakok tömegesen fordulnak elő. BÜRGÉS et al. (1997) szerint a tenyészidőszaki permetezést a sűrű lombkorona nehezíti. (REIDERNÉ SALY & RIPKA 1990)

3. ANYAG ÉS MÓDSZER

3.1. Genetikai vizsgálatok

Észak-Amerika, Európa és Ázsia több pontjáról gyűjtöttünk mintákat. A vizsgált egyedek feldolgozásig 4 °C-on 96%-os alkoholban tároltuk. A mintavételezésnél igyekeztünk több populációt megmintázni. A minták begyűjtésénél arra törekedtünk, hogy több fáról gyűjtsük be az egyedeket.

A szekvenciák elemzéséhez jelen dolgozatban Észak-Amerikából három, Európából hat, Ázsiából pedig szintén három populációból gyűjtött mintákat használtunk fel. A vizsgálatok során 63 egyed 1162 bázispár (a továbbiakban bp) hosszú szakaszát elemeztük. További minták állnak feldolgozás alatt.

A minták Dél-Franciaországból (Le Puy 5db), Magyarországról (Salgótarján 1db, Sopron 3db, Sárbogárd 3db, Szekszárd 2db), Dél-Olaszországból (Salerno 3db, Siracus 1db), Észak-Olaszországból (Udine 4db, Torino 3db), Szlovákiából (Léva 3db), Szerbiából (3db), Japánból (Nagoya 7db), Grúziából (Telavi 8db), Üzbegisztánból (Samarkand 3db) és az USA-ból (Orlando 4db, Montgomery 2db, Tifton 9db) származnak.

A kutatás során a mitokondriális DNS (mtDNS) egy szakasza került részletes vizsgálatra. Ennek oka az, hogy az mtDNS kizárólag anyai ágon öröklődik, így a rekombinálódása teljesen kizárható. Az mtDNS-ben nincs bázis kiesés, vagy bázis beékelődés. A változások visszavezethetők korábbi mutációra, vagy mutációkra. Az mtDNS evolúciója gyors, ami hátrányt is jelenthet vizsgálatokor. Többszörös mutáció révén ismét megjelenhet az eredeti bázis a szekvenciában. (PECSENYE 2006)

A DNS kivonást GenElute Mammalian Genomic DNA Miniprep Kit (Sigma Aldrich) segítségével hajtottuk végre, módosított Mammalian Tissue Preparation protokol szerint. Az eredeti recepthez képest a ProteinaseK mennyiségét a duplájára (40µl) emeltük, mivel az állatok erősen szklerotizáltak, így a fehérjék emésztése több enzimet igényel.

Az mtDNS Citokróom-oxidáz génjének I. alegységét (továbbiakban COI) mintáztunk meg, Pat (UEA10≡TL2-N-3014;5'-TCC AAT GCA CTA ATC TGC CAT ATT A-3')/LCO 1490-J-1514 (5'-GGT CAA ATC ATA AAG ATA TTG G-3') primerpárok segítségével (LUNT ET AL. 1996)

A minták egy részét pedig MHMF (5'-GCT TTC CCA CGA ATA AAT AAT A-3') és Pat primer pár segítségével mintáztuk meg. (DINCA et al. 2011)

A statisztikai elemzésekhez egységesen 1162 bp hosszúságú szakaszokat használtunk fel.

A DNS megsokszorozás lényege az, hogy a DNS egy bizonyos szakaszát szintetizáljuk. Így az adott DNS-szakasz koncentrációja a mintában kiugróan magas lesz, ezért könnyebb lesz leolvasni a bázissorrendet a kívánt szakaszon. Azt, hogy csak a kiválasztott szakasszal dolgozzunk, primerekkel érjük el. A primer kis DNS darab, amik a PCR ciklus alatt bekötődnek a DNS szálba, és meghatározzák, hogy a DNS másolása melyik irányba, és honnan kezdődjön.

A termociklus a következő képpen néz ki LCO/Pat primer párra:

kezdő denaturáció 2 perc 94°C

denaturáció 30 másodperc 94°C

primer kötődése (annealing) 1 perc 48°C

új szálak szintézise (elongation) 1,5 perc 68°C

végso szintézis 10 perc 68°C

38 cikluson keresztül

Az elektroforetikus módszerek közül az agaróz gélelektroforézist használtuk arra, hogy megbizonyosodjunk arról, hogy a PCR termék elegendő DNS-t tartalmaz-e a szekvenálathoz. A DNS-t 10 percig futtattuk 2%-os agaróz gélben, és etidiumbromiddal tettük láthatóvá. Az eredményt 4 fokozatú skálán vizuálisan értékeltük (0: nincs látható jel, 1: halvány, 2: közepes fényintenzitás, 3: erős fényintenzitás és vastag band). A 2-3 intenzitású PCR termékeket küldtük tovább szekvenálásra.

A szekvenálás eredményeként megismerjük az adott DNS szakasz bázissorrendjét. Így lehetőségünk nyílik az egyes populációk egyedeinek, vagy akár különböző taxonoknak az összehasonlítására. (PECSENYE 2006)

A minták szekvenálását az Eurofins laboratóriumában végezték.

3.2. A kiértékelés során alkalmazott módszerek

A szekvencia leolvasás megbízhatóságát a Sequence scanner programmal ([web2](#)) ellenőriztük le manuálisan. A szekvenciákat ClustalX programmal illesztettük (THOMPSON et al. 1997), térképeket pedig az ArcView 3.1 (ESRI) program segítségével készítettük el.

A genetikai távolságot MEGA 5 program (TAMURA et al. 2011) segítségével számoltuk. A programban alkalmazott beállításokat a megrajzolt törzsfák nevében is feltüntetjük.

A filogenetikai analízis célja az, hogy feltárjuk, és bemutassuk az evolúciós viszonyokat. Ennek eredményeként általában egy filogenetikai fát (törzsfá) kapunk. A törzsfák felépítésére léteznek távolság- és karakter-alapú módszerek. (SZILÁGYI 2001)

A távolság-alapú módszerek a szekvenciák közötti páronkénti távolságokat számolják ki, majd ezekből vezetik le a törzsfát. A távolságszámításnál sajnos mindig van információvesztés. Ilyen távolság-alapú módszer a Neighbor Joining (NJ), ami a legközelebbi szomszédokat összekapcsolja, az átlagukkal helyettesíti őket, majd ezt ismételteti mindaddig, amíg a teljes fa ki nem alakul. (SZILÁGYI 2001)

A karakter-alapú módszerek olyan törzsfákat rajzolnak, melyek mindegyik pozícióra (karakterre) optimalizálják az adatmintázatok eloszlását. Ilyen módszer a Maximum Parsimony (MP), ami a „legnagyobb takarékoság” módszere. Olyan törzsfát készít, ami a lehető legkevesebb mutációs lépéssel magyarázza meg a meglévő szekvenciák létrejöttét. Számos azonos pontszámú fát ad, ám azoknak csak a közös részét vehetjük megbízhatónak. Nagy távolságú szekvenciák esetében a módszer hátrányát jelenti, hogy azonos bázis esetén, azt tételezi fel, hogy nem történt mutáció. Pedig valószínűbb, hogy történt, csak ismét az eredeti bázis tért vissza a mutációk során. A MP módszerhez hasonló haplotípus leszármaztatási fát készíthetünk a TCS szoftverrel (CLEMENT et al. 2000) is. A másik karakter-alapú módszer a Maximum Likelihood (ML), ami a „legnagyobb valószínűség” módszere. Kiszámítja minden pozícióra, hogy az adott fa és helyettesítési modell mellett mi a valószínűsége annak, hogy a megfigyelt variációs mintázat jöjjön létre az adott pozícióban. A teljes fa valószínűsége az egyes pozíciókra kapott valószínűségek összeszorzásával adódik. Igen számításigényes, de ez a legmegbízhatóbb. (SZILÁGYI 2001)

Matematikai modellek közül a Tamura-Nei modellt is használtuk, ami korrigálja a transzverzió és a tranzíció rátája közötti különbséget, viszont a purin és pirimidin bázisok eltérő tranzíciós rátáját is figyelembe veszi. (BOGÁCSI-SZABÓ 2006)

A kapott fa megbízhatóságának tesztelésére ún. „resampling” statisztikai módszert (bootstrapping) alkalmaztunk, melynek lényege az, hogy a meglévő adatokból véletlenszerűen mintákat veszünk, és ezekre végezzük el a számítást, majd statisztikákat készítünk belőle. (SZILÁGYI 2001)

4. EREDMÉNYEK ÉS ÉRTÉKELÉSÜK

4.1. Eredmények

A vizsgálatok során 63 egyed 1162 bp hosszú szakasza alapján, összesen 13 haplotípust (a továbbiakban HT) különítettünk el egymástól. A haplotípusok populációnkénti megoszlását mutatja be a következő táblázat (4.1.1. táblázat.)

4.1.1. táblázat. Haplotípusok közötti megoszlás

	szum	HT1	HT2	HT3	HT4	HT5	HT6	HT7	HT8	HT9	HT10	HT11	HT12	HT13
Dél-Francia (Le Puy)	5	3												2
Magyar	8	3											3	2
Észak-Olasz	7						1		1				4	1
Dél-Olasz	4	3												1
Japán (Nagoya)	7				2	5								
Grúz (Telavi)	8						1							7
Orlando (USA)	4	2									1	1		
Montgomery (USA)	2	1				1								
Tifton (USA)	9		1	1		5				1		1		
Üzbég (Samarkand)	3	1												2
Szlovák (Léva)	3						1							2
Szerb (Belgrád)	3						1	1						1
szum		13	1	1	2	11	4	1	1	1	1	2	7	18

A Dél-Francia populációból 5 egyed szekvenciája áll rendelkezésünkre. Ezekből 3db tartozik a HT1-be, 2db pedig a HT3-ba. A HT1 és a HT13 mind Európában, mind Amerikában, mind pedig Közép-Ázsiában megtalálható. A legtöbb minta, ahonnan a HT1-et kimutattuk, európai populációkból származik. A dél-francia populáció pedig a 23%-át teszi ki ennek a típusnak. A HT13-nál a mintáknak csak a 11,1%-a származott a dél-francia populációból, minták fele Közép-Ázsiából került ki. (lásd. 4.1.1. táblázat, 4.1.1. ábra)

A magyar populációból nyolc minta volt értékelhető, melyek három haplotípus között oszlottak meg. Három minta a HT1-be tartozik, ezek az összes HT1-be tartozó minta 23%-át teszik ki. A HT12-t szintén három szekvencia képviseli. Ennek a típusnak a 42,8%-át képezték a magyar minták. Ez a haplotípus eddig csak Európából került elő a kutatásaink során. A HT13-nak 11,1% volt magyar. (lásd. 4.1.1. táblázat, 4.1.1. ábra)

A négy dél-olasz mintát két haplotípusba lehetett besorolni. A Siracusból gyűjtöttek a HT13-ba tartoztak, melynek 5,5%-át tették ki. A Salernoból gyűjtött mintákat pedig a HT1-be lehetett besorolni, melynek 23%-át tették ki. (lásd. 4.1.1. táblázat, 4.1.1. ábra)

Az észak-olasz populáció hét mintáját összesen négy haplotípusba különítettük el. Torinoból egy rovar tartozott a HT6-ba, egy a HT8-ba, és egy a HT13-ba. Ez azt jelenti, hogy az észak-olasz minták a 25%-át tették ki a HT6-nak, teljes egészét a HT8-nak, és 5,5%-át a HT13-nak. Az Udine-ből származó szekvenciák mind a HT12-be tartoztak, és annak 57,1%-át

tették ki. A HT6 Európában és Közép-Ázsiában is megtalálható, ám a Közép-Ázsiai mintáknak mindössze egy képviselője akad. A HT8 pedig csak Torinóból került elő az eddigi eredményeink alapján. *(lásd. 4.1.1. táblázat, 4.1.1. ábra)*

A japán minták közül kettő a HT4-be tartozott, aminek teljes egészét kitették, öt pedig a HT5-be került, aminek a 45,4%-át tették ki. A HT4 eddig csak japán mintákból került elő, a HT5 viszont megtalálható Észak-Amerikában is. *(lásd. 4.1.1. táblázat, 4.1.2. ábra)*

A nyolc grúz szekvencia közül hét minta tartozott a HT13-ba, és mindössze egy a HT6-ba. A minták 38,8%-át tették ki a HT13-nak, míg 25%-át a HT6-nak. *(lásd. 4.1.1. táblázat, 4.1.2. ábra)*

Orlandoból négy mintát értékeltünk, melyek alapján három haplotípust mutattunk ki. A szekvenciák közül kettő tartozott a HT1-be, aminek 15,3%-át tették ki, egy-egy pedig a HT10-be és a HT11-be, aminek a teljes egészét, illetve a felét tették ki a minták. A HT10 csak az Orlandoból származó mintákból volt kimutatható, míg a HT11-et Tiftonban is megtaláltuk. *(lásd. 4.1.1. táblázat, 4.1.3. ábra)*

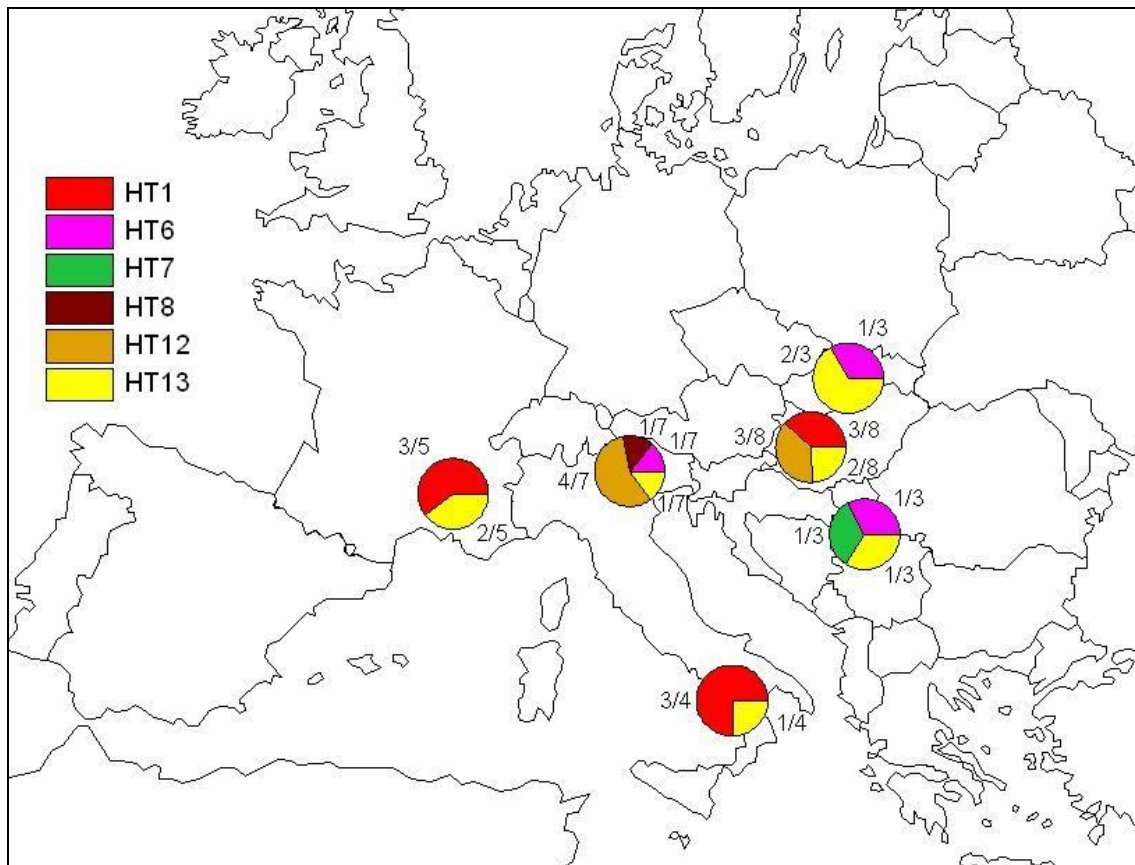
Montgomeryból a két szekvencia közül egy a HT1-be, egy pedig a HT5-be tartozott. A HT1-nek 7,6%-át, míg a HT5-nek a 9%-át tette ki az innen származó minta. *(lásd. 4.1.1. táblázat, 4.1.3. ábra)*

A kilenc tiftoni szekvenciát öt különböző haplotípusba tudtuk elkülöníteni. A HT2-be csak egy olyan minta tartozott, amit ebből a városból gyűjtöttünk. Szintén egy szekvencia tartozott a HT3-ba, a HT9-be, és a HT11-be, melyek közül a HT3-at és a HT9-et szintén csak ebben a populációban találtuk meg. A HT11-nek az 50%-át tette ki a tiftoni minta. A maradék öt szekvencia a HT5-be tartozott, aminek a 45,4%-át tették ki. *(lásd. 4.1.1. táblázat, 4.1.3. ábra)*

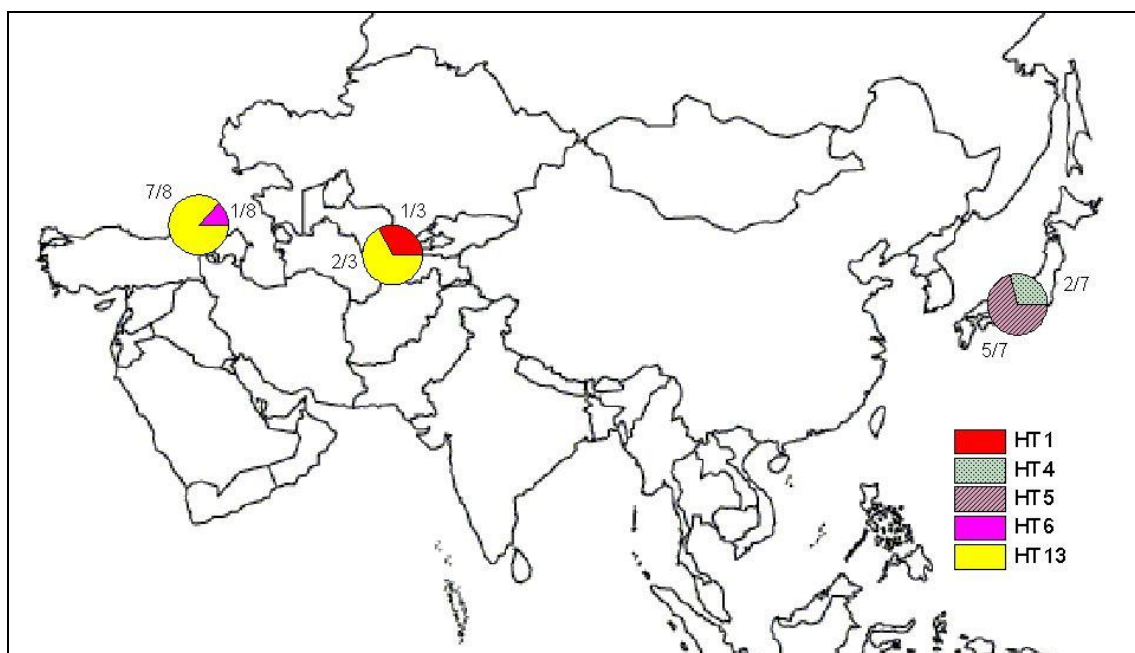
Az Üzbegisztánból származó három szekvenciát, két típusba tudtuk besorolni. Egy minta tartozott a HT1-be, kettő pedig a HT13-ba. Ezek a minták az adott típus 7,6%-át, illetve a 11,1%-át tették ki. *(lásd. 4.1.1. táblázat, 4.1.3. ábra)*

A szlovák populáció mintáit, két haplotípusba lehetett besorolni. A HT6-ba, és a HT13-ba. Az előbbinek 25%-át, míg a 13.-nak a 11,1%-át tették ki a szekvenciák. *(lásd. 4.1.1. táblázat, 4.1.1. ábra)*

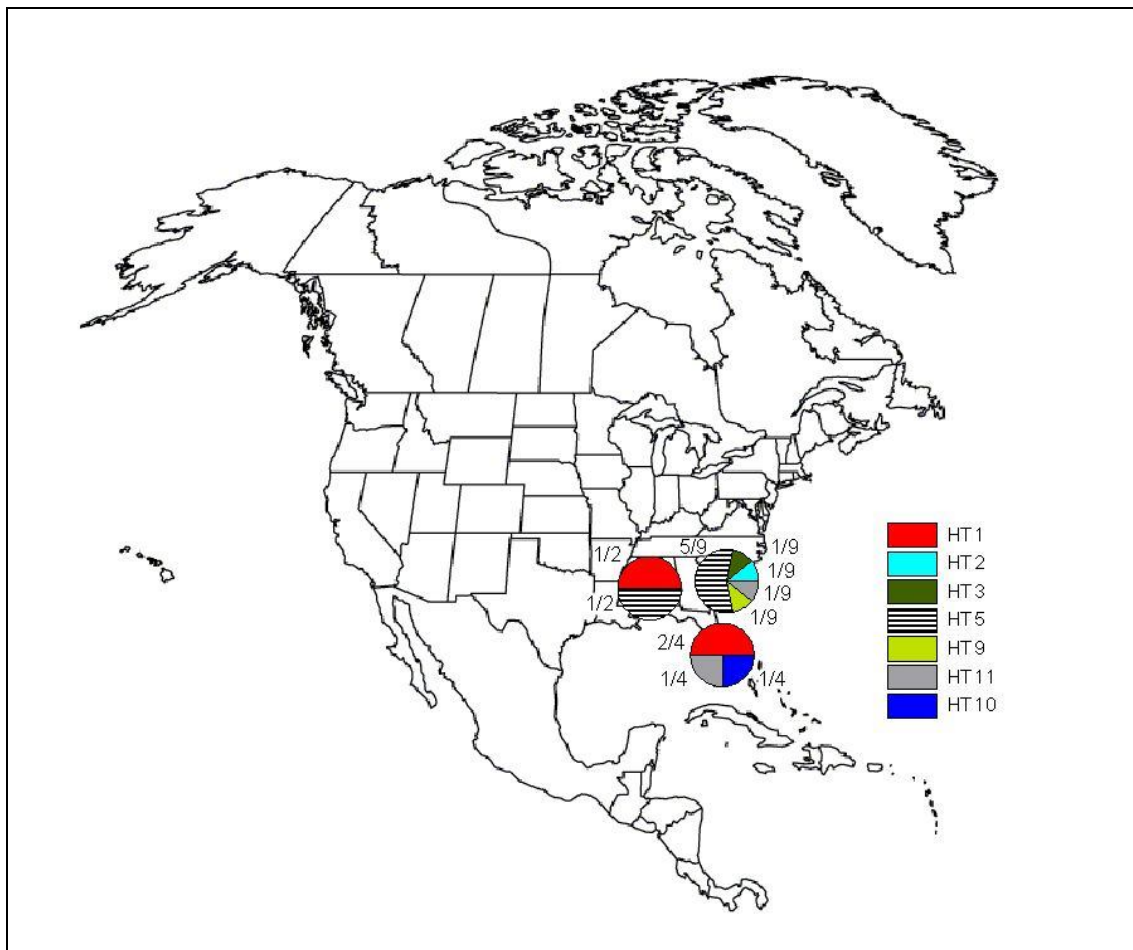
A Szerbiából származó három minta, mind külön haplotípusba volt sorolható. Egy minta tartozott a HT6-ba, melynek a 25%-át tette ki, a HT7-be pedig csak az az egy minta tartozott. Az utolsó szekvenciát a HT13-ba soroltuk be, aminek az 5,5%-át tette ki. *(lásd. 4.1.1. táblázat, 4.1.1. ábra)*



4.1.1.ábra. Haplotípus megoszlás Európában



4.1.2.ábra. Haplotípus megoszlás Ázsiában



4.1.3. ábra. Haplotípus megoszlás Amerikában

A haplotípusok földrajzi eloszlása szépen mutatja a feltételezett betelepülési irányokat. A platán csipkésposloska őshazája Észak-Amerika. Ha az itt vizsgált három populációt összevonjuk, ezen a kontinensen kapjuk a legnagyobb változatosságot. Itt összesen hét haplotípus fordul elő. Ez azonban nem meglepő, hiszen az őshonos területeken a rovar már régóta jelen van, több ideje volt mutálódni a DNS-nek. A HT1 Észak-Amerikában, Európában, és Közép-Ázsiában található meg. Ez jól mutatja, hogy az Amerikából Európába került rovarok nem csak Nyugat-Európa felé, hanem Közép-Ázsia felé is elkezdtek új területeket meghódítani. Ezt jelzi még a HT6 és a HT13 is, ami szintén csak ezeken a helyeken fordul elő. Viszont Japánba már nem Európán keresztül érkezett a faj. Ez jól kirajzolódik a haplotípus megoszlás térképeken, mert a Japánban előforduló két haplotípus közül az egyik csak Nagoyából lett kimutatva, míg a másikat Japánon kívül csak Észak-Amerikából mutattuk ki.

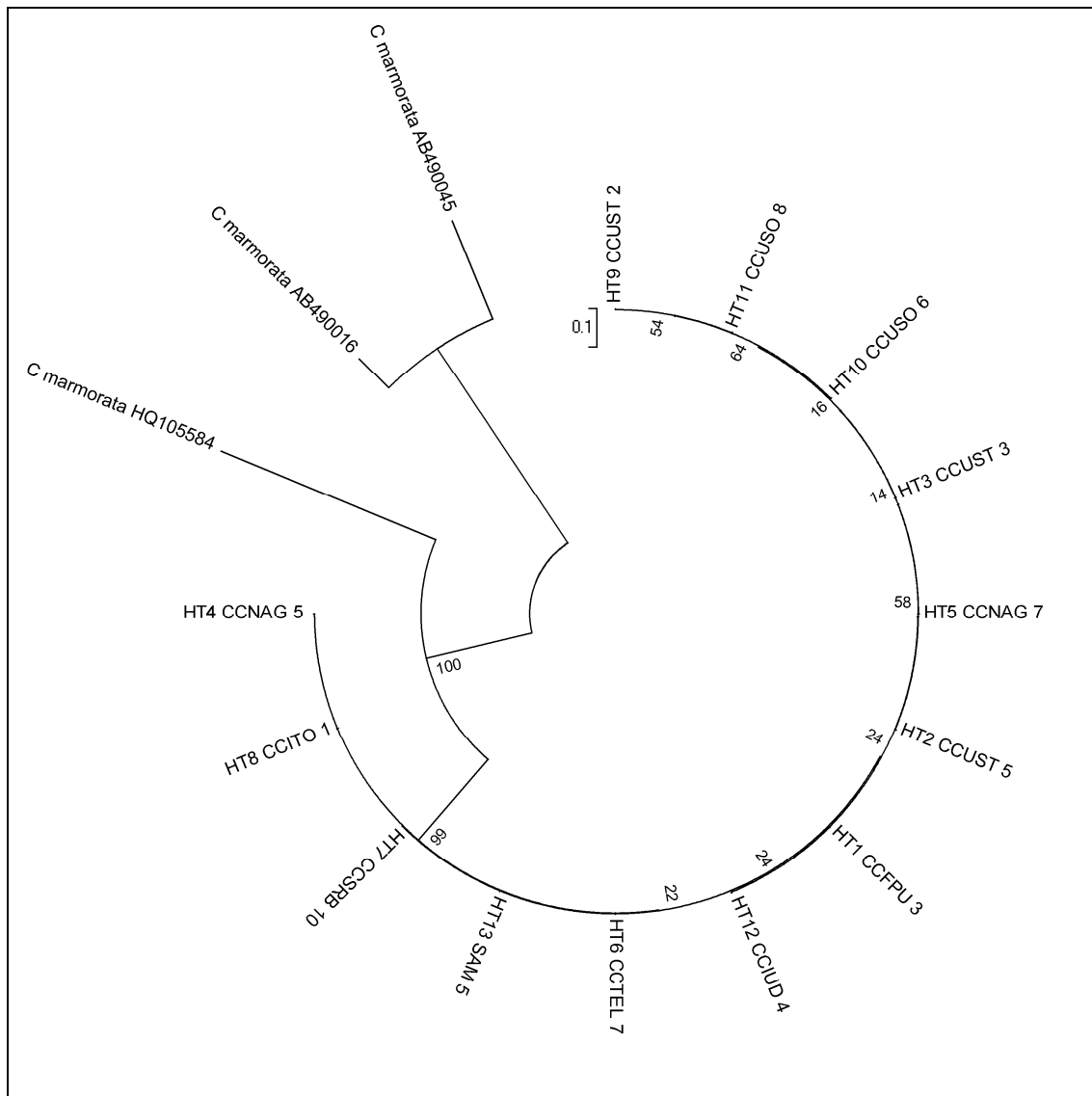
4.2. Eredmények összevetése

A filogenetikai analíziseket minden esetben 1162 bp hosszú szakaszokra végeztük el. Aminosav csere egyedül a HT7-ben, a 482 pozíció bázis változása miatt történt. Ebben az esetben a bázis triptennek a második pozíciójában történt pontmutáció. A többi esetben a pontmutációk csendes mutációk voltak. Ezt támasztják alá a minták aminosav sorrendjével számított p-distance értékek is (lásd. 4.2.1. táblázat). A 0,00 értékek csendes mutációkat mutatnak, a 0-tól való eltérés az aminosav cserére (cserékre) utal.

4.2.1. táblázat. P-distance értékek

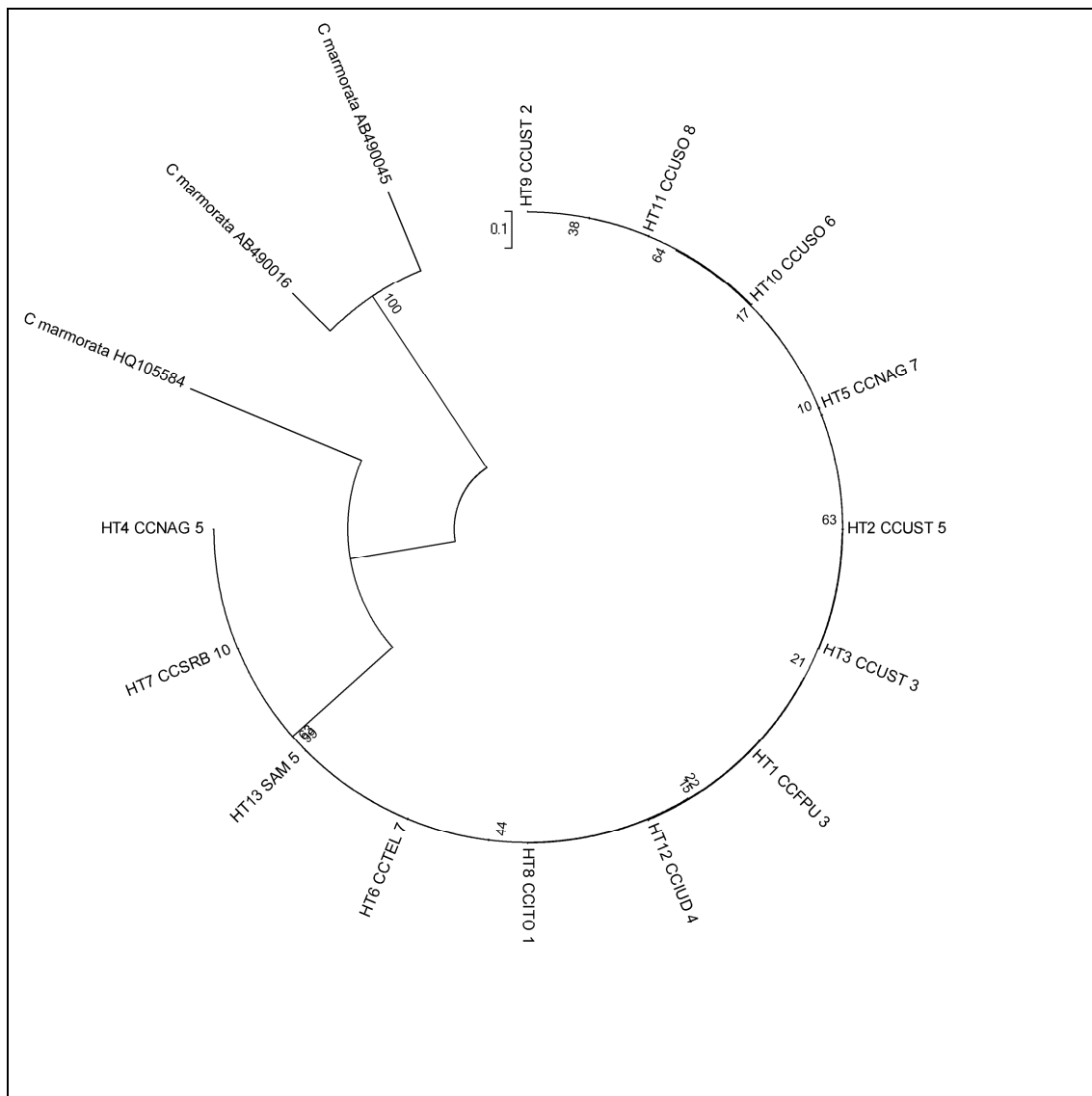
HT6_CCTEL_7		0,002	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
HT7_CCSRB_10	0,003		0,002	0,002	0,002	0,002	0,002	0,002	0,002	0,002	0,002	0,002	0,002
HT13_SAM_5	0,000	0,003		0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
HT8_CCITO_1	0,000	0,003	0,000		0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
HT12_CCIUD_4	0,000	0,003	0,000	0,000		0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
HT1_CCFPU_3	0,000	0,003	0,000	0,000	0,000		0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
HT4_CCNAG_5	0,000	0,003	0,000	0,000	0,000	0,000		0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
HT2_CCUST_5	0,000	0,003	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000		0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
HT3_CCUST_3	0,000	0,003	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000		0,000	0,000	0,000	0,000
HT9_CCUST_2	0,000	0,003	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000		0,000	0,000	0,000
HT11_CCUSO_8	0,000	0,003	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000		0,000	0,000
HT10_CCUSO_6	0,000	0,003	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000		0,000
HT5_CCNAG_7	0,000	0,003	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	

A NJ módszerrel, Kimura 2-parameter, bootstrap 5000 beállításokkal rajzolt fán (4.2.1. ábra) szépen kirajzolódik, ahogyan az Észak-Amerikában megtalált haplotípusok szétválnak az európai, és közép-ázsiai haplotípusoktól. Ezen a fán is megfigyelhető, hogy a HT5, ami mind Japánban, mind pedig Észak-Amerikában megtalálható az amerikai haplotípusok közé került. Ez is bizonyítja, hogy a rovar ázsiai betelepülése két irányból zajlik.



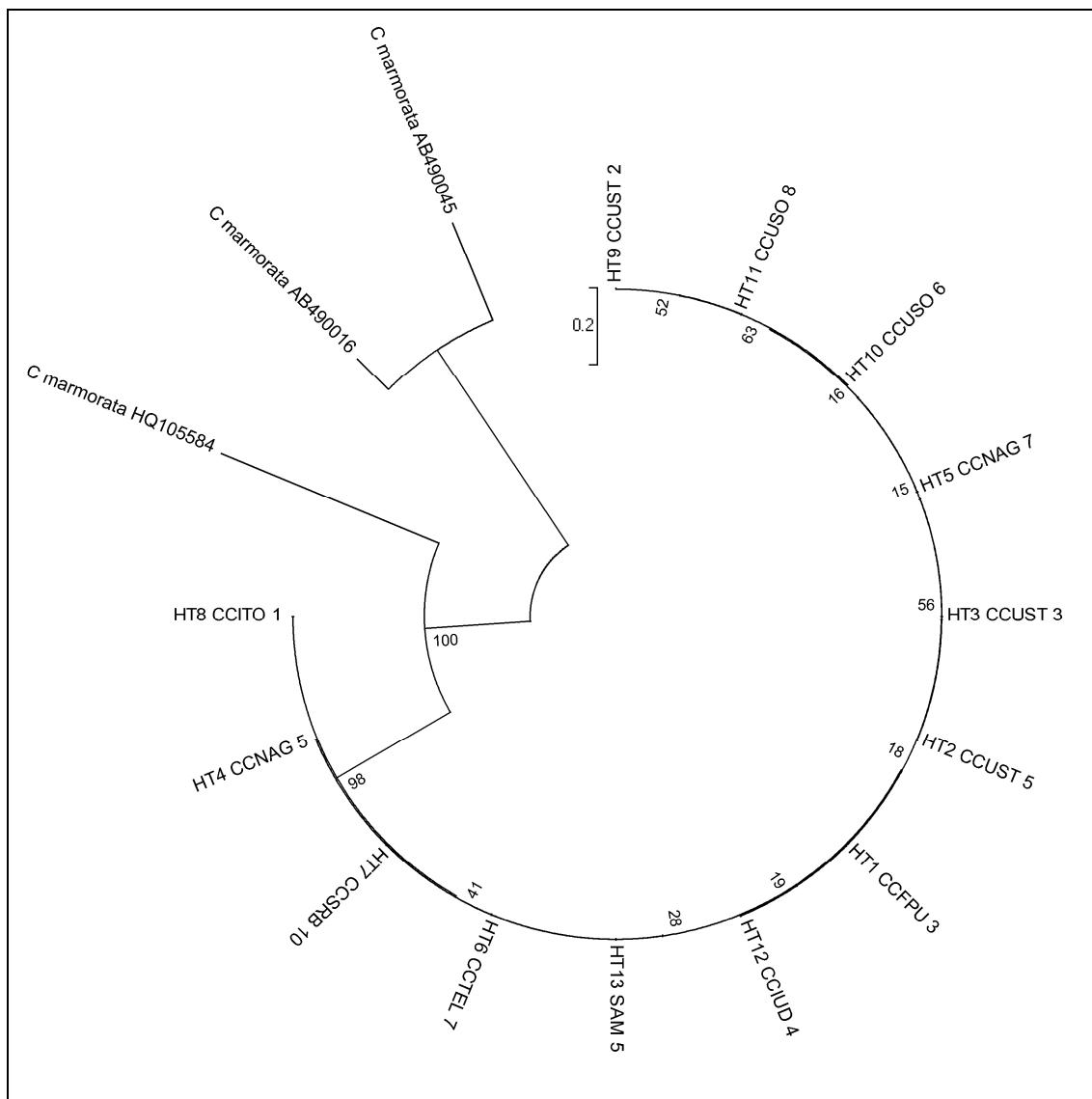
4.2.2. ábra. Haplotípusok és a kontroll csoport, NJ, Kimura 2-parameter, bootstrap 5000

A harmadik törzsfát (4.2.3. ábra) Maximum Likelihooddal rajzoltuk, ami a legbiztosabb törzsfát adja. A program beállításai ML, Kimura 2-parameter, bootstrap 5000 voltak a rajzolásnál. Ez a fa is, csak úgy, mint az előző (4.2.2. ábra) kevésbé látványosan, de csoportokba rajzolja fel az egymáshoz közel eső haplotípusokat. A különbség ott van, hogy a HT8 ezen a törzsfán közelebb kerül az észak-amerikai mintákhoz, mint a Japánban unikális HT4-hez.



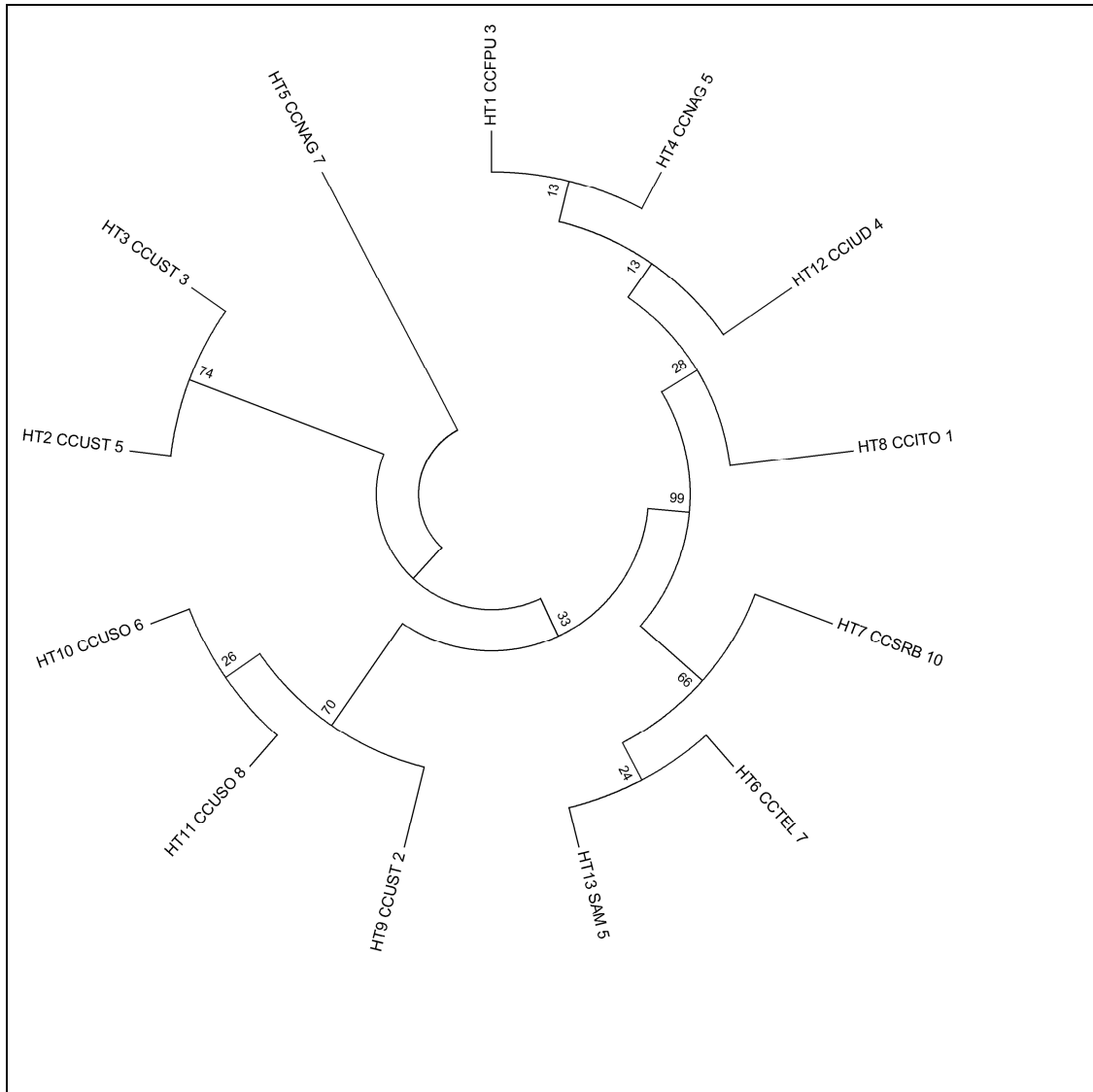
4.2.3. ábra. Haplotípusok és a kontroll csoport, ML, Kimura 2-parameter, bootstrap 5000

A következő törzsfát (4.2.4. ábra.) szintén NJ módszerrel rajzoltuk, ám a Kimura 2-paraméter helyett Tanura-Nei paramétert alkalmaztunk, ami megbecsülte a genetikai távolságot a haplotípusok szekvenciái között. Ezen a fán az előzőekkel ellentétben a kulcsoporttal való kapcsolódás nem a HT13, HT6 és HT7 Közép-Ázsiában és Európában előforduló haplotípus hármasába esett, hanem ennek a csoportnak, és a Japánban unikális HT4-nek a határára. Az előző két törzsfán (4.2.2. ábra, 4.2.3. ábra) is látszott, hogy a kulcsoport a HT4-hez közelebb eső szakaszokon kapcsolódott az általunk vizsgált haplotípusokhoz, ám ezen a fán (4.2.4. ábra) már egyértelműen látszik.

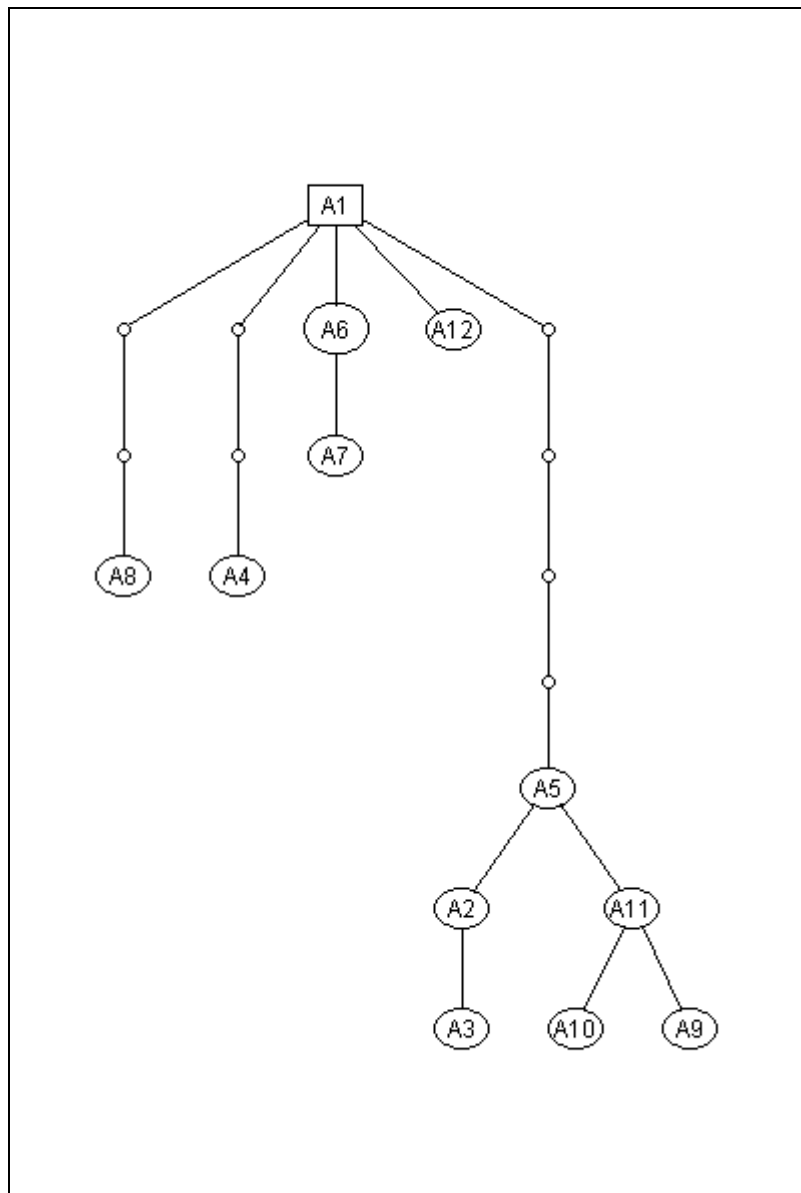


4.2.4.ábra. Genetikai távolság becslés, NJ, Tamura-Nei, bootstrap 5000

A következő ábra (4.2.5. ábra.) MP módszerrel készült. Ez a fa azt mutatja be, hogy az egyes haplotípusok hogyan származtathatók le egymásból. Az egyes csoportok elkülönülése itt is jól megfigyelhető, ám a pozíciókban történt változásokat nem lehet leszámolni az ábra alapján. Ugyan ezt a leszámoltatást, lefuttattuk a TCS szoftverrel is. (CLEMENT et al. 2000) A TCS-el kapott törzsfán (4.2.6. ábra.) szemléletesebben leolvasható, hogy az egyes haplotípusok, hány lépésben származtathatók le egymásból. Ez megfeleltethető annak, hogy hány bázisban térnek el a HT1-től. Könnyen leolvasható ezen kívül az is, hogy a haplotípusok egy csoporton belül hány bázisban térnek el egymástól. Pl. a HT3 (A3) két bázissal több helyen változik, mint a HT5 (A3). Viszont a HT2-höz (A2) képest már csak egy bázissal több helyen. Szintén könnyen észrevehető még az is, hogy a HT10 (A10) és a HT9 (A9) csak egy helyen különbözik a HT11-től (A11), viszont az a változás mindkét haplotípus esetében más pozícióra esik.



4.2.5. ábra. A haplotípusok leszármaztatása, MP



4.2.6. ábra. A haplotípusok leszármaztatása, TCS szoftverrel

5. JAVASLATOK, KÖVETKEZTETÉSEK

Az inváziós fajok féken tartására nehéz dolog. A legfontosabb, hogy próbáljuk megelőzni az özönfajok megtelepedését. Az élő szaporítóanyaggal rengeteg olyan állat és növényfaj bejön az országba, ami nálunk természetes ellenség híján könnyen elszaporodik. Ezért fontos, hogy a szaporítóanyagoknak azt a formáját válasszuk a kereskedelembe, ami a lehető legkisebb veszélyt hordozza magában. A platán csipkésposloska esetében azért is fontos, hogy lehetőség szerint korlátozzuk a terjedését, mert szipókás rovar, így nagyobb eséllyel terjeszt különböző növényi betegségeket is. Nem csak a szaporítóanyaggal hozhatunk be idegen fajokat, hanem rengeteg más módon is. A platán csipkésposloska könnyen terjed pl. a szél segítségével, vagy ruhára szállva, esetleg különböző járművekre repülve is. (Rabitsch and Streito 2010) Nyáron az esztergomi Kis-Duna parton sétálva is rengeteg platán csipkésposloska repült a ruhámra. Mikor hazaértem 20km-el távolabb lévő lakhelyemre, még mindig találtam a ruhámon.

A platánnak nálunk csak dísznövény szerepe van, erdészeti jelentősége nincs. Ezért egyelőre a platán csipkésposloska károsításával sem okoz erdészeti gondokat. A legtöbb inváziós rovarfaj városokban, parkokban fordul elő, hiszen csak ezeken a helyeken találják meg tápnövényüket. Legtöbbször nem történik meg tápnövény váltás, ám ha a kolonizáció stabilizálódik, előfordulhat, hogy a platán csipkésposloska más fafajokat is elkezd károsítani, hiszen őshazájában is több tápnövénye van. Viszonylag könnyen áttérhet a kőrisekre (*Fraxinus spp.*), ami erdészeti szempontból már jelentős fafajunk.

A finomabb különbségek feltárásához, illetve a ritkább haplotípusok megtalálásához további vizsgálatok szükségesek. Mind a mintavételi helyek számát, mind a populációkból vizsgált egyedek számát növelni kell. Főként a platán őshonos területein, és Ázsiában célszerű lenne sűrűbben mintázni. A különböző betelepülési útvonalak miatt érdekesek lehetnek azok a területek, ahol a különböző úton betelepült csoportok találkoznak. Ezeknek a mintáknak a beszerzése, és feldolgozása folyamatban van.

6. ÖSSZEFOGLALÁS

A vizsgálatok során 12 *Crythuca ciliata* populáció 63 egyedét hasonlítottuk össze molekuláris genetikai módszerekkel. Az elemzésnél kulcsoportként a *Corythuca marmorata* génbankból letöltött szekvenciáit használtuk. A vizsgálatokhoz a mitokondriális DNS COI génhelyről származó 1164 bázispár hosszú szakasz szekvenciáját elemeztük.

Az elemzett mintákból kiderült, hogy az Észak-Amerikai populációk sokkal változatosabbak, mint a többi populáció. Az itt megtalált haplotípusok, 5-7 bázisban térnek el a HT1-től. A vizsgált 63 egyed 13 haplotípus között oszlik meg. Az európai 30 egyed 6 haplotípus között, a közép-ázsiai 11 egyed 3 haplotípus között, a 7 Japán egyed 2 haplotípus között, a 15 észak-Amerikai egyed pedig 6 haplotípus között oszlik meg.

Az Európában, Közép-Ázsiában, és Japánban kimutatott típusok egyértelműen jelzik, hogy az új területekre nem került át annyi haplotípus, mint amennyi az őshonos területeken előfordult. Csak a HT1 található meg Észak-Amerikában, Európában, és Közép-Ázsiában egyaránt. A HT5 csak Észak-Amerikában és Japánban fordul elő. Ez jól mutatja, a rovar terjedése során a palacknyak hatást. Az is látható, hogy Japánba nem Európán keresztül települt be a rovar.

A vizsgálatok során találtunk olyan haplotípusokat, amik csak bizonyos területekről kerültek elő. A HT4 csak Japánban fordul elő, míg a HT7, HT8, HT12 csak Európában. A HT6 és HT13 Európából és Közép-Ázsiából is megkerült.

A ritkább haplotípusok megtalálásához, és a finomabb különbségek feltárásához, növelni kell a populációnkénti mintaszámot, és érdemes lenne új populációkat is bevonni a vizsgálatba, főleg a platán csipkésposloska őshonos területeiről, illetve Ázsiából, ahol a betelepülési útvonalak találkoznak.

SUMMARY

In the investigation we compared 63 lace bugs from 12 *Corythuca ciliata* populations by using molecular genetic techniques. For the control group we used the sequences of *Corythuca marmorata* from the genebank. We investigated the 1164 bp long sequences.

From the samples we discovered that the populations in North America are more varied than any others. The haplotypes in North America differ in 5-7 bases from HT1. The 63 lace bugs are classified into 13 haplotypes. The 30 European samples can be classified into 6 haplotypes, the 11 central Asian lace bugs can be classified into 3 haplotypes, the 7 Japanese lace bugs can be classified into 2 haplotypes, the 15 North American lace bugs can be classified into 6 haplotypes.

The European, central Asian and Japanese samples show that there are only a few haplotypes that spread from North America. Only the HT1 can be found in North America, Europe and in Central Asia. The HT5 can only be found in North America and Japan. We can see that the lace bugs in Japan did not migrate through Europe.

During the investigation we found haplotypes that can only be found in specific areas. The HT4 can be found only in Japan while HT7, HT8, and HT12 are only present in Europe. HT6 and HT13 can be found in both Europe and central Asia.

More samples are required in order to find rare haplotypes. We should use newly discovered populations in the investigations, especially from North America where the sycamore lace bug originated and from Asia where the migration routes meet.

7. Köszönetnyilvánítás

TDK dolgozatom elkészítésében nyújtott segítségükért szeretnék köszönetet mondani konzulenseimnek, Prof. Dr. Lakatos Ferencnek és Tóth Viktóriának, akik ötleteikkel, észrevételeikkel, kritikájukkal és türelmükkel segítették dolgozatom elkészülését.

Köszönet illeti Bender Ferencet, Budavári Ágnes, Hudácskó Ferencet, Komlós Mariannt, Kontor Csilla Juditot, Török Gábort és mindazokat, akik minták gyűjtésével segítették a munkámat.

Szeretnék köszönetet mondani az Erdőművelési és Erdővédelmi Intézetet genetika laboratórium dolgozóinak, akik figyelmükkel és segítségükkel tüntettek ki munkám során.

Köszönöm családomnak és barátaimnak a támogatást, a lelkesítést, és a rengeteg türelmet.

Továbbá köszönöm mindenkinek, aki irodalommal, ötlettel, észrevétellel, biztatással, kritikával, vagy akár csak egy mosollyal is hozzájárult a dolgozatom elkészüléséhez.

Az anyagi háttér megteremtéséért köszönet a TÁMOP – 4.2.1.B-09/1/KONV és a TÁMOP – 4.2.2.B – 10/1 – 2010 – 0018 programoknak.

8. FELHASZNÁLT IRODALOM

- Anonymous (1963): Cooperative economic insect report. Hyttsville, Maryland, Plant Pest Control Division, Agricultural Research Service, United States Department of Agriculture. **13 (1)**: 354.
- Anonymous (1964): Cooperative economic insect report. Hyttsville, Maryland, Plant Pest Control Division, Agricultural Research Service, United States Department of Agriculture. **14(1)**: 583; 696;.
- Bailey, N. S. (1951): The Tingidae of New England and their biology. Ent. Amer. **31**: 1-140.
- Balás, G. & Sáringer, G. (1982): Kertészeti kártevők. Budapest, Akadémiai Kiadó.
- Baric, I., Diminik, D., et al. (2008): Zdravestveno stanje drveca u gradu Pakracu s posenim osvrtnom na bolesti i stetnike lisca. Sumar. inst. Jastrebar **43(1)**: 59-70.
- Benedek, P. (1988): A platán csipkés poloska (*Corythuca ciliata* Say.). A növényvédelmi állattan kézikönyve. T. Jermy and K. Balázs. Budapest, Akadémiai Kiadó.
- Bogácsi-Szabó, E. (2006): Populációgenetikai és diagnosztikai célú mitokondriális DNS és autoszómális marker vizsgálatok Magyarországon feltárt régészeti csontleletekből és modern mintákból. Pp.44
Megtalálható: http://doktori.bibl.u-szeged.hu/430/3/de_3387.pdf
Hivatkozva: 2012-11-06
- Bürgés, G., Czencz, K., et al. (1997): Platánfák levél-kártevőivel kapcsolatos vizsgálatok és eredmények. Növényvédelem **33**: 23-27.
- Clement, M., Posada, D., Crandall, K.A. (2000): TCS: a computer program to estimate gene genealogies. Molecular Ecology **9(10)**: 1657-1660
- Czikling, M. (1993): Platán-csipkéspoloska (*Corythuca ciliata* Say) terjedésének, kártételének és a védekezés lehetőségének vizsgálata. Növényvédelem
- Dinca, V., E. V. Zakharov, et al. (2011). "Complete DNA barcode reference library for a country's butterfly fauna reveals high performance for temperate Europe." Proceedings of the Royal Society B **278**: 347–355.
- Drake, C. J. (1919): On some North American Tingidae (Hemip.). Ohio Journ. Sci. **19(7)**: 417-421.
- Gencsi L. & Vancsura R. (1997): Dendrológia, Erdészeti növénytan II. Mezőgazda Kiadó, Budapest, pp.194.

- Grosso-Silva, J. & Aguiar, A. (2007): *Corythucha ciliata* (Say, 1832)(Hemiptera, Tingidae), the nearctic Sycamore lace bug, found in Portugal. Boletín de la SEA: 366-366.
- Halbert, S. E. & Meeker, J.R. (1998): The Sycamore Lace Bug, *Corythucha ciliata* (Say):(Hemiptera: Tingidae). Entomology Circular **387**.
- Hrubík, P. (2007): Alien insect pests on introduced woody plants in Slovakia. Acta Entomologica Serbica **12**(1): 81-85.
- Jasinka, J. (1981): Pirethroidok a platán csipkésposloska (*Corythucha ciliata*) elleni küzdelemben. Növényvédelem **17**: 302-303.
- Jasinka, J. & Bozsits, G. (1977): A platán csipkésposloska (*Corythucha ciliata*) fellépése magyarországon. Növényvédelem **13**: 42-46.
- Kikuchi, K., Masuya, H., & Kajimura, H.(2012): North American lace bug is a vector of Australian fungus in Japan. 3rd meeting of IUFRO Working Unit 7.03.12 "Alien invasive species and international trade". Abstracts. june 10-16, 2012 Yayoi auditorium The University of Tokyo, Tokyo/Japan
- Kükedi, E. (2000): A platán-csipkésposloskáról (*Corythucha ciliata*, Heteroptera, Tingidae) és elterjedéséről. Növényvédelem **36**(6): 313-317.
- Kükedi, E. & Pálmai, O. (1992): A platán csipkésposloska (*Corythucha ciliata* Say, Heteroptera, Tingidae) megfigyelések eredményei a martonvásári kastélyparkban. Növényvédelem **28**(12): 499-503.
- Kükedi, E. & Pálmai, O. (1997): Platán-csipkésposloska (*Corythucha ciliata*) vizsgálatok újabb eredményei és tapasztalatai Martonvásáron. Növényvédelem **12**: 521-523.
- Ladányi, M. (2006): Alternatives of process approaches in agro-ecosystem modelling. PhD theses, Corvinus University of Budapest, Dpt. of Mathematics and Informatics.
- Lintner, J. A. (1888): Fourth report on the injurious and other insects of the State of New York.:Tingidae. New York State Mus. Nat. Hist. No. 41. Rep., State Entomologist of New York, 1887, 237 pp., 68 figs.: 107-109.
- Mutun, S. (2009): *Corythucha ciliata*, a new Platanus pest in Turkey. Phytoparasitica **37**: 65–66.
- Pecsenye K. (2006): Populációgenetika. Pars Kft., Nagykovácsi
- Rabitsch, W. & Streito, J.C. (2010): *Corythucha ciliata* (Say, 1832) – Sycamore lace bug (Heteroptera: Tingidae). In: Roques, A. & Lees, D. (editor): BioRisk 4(2): 855-1021. pp. 964-965
- Reiderné Saly, K. & Ripka, G. (1988): A platán csipkésposloska elterjedése a főváros területén. Növényvédelem **24**: 324-326.

- Reiderné Saly, K. & Ripka, G. (1990): A platán csipkés poloska (*Corythuca ciliata* Say) biológiája és az ellene való védekezés lehetősége. Növényvédelem(1): 36-40.
- Ripka, G., Reiderné Saly, K., et al. (1993): Díszfák és díszcserjék tripsz-, poloska- és kabócafaunája a fővárosban. Növényvédelem **29**(12): 569-572.
- Szeberényi J.(1999): Molekuláris sejtbőlológia. Dialog Campus Kiadó, Budapest-Pécs
- Tamura, K., Peterson, D., Peterson, N., Stecher, G., Nei, M., & Kumar, S. (2011) MEGA5: Molecular Evolutionary Genetics Analysis using Maximum Likelihood, Evolutionary Distance, and Maximum Parsimony Methods. Molecular Biology and Evolution (submitted).
- Thompson, J.D., Gibson, T.J., Plewniak, F., Jeanmougin, F. and Higgins, D.G.(1997): The ClustalX windows interface: felxible strategies for multiple sequence alignment aided by quality analisys tools. Nucleic Acids Research, 24:4896-4882.,
- Torres-Miller, L. (1989): New Records of Lace Bugs from West Virginia (Hemiptera: Tingidae). Insecta Mundi **3**(1): 10.
- Tóth J. (1999) Erdészeti rovartan. Agroinform Kiadó, pp. 62-62, 80-83, 146
- Tóth V. & Lakatos F. (2011): A platánlevél-sátorosmoly (*Phyllonorycter platani* STGR. 1870) tápnövényei. In Tudományos Doktorandusz Konferencia, Nyugat-magyarországi Egyetem Erdőmérnöki Kar, (Konferencia-kötet, Sopron), pp. 163-166
- Tuba K., Horváth B. & Lakatos F. (2012): Inváziós rovarok fás növényeken. Nyugat-magyarországi Egyetem Kiadó,Sopron, 22.pp
- Yoon, C., Yang, J., et al. (2008): Insecticidal properties of bistrifluron against sycamore lace bug, *Corythucha ciliata* (Hemiptera: Tingidae). J. Pestic. Sci. **33**(1): 44–50.

Internetes hivatkozások:

GenBank – National Center for Biotechnology Information (web1)

Megtalálható: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>

Hivatkozva: 2012-10-26

Genovesi, P. & Shine, C. (2007): Európai stratégia az özönfajok ellen

Megtalálható: http://www.termeszetvedelem.hu/_user/downloads/invazios_fajok/AStra_tIAS_v%E9gleges_%F6ssze.pdf

Hivatkozva: 2012-11-10

Sequence Scanner Software (web2)

Megtalálható: <http://www.lifetechnologies.com/global/en/home/technical-resources/software-downloads/sequence-scanner-software.html>

Hivatkozva: 2012-11-08

Szilágyi A. (2001): Bevezetés a bioinformatikába. 4.előadás

Megtalálható: <http://www.enzim.hu/~szia/bioinformatika/>

Hivatkozva: 2011-11-8

Természetvédelmi biológia (web3)

Megtalálható: emk.nyme.hu (Növénytani és Természetvédelmi Intézet, oktatási segédletek, Természetvédelmi biológia)

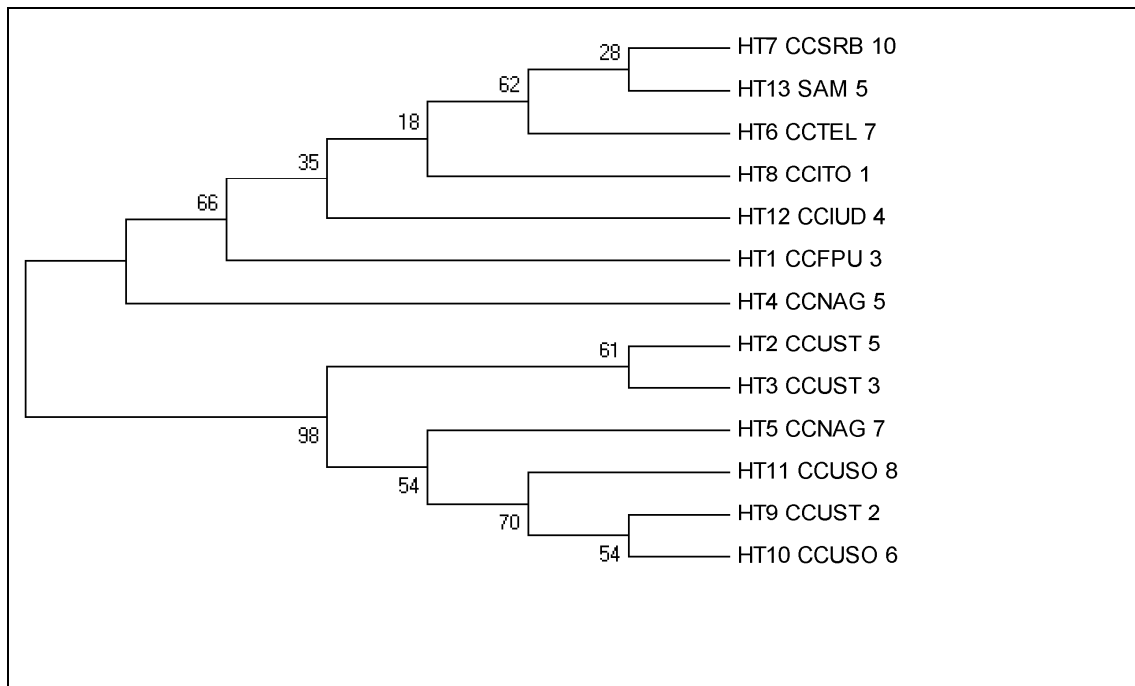
9. MELLÉKLETEK

	81	123	339	357	390	482	633	666	681	720	759	783	786	795	921	966	981	1092
HT1	G	G	A	G	A	T	A	G	G	A	T	A	T	C	G	T	C	T
HT2		A	G		G			A		G						G		
HT3	A	A	G		G			A		G						G		
HT4	C			A											A			
HT5		A	G		G					G						G		
HT6														T				
HT7						A								T				
HT8							G										T	C
HT9		A	G		G				A	G			C			G		
HT10		A	G		G					G		G	C			G		
HT11		A	G		G					G			C			G		
HT12											C							
HT13												T						

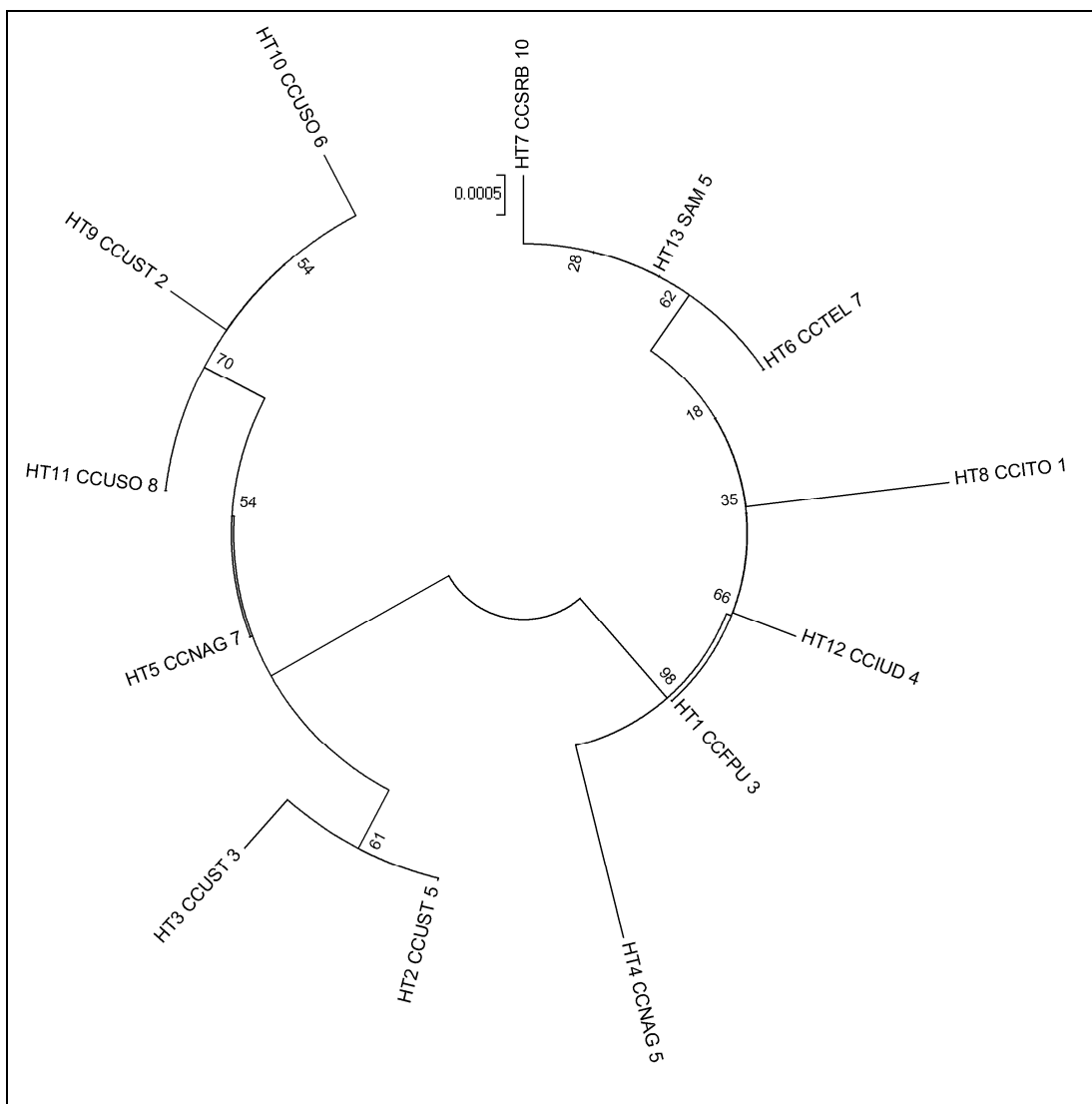
9.1. táblázat. Bázis változás a haplotípusokban

HT1_CCFPU_3		0,001	0,002	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001	0,002	0,002	0,002	0,002	0,002	0,002	0,002	0,002	0,002	0,002
HT12_CCIUD_4	0,001		0,002	0,001	0,002	0,001	0,002	0,002	0,002	0,003	0,003	0,002	0,003	0,002	0,003	0,002	0,003	0,002
HT8_CCITO_1	0,003	0,003		0,002	0,002	0,002	0,002	0,003	0,003	0,003	0,003	0,003	0,003	0,003	0,003	0,003	0,003	0,002
HT6_CCTEL_7	0,001	0,002	0,003		0,001	0,000	0,002	0,002	0,002	0,002	0,002	0,002	0,002	0,002	0,002	0,002	0,002	0,002
HT7_CCSRB_10	0,002	0,003	0,004	0,001		0,001	0,002	0,002	0,002	0,003	0,003	0,002	0,003	0,002	0,003	0,003	0,002	0,002
HT13_SAM_5	0,001	0,002	0,003	0,000	0,001		0,002	0,002	0,002	0,002	0,002	0,002	0,002	0,002	0,002	0,002	0,002	0,002
HT4_CCNAG_5	0,003	0,003	0,005	0,003	0,004	0,003		0,003	0,003	0,003	0,003	0,003	0,003	0,003	0,003	0,003	0,003	0,003
HT2_CCUST_5	0,005	0,006	0,008	0,006	0,007	0,006	0,008		0,001	0,002	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001
HT3_CCUST_3	0,006	0,007	0,009	0,007	0,008	0,007	0,008	0,001		0,002	0,002	0,002	0,002	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001
HT9_CCUST_2	0,006	0,007	0,009	0,007	0,008	0,007	0,009	0,003	0,003		0,001	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001
HT11_CCUSO_8	0,005	0,006	0,008	0,006	0,007	0,006	0,008	0,002	0,003	0,001		0,001	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001
HT10_CCUSO_6	0,006	0,007	0,009	0,007	0,008	0,007	0,009	0,003	0,003	0,002	0,001		0,001	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001
HT5_CCNAG_7	0,004	0,005	0,007	0,005	0,006	0,005	0,007	0,001	0,002	0,002	0,001	0,002		0,001	0,002	0,001	0,002	0,001

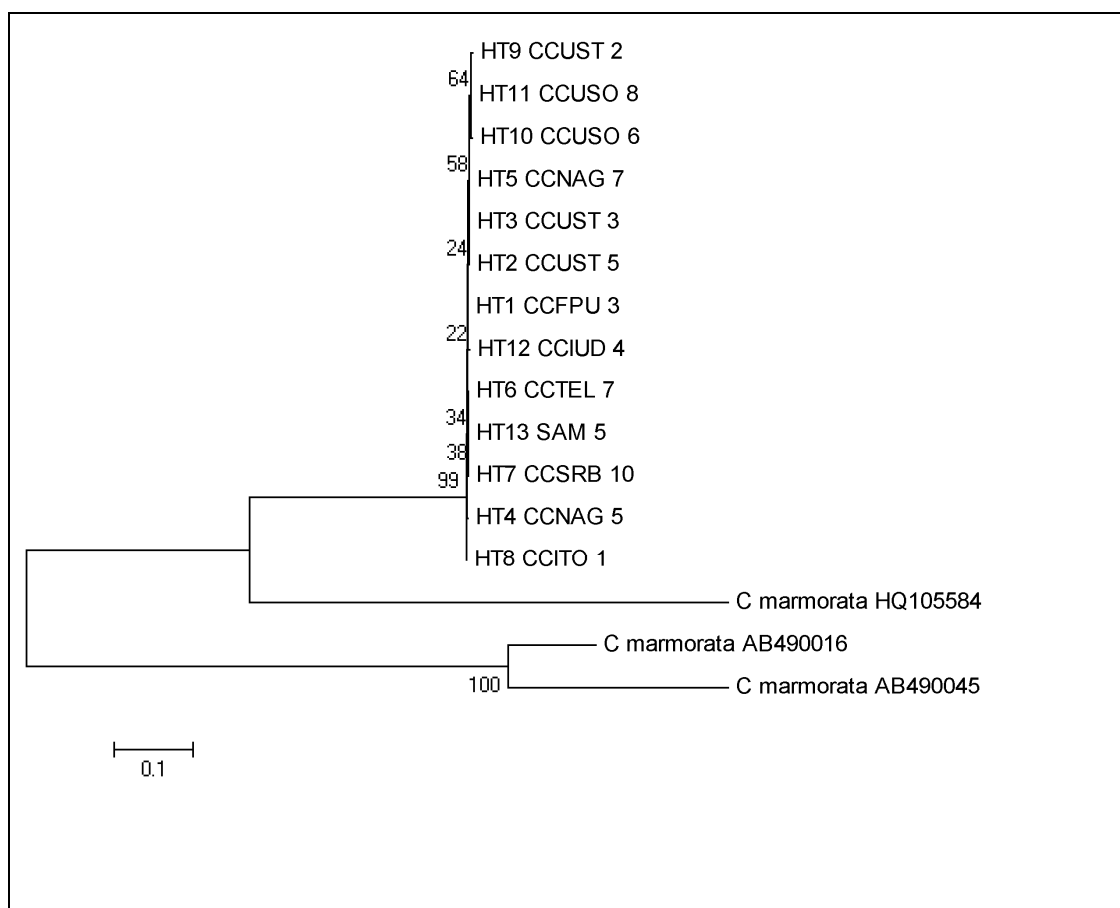
9.2. táblázat. Nei-féle távolság bázisokra számolva



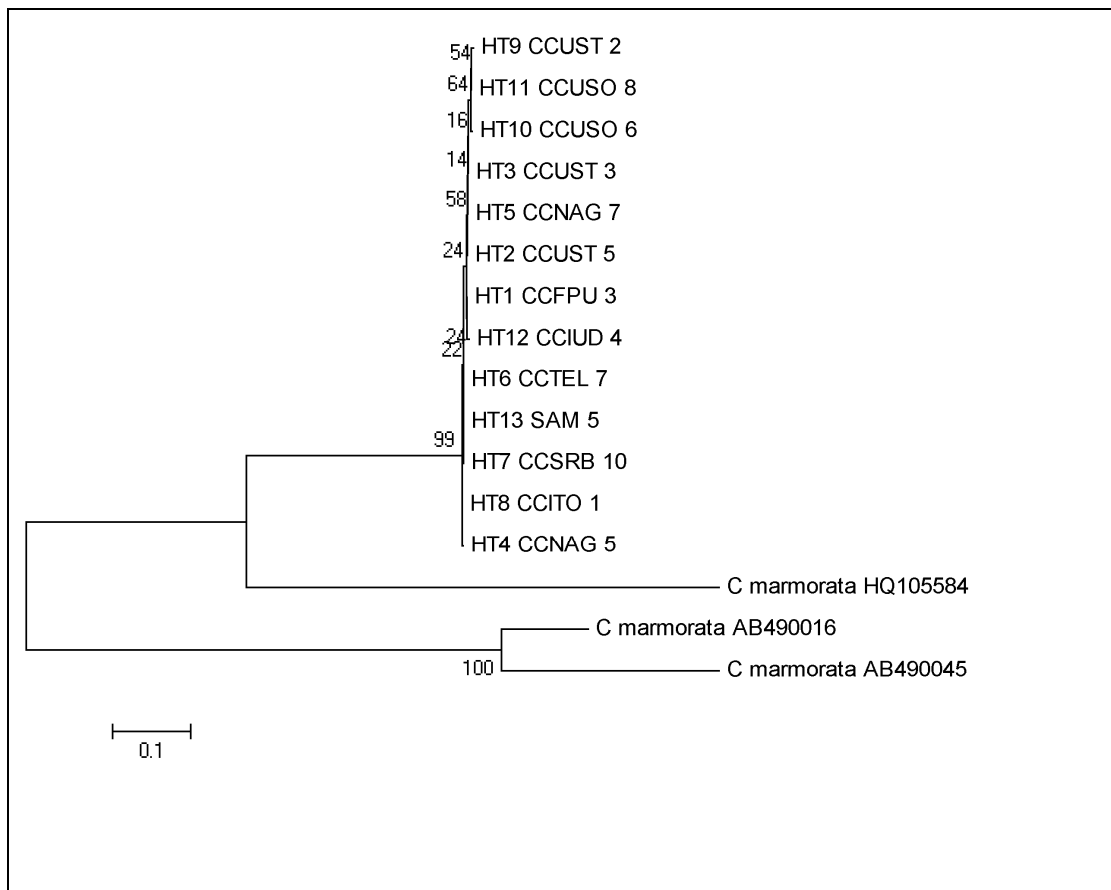
9.1. ábra. Haplotípusok, NJ, Kimura 2-parameter, bootstrap 5000 (bootstrap consensus tree)



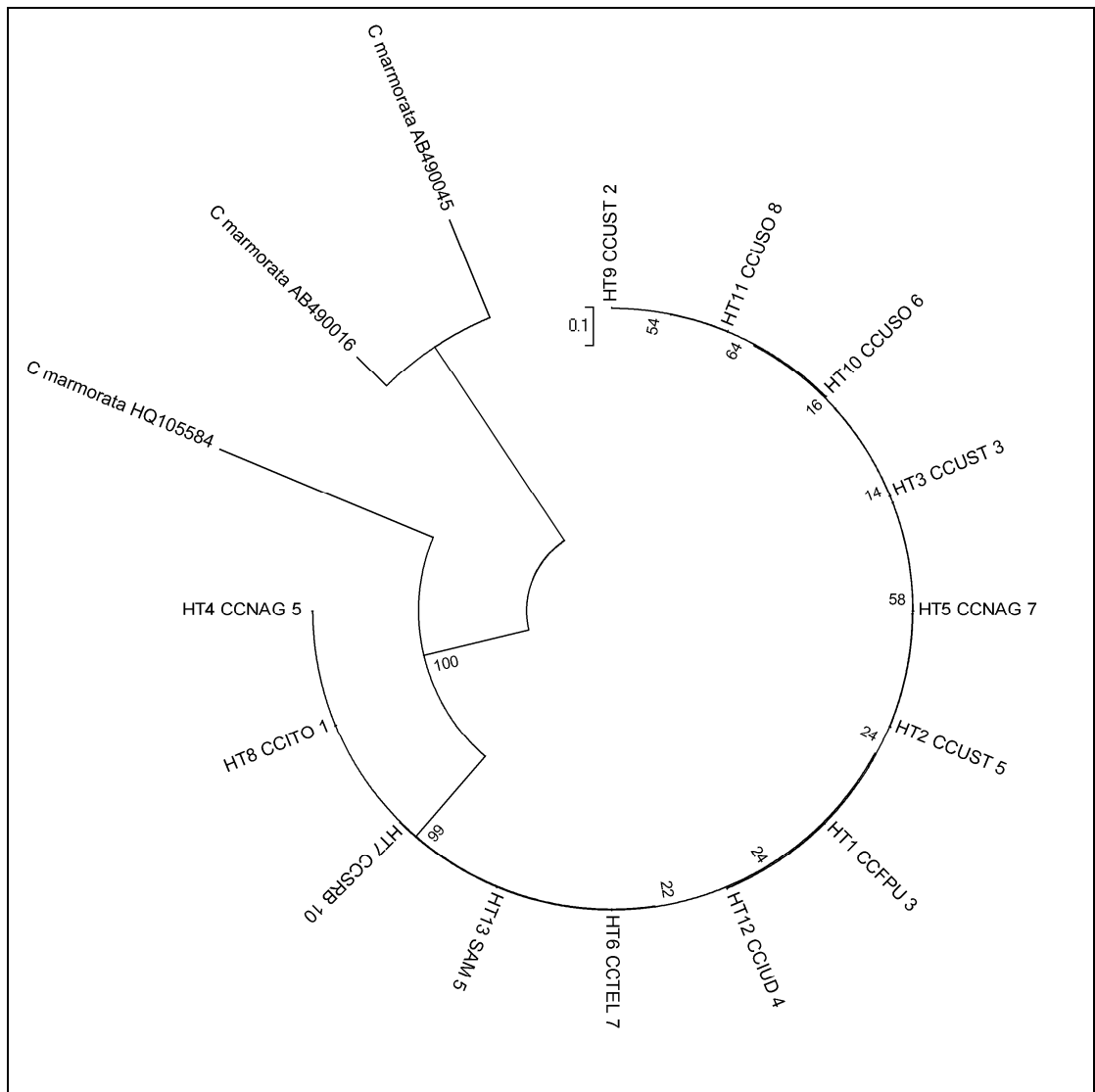
9.2. ábra. Haplotípusok, NJ, Kimura 2-parameter, bootstrap 5000 (bootstrap circle tree)



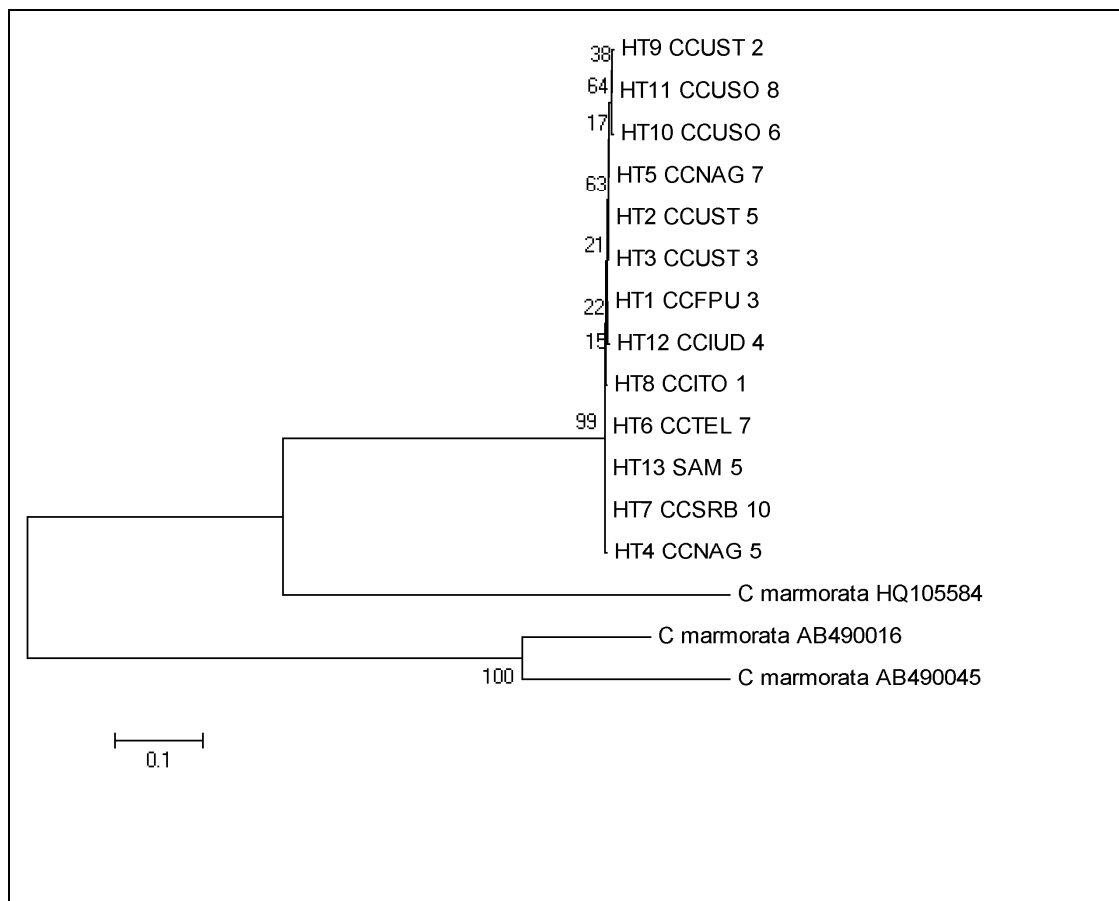
**9.3.ábra. Haplotípusok és a kontroll csoport, NJ, Kimura 2-parameter, bootstrap 5000
(original tree)**



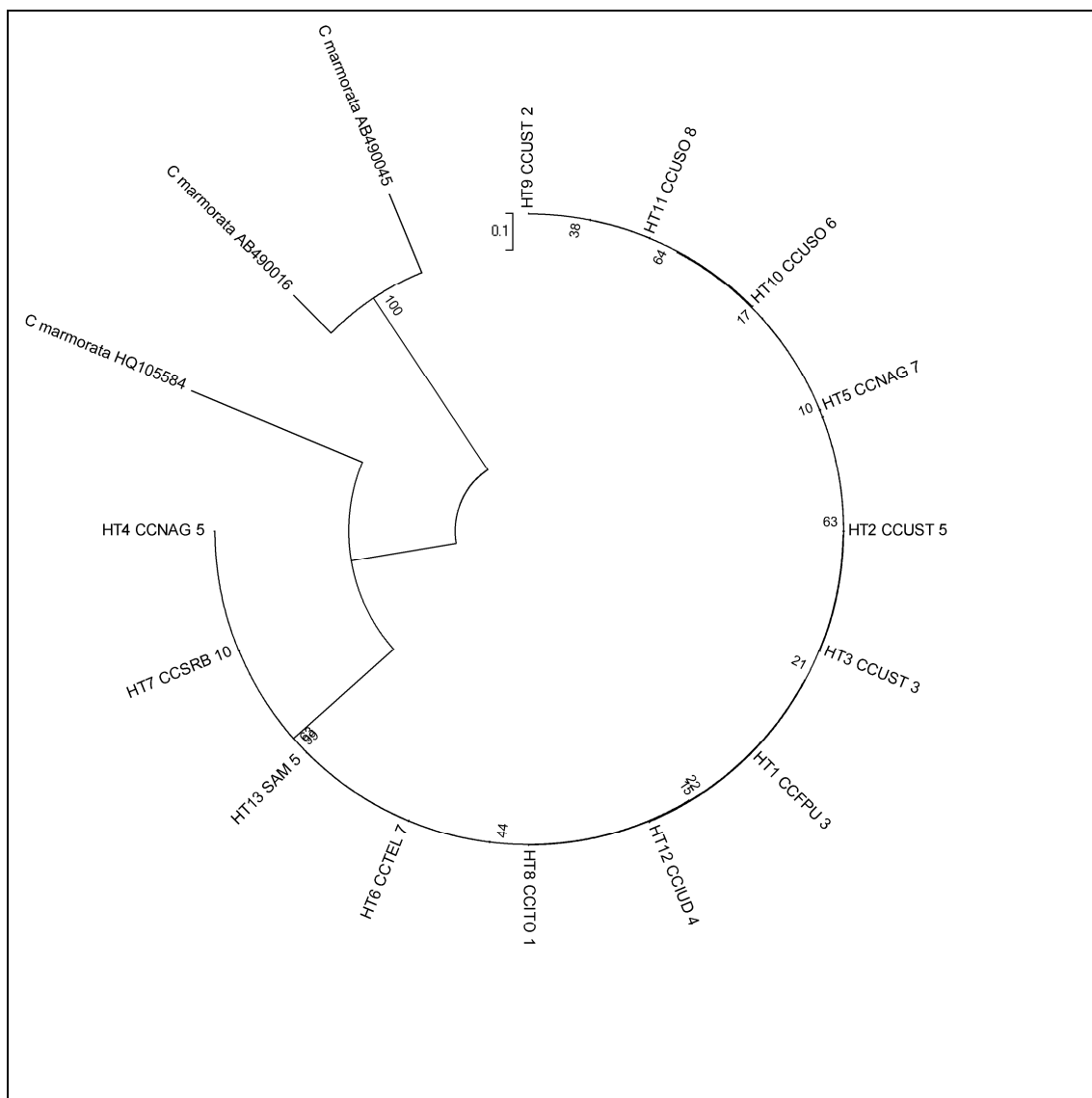
**9.4. ábra. Haplotípusok és a kontroll csoport, NJ, Kimura 2-parameter, bootstrap 5000
(bootstrap consensus tree)**



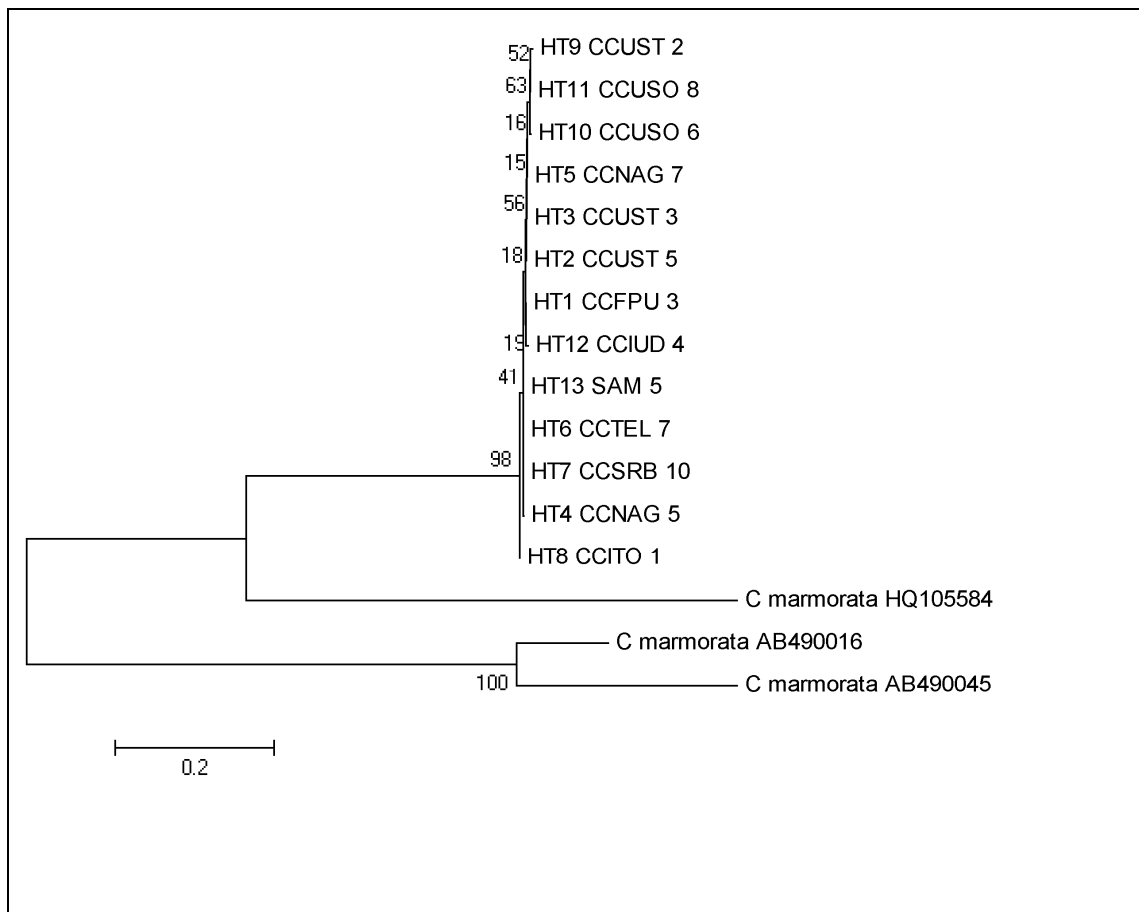
**9.5. ábra. Haplotípusok és a kontroll csoport, NJ, Kimura 2-parameter, bootstrap5000
(bootstrap circle tree)**



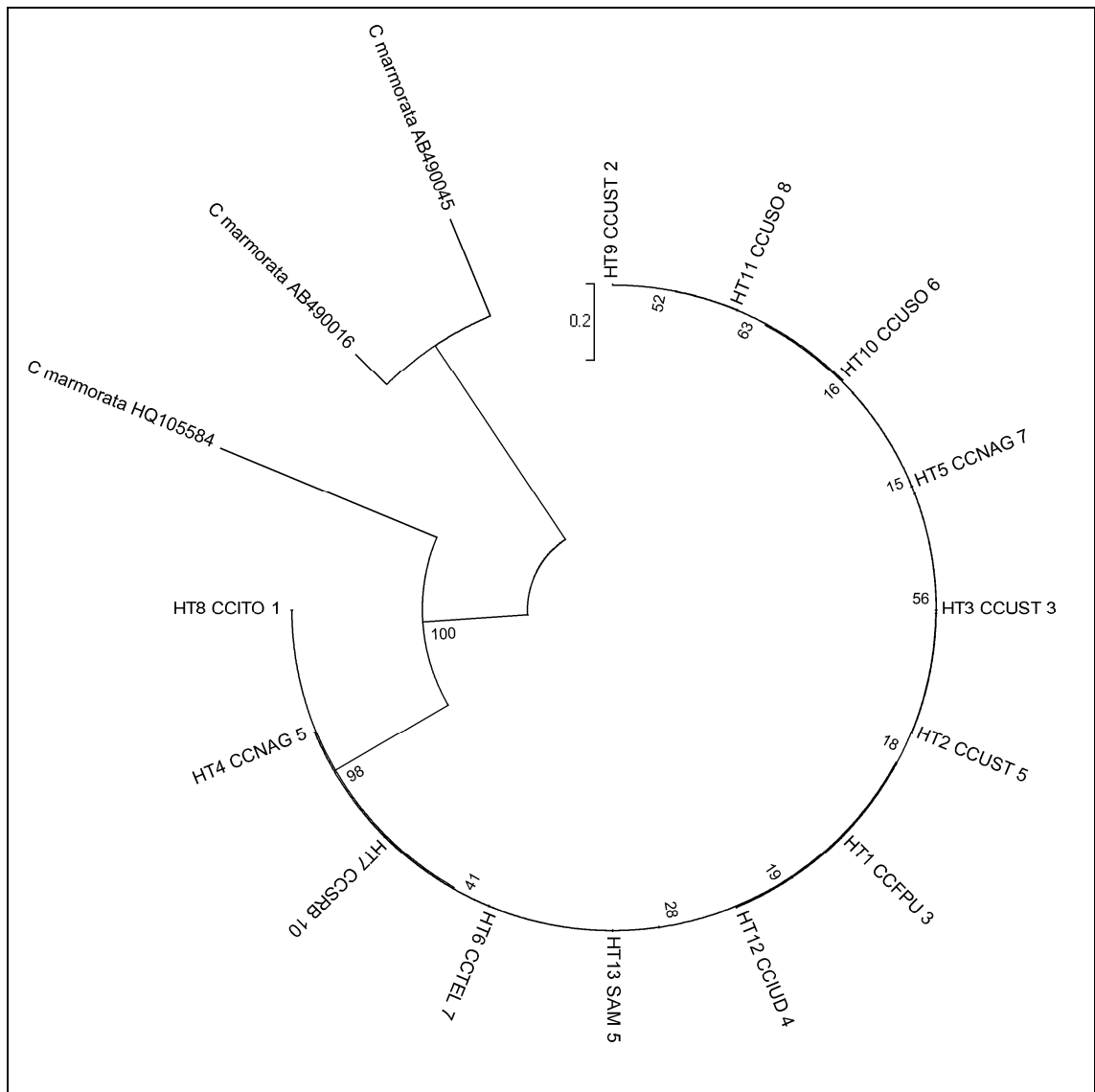
**9.6. ábra. Haplotípusok és a kontroll csoport, ML, Kimura 2-parameter, bootstrap 5000
 (bootstrap consensus tree)**



9.7. ábra. Haplotípusok és a kontroll csoport, ML, Kimura 2-parameter, bootstrap 5000
(bootstrap circle tree)



9.8. ábra. Genetikai távolság becslés, NJ, Tamura-Nei, bootstrap 5000 (bootstrap consensus tree)



9.9. ábra. Genetikai távolság becslés, NJ, Tamura-Nei, bootstrap 5000 (bootstrap circle tree)