

A bírálóbizottság értékelése

Pecsenye Katalin védett lepke fajokon évtizedeken keresztül végzett empirikus populációgenetikai kutatásai úttörő jellegűek és összességüket tekintve Magyarországon egyedülálló populációgenetikai vizsgálatsorozatot alkotnak. Négy fajcsoportot érintő, sokoldalú kutatásai mind kérdésfeltevéseiket, mind módszereiket tekintve szervesen illeszkednek az európai lepidopterológiai kutatásokhoz. A tézisekben összefoglalt, 15 dolgozatban publikált tíz esettanulmány eredményeinek egy része klasszikus populációgenetikai (2,5,6,7), filogeográfiai (4,5), taxonómiai (3, 11) hipotéziseket támasztott alá, illetve állított fel; tovább vizsgálendő adaptációt valószínűsített (4, 6, 8, 10) valamint konzervációbiológiai egységeket (3,9) határozott meg. Pecsenye Katalin eredményei egyaránt alapjául szolgálnak a vizsgált védett lepke fajokon folytatandó további ökológiai és populációgenetikai alapkutatásoknak, valamint a védelmüket szolgáló természetvédelmi intézkedéseknek.

1. Magyarország négy régiójára kiterjedő, 38 lepke populációból származó mintában 42 lokusz enzimpolimorfizmus vizsgálata alapján megállapította, hogy a kis apollólepke (*Parnassius mnemosyne*) populációk neutrális variabilitása szignifikánsan magasabb, mint a díszes tarkalepke (*Euphydryas maturna*) populációké, ami gyorsabb genetikai sodródást, illetve alacsonyabb effektív populációméretet jelez az *E. maturna* populációkban. A régiók közt nagyságrenddel magasabbnak becsült effektív számú migránssal rendelkező *E. maturna* populációk nem mutatnak regionális differenciálódást, míg a kis apollólepke régiói nagymértékben izoláltak. Az egyes régiókon belül a populációk közti migránsok becsült effektív száma, s a két faj populációinak régió belüli differenciálódása hasonló mértékű. **(Tézis 1.1.1.a.b.c.)**
2. Az *E. maturna* populációk nagyobb homogenitásának lehetséges okaként a két faj eltérő életmenet stratégiáját nevezte meg, amit további vizsgálatokkal támasztott alá. Az *E. maturna* populációk effektív méretét nagymértékben csökkenti, hogy egy-egy nőstény lárvái egy fészekben maradnak, s a teljes fészkek pusztulása miatt a következő generációban kevés nőstény utódai dominálnak. Ennek megfelelően a Fényi-erdő díszes tarkalepke populációjában nagy számban talált egy fészkekből származó lepkéket. A populáció két szubpopulációból áll, mindkettő effektív mérete alacsony, s jelentős mértékű bennük a beltenyészet. A generációk közti genetikai összetétel különbségek egy-egy szubpopuláción belül nagyobbak, mint a szubpopulációk közti különbségek egy-egy generációban. **(Tézis 1.2.1. a.b.c.)**
3. Az 1. pontban ismertetett összehasonlító vizsgálatban szerepelt 20 darab *E. maturna* populáció enzimpolimorfizmusra vonatkozó adatait közép- és nyugat-magyarországi, erdélyi, valamint dobрудzsai populációk mintáival kiegészítve kimutatta, hogy a faj kárpát-medencei populációi legalább 3 genetikai vonalat képviselnek, s összhangban a korábbi, morfológiai bélyegeken alapuló taxonómiai eredményekkel, akár alfaji szinten is elkülönülhetnek egymástól. E vizsgálat alapján a faj két konzervációs egységét (FCU) különítette el: észak- és kelet-magyarországi, illetve közép- és nyugat-magyarországi funkcionális egységeket. Megállapította, hogy az európai szinten is különösen veszélyeztetett faj két FCU-ja közül az utóbbi (KNYM) igényel nagyobb figyelmet a gyakorlati természetvédelmi munkában, amennyiben ezen a területen kevés populáció található, és ezek nagymértékben izolálódtak egymástól. **(Tézis 4.2.2.c.e.)**

4. Egy filogeográfiai probléma megoldása érdekében az 1. pontban ismertetett kis apollólepkére (*Parnassius mnemosyne*) vonatkozó kutatásainak eredményeit egy újabb, keleti régió bevonásával és az mtDNS citokróm oxidáz I (COI) szekvencia haplotípusainak vizsgálatával kiegészítve megállapította, hogy 3 mtDNS vonal alakította ki a Kárpát-medence populációinak génállományát. A benépesülés elsősorban a balkáni refúgiumokból történhetett, két kolonizációs útvonalon, de az Alpok keleti pereme felől is feltételezhető a génáramlás. A fixációs index eloszlása alapján valószínűsítette, hogy legalább három enzim lokuszon természetes szelekció révén alakult ki a régiók populációi közti különbség. **(Tézis a.b.c.d)**
5. Kiegészítve Junker et. al. (2015) nyugat-európai vizsgálatait, a faj keleti elterjedési határán élő 7 dunántúli, valamint egy szlovéniai és egy erdélyi lápi tarkalepke (*Euphydryas aurinia*) populációban végzett 18 enzimlokuszra, és az mtDNS COI régiójára vonatkozó populációgenetikai vizsgálatot. A molekuláris elemzéseket 6 populációban morfológiai vizsgálatokkal egészítette ki. Junker eredményeivel összhangban mind az enzimpolimorfizmus, mind pedig a COI szekvencia adatok alapján azt találta, az erdélyi populáció elkülönült a nyugatiaktól. Ugyanakkor, az is kiderült, hogy a nyugati populációk két világosan differenciálódott régiót alkotnak és eltérnek a prealpin populációktól. Ezért a Kárpát-medence nyugati területei vagy maguk is önálló refúgiumok lehettek az utolsó eljegesedés során, vagy pedig a Balkán felől népesültek be. **(Tézis 3.2.a.b.c.d.)**
6. Az elterjedési terület határán a faj számára kedvezőtlen körülményeknek köszönhetően a szakirodalom stressz hatást és szelekciós-migrációs egyensúlyt vár. A várakozásokkal összhangban a lápi tarkalepke populációkban végzett morfológiai vizsgálatok kimutatták, hogy a faj nyugati elterjedési területének keleti pereme felé haladva egyre csökkent az egyedek szárnymérete, s ezzel párhuzamosan növekedett a hátulsó szárny asszimmetriája. A fixációs index várható eloszlása alapján, a vizsgált 18 enzim lokusz közül három lokuszon feltételezhető szelekció ebben a régióban. **(Tézis 3.2.e)**
7. Három bükk-fennsíki és egy Gömör-Tornai-karszton élő bükki szerecsenboglárka (*Aricia artaxerxes issekutzii*) populáció 19 enzim lokusz polimorfizmusának vizsgálata alapján kimutatta, hogy három elszigetelt bükki és egy gömör-tornai populációban az allélgyakoriság spektrum és a heterozigóták gyakorisága palacknyakhatásra utal, **ami a bükki Nagymező populációjában nem mutatható ki (Tézis 1.1.3.a.b.)**.
8. A fakultatív mirmekofil bükki szerecsenboglárka (*Aricia artaxerxes*) illetve az obligát mirmekofil szürkés hangyaboglárka (*Maculinea alcon*) 35 enzim lokuszra (19 ill. 16) kiterjedő vizsgálatával kimutatta, hogy a várakozásnak megfelelően fakultatív mirmekofil populációkban szignifikánsan magasabb volt az enzim polimorfizmus, mint az *M. alcon* populációkban, melyek polimorfizmusának a mértéke az egyik legalacsonyabbnak bizonyult a Lycaenidae családon belül. A differenciálódás az *A. artaxerxes* populációk között kifejezett regionális mintázatot mutatott, míg ez nem volt jellemző a szürkés hangyaboglárkára. **(Tézis 4.2.1. a.b.c)**
9. A zanót hangyaboglárka (*Maculinea nausithous*) 12, nyugat-dunántúli, erdélyi és bukovinai populációinak enzimpolimorfizmus és morfológiai vizsgálata során egyértelmű genetikai differenciálódást mutatott ki az erdélyi és a bukovinai populációk között melyeket önálló konzervációs egységként (FCU) javasolt kezelni. **(Tézis 4.2.1. a.b.c)**
10. Különböző lárvaterjesztési stratégiájú hangyaboglárka faj összehasonlító vizsgálata során kimutatta, hogy az *M. alcon* különböző hangyagazdát preferáló populációi molekuláris polimorfizmusuk alapján is elkülönülnek, míg az azonos elsődleges hangyagazdával rendelkező *M. teleius* populációk összetétele jobban átfed. **(Tézis 2.1. a.b.c.d)**

11. Öt különböző fajba sorolt, 32 közép-európai *Maculinea* populáció 14 enzim lokuszára kiterjedő populációgenetikai vizsgálata megerősítette, hogy az *M.alcon* pneumonanthe és cruciata típusának kárpát-medencei populációi között nincs jelentős különbség, tehát azonos fajba sorolandóak. A genusban négy evolúciós egység (ESU) van jelen a Kárpát-medencében. (Tézis 4.1.1. a.b.c).