

Válasz Dr. Pecsénye Katalin Opponensi véleményére

Köszönöm szépen a Bíráló alapos véleményét és mind a dicsérő, mind pedig az építő kritikái megjegyzéseket. Sok olyan kérdést tett fel, amely segített még alaposabban átgondolni a tanulmányaimat és szemléltetni az eredményeket. Először a tartalmi megjegyzésekre reagálnék, azok közül is azokra, amelyekben kérdések merültek fel.

1.1 Fejezet

Igen, valóban a 3. forgatókönyvet valószínűsítettem, és bár az eredmények ezt mutatják, valóban nem írtam ezt le explicit formában.

A 7. oldalon a bevezetés utolsó paragrafusában a célkitűzések közül a 3. így szól: Munkánk célja volt... 3) potenciális elterjedési modellezést alkalmazva összehasonlítsuk a kapott eredményeket a vöröshasú unka (*Bombina bombina*) szakirodalomban közölt filogeográfiai adataival (Fijarczyk és mtsai. 2011, Pabijan és mtsai. 2013), mivel a *B. bombina* a *T. dobrogicus*-hoz hasonló ökológiai jellegzetességekkel és elterjedéssel rendelkezik Közép-Európában és az Észak-Balkánon. Igyekeztem tehát megfelelően bevezetni ezt az összehasonlítást, amelynek eredményei a 14. oldalon olvashatóak.

Jóllehet a *L. vulgaris* populációgenomikai elemzése során az ADMIXTURE szoftver a 4 fő klasztert támogatta legerősebben, a 2-5 klaszterek azonosítása között kicsi különbség volt. A 11. ábrán folyamatában mutattuk be a csoportosítást, mivel annak is van információ értéke, hogy a növekvő klaszterszám hol és hogyan osztja tovább a populációkat. Végeredményben azonban a 4 klasztert vettük végleges eredménynek.

1.2 Fejezet

Köszönöm az észrevételt. Úgy tűnik, a 24. ábrát sajnos a magyarra fordításkor véletlenül átszerkesztettem, és a jó ábrára véletlenül rámásoltam egy másik verziót, ezért a számozás is elcsúszott. A Vörös et al 2016-os tanulmányban jól szerepel ez az ábra és a színezés is konzekvens.

4.2 Fejezet

Mivel ritka és értékes fajról volt szó, a *Litoria raniformis* molekuláris vizsgálatához valóban felhasználtunk többféle (lábujjperc, bőrkenet vagy máj) mintát is. Ezekhez legtöbbször a Puregene izoláló kitet használtuk, viszont a bőrkenetek és a múzeumi minták esetében QIAGEN DNeasy izoláló kit segítségével és egy ősi DNS-izoláláshoz igazított, módosított protokollal dolgoztunk. A fragmentáltság miatt a múzeumi mintáknál csak rövid szakaszokat tudtunk amplifikálni és szekvenálni és azokat összeilleszteni, a modern mintáknál viszont rögtön hosszabb szakaszokat amplifikáltunk és szekvenáltunk. Így tehát a feldolgozás tulajdonképpen a szekvenálásnál ért össze. Elemezni viszont csak külön tudtuk őket. Ha jól emlékszem, a lábujjpercből, bőrkenetből és májból izolált minták is alkalmasak voltak a multilokusz és a ddRAD szekvenálásra.

1. Fejezet

Valóban, a disszertációból nem derül ki ez az információ, csak a háttéranyagokból, azok esetében is a kiegészítő táblázatokból. A *P. lojanus* leírásánál (Székely et al 2021) az S1 táblázatban (15 db szekvencia), a másik három faj esetében (Székely et al 2023) pedig az Appendix II-ben (25 db szekvencia) a sötéttel szedett szekvenciák az újak és a többi a GenBank-ból töltöttünk le.

Válaszaim a kérdésekre:

1. A *Triturus dobrogicus* elterjedés dinamikáját illetően mi a különbség a 3. ábra 4. 5. és 6. verziója között?

A 3. ábra hat lehetséges verziót különböztet meg a *T. dobrogicus* lehetséges refúgium területeinek pozíciójával és az ott élő állományok időbeni szétválásával kapcsolatban, amiket a dyABC szoftverrel teszteltünk. A különböző kombinációkban megkülönböztettük a földrajzi elterjedést (Pannónia és Duna-Delta) és a genetikai szétválást is (Geneland szoftverrel kapott mintázatot). A 4. verzióban három refúgiumterületet valószínűsítettünk: Észak- és Dél-Pannónia, valamint Duna-Delta, amelyek állományai egyidőben váltak szét egymástól. Az 5. verzióban is ugyan ez a három refúgiumterület merül fel, de a Duna-Delta populáció később válik le a Dél-Pannónia populációról (vagyis Dél-Pannónia az ősbibb). Ennek a változatnak három alváltozatát is teszteltük, amelyekben az LGM három különböző pozícióban helyezkedik ez az időskálán.

5a) a két genetikai csoport szétválása az LGM kezdete előtt történt;

5b) a két genetikai csoport szétválása a keleti csoporton belül az LGM kezdete előtt történt;

5c) a három csoport közötti mindegyik szétválási esemény az LGM kezdete előtt történt.

A 6. verzióban pedig szintén ugyan ez a három csoport és szétválási mintázat szerepel, csak a Duna-Delta populáció számít ősbibbnek.

2. A 18.oldalon a 10. ábra mutatja a pettyes götte (*Lissotriton vulgaris*) SNP adatainak főkomponens analíziseinek eredményét. A kérdésem az, hogy mely változók játszották a legnagyobb szerepet a főtengely kialakításában? itt is lókuszok, vagyis konkrét bázis pozíciók voltak ezek a változók?

Igen, a PCA-elemzésben a változók a genomon elhelyezkedő SNP markereknek – vagyis lókuszoknak - felelnek meg. A magyarázott variancia százalékos aránya azt mutatja, hogy az egyes főkomponensek a teljes genetikai variancia mekkora részét adják. Mivel a PCA több ezer SNP elemzésén alapul, az egyes SNP-k hozzájárulását nem elemeztük. Genomikában a PCA a teljes genomra kiterjedő populációstruktúrát tükrözi.

3. A 22. oldalon felveti a jelölt, hogy a He hőterkép alapján elképzelhető, hogy a pettyes götének volt egy kisebb refúgiumterülete a Kárpát-medencében. Hogyan bizonyítaná ezt?

A pettyes götte kárpát-medencei állományai között az Admixture-elemzés az Északi-középhegységben és a medence déli peremén a Dráva-, Száva-, Duna- és Tisza-folyók összefolyásának régiójában mutatta a legnagyobb genetikai változatosságot. A heterozigótást ábrázoló hőterkép pedig megerősítette ezt a mintázatot a déli régióban. Ezek alapján a legvalószínűbb, hogy a Kárpát-medence déli peremén helyezkedhetett el a faj kisebb refúgiumterülete.

4. A 29-31 oldalon részletesen leírja az *Ichthyosaura alpestris* bakonyi alfajának taxonómiai értékelését a genetikai adatok alapján. de korábban, a 23. oldalon megemlíti, hogy dely külön alfajként írta le a bükki, és zempléni populációkat is. Eredményei tükrében mit tud ezeknek az alfajoknak a validálásáról mondani?

Valóban, Dely Olivér György 1959-ben leírta a *Triturus alpestris bukkiensis*-t a Bükk-hegységből, a *T. a. satoriensis*-t a Zempléni-hegységből és a *T. a. carpathicus*-t a Déli-Kárpátokból Romániában. Tanulmányunkban a Bükkből és Zemplénből származó minták nem mutattak eltérést a törzsalaktól, de az azóta végzett genomszintű elemzések sem utaltak alfaji elkülönülést magyarázó eltérésre. A Déli-Kárpátokból származó populáció egyediségének felismerése viszont szakmailag helyes volt, mivel a Déli-Kárpátok és a Bihar-hegység alpesi

gőteállománya egy önálló alfaj, az *I. alpestris reiseri*-hez sorolható. Werner 1902-ben írta le a *Molge alpestris var. reiseri*-t a Nyugat-Balkánról, és mivel a déli-kárpátoki állomány sem morfológiailag sem genetikailag nem különbözött a Werner által leírt taxon egyedeitől, a *T. a. carpathicus*-t szinonimizálták.

5. A 2. ábrán szerepel a *Salamandra salamandra* Kárpát-medencei populációinak 5 lehetséges kolonizációs elmélete. Az eredmények megvitatása során az 5. elméletet valószínűsítette a Jelölt. Ugyanakkor a populációk földrajzi elhelyezkedése nehezen teszi azt elképzelhetővé, hogy a Budai-hegység és a Visegrádi-hegység populációi egyidejűleg váltak el az Északi-középhegység déli és északi populációinak szétválásával. A Budai-hegység és a Visegrádi-hegység ugyanis délebbre van a Börzsönytől. Milyen konkrét földrajzi úton történhetett ez a párhuzamos leválás? Nem arról van-e szó inkább, hogy ezek a populációk kicsik és elszigeteltek, ezért erősen ki voltak téve a genetikai sodródás hatásának? A többitől való erős differenciálódásuk inkább ennek a következménye lehet, és nem feltétlenül a korai leválásnak.

A Dunakanyar kialakulása egy fontos földrajzi esemény lehetett, amely hozzájárult a Visegrádi-hegység és a Budai-hegység populációinak izolációjához a késő pleisztocén során. Ugyanakkor egyetértek azzal, hogy a jelenlegi földrajzi helyzet alapján nehéz egyértelmű, szinkron kolonizációs útvonalat rekonstruálni, amely párhuzamos leválást feltételezne a Börzsönyhöz és az Északi-középhegység többi részéhez képest. Egyet értek a Bírálóval abban, hogy a Budai- és Visegrádi-hegység populációi kis méretük és izoláltságuk miatt különösen érzékenyek lehettek a genetikai sodródásra, ami hozzájárulhatott a genetikai differenciálódáshoz.

6. A 60. oldalon írja a Jelölt, hogy az interdentális kefével történő mintavétel mintegy 7-szer nagyobb mennyiségű DNS-t eredményez, mint a nyálkahártya tamponnal történő. Van-e arra valamilyen elképzelése, hogy milyen káros következményei lehetnek a kefe alkalmazásának az állat bőrére nézve a tampon alkalmazásához képest? Magyarul, a több DNS jelent-e aránytalanul nagyobb kockázatot az állatra nézve?

Igen, az interdentális kefével való mintázás mindenképpen károsabb az állat bőrére nézve, mint a nyálkahártya tampon. Szálaival durvábban dörzsöli a bőrt, így valószínűleg mechanikai mikrosérülést okozhat a bőrfelületen, ami fájdalommal járhat, károsíthatja a bőrlégzést és akár fertőzést is okozhat. Nem beszélve a stresszről, ami egy ilyen rejtőzködő és az energiáját tartalékoló állatnak hosszútávon gyengítheti az immunrendszerét. Ezért is fejlesztettük ki a módosított nyálkahártya tamponos mintavételt, ami jóval kíméletesebb az állat számára.

7. A *Litoria raniformis* haplotypusainak 4.1. fejezetben bemutatott eredményei alapján világos, hogy négy haplotípus különül el több mutációval a leggyakoribb Lr1 haplotípustól. Meglepő azonban, hogy a Tasmániában előforduló haplotípus (Lr8) csak 3 mutációval tér el, míg az Lr9-11 haplotípusok legalább 38 mutációval. Ha ez utóbbi 3 haplotípus előfordulásának földrajzi helyeit megnézzük, akkor közülük csak 2 található a 33. Ábrán az SA-val jelölt államban, míg a 3. haplotípus Victoria Állam egyik populációjában jelent meg. Ugyanakkor Tasmánia egy elkülönült sziget, amely mintegy 14.000 évvel ezelőtt szakadt el a kontinenstől. Hogy magyarázza ezt az eredményt?
8. Az előző kérdésre részben választ ad a 4.2 fejezetben bemutatott eredmények elemzése. A molekuláris adatok alapján megalapozottnak tűnik az a feltételezés, hogy az északi és a déli *Litoria raniformis* populációk két különálló alfajhoz tartoznak. Ugyanakkor sem a morfológiai sem pedig a hívóhangok elemzésének eredményei nem mutattak

különbséget a két alfaj között. Milyen izolációs tényezőket tétel fel a Jelölt az északi és a déli populációk között, melyek „csak” a molekuláris jellegekre voltak hatással. Különös tekintettel arra, hogy ezek a tényezők gyakorlatilag nem voltak hatékonyak a déli és a tasmániai populációk esetében?

Erre a két kérdésre egyben válaszolnék. Ausztrália élővilágának evolúciós történetében is jelentős szerepet játszottak a klimatikus fluktuációk. A glaciális ciklusokban ezen a kontinensen elsősorban a szárazság és a hideg játszott szerepet, míg az interglaciális ciklusokban a meleg és csapadékos klíma volt a jellemző. Ausztráliát nem borította jégkorszaki kontinentális jégtakaró, csak az ausztrál Alpokban és Tasmánia hegyvidéki részein volt foltszerű eljegesedés. Ha a *Litoria raniformis* elterjedését és genetikai szerkezetét vesszük figyelembe, véleményem szerint az északi és déli alfajok közötti szétválást a 2.7 – 0.7 millió évvel ezelőtt formálódott Bungunnia-tó kialakulása és fejlődése indíthatta el. Ez a kontinens belsejében felgyűlt hatalmas kiterjedésű (60.000 km²) tó a korai Murray-folyó vizéből formálódott, amikor kb. 2 millió évvel ezelőtt a folyótorkolatot eltorlaszolta egy kialakuló földnyelv. Ahogy a legutolsó glaciális ciklusban a klíma szárazabb lett, a tó sótartalma egyre nőtt, ami egyre inkább biogeográfiai barriert jelentett az északi és déli populációk között. A modern Murray-folyó kb. 700.000 évvel ezelőtt újra összeköttetésbe került a tengerrel, így újra édesvíz jellege lett és innentől folyosó szerepet kapott az északi populációk összeköttetésében (McLaren et al 2012, Stephenson 1986). A déli *L. raniformis* alfaj kontinentális és tasmániai állományainak korai elterjedését a folyton ingadozó tengerszint alakíthatta. Ezek az ingadozások feltárták, majd ismét elárasztották a Bassian-síkságot, egy szárazföldi hidat, amely időszakosan, utoljára 14.000 évvel ezelőtt összekötötte Tasmániát a kontinenssel (Dél-Ausztráliában) (Littlejohn and Martin 1964, Parkin et al 2023).

Ezek megmagyarázhatják a 38 mutáció versus 3 mutáció elkülönülést az északi-déli alfajok között és a déli alfajon belül. A 38 mutáció kialakulása ellenére a reprodukív izolációs folyamatok azonban nem fejeződtek be, így a hívóhangok sem változtak meg annyira, hogy az megakadályozza a két alfaj keveredését. Mitokondriális DNS tekintetében 7%, a 65,898 SNP vizsgálatok pedig 11% különbség volt a két vonal között, ami önmagában faji rangot adhatna a két vonalnak. Ugyanakkor a morfológiai és bioakusztikai különbségek hiánya és a hibrid egyedek észlelése Dél-Ausztrália keleti részén és Tasmániában arra utal, hogy a hívek hívóhangja nem egy erős prezigotikus izolációs mechanizmus. Mindezt együtt figyelembe véve döntöttünk az alfaji kategóriába sorolás mellett. Ezen csoport esetében deQueiroz (2020) definícióját alkalmaztuk, miszerint az alfaj nem a fajtól eltérő kategória, hanem a fajok evolúciójának egy olyan szakaszát jelenti, amelyben a genetikai izoláció még nem teljes. Mi tanulmányunkban nem térünk ki a filogeográfiai mintázatokra, mivel nem készítettünk molekuláris kalibrációt. Ennek elsősorban az az oka, hogy az ausztrál kétéltűfaunában kevés a megmaradt fosszília.

Említett irodalom:

DeQueiroz, K. (2020). An updated concept of subspecies resolves a dispute about the taxonomy of incompletely separated lineages. *Herpetological Review*, 51(3), 459–461.

Littlejohn, M., & Martin, A. (1964). The *Crinia laevis* complex (Anura: Leptodactylidae) in south-eastern Australia. *Australian Journal of Zoology*, 12, 70–83.

<https://doi.org/10.1071/ZO9640070>

McLaren, S., Wallace, M. W., & Reynolds, T. (2012). The Late Pleistocene evolution of palaeo megalake Bungunnia, southeastern Australia: A sedimentary record of fluctuating lake dynamics, climate change and the formation of the modern Murray River. *Palaeogeography, Palaeoclimatology, Palaeoecology*, 317–318, 114–127.

<https://doi.org/10.1016/j.palaeo.2011.12.020>

Parkin, T., Donnellan, S. C., Parkin, B., Shea, G. M., & Rowley, J. J. L. (2023). Phylogeography, hybrid zones and contemporary species boundaries in the south-eastern Australian smooth frogs (Anura: Myobatrachidae: *Geocrinia*). *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 189, 107934. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2023.107934>

Stephenson, A. E. (1986). Lake Bungunna—A Plio-Pleistocene megalake in southern Australia. *Palaeogeography, Palaeoclimatology, Palaeoecology*, 57, 137–156. [https://doi.org/10.1016/0031-0182\(86\)90028-8](https://doi.org/10.1016/0031-0182(86)90028-8)

9. Az 5.1 fejezet bevezetőjében (83. oldal) leírja a Jelölt, hogy Bahía állam déli részén 6 *Phyllodytes* faj fordul elő. Ezek között természetesen nem szerepelt az új faj, a *P. amadoi*. Majd a fejezet módszertani részének első mondata a következő: „2015 és 2016 között az új faj 22 példányát gyűjtöttük be...”. Itt nekem hiányzik egy logikai lépcső. Honnan sejtették, hogy (1) ott, azon a területen várható egy új *Phyllodytes* faj felbukkanása, (2) és hogy az aktuálisan begyűjtött példányok a *Phyllodytes* fajcsoport új fajának az egyedei. Hasonlóan szűkszavú volt a Jelölt az új faj lárvái kapcsán. Bár a vizsgált területen két *Phyllodytes*-faj, következésképpen a két faj lárvája fordul elő, a begyűjtött lárvákat egyértelműen az új faj lárváinak tekinti.

Jogos a bíráló felvetése, valóban hiányzik a leírásból a logikai lépcső. Az új faj jelenléte úgy merült fel, hogy a területet járva ismeretlen, azonban *Phyllodytes*-jellegű hívóhangra lettünk figyelmesek. Az ismeretlen hívóhangú példányokat befogva azonosítottuk az új fajt. Ezután intenzíven vizsgáltuk a területet és a *P. amadoi* előfordulását, és az általa használt broméliák szárában találtunk rá a lárvákra. Azt tudtuk, hogy nem a másik *Phyllodytes*-fajhoz tartozik (*P. melanomystax* a fák magasabban fekvő régiójában élő broméliák tankjában szaporodnak), és mivel egy broméliában találtuk meg a petéző nőtényt és a lárvákat, valószínűsítettük, hogy a hozzá tartozó lárvára leltünk. Feltételezéseinket később genetikai tesztek is igazolták (Blotto et al 2020, *Cladistics* 37(1): 36-72.; Dias I. unpublished).

10. A *Phyllodytes amadoi* morfometriájának a többi ismert *Phyllodytes*-fajjal való összehasonlítása lényegében egy leírás (86. oldal). a kérdésem az, hogy végzett-e a Jelölt statisztikai analízist az új faj morfometriai adatai alapján? Meg tudja-e mondani, hogy melyik az a morfológiai vagy akusztikai jelleg, amely egyértelműen elkülöníti az új fajt a korábban leírt fajoktól?

Valóban, egy leíró összehasonlítást végeztünk csak az új faj és a már leírt fajok között, statisztikai elemzést nem. A faj legjellegzetesebb morfológiai jellege, ami az összes többi fajtól elkülöníti az a kis testmérete (21.7–23.0 mm nőstényeknél és 15.6–21.5 mm hímeknél) és a hátí mintázata (halványbarna, szabálytalan krémszínű foltokkal), vagyis ennek a két jellegnek az együttese. Akusztikai szempontból a *P. amadoi* hangját magas domináns frekvencia jellemzi, ami élesebb és magasabb hangot jelent, mint a többi faj esetében.

11. Az 5.2 fejezetben a *Pristimantis* nemzetség több fajának DNS szekvenciáit elemzi a jelölt. Bár ezek a szekvenciák részben mitokondriális (12s és 16S rRNS), részben pedig magi (RAG-1 gén) eredetűek, egy egységes 2339 bp hosszúságú szekvenciát alkalmaztak a *P. lojanus*, míg egy 2733 bp hosszúságút a *P. orestes* fajcsoport filogenetikai elemzése során. Nem jelent-e problémát az eredmények értelmezés során az, hogy a magi DNS és a mtDNS eltérő mikrokozmoszban fordul elő (pl. mutációk gyakoriságának különbsége), és hogy az öröklődés módja, és ebből adódóan a rekombináció gyakorisága is jelentősen eltér a két DNS esetében?

A dolgozatban valóban nem részleteztem, de a szekvenciák elemzése során a PartitionFinder szoftvert használtuk annak eldöntésére, hogy a konkatenált (összefűzött) szekvenciát hogyan partícionáljuk (összük fel), és milyen evolúciós modelleket alkalmazzunk az egyes részeire. A

szoftver különválasztja a géneket és egyenként elemzi (kondonpizícióként bontva őket), azonosítva azokat, amelyek hasonló/eltérő evolúciós mintázatot mutatnak. Ezután kiválasztja a legjobban illeszkedő szubsztitúciós modellt. Ezzel a szétválasztással a további elemzés során figyelembe tudjuk venni, hogy a mitokondriális és a magi DNS különböző sebességgel és módon változik az evolúció során.

12. A 99. oldal 56. ábrája jól szemlélteti a *Pristimantis lojanus* hímjeinek és nőstényeinek a morfológiai változatosságát. Nem lévén taxonómus, egyszerű biológusként szemlélve az ábrákat, azt láttam, hogy sem a színekben, sem pedig a mintázatban nincsenek olyan elemek, amelyek konzekvensen megjelennének a bemutatott 6 egyednél. Az lenne a kérdésem, hogy a terepen, miként lehet az egyedeket felismerni és a megfelelő fajhoz besorolni? Ez a kérdés kapcsolódik a mintavételezés kapcsán feltett kérdésemhez is.

Dél-Ecuadorban a *Pristimantis*-fajok kis elterjedésűek, regionálisak, nagyon ritkán fed át az előfordulásuk. A *P. lojanus* is csak Loja környékén él, amely régiót csak néhány más *Pristimantis*-faj érint. A *P. lojanus* legfontosabb tulajdonságai a nagy méret – jóval nagyobb, mint a többi itt élő faj, az előre álló orrcsúcs kiugró ornyereggel – ami bár a fényképeken annyira nem jelentős, terepen azonnal szembetűnik. Ezen kívül egyértelműen elkülönül a többi rokon fajtól a hívóhangja – egy sor füttyre emlékeztető hang.

13. A 100-101. oldalon az előfordulás kapcsán írja a jelölt, hogy a *Pristimantis lojanus* számára a megfelelő élőhelyen viszonylag gyakori. Az lenne a kérdésem, hogy korábban milyen fajként azonosították a Loja környékén élő *P. lojanus* egyedeket?

A Loja város környékén élő egyedeket korábban a *P. phoxocephalus* fajhoz sorolták (Lynch 1979-ben írta le), amelynek elterjedését Perutól Észak- és Nyugat-Ecuadorig határozták meg. Ezt a fajt sokáig egy igen változatos fajnak tartották, mígnem Páez & Ron (2019) kimutatta, hogy valójában több fajt foglal magába. Ekkor fogalmazódott meg az elhatározás Ecuadorban élő kollégáimban, hogy érdemes lenne a Loja környékén élő populációk integratív taxonómiai elemzését elvégezni.

14. Mind az 51. mind pedig a 61. ábrán bemutatott filogram alapján felvetődik bennem a kérdés, hogyan magyarázható, hogy az új fajok szekvenciái csak a saját gyűjtésű egyedekből származnak. Vajon miért nem jelentek meg a Genbank szekvenciái között? Ez különösen igaz a *Pristimantis lojanus* esetében, amit meglehetősen gyakorinak tételeznek fel Loja környékén.

Valószínűleg azért nem szerepeltek a *P. lojanus* faj szekvenciái a GenBank-ban, mert ezelőtt senki nem foglalkozott Dél-Ecuador kételtűinek – ezen belül a *Pristimantis* genusz - molekuláris taxonómiájával ilyen részletességgel. Éppen a kriptikussága, a nehezen határozhatósága miatt a molekuláris módszerek elterjedése, megfizethetősége, az integratív megközelítés, és pár ember kíváncsisága a gyakorinak számító városi faj kapcsán kellett ahhoz, hogy a faji határok meghúzhatóak legyenek.

Még egyszer szeretném megköszönni az alapos bírálatot,

Tisztelettel,



Vörös Judit

Budapest, 2026. április 29.