

**Állatorvostudományi Egyetem
Állatorvostudományi Doktori Iskola**

**Filogeográfiai és populáció-genetikai
vizsgálatok a Kárpát-medence rétisas-
populációjában (*Haliaeetus albicilla*)**

PhD értekezés tézisei

Nemesházi Edina

2017

Állatorvostudományi Egyetem
Állatorvostudományi Doktori Iskola
Budapest, 2017

Témavezető:

Dr. Kövér Szilvia, Ph.D.
Ökológiai Tanszék
Állatorvostudományi Egyetem
Témavezető

.....
Nemesházi Edina

Tartalomjegyzék

Bevezetés	4
Mintavételi nehézségek	4
Egyedszám-változások az európai állományokban	6
A réthisas viselkedésökológiája	7
Célkitűzések	9
Anyag és módszer	11
Rezidens réthisasok mintavételének tesztelése	11
A genetikai struktúra vizsgálata Európában	12
A párválasztás és a territoriális betolakodás vizsgálata	12
Ivari különbségek vizsgálata a kelési diszperzióban	13
Eredmények	14
Rezidens réthisasok mintavételének tesztelése	14
A genetikai struktúra vizsgálata Európában	14
A párválasztás és a territoriális betolakodás vizsgálata	15
Ivari különbségek vizsgálata a kelési diszperzióban	17
Következtetések	18
Természetvédelmi jelentőség	20
Állatorvosi jelentőség	20
Új tudományos eredmények	22
A doktori kutatás eredményeinek közlései	24
A szerző további publikációi	27

Bevezetés

A rétisas (*Haliaeetus albicilla*, Linneus 1758) a *Falconiformes* (sólyomalkatúak) rend *Accipitridae* családjába, azon belül is a *Haliaetinae* alcsaládba tartozó faj. E nagytestű ragadozómadár fészkelő állományai napjainkban a Palearktisz teljes szélességében, illetve Grönlandon is megtalálhatók.

Vízhez kötött életmódú faj, mely első sorban halakkal és vízimadarakkal táplálkozik, de jól alkalmazkodik az egyes élőhelyek táplálékkészletéhez. Mint csúcsragadozók, fontos szerepet töltenek be a vizes területek ökológiai rendszereiben. Territoriális, monogám, hosszú élettartamú faj (egyedei a természetben több, mint 20 évet is élhetnek).

A rétisasok az ivarérettséget kb. 5 éves korban (6. naptári év) érik el. A fiatal madarak vándoroló életmódot folytatnak és akár több száz, vagy több ezer kilométerre is eltávolodhatnak a kikelési helyüktől. Jellemző azonban, hogy a párválasztás és territórium-foglalás idejének érkezésekor visszatérnek a kikelési helyük közelébe: un. filopatikus faj.

Mintavételi nehézségek

A rétisas az emberi zavarásra igen érzékeny faj, ezért különösen a tojásrakási időszakban kerülni kell a bolygatásukat. A fiókák egy részét még kirepülés előtt minden évben meggyűrűzik az illetékes nemzeti parkok munkatársai

számos európai ország területén, a felnőtt költő madarak többsége azonban nem rendelkezik egyedi jelöléssel.

A madarak vizsgálatánál leggyakrabban használt terepi módszerek (gyűrűzés, szárnyjelölés) az egyedek befogását igénylik. Ez azonban sokszor nehézségekbe ütközik, vagy biztonságosan nem is megoldható amikor nagytestű ragadozómadarak felnőtt egyedeinek vizsgálata a cél. Ilyen esetekben egyre gyakrabban alkalmaznak nem-invazív mintavételi módszereket a kutatók: az egyedek által hátrahagyott képletek (pl. tollak) felhasználásával, molekuláris biológiai módszerekkel vizsgálják az állatokat. A DNS-alapú módszerek egyaránt lehetővé teszik populáció szintű, és egyedi szintű vizsgálatok kivitelezését. Vizsgálható például a populációk közötti génáramlás iránya és mértéke, vagy akár az egyes egyedek mozgási mintázatai is nyomon követhetők, illetve feltérképezhetők az egyedek közötti rokonsági viszonyok is.

Territoriális ragadozómadár fajoknál feltételezni szokták, hogy a fészek közelében gyűjtött vedlett tollak az adott territóriumot tartó pár tagjaitól származnak. Elképzelhető azonban, hogy a territóriumra betolakodó fajtársak által elhullajtott tollak tévútra vihetik a kutatót: a DNS alapján azonosított egyedeket tévesen rezidens (a territóriumot foglaló) egyednek tekintheti. Nem ismerünk olyan vizsgálatot azonban, amely ennek a hibának a gyakoriságát feltérképezte volna rétisasok esetén.

Egyedszám-változások az európai állományokban

A 19. században a rétisas gyakori fajnak számított a Kárpát-medencében. A 20. század első felében azonban mind a hazai, mind más európai állományai drasztikus mértékben lecsökkentek: több országból teljesen eltűnt, más országokban csupán néhány tíz fészkelő pár maradt fenn. Az állománycsökkenés főbb okai közé sorolható a DDT széleskörű mezőgazdasági alkalmazása és az élőhely lecsökkenése, de a madarak szándékos pusztítása is szerepet játszott. A DDT és más káros vegyületek betiltásának, illetve a szigorú fajvédelmi intézkedések bevezetésének köszönhetően a rétisas európai állományai mára stabilizálódtak: 9-12 000 párra becsülik a teljes európai költőállományt, ebből a Kárpát-medencében kb. 500 pár költ.

A Kárpát-medence fontos élőhely a faj számára. Nem csupán jelentős költőállományt tart fenn, de fontos telelőterületeket is magába foglal. A populációk hanyatlásának időszakában sem tűnt el teljesen a rétisas a Kárpát-medence területéről: Magyarországon kb. 10-12 pár, az egész Kárpát-medencében pedig kb. 50 pár maradt fenn ebben az időszakban. A közelmúltban több kutatás is foglalkozott az európai állományok genetikai struktúrájával, azonban az egyik legdélebbi költőterület, a Kárpát-medence, kevés figyelmet kapott. Ezért a mai Kárpát-medencei rétisas-populáció eredete tisztázatlan: vajon kizárólag az itt fennmaradt költő állomány leszármazottai

költének ma a területen (ahogyan a faj filopatikus viselkedéséből várható), vagy a távolabbi populációkból ide látogató (első sorban teelő) egyedek is megtelepedtek a Kárpát-medencében?

A 20. század során Európa néhány országában a kihalt rétisaspopulációk eredeti élőhelyén mesterséges visszatelepítést végeztek. A Cseh Köztársaság területén szabadon engedett 11 rétisas mindössze két költőpártól származott, és a szülők eredete bizonytalan: a természetben sérülten talált, egyedi azonosítóval nem rendelkező madarak voltak. Feltételezhető, hogy ez a betelepítés jelentős hatást gyakorolt a populáció mai genetikai összetételére, azonban erre irányuló vizsgálatot eddig nem végeztek.

A rétisas viselkedésökológiája

A rétisas (más nagytestű ragadozómadarakhoz hasonlóan) szociálisan monogám. Ilyen fajokra általában jellemző, hogy a páron kívüli fiókák aránya alacsony vagy elhanyagolható, ezért genetikai szempontból is monogámnak tekinthetők.

A rokonok közötti szaporodásnak (azaz beltenyésztésnek) számos negatív hatása ismeretes az egyedek túlélési és szaporodási sikerére. A genetikailag monogám fajok esetén fontosabb lehet a rokonok elkerülése a párválasztás során, mint azon fajok esetén, amelyek egyedei csak egy-egy költési szezonra választanak párt, vagy amelyeknél gyakoriak a páron

kívüli fiókák. A beltenyésztés valószínűsége csökken, ha az egyedek nagyobb távolságban telepednek le a kikelési helyüktől (kelési diszperzió), illetve akkor is, ha az ivarok között jellemzően eltér ez a távolság. Irodalmi adatok alapján rétisasok esetén is előfordulnak ezek a stratégiák, ám eddig csupán néhány populációban vizsgálták a kelési diszperziót.

A beltenyésztés direkt elkerüléséhez a rokonok felismerése szükséges. Bár néhány madárfajnál kimutatták ezt a képességet, természetes madárpopulációkban csak ritkán találtak bizonyítékot arra, hogy a párválasztásban a rokonok elkerülése fontos szerepet töltene be. Rétisasok esetén azonban ezt a kérdést még nem vizsgálták.

Számos ragadozómadár fajnál megfigyelték már, hogy a foglalt territóriumokon időnként megjelenhetnek betolakodó fajtársak, melyek akár a fészek közvetlen közelébe is ellátogathatnak. Feltételezések szerint a betolakodók célja lehet, hogy szaporodási lehetőséghez jussanak, vagy elfoglalják a kiszemelt territóriumot. Azt is többször megfigyelték, hogy a fiatal madarak vándorlásuk során újra és újra visszatérnek a kikelési helyükhöz, így elképzelhető, hogy a betolakodók között is előfordulnak. A betolakodások háttérében álló folyamatok feltérképezésére eddig csupán kisszámú kutatás irányult.

Célkitűzések

1. Teszteltük, hogy a költési időszakban rétisas fészkek környékén gyűjtött vedlett tollak megbízható mintaként szolgálnak-e a territóriumot foglaló költő pár tagjainak vizsgálatára: jelentős-e a betolakodók által elhullajtott tollak aránya?

2. Az európai költő állományok genetikai struktúrájának vizsgálata során két fő kérdésre koncentráltunk:

- A Kárpát-medence állományának visszatelepülése a 20. század végén a lokálisan fennmaradt populáció szétterjedése révén történt, vagy távolabbi populációkból is történt génáramlás?
- Mely populációból származhattak a Cseh Köztársaság területén szabadon engedett madarak?

3. A beltenyésztés mértékének csökkentését segítő kétféle stratégia előfordulását vizsgáltuk a Kárpát-medencében. Genotípus-összehasonlításból becsült rokonsági viszonyok segítségével vizsgáltuk az alábbi kérdéseket:

- Mutatnak-e rokonelkerülést rétisasok a párválasztásban: a véletlenszerű párválasztás esetén várthoz képest kisebb-e a valódi párok rokonsága?

- Van-e ivarok közti különbség a kelési diszperzióban: mekkora távolságra költenek egymástól a feltételezhetően közeli rokon egyedek?

4. Foglalt rétisas-fészkek közelében gyűjtött vedlett tollak segítségével vizsgáltuk a fajtársak betolakodásának hátterében álló, egymást nem kizáró lehetséges okokat: a betolakodó egyedek származhatnak-e a meglátogatott populációból, illetve szolgálhatja-e a párkeresést vagy a territórium-foglalást a betolakodási viselkedés?

Anyag és módszer

A vizsgálatokhoz összesen a Kárpát-medencében gyűjtött 247 vedlett rétisas tollból, 167 gyűrűzéskor tépett fiókatollból, valamint más európai állományokból származó további 118, különböző szövetekből kinyert DNS mintát használtunk fel.

Minden alábbi vizsgálat alapját képezték az egyes mintákból meghatározott, 11 vagy 12 markerből álló mikroszatellita genotípusok.

Az életkorra jellemző bélyegeket hordozó vedlett tollak alapján az egyedek életkorát is becsültük.

Rezidens rétisasok mintavételének tesztelése

Mivel a rétisas monogám faj, feltételeztük, hogy egy territóriumon mintázott egyedek közül az az egyed rezidens, amely a genotípusa alapján az adott évben az adott territóriumon kikelt fiókák anyja illetve apja lehet.

Fisher-féle egzakt teszttel hasonlítottuk össze a rezidens illetve nem-rezidens egyedek arányát a legalább 3 toll alapján azonosított, és a kevesebb, mint 3 toll alapján azonosított egyedek között. Szintén Fisher-féle egzakt teszttel vizsgáltuk, hogy a territóriumot tartó rezidens egyedek vedlett toll alapján történő azonosításának az esélye különbözik-e az ivarok között.

A genetikai struktúra vizsgálata Európában

Az Európa különböző állományokban költő, vagy fiókaként mintázott egyedek mikroszatellita genotípusát két, Bayes-i elveken alapuló módszer segítségével rendeztük genetikai klaszterekbe, hogy feltérképezzük az egyes állományok genetikai struktúráját.

Meghatároztuk továbbá 59, a Kárpát-medencében kikelt fióka haplotípusát egy 499 bp hosszúságú mitokondriális DNS szakaszon, és a kapott eredményeket összevetettük Európaszerte gyűjtött szakirodalmi adatokkal.

A Kárpát-medence, valamint a Cseh Köztársaság mai állományában található egyedek genetikai eredetét mind gyakoriság-alapú, mind Bayes-i módszerek felhasználásával megbecsültük, és a kapott eredményeket összevetettük.

A párválasztás és a territoriális betolakodás vizsgálata

A költő madarakat és a territóriumukra betolakodó egyedeket 2013 és 2015 között, a fészkek közvetlen közelében gyűjtött vedlett tollak alapján azonosítottuk a Boronka-melléki Tájvédelmi Körzetben és a hozzá kapcsolódó erdőben (továbbiakban Boronka). A párválasztás során történő rokonelkerülés vizsgálatához a Kárpát-medence más területén költő pároktól gyűjtött tollakat is felhasználtunk.

Az egyedi genotípusok alapján megbecsültük az egyedek páronkénti rokonsági fokát. Randomizációs tesztekkel vizsgáltuk, 1) hogy a valódi párok tagjai közötti rokonság eltér-e a random párválasztás esetén várttól, illetve 2) hogy a betolakodó egyedek és az ellentétes ivarú rezidensek páronkénti rokonsága eltér-e a random betolakodás esetén várttól.

Azt, hogy a betolakodók nagyobb eséllyel látogatták-e a régóta foglalt territóriumokat, Fisher-féle egzakt tesztekkel vizsgáltuk.

Azt, hogy a betolakodók a Boronkán költő egyedek egykori fiókái lehetnek-e, apasági, anyasági, és szülőpár tesztekkel vizsgáltuk, az egyedi genotípusok alapján.

Ivari különbségek vizsgálata a kelési diszperzióban

A Kárpát-medence területén költő egyedek páronkénti rokonságának és költési távolságának összevetésével kerestünk ivarok közötti különbséget a kelési diszperzióban.

Mivel a rétisasok jellemzően hosszú távon hűek a territóriumukhoz, feltételeztük, hogy egy ivaron belül a közeli rokon (testvér vagy szülő-utód kapcsolat) egyedek költési távolságai jellemzően nagyobbak, ha a kelési diszperziójuk nagyobb. Azt, hogy a rokon nőstények páronkénti költési távolsága nagyobb-e, mint a rokon hímeké, Wilcoxon-féle rangösszeg próbával vizsgáltuk.

Eredmények

Rezidens rétisasok mintavételének tesztelése

Összesen 25 territóriumban vizsgáltuk, hogy a fészek közelében gyűjtött vedlett tollak (N=152) megbízható mintái-e a territóriumot tartó rezidens egyedeknek. Átlagosan a vedlett tollak 79%-a tartozott a rezidens tojókhoz és 18%-a a rezidens hímekhez, míg átlagosan a tollak 2%-át hullajtották el betolakodók és 1%-át fiókák.

A Fisher-féle egzakt teszt alapján szignifikánsan nagyobb az esélye annak, hogy az azonosított egyed rezidens, ha legalább 3 vedlett tollát megtaláltuk, mint ha kevesebb, mint 3 tollat találtunk tőle ($p < 0.005$).

Szintén szignifikánsan különbözött a rezidens egyedeken belül tojó mintázásának esélye a hím mintázásának esélyétől ($p < 0.005$).

A genetikai struktúra vizsgálata Európában

A vizsgált európai populációkban (218 egyed alapján) három fő genetikai klasztert találtunk, melyek gyakoriságai észak-déli irányban változtak: eszerint északi, középső illetve déli klaszternek neveztük el őket. A déli klasztert kizárólag a Kárpát-medencében gyűjtött mintákban találtuk meg, míg az északi és a középső klaszter minden tájegységen előfordult.

A földrajzi és genetikai adatok együttes figyelembevételével a vizsgált populációk öt nagyobb egységre voltak oszthatók: 1) Kárpát-medence, 2) Németország és Lengyelország területe, valamint a cseh állomány északnyugati része, 3) a cseh állomány nagy része, 4) a finn Lappföld és Litvánia területe, 5) a Balti-tenger parti régiója Finnországban.

A saját Kárpát-medencei mintáinkban összesen négy haplotípust találtunk a vizsgált mitokondriális DNS szakaszon, melyek közül egy (B12) kizárólag a Kárpát-medencében ismert, és az itt vizsgált egyedek 17%-ában fordult elő.

Eredményeink alapján a Kárpát-medence újra-kolonizált területein ma legnagyobb arányban a Kárpát-medencéből származó egyedek találhatóak meg (min. 33%, emellett sok a bizonytalan besorolású egyed is), de olyan rétisas egyedeket is azonosítottunk, amelyek valószínűleg északi eredetűek. A cseh állományban a környező populációkhoz képest igen nagy az északi származású egyedek aránya (41%).

A párválasztás és a territoriális betolakodás vizsgálata

Ebben a vizsgálatban 24 rezidens (12 hím, 12 tojó) és 16 betolakodó (5 hím, 10 tojó, 1 ismeretlen ivarú) egyed genotípusait használtuk fel a Boronka területről, és további 24 rezidensét Magyarország más területeiről.

A valódi költőpárok tagjainak az átlagos rokonsága (0.013, $sd=0.03$, 12 költőpár) a Boronka területen szignifikánsan kisebb volt, mint a random párválasztás esetén várható átlagos rokonság értékek ($p<0.03$). A vizsgálati területet kibővítve Délnyugat-Magyarországra hasonló eredményeket kaptunk (16 költőpár).

A betolakodó egyedek között mind a hímek, mind a tojók páronkénti rokonsága a meglátogatott ellentétes ivarú rezidens egyedekkel általában igen alacsony volt (median=0 mindkét ivarban). Ezen páronkénti rokonságok átlaga azonban nem tért el szignifikánsan a random betolakodás esetén várható átlagos értékektől.

A Fisher-féle egzakt tesztek eredménye alapján a régóta foglalt és az újabb territóriumokon hasonló eséllyel történt betolakodás, de a hím betolakodók több, mint 5x nagyobb eséllyel látogattak meg régóta foglalt territóriumot, mint a tojók. Ez a különbség azonban (feltehetően a kis mintaszám miatt) nem volt szignifikáns.

Az apasági, anyasági és szülőpár tesztek alapján a betolakodók nagy valószínűséggel a Boronkán kívüli területekről származtak, és egyetlen esetben sem lehettek a mai párok közös, korábbi fiókái.

Három általunk rögzített esemény különösen érdekes volt: 1) egy betolakodó tojó a következő évben a költő tojó helyébe

lépett, 2) az egyik legrégebbi territóriumon, ahol sok betolakodás történt, a korábbi rezidens hímet felváltotta egy új hím, 3) egy rezidens, fészekaljjal rendelkező tojó ellátogatott egy másik pár fészékének közvetlen közelébe.

Ivari különbségek vizsgálata a kelési diszperzióban

Ebben a vizsgálatban 73 rezidens egyedet vizsgáltunk (24 hím, 49 tojó), melyek genotípusait összesen 214 vedlett toll alapján határoztuk meg.

A térbeli genetikai autokorrelációs analízisek nem mutattak ki térbeli genetikai struktúrát sem a költő hímek, sem a költő tojók között a Kárpát-medencében.

Összesen 43 olyan tojó-tojó és 13 olyan hím-hím párosítást találtunk, amelyekben az egyedek közötti becsült maximum likelihood rokonság értéke 0.4 fölött volt. Ezen egyedpárok alapján a medián költési távolság tojók esetén 136 km (max. 378 km), míg hímek esetén 38 km (max. 247 km) volt két közeli rokon egyed között. A Wilcoxon-féle rangösszeg próba kimutatta, hogy a jellemző költési távolság szignifikánsan nagyobb a közeli rokon tojók között, mint a közeli rokon hímek között.

Következtetések

Igazoltuk, hogy a fészkek közelében költési időszakban gyűjtött vedlett tollak jól használhatóak a rezidens egyedek DNS-mintavételére. Mivel azonban e tollak kisebb része betolakodóktól is származhat, territóriumként nagyobb mennyiségű toll vizsgálata javasolt amennyiben nem állnak rendelkezésre fióka minták a szülőpár meghatározásához.

Mikroszatellita genotípusok vizsgálata alapján a vizsgált európai rétisas-állományokat három nagyobb populációba sorolhatjuk: 1) déli (Kárpát-medence), 2) középső (Lengyelország, Németország, Északkelet-Ausztria és feltehetően a Cseh Köztársaság területén költő természetes eredetű állomány), valamint 3) északi (Finnország, Litvánia és feltehetően Észtország állománya). Az északi állomány tovább osztható egy partvidéki és egy belső populációra.

Mikroszatellita genotípusok alapján Kárpát-medencei állományra jellemző egyedi genetikai klasztert találtunk. A mitokondriális DNS vizsgálata során pedig megállapítottuk, hogy a B12 haplotípus nem csak egyedi, de egyúttal gyakori haplotípus a Kárpát-medence rétisas-populációjában. Eredményeink megerősítették, hogy a Kárpát-medence 1970-es évek után történt újra-kolonizáció első sorban lokális diszperzió eredménye, azonban arra is rámutattak, hogy az északabbra fekvő populációkból érkező egyedek közül is

megtelepedett itt néhány. Azt is kimutattuk, hogy a Cseh Köztársaság területén végzett betelepítés a helyi populáció mai genetikai struktúráját jelentősen mértékben befolyásolta.

Nagy migrációs képessége ellenére, a rétisásra jellemző filopatria alapján várható bizonyos mértékű genetikai struktúra jelenléte az egyes populációk között (illetve akár populációkon belül is). Eredményeink alapján elmondható, hogy a Kárpát-medence önálló rétisas populációt tart fenn egyedi genetikai kompozícióval. E populáción belül azonban nem találtunk finomabb skálájú genetikai struktúrát. A költő populáció egyedeinek rokonsági viszonyai alapján úgy látjuk, hogy a Kárpát-medencén belüli struktúra hiánya legalább részben a hosszú távú kelési diszperziók előfordulásából adódik, amelyek a tojók között gyakoribbak lehetnek.

Fajvédelmi szempontból fontos, hogy megértsük a populáció fiatal egyedeinek mozgásmintázatait, hiszen a jövőben ezekből az egyedekből fog állni a költő populáció. Éppen ezért, genetikai adataink alapján vizsgáltuk a kelési diszperzió mértékét és a fészkek közelébe történő betolakodások hátterét is. Eredményeink igazolták, hogy a kelési diszperzió jelentősebb a tojók között, és a territoriális betolakodásban is találtunk ivari különbségeket. Úgy látszik, hogy az ivarok között eltérő kelési diszperzió hozzájárul a Délnyugat-Magyarországon talált általánosan alacsony ivarok közötti rokonsághoz. A betolakodási események vizsgálata alapján

arra a következtetésre jutottunk, hogy a fészkek közelébe történő betolakodás része lehet a territórium- és párkeresési stratégiának a rétisas esetén.

A költő madarak ivarok közötti páronkénti genetikai rokonságainak összevetése alapján arra a következtetésre jutottunk, hogy a rétisasok képesek lehetnek elkerülni a rokonokat a párválasztás során. Úgy gondoljuk, hogy a nagytestű ragadozómadarakra jellemző tartós genetikai monogámiával összefüggésben, valamilyen direkt rokonelkerülési mechanizmus alakulhatott ki a fajban.

Természetvédelmi jelentőség

Eredményeink alapján a Kárpát-medence rétisas-populációja nem csak egyedszáma, de egyedi genetikai struktúrája miatt is jelentős a faj védelmének szempontjából. Az észak felől történő bizonyos mértékű génálmás fennmaradását, és így az állomány stabilitását elősegítheti a telelőterületek védelme.

Megmutattuk, hogy megfelelő kritériumok felállítása mellett a rétisas-populációk hatékonyan vizsgálhatók nem-invazív mintavételi módszerekkel. Ezek a módszerek lehetővé teszik az állományok hosszú távú, természetvédelmi célú vizsgálatát.

Állatorvosi jelentőség

A rétisas nem csupán csúcsragadozó, de fakultatív dögevő is. A tetemek természetből való eltakarításával jelentősen

hozzájárulhat a vadállomány egészségének megőrzéséhez, így védelme állategészségügyi szempontból is jelentős lehet.

A német-lengyel-cseh populációban elterjedt egy ismeretlen úton terjedő tollfejlődési rendellenesség (pinching off syndrome), amely más populációkra nem jellemző. Mivel az európai állományok egyedszámai folyamatosan nőnek, az egyedek diszperziójának következtében a közeli jövőben a szomszédos populációkban is elterjedhet ez a betegség, beleértve a Kárpát-medence állományát is.

Új tudományos eredmények

1. A vedlett tollak fészkek közelében történő gyűjtése megfelelő mintavételi módszer a rezidens rétisas egyedek vizsgálatához. Ahhoz azonban, hogy elkerüljük a betolakodók rezidensként való azonosítását, szigorú kritériumokat kell felállítani.

2. A vizsgált európai állományok három nagy populációra oszthatók: déli (Kárpát-medence), középső (Lengyelország, Németország, Északkelet-Ausztria és feltehetően a Cseh Köztársaság területén költő természetes eredetű állomány), északi (Finnország, Litvánia és feltehetően Észtország).

3. Mind a mikroszatellita-alapú genetikai klaszterek eloszlása, mind a B12 haplotípus egyedi volta arra enged következtetni, hogy a Kárpát-medence újrakolonizációja első sorban a kis, helyi fennmaradt populációból származó egyedek diszperziója útján történt az 1970-es évek populációs hanyatlását követően. A B12 mitokondriális haplotípus nem csupán egyedi, de gyakori is a Kárpát-medence rétisas-állományában.

4. A Kárpát-medence költőállományának mai genetikai összetételéhez az északi illetve középső populációkból származó bevándorló egyedek is hozzájárultak.

5. Feltehetően a Cseh Köztársaság állományának természetes újra-kolonizációja is első sorban a környező (középső) populációból történt, de a valószínűleg északi eredetű,

mesterségesen betelepített egyedek jelentősen befolyásolták a terület mai genetikai összetételét

6. Páronkénti genetikai rokonság becsléseink alapján a rétisasok képesek lehetnek rokonelkerülésre a párválasztás során.

7. A genetikailag rokon egyedpárok költési távolságai alapján első sorban a tojók között fordulhat elő nagyobb távolságú kelési diszperzió.

A doktori kutatás eredményeinek közlései

1. Lektorált, impakt faktorról bíró tudományos folyóiratban megjelent publikációk

Nemesházi E., Kövér Sz., Zachos F.E., Horváth Z., Tihanyi G., Mórocz A., Mikuska T., Hám I., Literák I., Ponnikas S., Mizera T., Szabó K.: **Natural and anthropogenic influences on the population structure of white-tailed eagles in the Carpathian Basin and central Europe**, J. Avian Biol., 47. 795-805, 2016. (IF₂₀₁₆: 2.228)

Nemesházi E., Szabó K., Horváth Z., Kövér Sz.: **The effects of genetic relatedness on mate choice and territorial intrusions in a monogamous raptor**, J. Ornithol., 'online first', 2017. (IF₂₀₁₆: 1.468)

2. Lektorált, impakt faktorról nem bíró tudományos folyóiratban megjelent publikációk

Nemesházi E., Horváth Z., Mórocz A., Mikuska T., Tihanyi G., Szabó K.: **A Kárpát-medence rétisas-populációjának (*Haliaeetus albicilla*) filogeográfiai és populációgenetikai vizsgálata**, Állattani Közlemények, 98. 65-79, 2013.

3. Lektorált folyóirathoz benyújtott kézirat

Nemesházi E., Szabó K., Horváth z., Kövér Sz.: **Genetic structure confirms female-biased natal dispersal in the**

White-tailed Eagle population of the Carpathian Basin.

Beküldve az Acta Zool. Acad. Sci. Hungaricae folyóirathoz
2017-ben. (IF₂₀₁₆: 0.52)

4. Hazai és nemzetközi konferenciákon tartott előadások

Nemesházi E., Szabó K.: A Kárpát-medence rétisas-populációjának filogeográfiai és populáció-genetikai vizsgálata. Akadémiai beszámolók (MTA Állatorvostudományi Bizottsága és SZIE Állatorvos-tudományi Doktori Iskola), Budapest, 2013.

Nemesházi E., Szabó K.: A Kárpát-medence rétisas-populációjának filogeográfiai és populációgenetikai vizsgálata. A Magyar Biológiai Társaság Állattani Szakosztályának 1007. előadójelentése, Budapest, 2013.

Nemesházi E.: A Kárpát-medence rétisas-populációjának (*Haliaeetus albicilla*) filogeográfiai és populáció-genetikai vizsgálata. XXXI. Országos Tudományos Diákköri Konferencia, Szeged, 2013.

Nemesházi E., Szabó K., Kövér Sz.: Filogeográfiai és populáció-genetikai vizsgálatok a Kárpát-medencei rétisas-populációban (*Haliaeetus albicilla*). Annual meeting of the Committee for Veterinary Science of the Hungarian Academy of Science and the Postgraduate School of Veterinary Science, Budapest, 2014.

Nemesházi E., Szabó K., Horváth Z., Kövér Sz.: Individual identification of white-tailed eagles, based on microsatellite loci. „When phylogeny and geography meet conservation” international conference, Debrecen, 2014.

Nemesházi E., Kövér Sz., Szabó K.: A rétisas (*Haliaeetus albicilla*) európai állományainak genetikai struktúrája, különös tekintettel a Kárpát-medencére. Akadémiai beszámoló (MTA Állatorvos-tudományi Bizottsága és SZIE Állatorvos-tudományi Doktori Iskola), Budapest, 2015.

5. Hazai és nemzetközi konferenciákon bemutatott poszterek

Nemesházi E., Kövér Sz., Szabó K.: Population structure of European populations of the white-tailed eagle (*Haliaeetus albicilla*), paying particular attention to the Carpathian Basin. XVI. Student Conference on Conservation Science. Cambridge, 2015.

Nemesházi E., Kövér Sz., Szabó K.: Origin of re-colonized White-tailed Eagle (*Haliaeetus albicilla*) populations in Central Europe. X. Congress of the European Ornithologists' Union, Badajoz, 2015.

Nemesházi E., Szabó K., Horváth Z., Kövér Sz.: Rétisasok rokonsági viszonyainak jelentősége a

párválasztásban és a betolakodásban. XVIII. Magyar
Etológus Konferencia, Debrecen, 2016.

A szerző további publikációi

1. Lektorált, impakt faktoralal bíró tudományos folyóiratban
megjelent publikációk

Vili N., **Nemesházi E.**, Kovács Sz., Horváth M., Kalmár L.,
Szabó K.: **Factors affecting DNA quality in feathers
used for non-invasive sampling**, J. Ornithol., 154. 587-
595, 2013. (IF₂₀₁₃: 1.927)

Bókony V., Kövér Sz., **Nemesházi E.**, Liker A., Székely T.:
**Climate-driven shifts in adult sex ratios via sex
reversals: the type of sex determination matters**,
Philos. Trans. R. Soc. Lond. B Biol. Sci., 372. 20160325,
2017. (IF₂₀₁₆: 5.846)

2. Lektorált folyóirathoz benyújtott kézirat

Ágh N., Kovács Sz., **Nemesházi E.**, Szabó K.: **Feasibility of
universal CHD1 sexing markers in various bird orders.**
Beküldve a Magyar Állatorvosok Lapjához 2017-ben.
(IF₂₀₁₆: 0.189)

3. Hazai és nemzetközi konferenciákon tartott előadások

**Nemesházi E.: A környezeti tényezők DNS-re gyakorolt
degradációs hatásainak modellezése madártollakon.**

XXXI. Országos Tudományos Diákköri Konferencia,
Szeged, 2013.

Bókony V., Kövér Sz., **Nemesházi E.**, Liker A., Székely T.:
Climate-driven shifts in adult sex ratios via sex reversals. “Adult sex ratios and reproductive decisions: integrating data and theory across the biological and social sciences” workshop, Berlin, 2017.

Nemesházi E., Kövér Sz., Liker A., Székely T., Bókony V.:
Climate-driven shifts in adult sex ratios via sex reversals: the type of sex determination matters. XVI. Congress of the European Society for Evolutionary Biology (ESEB), Groningen, 2017.

4. Hazai és nemzetközi konferenciákon bemutatott poszterek

Vili N., **Nemesházi E.**, Kovács Sz., Horváth M., Szabó K.:
Factors affecting DNA quality in feathers used for non-invasive and non-destructive sampling. 3rd European Congress of Conservation Biology, Glasgow, 2012.