

Köszönetnyilvánítás

Köszönetemet szeretném kifejezni Hűvös-Récsi Annamáriának, Magos Gábornak, Molnár V. Attilának, Könyves Kálmánnak, Tim Sierensnek és Lukács Balázs Andrásnak a minták begyűjtésében nyújtott segítségüket. Külön köszönjük társszerzőink, Polina Volkova és Ludwig Triest együttműködését.

Témavezetőm munkáját a TÁMOP-4.2.2/B-10/1-2010-0024 A Debreceni Egyetem tudományos képzési műhelyeinek támogatása és a TÁMOP 4.2.4.A/2-11-1-2012-0001 azonosító számú Nemzeti Kiválóság Program – Hazai hallgatói, illetve kutatói személyi támogatást biztosító rendszer kidolgozása és működtetése konvergencia program című kiemelt projekt támogatta. A projekt az Európai Unió támogatásával, az Európai Szociális Alap társfinanszírozásával valósult meg.

Irodalomjegyzék

- BORHIDI, A. (2002) „Borbás és az Ősmátra a Balaton Flórájában” Collecta Clusiana **6** (Borbás Emlékelőadások 2000): 37-40.
- CLEMENT, M, POSADA, D., CRANDALL, K. (2000) „TCS: a computer program to estimate gene genealogies.” Molecular Ecology **9**(10): 1657-1660
- CORPET, F. (1988) „Multiple sequence alignment with hierarchical clustering” Nucleic Acids Research **16**(22): 10881–10890.
- DEVEY, D.S., CHASE, M.W., CLARKSON, J.J. (2009) „A stuttering start to plant DNA barcoding: microsatellites present a previously overlooked problem in non-coding plastid regions” Taxon **58**: 7–15
- DOYLE, J.J., DOYLE, J.L. (1987) „A rapid DNA isolation procedure for small amounts of fresh leaf tissue” Phytochemical Bulletin **19**: 11–15
- ELLEGREN, H. (2004). „Microsatellites: simple sequences with complex evolution” Nature reviews genetics **5**(6): 435-445.
- GOUDET, J. (1995). „FSTAT (Version 1.2): A Computer Program to Calculate F-Statistics” Journal of Heredity **86**(6): 485-486.
- GULYÁS, G., SRAMKÓ, G., MOLNÁR, A.V., RUDNÓY, SZ., ILLYÉS, Z., BALÁZS, T., BRATEK, Z. (2005). „Nuclear ribosomal DNA ITS paralogs as evidence of recent interspecific hybridization in the genus *Ophrys* (Orchidaceae) ” Acta Biologica Cracoviensia Series Botanica **47**: 61-67.
- HAMMER, Ø., HARPER, D.A.T., RYAN, P.D. 2001. PAST „Paleontological statistics software package for education and data analysis” Palaeontologia Electronica **4**(1)
- HENDRYCH, R. (1996). „*Primula vulgaris* in der Slowakei und in den umliegenden Gebieten” Preslia-Praha **68**: 135-156.
- JACQUEMYN, H., ENDELS, P., BRYN, R., HERMY, M., WOODDELL, S.R.J. „(2009). Biological Flora of the British Isles: *Primula vulgaris* Huds. (*P. acaulis* (L.) Hill) ” Journal of ecology **97**(4): 812-833.
- MEUSEL, H., JÄGER. E. (1965): „Vergleichende Chorologie der zentraleuropäischen Flora” Jena: G. Fischer.

- PEAKALL, R., SMOUSE P.E. (2012) „GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research-an update” Bioinformatics **28**, 2537-2539
- SHAW, J., EDGAR B, L., SCHILLING, E.E., SMALL, R.L. (2007). „Comparison of whole chloroplast genome sequences to choose noncoding regions for phylogenetic studies in angiosperms: the tortoise and the hare III. ” American Journal of Botany **94**(3): 275-288.
- SRAMKÓ, G. (2004). „Dunántúli” közép-dunai flóraválasztós fajok a Matricum flórájában” Kitaibelia **9**(1): 31-56
- TABERLET, P., FUMAGALLI, L., WUST-SAUCY, A.G., COSSON, J.F. (1998). „Comparative phylogeography and postglacial colonization routes in Europe” Molecular Ecology **7**(4): 453-464.
- TRIST, L., SIERENS, T., VAN ROSSUM, S. (2014). „Multiplexing 15 microsatellite loci for European primrose (*Primula vulgaris*) ” Conservation Genetics Resources: 1-3
- VARGA, Z. (1964) „Magyarország állatföldrajz beosztása a nagylepke-fauna komponensei alapján” Folia Entomologica Hungarica **17**(8): 119-167.
- VOLKOVA, P. A., SCHANZER, I. A., MESCHERSKY, I. V. (2013). „Colour polymorphism in common primrose (*Primula vulgaris* Huds.): many colours–many species?” Plant Systematics and Evolution **299**(6): 1075-1087