

**Szent István Egyetem  
Állatorvos-tudományi Doktori Iskola**

**Degradált biológiai anyagmaradványok  
alkalmazhatósága madárgenetikai és  
konzervációbiológiai vizsgálatokban**

Esettanulmány a parlagi sas  
(*Aquila heliaca*) Kárpát-medencei  
populációján

**PhD értekezés tézisei**

**Vili Nóra**

**2013**

Szent István Egyetem  
Állatorvos-tudományi Doktori Iskola

Témavezető és témabizottsági tagok:

Dr. Hornung Erzsébet  
Intézetvezető egyetemi tanár  
SZIE, Állatorvos-tudományi Kar  
Biológiai Intézet, Ökológiai Tanszék

Dr. Horváth Márton  
Fajvédelmi csoportvezető  
Magyar Madártani és Természetvédelmi Egyesület

Dr. Kalmár Lajos  
Tudományos főmunkatárs  
MTA Természettudományi Kutatóközpont  
Enzimológiai Intézet

## Bevezetés és célkitűzés

A természet- és fajvédelmi vizsgálatokban egyre gyakrabban szerepelnek genetikai módszerekkel vizsgálható kérdések. Ezek célja általában a populációk összehasonlítása, populációs vagy egyedi szintű kapcsolataik felderítése, az állományok genetikai stabilitásának és szerkezetének felmérése. A mintavétel gyakran nehézkes, de a módszerek érzékenyebbé válásával lehetőség nyílt nem invazív módon vett minták felhasználásra. Annak ellenére, hogy az ilyen mintákból izolált DNS általában erősen töredezett, nem invazív mintavétel konzervációbiológiai szempontból előnyös, mivel veszélyeztetett vagy zavarásra érzékeny fajok esetén is alkalmazható. Madarak esetén a vedlett tollak begyűjtése a fészkelési helyek ismeretében könnyen kivitelezhető, és egybeköthető a monitorozási munkával, így általában nem jelent külön terepmunkát.

A nem invazív mintákból általában töredezett, rossz minőségű DNS izolálható, így fontos annak a megállapítása, hogy a madártollakból kinyerhető DNS minősége mennyire különbözik a hagyományos vagy minimál invazív módon vett mintákétól. Tollak esetén a leggyakrabban a tollak hegyéből izolálják a DNS-t, de nagy méretű tollaknál erre a tollszár felső köldöknél található vérrög is alkalmas. A tollhegyből izolált DNS minőségét tekintve már bizonyított, hogy a vedlett tollak állapota döntő, ezért a vizsgálataink első részében a következő módszertani kérdésekre kerestünk válaszokat:

1. Mennyire tér el a nem invazív módon vett, vedlett tollak felső köldökéből izolálható DNS minősége a minimál invazív módon, szűrőpapírra vett vérmintákból izolálhatótól?
2. Mennyire befolyásolják az izolálható DNS minőségét a tollak fizikai jellemzői (minőség, típus, kor és méret)?
3. Van-e olyan könnyen vizsgálható paraméter, amely alapján következtetni lehet a felső köldökéből izolált DNS fragmentáltságára?

A vizsgálathoz a Kárpát-medencében költő parlagi sasok (*Aquila heliaca*) Magyar Madártani és Természetvédelmi Egyesület illetve a Szlovák Ragadozómadár-védelmi Egyesület (RPS) által begyűjtött, vedlett tollait, illetve az RPS által a szlovákiai fiókák gyűrűzésekor szűrőpapírra vett vérmintákat használtuk.

A populáció az 1980-as évek végéig az Északi-középhegységbe visszaszorulva költött kis egyedszámban. Az 1990-es évektől a vadászat tiltásával és a védelmi tevékenység megindulásával egy időben állomány terjeszkedni kezdett. A Kárpát-medencei populáció kutatása tehát egyedülálló lehetőségeket biztosít arra, hogy egy veszélyeztetett faj terjedését, illetve annak populációgenetikai és populációdinamikai hatásait megvizsgálhassuk és nyomon követhessük a Magyarországon folyó intenzív fajvédelmi tevékenység eredményességét is. Ezért a kutatás másik részében a DNS-minták felhasználásával Kárpát-medencei parlagi sas állománnyal kapcsolatos populációgenetikai és populációdinamikai kérdéseket vizsgáltunk:

1. Mennyire alkalmas a választott mintavételi módszer és a rendelkezésre álló markerkészlet a Kárpát-medencei parlagi sasok populációgenetikai, illetve populációdinamikai vizsgálatára?
2. Egységesnek tekinthető-e a szlovákiai parlagi sas populáció nukleáris és mitokondriális markerek alapján? Megfigyelhető-e génáramlás a keleti és nyugati területek között?
3. Mekkora az éves mortalitás, illetve ha ez nem vizsgálható, az éves cserélődési arány a Magyarországon fészkelő állományban?
4. Megfelelőek a Magyar Madártani és Természetvédelmi Egyesület által alkalmazott territóriumtérképezési módszerek a növekvő parlagi sas állományban a territóriumok alakulásának nyomon követésére?
5. Milyen mintázat figyelhető meg az alföldi területekre visszatelepülő parlagi sasok territórium-választásában?

## **Anyag és módszer**

### **Mintagyűjtés és DNS izolálás**

A vizsgálathoz az 1997 és 2006 között júniusban és augusztusban a fiókák gyűrzésekor a Magyar Madártani és Természetvédelmi Egyesület munkatársai által a fészkek alól gyűjtött, vedlett parlagi sas tollakat, illetve a Szlovák Ragadozómadár-védelmi Egyesület munkatársai által, szűrőpapírra gyűjtött, fiókáktól származó vérmintákat és felnőtt madaraktól származó vedlett tollakat használtuk.

A tollak állapotuk alapján három minőségi kategóriába kerültek. A jó állapotban levő csévével és felső köldökkel rendelkező tollak a jó, sérült csévével és enyhén sérült felső köldökkel rendelkezők a közepes és a kifejezetten rossz állapotban levő, sérült felső köldökkel rendelkező tollak a rossz kategóriába kerültek.

A tollak preparálásakor a felső köldököt a cséve alkoholos tisztítása után steril szikepengével vágtuk ki. A DNS-t tollak esetén kizsázásos protokoll alapján, a keratin emésztésének elősegítése érdekében DTT (1,4-ditio-treitol) hozzáadásával izoláltuk. Vérminták esetén a gyártó protokollja szerint jártunk el.

### **Ivarmeghatározás**

A parlagi sasokra nem jellemző ivari dimorfizmus, így az ivar meghatározásához molekuláris markert, a CHD1 gén W és Z kromoszómákon található változatait használtuk. Az alkalmazott 2550F/2718R primerpár a kétféle kromoszómán különböző hosszúságú intronokat tartalmazó szakaszt erősít fel. A pontos méret fajonként eltér (W: 400-450 bp, Z: 600-700 bp), de a két változat közt

elég nagy a különbség ahhoz, hogy agaróz gélen a különböző PCR-termékek szétválaszthatóak legyenek.

### **Mikroszatellita fragmensanalízis**

Az egyedi DNS-profilokat két dinukleotid (Aa02 és Aa39) és hat tetranuklotid (IEAAAG04, IEAAAG09, IEAAAG11, IEAAAG12, IEAAAG14 és IEAAAG15) mikroszatellita lokusz alapján határoztuk meg. A fragmenshosszok pontos meghatározása fluoreszcensen jelölt primerek segítségével, kapilláris elektroforézissel történt ABI PRISM<sup>®</sup> 310-es és ABI PRISM<sup>®</sup> 3100-Avant Genetic Analyzer (Applied Biosystems) készülékekkel. A fragmenshosszok leolvasásához GeneScan 3.7 és PeakScanner 1.0 (Applied Biosystems) programokat használtuk. A DNS-profilokat három független leolvasás (Kovács Szilvia, Szabó Krisztián, Vili Nóra) alapján határoztuk meg. A preparáláskor minden minta a származási helyétől független kódot kapott, így ennek ismerete nélkül határoztuk meg a genotípusokat.

### **Használt programok, számítások**

Az adatbeviteli hibákat az "MS Microsatellite Toolkit" programmal ellenőriztük. A null allélok előfordulásának valószínűségét és az esetleges leolvasási hibákat a "MICRO-CHECKER 2.2.3" programmal vizsgáltuk. Az allélgyakoriságokat és annak a valószínűségét, hogy két véletlenszerűen kiválasztott minta megegyezzen (PI), továbbá a genetikai és földrajzi távolságok korrelációját (Mantel-teszt) a "GenAlEx 6.41" és a "zt1.1" programmal számoltuk ki. A Hardy-Weinberg egyensúlytól, illetve a kapcsoltsági

egyensúlytól való eltérést a "Genepop 4.0.10" programmal számoltuk ki. A statisztikai elemzéshez az "R 2.12.1" verzióját használtuk.

### **A cserélődési arány számítása**

Mivel a minták minősége eltért, előfordult, hogy az ismételt reakciók ellenére az adatsor tartalmazott hiányos éveket, így minimum és maximum cserélődési arányt lehetett megállapítani. Ezekben az esetekben, ha a hiányzó év (évek) után ugyanazt az egyedet találtuk, feltételeztük, hogy a kimaradt években sem volt változás, ugyanis nem volt olyan eset, hogy egy egyed az eltűnése után ugyanabból a territóriumból került elő. Ha a kimaradt év (évek) után új egyedet találtunk, akkor a minimum cserék megállapításához az észlelt cserét számítottuk be, míg a maximális csereszám megállapításkor minden kimaradó évet cserének vettünk. A pszeudoreplikáció elkerülése érdekében mindkét arány kiszámításához először territóriumonként kiszámoltuk a cserék számát, majd ezt átlagoltuk.



## **Eredmények**

### **A DNS minőségére vonatkozó eredmények**

A vizsgálat során 717 tollat és 126 szűrőpapírra vett vérmintát hasonlítottunk össze. A feldolgozott minták 87,8%-ából sikerült az ivar meghatározására alkalmas minőségű DNS-hez jutni. A sikeresség nem különbözött a vedlett tollak és szűrőpapírra vett vérminták között (85,5% és 98,4%). Az ivarmeghatározások során tollminták esetén szignifikáns eltérés volt a tojóktól és a hímeiktől származó tollak arányában (90,6% és 9,4%). A fiókaminták esetén a tojók és hímek aránya 1:1 volt (48,8% és 51,2%).

A tollak korának, állapotának és típusának hatásait kelet-magyarországi fészkek alól gyűjtött minták (494 jó, 81 közepes és 6 rossz minőségű) alapján vizsgáltuk. A legjobb minőségű tollak 86,8%-a, a közepes minőségű tollak 81,4%-a, míg a rossz minőségű besorolású tollak 33,3%-a adott értékelhető eredményt a CHD1-es lokusz amplifikálásakor.

A fizikai jellemzők hatásait döntési fa módszerrel (Conditional Inference Tree) és logisztikus regresszióval elemeztük. Az eredmények alapján a CHD1W/Z gén amplifikálhatóságát a vizsgált változók közül szignifikánsan csak a toll minősége befolyásolta, illetve szignifikáns interakció volt a toll minősége és típusa között. Az elemzés alapján a többi paraméternek nem volt hatása.

### **Az adatok minősége és a markerkészlet érzékenysége**

Az adatsor ellenőrzésekor egyik lokuszon sem találtunk dadogásra vagy allélkiesésre utaló jelet. Az IEAAG09-es és az Aa39-es lokusz valószínűleg null alléleket tartalmaznak. Az ebből adódó torzítás elkerülése érdekében ezeken a lokuszokon csak a

heterozigóta genotípusokat vettük figyelembe az elemzések során. A fennmaradó hat lokuszon egyenként és a lokuszokat együtt vizsgálva is fennállt a Hardy-Weinberg egyensúly és a kapcsoltsági egyensúlytól sem találtunk szignifikáns eltérést. A tapasztalt allélgyakoriságok alapján annak valószínűsége, hogy két véletlenszerűen kiválasztott egyed genotípusa megegyezzen (PI)  $3,28 \times 10^{-6}$  volt, ami a mintaszám ( $n = 137$ ) alapján elég kicsi az egyedi szintű azonosításhoz

### **A szlovákiai állomány genetikai szerkezete**

A szlovákiai parlagisas-populáció elterjedése nem egyenletes, a két állományt nagyjából 150 km választja el egymástól. A vizsgálat során 43 egyed mikroszatellita markereken alapuló DNS profilja és mitokondriális haplotípus meghatározása (utóbbi Kovács Szilvia vizsgálata) alapján a keleti és nyugati állomány között marginálisan szignifikáns eltérést találtunk.

### **A territóriumtérképezési módszer ellenőrzése**

A vizsgálat során összesen 46 territóriumban határoztuk meg legalább két egymást követő évben az egyedek DNS-profilját. Ez az adott időszakban aktív fészkek közel 60%-át jelenti. A vizsgált időszakban a tojók (párok) 20 alkalommal ugyanazt a fészket használták az egymás utáni években, míg 42 esetben fészkelőhelyet váltottak. A DNS alapján azonosított egyedek a terepi módszerekkel meghatározott territóriumon belül maradtak vagy eltűntek, azaz a vizsgálat során nem volt olyan eset, amikor a genetikai azonosítás ellentmondott volna a terepi adatok alapján történő territórium besorolásnak.

## **A tojók cserélődési aránya**

153 tojó genotipizálása alapján az átlagos éves minimum cserélődési arány 27,2%, a maximum 35,5% volt. A hegyvidéki terítóriumok esetén az arány alacsonyabb (21.2-28.3% a hegyvidéken, 29.3-38.0% a síkságon), de a különbség statisztikailag volt szignifikáns.

## **A terjedési mintázat vizsgálata**

A vizsgálat során 108 újonnan létesült fészkelés adatait elemeztük. A legtöbb új terítórium a meglevők közé ékelődött be, de néhány a korábbiaktól jelentős (akár 90 km-re) létesült. A fészektávolságok eloszlása nem folyamatos, így feltételezhető, hogy nincs egységes fészekválasztási stratégia.

Annak ellenőrzésére, hogy az új terítóriumok elhelyezkedése összefügg-e az egyedek rokonsági fokával (a közelebbi rokonságban levő egyedek közelebb foglalnak fészket) Mantel-tesztet végeztünk. A korrelációs koefficiensek alapján az egyedek földrajzi helyzete nem függ össze a rokonsági viszonyaikkal, tehát a tapasztalt mintázat nem magyarázható az egyedek közti rokonsággal.

## **Megbeszélés**

### **A minták típusának és a tollak fizikai jellemzőinek hatása**

A minták típusát tekintve nem találtunk különbséget a felső köldökben fennmaradó vérrögből kinyert DNS minősége és az invazív vagy minimál invazív módon vett vérmintákból izolált DNS-ek amplifikálhatósága között. Továbbá, korábbi tollhegyből izolált DNS-ek minőségével kapcsolatos vizsgálatokhoz hasonlóan azt találtuk, hogy a vizsgált paraméterek közül csak a toll minősége volt szignifikáns hatással a DNS minőségére akkor is, ha a DNS-t a toll felső köldökéből izoláltuk. Habár statisztikailag nem volt kimutatható, de a közepes minőségű tollak esetén a fedőtollakból, illetve másod- és harmadrendű karevezőkből jellemzően rosszabb minőségű DNS-t lehetett izolálni.

Tehát a sötét és száraz körülmények között tárolt, jó és közepes minőségű tollakból kinyert DNS alkalmas a parlagi sas állományok egyedi szintű populációgenetikai felmérésére. A terepen begyűjtött tollakat postán, rövid idő alatt el lehet juttatni a mintákat feldolgozó laboratóriumokba, így a helyi szakemberek bevonásával jelentősen csökkenthetők a vizsgálatok költségei

### **A szlovákiai állomány genetikai szerkezete**

A vizsgálat során a földrajzi akadályokkal szétválasztott szlovákiai állományt vizsgáltuk. A mikroszatellita lokuszok allélgyakoriságainak eloszlását és a mitokondriális haplotípusokat figyelembe véve marginálisan szignifikáns elkülönülést találtunk a keleti és nyugati állomány között. Azonban a teljes Kárpát-medencét vizsgálva a populációt egységesnek kell tekinteni, annak ellenére,

hogy a keleti és a nyugati költőállományok szubpopulációknak tekinthetők, melyek között limitált a génáramlás.

### **A terepi territóriumterképezés ellenőrzése**

Egy kazahsztáni, stabil parlagi sas populációban korábban már nagyfokú territórium- és párhúségét mutattak ki, azaz a vizsgált időszakban nem találtak territóriumot váltó egyedeket, sem extra-pár utódokat. A Kárpát-medencei állomány azonban terjeszkedik, ezért ellenőriztük, hogy a terepi szakemberek által alkalmazott territóriumterképezési módszer képes-e követni a territóriumrendszer alakulását.

A vizsgálat során nem volt olyan eset, amikor a genetikai azonosítás, illetve a toll származási helyeként megadott territórium között ellentmondás lett volna. Az újra megtalált egyedekhez tartozó tollak következetesen az eredeti territóriumhoz rendelt, akár újonnan épített fészkek alól kerültek elő. Két olyan eset volt, hogy egy azonosított tojó később más territóriumból került elő, de ezekben az esetekben az eredeti territórium megszűnt, vagy üresen maradt.

Az eredmények alapján megállapítható, hogy territóriumok létező egységek, amelyek alapvető elhelyezkedése az ott költő tojó (pár) eltűnése után sem változik. Továbbá a terepi monitorozási módszerek alkalmasak mind az új fészket készítő párok, mind az új territóriumot foglaló párok azonosítására, és a fészkek territóriumokba történő sorolására egy terjeszkedő populációban is.

### **A tojók éves cserélődési aránya a magyarországi állományban**

A vizsgálat során nem lehetett minden mintából értékelhető eredményt kapni, így minimum és maximum cserélődési arányt

állapítottunk meg, a minimum arány 27,2% a maximum arány 35,5% volt. Ez jóval magasabb annál, ami a hazai állomány folyamatos terjeszkedése mellett, illetve irodalmi adatok alapján várható lenne, ugyanis nagy testű és hosszú életű ragadozómadarak közt kifejezetten alacsony éves cserélődési arány jellemző (6-12%). Egy korábbi ilyen jellegű vizsgálatban egy stabil, kazahsztáni parlagi sas populációnál 16%-os éves populációs veszteséget becsültek.

Az utóbbi években távvezetékek által okozott károk mellett a célzott és véletlen mérgezés is egyre több esetben bizonyított oka a madarak elhullásának. A tetemeket azonban csak ritkán lehet megtalálni, ezért a genetikai azonosítások során csak az eltűnést tudjuk biztosan észlelni.

Mivel a nagy cserélődési arány ellenére folyamatos az állomány terjeszkedése, valószínű, hogy a populáció még nem használ ki minden alkalmas és rendelkezésre álló területet a Kárpát-medencében. Másrészt feltételezhető, hogy nagyon jelentős számú kóborló egyed van jelen, amely be tudja tölteni a megüresedő helyeket.

### **A terjedési mintázat**

A Kárpát-medencében a parlagisas-állomány az 1990-es évek elején, az emberi zavarás csökkenésével az alföldi területek felé kezdett terjeszkedni, kezdetben lassan, később exponenciális ütemben. A fészkek elhelyezkedését vizsgálva kiderült, hogy legtöbb új fészkelő pár a meglévő territóriumok közé ékelődik, de néhányan (27 év alatt 10 eset) a többiektől messzire, akár 90 km távolságban választanak fészket, majd idővel körjük újabb párok érkeznek, és feltöltik a kimaradó helyeket.

Az új fészkek és a hozzájuk legközelebb eső territórium azévi fészkei közt mért távolságok, illetve ezek logaritmusának eloszlása sem folytonos ezért feltételezzük, hogy a populációban két stratégia van jelen. Ezek egyike, hogy a párok a fajtársak által már használt területen választanak fészkelőhelyet, így kisebb kockázatot vállalnak, amihez kisebb, de biztosabb nyereség társul. A másik stratégiát követő párok nagy kockázatot vállalnak, mert nem biztos, hogy a terület alkalmas lesz fészkekrákásra. A nyereségük viszont nagyobb lehet, mert eleinte kisebb befektetéssel tudják védeni a területüket, és ha elegendő táplálék áll rendelkezésre, nagyobb eséllyel tudnak fiókákat nevelni.

A populáció kis egyedszámról indult újra terjedésnek, így feltételezhető volt, hogy a terjedési mintázat az egyedek rokonsági kapcsolatait tükrözi. Azonban a földrajzi és a genetikai távolságok közt nem találtam korrelációt, így ez a lehetőség kizárható.

Elképzelhető, hogy a fiatalok a kóborlással töltött éveik alatt meggyőződnek egy-egy terület alkalmasságáról, és később oda térnek vissza. Ezt a feltételezést korábban a spanyol parlagi sasnál már bizonyították. Ennek, illetve ezzel összefüggésben a fiatal madarak kirepülés utáni helyhűségének vizsgálata jelenleg is folyik. Az eddigi eredmények alapján a fiókák nagyon kis hányada tér vissza és költ a Kárpát-medencében. Az eddig vizsgált több mint 200, 2004 és 2007 között kirepült fióka közül a 2011-ben Magyarországon fészkelő populációban eddig 12 egyedet találtunk meg, így egyelőre a kirepülés és költés helye közötti távolság statisztikailag nem értékelhető.

## **Új tudományos eredmények**

### **Módszertani eredmények**

1. A vedlett tollakból izolálható DNS minőségének összehasonlítása más, invazív vagy minimál invazív módszerrel vett mintákkal kimutatta, hogy a nem invazív módon vett minták alkalmazhatósága nem rosszabb a szűrőpapírra vett vérmintákéval.
2. A tollak fizikai jellemzőinek (minőség, kor, típus, méret) összevetése az izolált DNS minőségével. A toll minősége elsődleges az izolálható DNS fragmentáltságát tekintve, ugyanakkor a jó minőségű tollak esetén a cséveátmérő szerint is különbség tapasztalható.
3. Az alkalmazott módszerek és markerek megfelelőek populációgenetikai vizsgálatok végzésére.

### **Populációgenetikai és populációdinamikai eredmények**

1. A szlovákiai populáció keleti és nyugati állománya közt nukleáris és mitokondriális markerek alapján a kis földrajzi távolság ellenére limitált génáramlás figyelhető meg.
2. A terepi megfigyeléseket alapul vevő territóriumterképezési módszerek és a territóriumok beosztásának egyedi genotípusok alapján történő ellenőrzése kimutatta, hogy a használt módszer alkalmas az új territóriumok, valamint a meglévő territóriumok új fészkeinek azonosítására.



3. A Kárpát-medence növekvő állományában a tojókra vonatkozó éves átlagos cserélődési arány minimuma 27,7%, maximuma 35,5%.
4. A korábban a középhegységekbe szorult parlagi sasok alföldi területek felé történő terjedési mintázatának vizsgálata kimutatta, hogy az új párok nagy valószínűséggel két stratégia szerint foglalnak territóriumot. A terjedés nem folyamatos, hanem általában a párok a meglévő territóriumok közé, vagy a közelbe fészkelnek, míg más párok a többiekől jelentős távolságra foglalnak fészket és idővel a köztük levő területeken is új territóriumok alakulnak.
5. A kétféle fészkefoglalási stratégia által kialakított mintázat nem feleltethető meg a madarak rokonsági viszonyainak.
6. A vizsgálatok eredményeként létrejött adatbázis és génbank felhasználható hosszútávú populációgenetikai és fiatalkori helyhűséget ("natal philopatry") vizsgáló kutatások megalapozására.

## Az értekezés alapját képző publikációk

Vili N., Kalmár L., Kovács Sz., Horváth M.: **Parlagi sasok (*Aquila heliaca*, Savigny, 1809) populációgenetikai vizsgálata a Kárpát-medencében**, In: Forró L. (ed.): A Kárpát-medence állatvilágának kialakulása. [The genesis of the fauna of the Carpathian Basin] Magyar Természettudományi Múzeum, Budapest pp. 303-310. ISBN: 963-7093-99-9, 2007

Vili N., Horváth M., Kovács Sz., Chavko, J., Hornung E., Kalmár L.: **Alternatív mintavételi módszer gyakorlati alkalmazhatósága madárgenetikai vizsgálatokban: parlagi sasok ivarmeghatározása, mikroszatellitákon alapuló egyedi azonosítása és mtDNS-ének vizsgálata**. Magyar Állatorvosok Lapja 131: 426-435., 2009  
IF<sub>2009</sub>: 0,200

Vili N., Horváth M., Szabó K., Kovács S., Chavko J., Hornung E. , Kalmár L.: **Genetic structure of the Imperial Eagle (*Aquila heliaca*) population in Slovakia**. Slovak Raptor Journal 3: 21–28, 2009

Vili N., Nemesházi E., Kovács Sz., Horváth M., Kalmár L., Szabó K.: **Factors affecting DNA quality in feathers used for non-invasive sampling**. Journal of Ornithology, 2013, doi: 10.1007/s10336-013-0932-9  
IF<sub>2011</sub>: 1.636

Vili N., Szabó K., Kovács Sz., Kabai P., Kalmár L., Horváth M.: **High turnover rate revealed by non-invasive genetic analyses in an expanding Eastern Imperial Eagle population.** Acta zoologica Academiae Scientiarum Hungaricae, in press  
IF<sub>2011</sub>: 0,564

## **Köszönetnyilvánítás**

Köszönetet szeretnék mondani témavezetőmnek, Dr. Hornung Erzsébetnek, a doktori munka során nyújtott támogatásáért és türelméért.

Köszönöm a témabizottságom tagjainak Dr. Horváth Mártonnak és Dr. Kalmár Lajosnak, hogy tapasztalatukkal és tudásukkal segítettek a munkámat.

Segítségéért és értékes tanácsaiért ezúton szeretnék köszönetet mondani Dr. Kabai Péternek.

Köszönöm Kovács Szilviának és Szabó Krisztiánnak, hogy a közös munka során mindig számíthattam rájuk.

Köszönettel tartozom a Biológia Intézetben dolgozó munkatársaimnak a sok segítségért, folyamatos támogatásért és hogy baráti légkörben dolgozhattam. Külön köszönöm Margónak a folyamatos lelkesítést.

Köszönet illeti a Magyar Madártani és Természetvédelmi Egyesület Parlagisas-védelmi Munkacsoportjának és Raptor Protection of Slovakia munkatársait, a minták begyűjtéséért.

Köszönöm a SzIE Állatorvos-tudományi Doktori Iskola vezetőjének, Dr. Rusvai Miklósnak az irántam tanúsított türelmét.

Köszönöm opponenseimnek Dr. Kövér Szilviának és Dr. Hoffmann Gyulának, hogy vállalták a műhelyvita előtt a dolgozatom bírálatát, és észrevételekkel és javaslatiakkal segítettek annak jobbátételét.

Köszönöm családomnak és barátaimnak a támogatást, bátorítást és türelmet.