

SZENT ISTVÁN EGYETEM ÁLLATORVOS-TUDOMÁNYI KAR  
Ökológia Tanszék

**A KELÉSI DISZPERZIÓ VIZSGÁLATA  
A MAGYARORSZÁGI  
PARLAGISAS-POPULÁCIÓBAN**

**Szakdolgozat**

**Készítette:** Papp Rita  
SZIE-ÁOTK, biológia BSc

**Témavezető:** Szabó Krisztián  
SZIE-ÁOTK, biológus

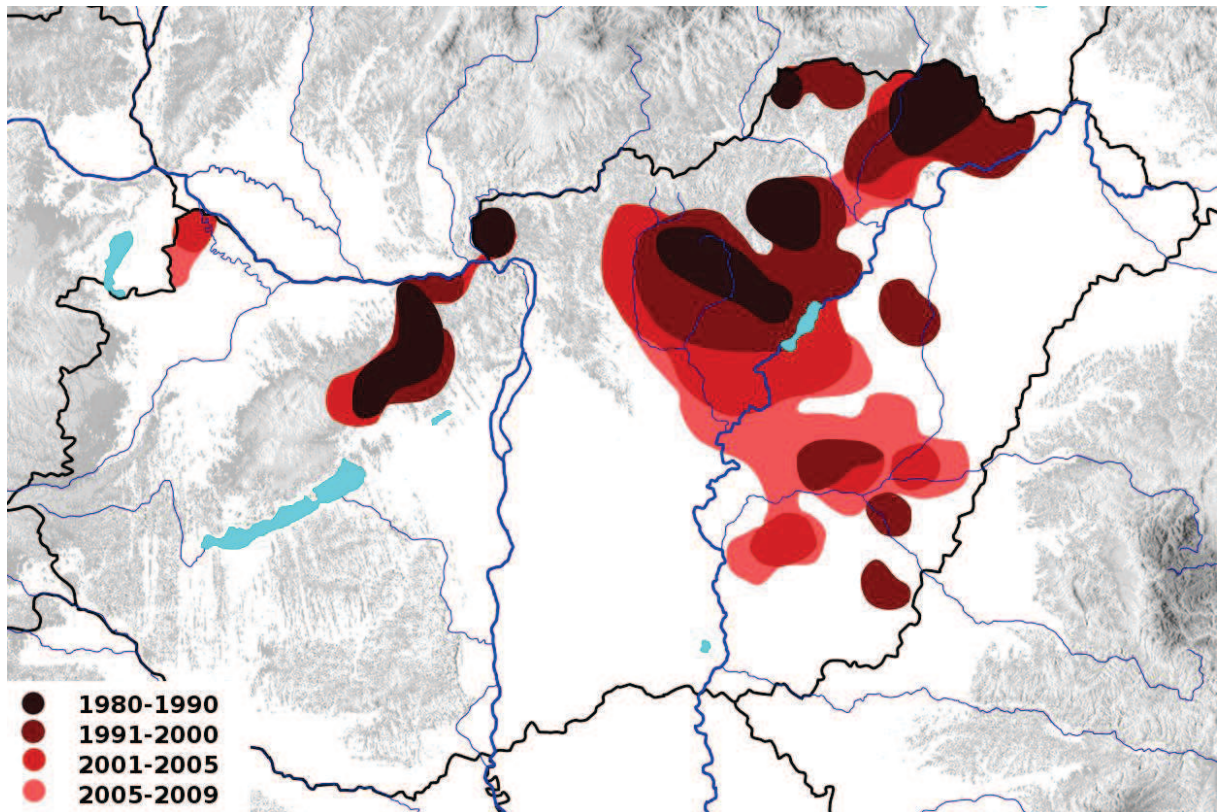
Budapest  
2013

# TARTALOMJEGYZÉK

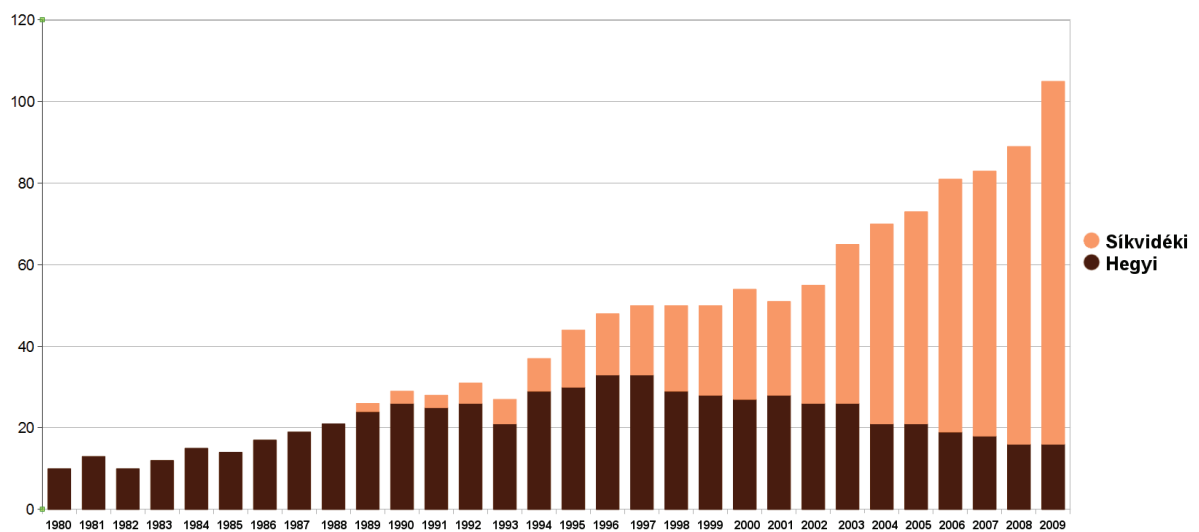
<b>TARTALOMJEGYZÉK</b> .....	<b>2</b>
<b>BEVEZETÉS</b> .....	<b>3</b>
<b>CÉLKITŰZÉSEK</b> .....	<b>7</b>
<b>ANYAG ÉS MÓDSZER</b> .....	<b>8</b>
1. Mintavétel .....	8
2. Tollminták preparálása .....	9
3. DNS kivonás .....	10
4. Ivarmeghatározás .....	11
5. Az egyedi azonosításhoz szükséges mikroszatellita markerek PCR-es felszaporítása .....	12
6. Mikroszatellita fragmensek futtatása és analízise .....	14
7. Analízisek .....	15
<b>EREDMÉNYEK</b> .....	<b>17</b>
<b>DISZKUSSZIÓ</b> .....	<b>25</b>
<b>ÖSSZEFOGLALÓ</b> .....	<b>27</b>
<b>SUMMARY</b> .....	<b>28</b>
<b>KÖSZÖNETNYILVÁNÍTÁS</b> .....	<b>29</b>
<b>IRODALOMJEGYZÉK</b> .....	<b>30</b>

## BEVEZETÉS

A parlagi sas (*Aquila heliaca*) az eurázsiai erdős-sztyepp régió jellegzetes csúcsragadozója, viszont nagy elterjedési területe ellenére világszerte veszélyeztetett faj. Becslések szerint 3000-7000 költőpár él belőle a világon, melynek döntő többsége Kelet-Európában és Ázsiában található, főként Oroszország és Kazahsztán területén (*BirdLife, 2013*). Elterjedési területük kelet-nyugati irányban az ausztriai Morvamezőktől a Bajkál-tóig, észak-déli irányban pedig a Déli-Uráltól Közép-Törökországig nyúlik (*Del Hoyo et al., 1995*). Az ázsiai állományokról kevés megbízható adat áll rendelkezésre, de a populáció nagyságát 1400-5000 párra becslik (*BirdLife, 2013*). Az európai állományt (1800-2200 pár) három nagyobb populációra bonthatjuk fel: Kárpát-medencei (220-230 pár), Balkán-félszigeti (100-200 pár) és Kelet-európai-síksági (1500-1800 pár) (*Demerdzhiev et al., 2011*). A Kárpát-medencében a parlagi sas már a pleisztocén óta jelen van és a medence számos területén költ folyamatosan (*Jánossy et al., 1980, Vasvári et al., 1938*). Magyarországon (140-150 pár; *Horváth Márton szem. közlés*), Szlovákiában (46-50 pár; *Danko, 2009*), Kelet-Ausztriában (6-7 pár; *Wichmann szem. közlés*) és Délkelet-Csehországban (5 pár; *Horal szem. közlés*) található a költőpárok többsége. A magyarországi populáció létszáma az intenzív erdő- és mezőgazdálkodás, illetve a vadászat miatt lecsökkent és az 1970-es évek végén érte el a mélypontot, nagyjából 15-25 költőpárt (*Haraszthy et al., 1996, Bagyura et al., 2002*). Az állomány az Északi-középhegység erdős területeire szorult vissza költetni, azonban az 1980-as évek elején bevezetett intenzív fajvédelmi programnak, valamint a mezőgazdaság és a tájhasználat átalakulásának köszönhetően a parlagi sasok száma növekedésnek indult. A hegységek erdőiben fészkelő madarak elkezdtek a nyílt alföldi fasorokban költetni, így az elterjedési területük is megnőtt (*1. ábra*). A hegységi régiókban a költőpárok száma az utóbbi időben csökkenni kezdett, a sík területen költőké viszont exponenciálisan nő (*2. ábra*).



1. ábra: A hazai költőterület növekedése (Horváth et al., 2011 után, módosítva)



2. ábra: A hazai parlagi sas-költőállomány alakulása 1980-2009 között (Horváth et al., 2011 után, módosítva)

A parlagi sas terjedése érdekes mintázatot mutat, mert az egyedek többsége általában a már meglévő territóriumok mellé fészkel, de vannak olyan egyedek melyek nagyobb kockázatot vállalva a többi sástól messzebb kezdenek el költöni, majd idővel ezek köré is új párok telepednek le.

A faj egyedei általában a magas fák csúcsára építik a fészkeket. Évtizedekig is használhatják ugyan azt a területet, néha ugyan azt a fészket is, évről évre folyamatosan tatarozzák, ha nincs folyamatos zavarás a környezetükben. Általában kettő, utóbbi időben három tojást raknak, melyeken általában a nőstény kotlik, míg a hím hozza a táplálékot (ürge, nyúl). A fiókák májusban kelnek ki és függetlenné nagyjából szeptemberben válnak. Miután már rendszeresen tudnak repülni és zsákmányt szerezni, elhagyják a fészket és 3-4 évig vándorolnak hatalmas területeket bejárva. A fiatalok a vándorló évek után 4-5 évesen párt választanak, territóriumot foglalnak és költenek. Szociálisan monogám madarak, melyek egy életre választanak párt maguknak, illetve a territóriumukhoz is nagyon hűek. A kárpát-medencei költőpárok hasonlóan a többi nyugati állományhoz, még télen sem vonulnak el (Kovács *et al.*, 2005).

A születési diszperzió (natal dispersal), melyet madarak esetében inkább nevezhetnénk kelési diszperzióknak, az a távolság, amit az egyed kelési és fészkelési helye között mérhetünk. Nagyban befolyásolja a populációk életképességét, fontos szerepe van a populáció dinamikai, genetikai struktúrájának kialakításában és vizsgálatával részleteiben lehet becsülni a populáció növekedésének nagyságát, illetve a földrajzi terjeszkedését. A madaraknál kétféle kelési diszperziós mintázat ismert, a diszperziós és a filopatrikus (Greenwood, 1980; Greenwood and Harvey, 1982). Diszperziós mintázatot mutat egy faj, ha fiatal egyedei nem a kelési helyük közelében kezdenek el költeni először, filopatrikus, ha legalább első alkalommal visszatérnek oda fészkelni. A diszperzió pontos okát még nem tudják, de több hipotézist is állítottak már fel ezzel kapcsolatban, melyek közül a következő kettő a legelfogadottabb: az (1) intraspecifikus kompetíció a forrásokért és a (2) beltenyésztés elkerülési mechanizmus (Greenwood 1980; Johnson and Gaines, 1990). Az első esetben az élelem, a territórium és a párok megszerzéséért folyik kompetíció az egyedek között és ennek csökkentése érdekében alakulhat ki a diszperzió, a második esetben, pedig a beltenyésztés elkerülése miatt az egyik nem messzebbre fog diszpergálni, mint a másik. Madarak esetében általában a tojó diszpergál messzebbre, a hím az aki kelési helyéhez minél közelebb fészkel (kivétel pl.: sarki lúd (*Anser caerulescens*), nyílfarkú réce (*Anas acuta*)). Ezt azzal magyarázzák, hogy a hímnek kell általában védelmeznie a territóriumot, főleg mikor a nőstény a tojásokon ül, ezért neki érdekesebb ott maradnia a közelben, ismerősök mellett, ismerős környezetben (Greenwood, 1980).

A diszperziós távolságok méréséhez egyedi azonosításra van szükség, melyre több módszert is kifejlesztettek. Gyakori a fiókák gyűrűzése, majd a felnőtt madarak ez alapján történő azonosítása. Alumínium gyűrű mellett célszerű távolról is látható, egyedi azonosításra

alkalmas, színes műanyaggyűrűt is alkalmazni (pl.: *Dravecký et al., 2012*). Mivel a parlagi sas csüdjé tollas és tapasztalataink szerint gyakran leszedi a lábáról a műanyaggyűrűt, ezért nem használható elég hatékonyan a vizsgálathoz. Rádió- illetve műholdas adók segítségével is lehetséges az egyedeket elkülöníteni egymástól és meghatározni pontos helyzetüket. Az olyan fajok esetében, melyek nagy távolságokat járnak be a diszperzió során, érdekesebb a műholdas adókat használni. Ezeket általában egy hám segítségével tudják felhelyezni a madárra (így nem zavarja a repülésben) és GPS adatokat küld az egyed helyzetéről (*Hebblewhite and Haydon., 2010*). A magyarországi parlagi sasnál is alkalmaztak műholdas adókat (*Kovács et al., 2005*). Vizsgálatunk során minél több egyed gyors, költséghatékony és megbízható azonosítására volt szükség, ezért egy nem invazív, molekuláris módszerrel, a tollakból kivont DNSből PCR-el felszaporított mikroszatellita fragmensek fragmens analízisével azonosítottuk az egyedeket.

## CÉLKITŰZÉSEK

Dolgozatomban a parlagi sasok kelési diszperzióját vizsgáltam, a Kárpát-medencei populáció Dunától keletre eső részében. Céлом volt, hogy egyedi azonosítással, mikroszatellita lókuszok segítségével 2001 és 2007 között kikelt fiókák genetikai profiljait vessem össze a 2011-es évben megmintázott költőpárokkal. A szaporodó felnőtt madarak között megtalált fiókáknál, a kelési és szaporodási helyek távolságának ismeretében kiszámítható az egyed kelési diszperziója. További céлом az volt, hogy megvizsgáljam milyen tényezők befolyásolhatják a kelési diszperziót a magyarországi parlagi sasoknál. Van-e hatása a territóriumok korának, helyzetének, helyének, az egyedek ivarának és rokonsági fokának a kelési diszperzió irányára és mértékére?

# ANYAG ÉS MÓDSZER

## 1. Mintavétel

Az egyedi azonosításhoz szükséges tollakat a Magyar Madártani és Természetvédelmi Egyesület Parlagisas-védelmi Munkacsoportja gyűjti 1997 óta minden évben a rendszeres fészekmonitorozáskor. Egy nem invazív mintavételi módszert alkalmaznak, mely során a vedlett tollakat a fióka gyűrűzéskor gyűjtik össze a fészkek, illetve a kiülő fák (olyan fák, melyekről az adott egyed jól belátja a territóriumát) alól, így a legminimálisabbra csökkentik a zavarás mértékét, amely igen fontos egy fokozottan veszélyeztetett faj esetében. A felnőtt madarak tollai rögtön egy jól zárható, azonosítóval ellátott műanyag zacskóba kerültek, melyet hűvös, száraz helyen tároltunk a preparálásig.

Adott évben az előző évi tollakat tapasztalataink alapján nem lehet megtalálni, mert a vedlés után pár hónappal erőteljes bomlásnak indul és könnyen elkülöníthető a friss tolltól, így kizárható, hogy a gyűjtött toll nem abból az évből származik (*Vili et al., 2012*). A fiókatollakat június végén, július elején gyűjtik be, mely során a fiókákat lehozzák a fészkekből, megvizsgálják őket, gyűrűt kapnak és 2-3 tokos tollat tépnek a hátukról. A fiókatollak alkoholt tartalmazó csövekbe kerülnek és a megérkezésük után  $-20\text{ C}^{\circ}$ -on tároltuk őket.

Minden toll rendelkezik egy egyedi azonosítóval, ami tartalmazza, hogy melyik territóriumból van, melyik évből, illetve hányadikként lett regisztrálva (pl.: J01/2003/03). Az adatok egy táblázatba vannak összesítve, amely ez előbbi információkon kívül még tartalmazza a fészkek pontos EOV koordinátáit, a gyűjtők nevét, a gyűjtés pontos idejét, valamint megjegyzések is olvashatók az adott territóriumban való fészkelésről.

A vizsgálat során a 2001-2007 között gyűjtött fióka tollakat, illetve a 2011-ben gyűjtött felnőtt tollakat használtuk. A felnőtt tollak esetében a fészkek alatt többnyire a nőstények tollait lehet megtalálni, mert a tojók több időt töltenek a fészkekben, mint a hímek. Egy territóriumból, ezért több tollat is analizáltunk, hogy esetleg megtaláljuk a pár mind két tagját.



## 2. Tollminták preparálása

A felnőtt madarak tollain látható egy úgy nevezett felső köldök (superior umbilicus), mely tartalmaz egy vérrögöt, amely a toll fejlődés során visszahúzódó kötőszövetnek a maradványa (a tollat tápláló artéria itt lép át a csévén). Ebben a zárványban megfelelő mennyiségű és minőségű DNS található a vizsgálatunkhoz (*Horváth et al., 2005*).

A felnőtt tollakat papírra helyeztük, megtisztítottuk őket alkohollal, majd szikepenge segítségével kimetszettük a felső köldök részt. Érdekes volt a kivágott részeket több darabra vágni, hogy majd az izolálás során az enzimek minél jobban ki tudják fejteni a hatásukat (*Horváth et al., 2005*). Minden tollnál steril pengét és kesztyűt használtunk, valamint fontos volt, hogy a tollak alatt lévő papírt is minden egyes alkalommal cseréljük, hogy elkerüljük a minták szennyeződését, kereszt-kontaminációját. A kivágott köldök részek ezután azonosítóval ellátott eppendorf csövekbe kerültek és amíg el nem kezdődött az izolálási eljárás, addig  $-20\text{ C}^{\circ}$ -on tároltuk őket.

A tokos fióka tollak alkoholban,  $-20\text{ C}^{\circ}$ -on voltak tárolva, esetükben máshogy kellett eljárni. A fióka tollakat nem csak papírra, hanem egy parafilm lapra is rátettük, hogy elkerüljük az esetleges szennyeződéseket, természetesen ezeket is cseréltük minden egyes toll alatt. A kitépett tokos tollak esetében a csévében maradt vér és szöveti elemekből lehet kivonni a DNS-t, ezért a cséve végét metszettük le a steril pengével, majd helyeztük bele egy azonosítóval ellátott csőbe és felhasználásig ezeket is  $-20\text{ C}^{\circ}$ -on tároltuk.

### 3. DNS kivonás

Három lépéses módosított kisózásos módszerrel (*Gemmel és Akiyama, 1998*) vontuk ki a DNS-t a tollakból, mely során a sejtek és a fehérjék bontásával, illetve több tisztítási lépés segítségével kinyerhetők a számunkra értékes nukleinsavak. Első lépésben az eppendorf csőben lévő felsőköldök-darabokat Proteináz-K-s emésztésnek vetettük alá. Először 100 µl Proteináz-K puffert (NaCl és EDTA alapú) mértünk a mintákra, majd 15 µl 20%-os SDS (szódium-dodecil-szulfát) oldatot adtunk hozzá, aminek a segítségével a membránok felbomlottak és a fehérjék részben denaturálódtak. Ezután következett 10 µl DTT (1,4-ditiotreitól, 1M), majd 155 µl dH<sub>2</sub>O és legutoljára a Proteináz-K enzim, ami a fehérjéket erőteljesen emésztette. Ezután vortex segítségével alaposan összekevertük a mintákat a rájuk mért oldatokkal, majd egész éjszakára betettük őket az 56 C°-os vízfürdőbe.

Másnap a következő lépés elvégzése előtt ismét vortexeltük a mintákat, majd egy gyors centrifugálás után, elválasztottuk a DNS-t tartalmazó folyadékot, az emésztetlen elemektől. Miután a DNS tartalmú részt átpipettáztuk egy új csőbe, 315 µl 5M LiCl-ot mértünk rá, majd hogy jól elkeverjük vortexet használtunk. Mivel kulcsfontosságú, hogy a kinyert DNS-ünk minél tisztább legyen a LiCl-ra még 630 µl kloroform-izoamilalkohol (24:1 arányú) került, majd ismét megvortexeltük a mintákat. Tíz perces maximumon (13.000 rpm) való centrifugálás után a folyadék két jól elhatárolható fázisra különült el. A felülúszó tartalmazta a DNS-t, ezért azt pipettáztuk át egy új eppendorf csőbe. Ezután 400 µl izopropanolt öntöttünk rá, majd egy egész estére a fagyasztóba kerültek a minták, mert a hideg elősegítette a DNS kicsapódását.

Harmad nap tizenöt percig 13.000 rpm-n centrifugáltuk a mintákat, mely során a kicsapódott DNS leülepedett a csövek aljára, jól látható fehér csapadék formájában. A centrifugálás után óvatosan leöntöttük róla az izopropanolt és ráértünk 800 µl 70%-os etanolt. Óvatos forgatás után ismét 15 perces centrifuga következett a maximum fordulatszámon, majd az etanolt vigyázva leszívtuk a DNS-ről és egy sötét, száraz helyre tettük őket kiszáradni. A száradás után 50 µl TE-puffert (10 mM-es Tris/HCl és 1mM-os EDTA) mértünk a mintákra és a -20 C°-os fagyasztóban tároltuk őket, hogy elkerüljük a további degradációt a PCR-ezésig.

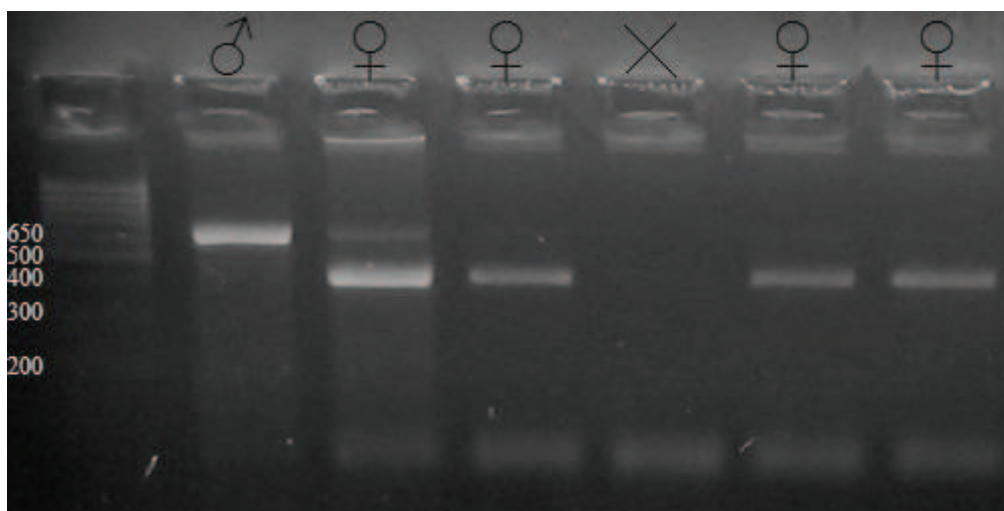
Azokat a mintákat, melyekből nem sikerült ezzel a módszerrel DNS-t kinyerni, Quiagen® DNeasy Blood & Tissue Kit segítségével izoláltuk, mikrocentrifugát használva, a gyártó utasításai szerint (Qiagen, Valencia, CA).

## 4. Ivarmeghatározás

A parlagi sasnál nincs jól látható ivari dimorfizmus, ezért az ivarmeghatározáshoz egy PCR alapú módszert alkalmaztunk. Az emlősöktől eltérően a madarak esetében a tojó a heterogametikus ivar (WZ ivari kromoszóma) a hím pedig a homogametikus (ZZ ivari kromoszóma) (Ellegren, 2000). A módszer alapját a kromo-helikáz DNS-kötő fehérjét kódoló gén (CHD1) ivari kromoszómákon mutatott polimorfizmusa (eltérő méretű intronok) adja. A CHD1 génre irányuló specifikus PCR során mind két nem esetében amplifikálódik egy-egy CHD1Z szakasz, illetve a tojók esetében még egy CHD1W termék is készül, így aztán majd gélelektroforézis segítségével jól elkülöníthetők a tojók és a hímek (Ellegren & Sheldon, 1997).

A polimeráz láncreakciót Fridolfsson és Ellegren (1999) módszerei szerint végeztük, kisebb módosításokkal. A reakció 25 µl térfogatban zajlott: 2,5 µl 10X Dream Taq puffer, 4 µl primer mix (5 pmol/µl, 2550F/2718R), 1 µl dNTP Mix (2mM), 1 µl MgCl<sub>2</sub>, 1 µl dH<sub>2</sub>O, 1µl DNS és végül 0,1 µl Dream Taq enzim. A program: 95 C° (2 p); 37 ciklus: 95 C° (30 mp), 48 C° (60 mp), 72 C° (60 mp); és végül 72 C° (7 p).

Az eredmények kiértékelése gélelektroforézissel történt. 2%-os agaróz gélen Negyvenöt percig futtattuk 100 voltos feszültségen, majd tíz percre etídium-bromidos fürdőbe helyeztük a gél. Egy rövid desztillált vizes mosás után UV fény alá helyeztük a gél, feljegyeztük a látottakat, majd fotót készítettünk. A hímek esetében mindig egy 600-650 bp-os csíkot lehetett látni, a nőtények esetében pedig vagy két csíkot (600-650 bp és 400-450 bp) vagy legalább egy rövidebb csíkot (400-450 bp) figyelhettük meg (3.ábra).



3. ábra: Ivarmeghatározás eredménye gélen

## 5. Az egyedi azonosításhoz szükséges mikroszatellita markerek PCR-es felszaporítása

A vizsgálathoz egyedi azonosításra volt szükségünk, ehhez a mikroszatelliták (nem kódoló régióban található ismétlődések) polimorfizmusát használtuk ki. A polimorfizmusuk onnan ered, hogy a DNS-polimeráz az ilyen ismétlődő szakaszok másolásakor gyakran hibát ejt. Ha több ilyen polimorf szakaszt elemzünk, akkor az allélok különböző kombinációja egyedre jellemző lesz, ezért használhatjuk egyedi azonosításra (Li, 2002).

Összesen tíz mikroszatellita lókuszt alkalmaztunk, amelyek a *Haliaeetus albicilla* vagy *Aquila heliaca/adalberti* sasfajok genomjaira voltak tervezve. A primerek fluoreszcens jelöléssel voltak ellátva (FAM-6, VIC): öt darab tetranukleotid ismétlődésűt: IEAAG09, IEAAG04, IEAAG11, IEAAG12, IEAAG15 (Busch et al., 2005); és öt darab dinukleotid ismétlődésűt: Aa02, Aa27, Aa36, Aa39, Aa56 (Martínez-Cruz et al., 2002). A tíz lókuszt öt multiplex PCR-ben szaporítottuk fel, az 1. táblázatban összefoglaltak szerint.

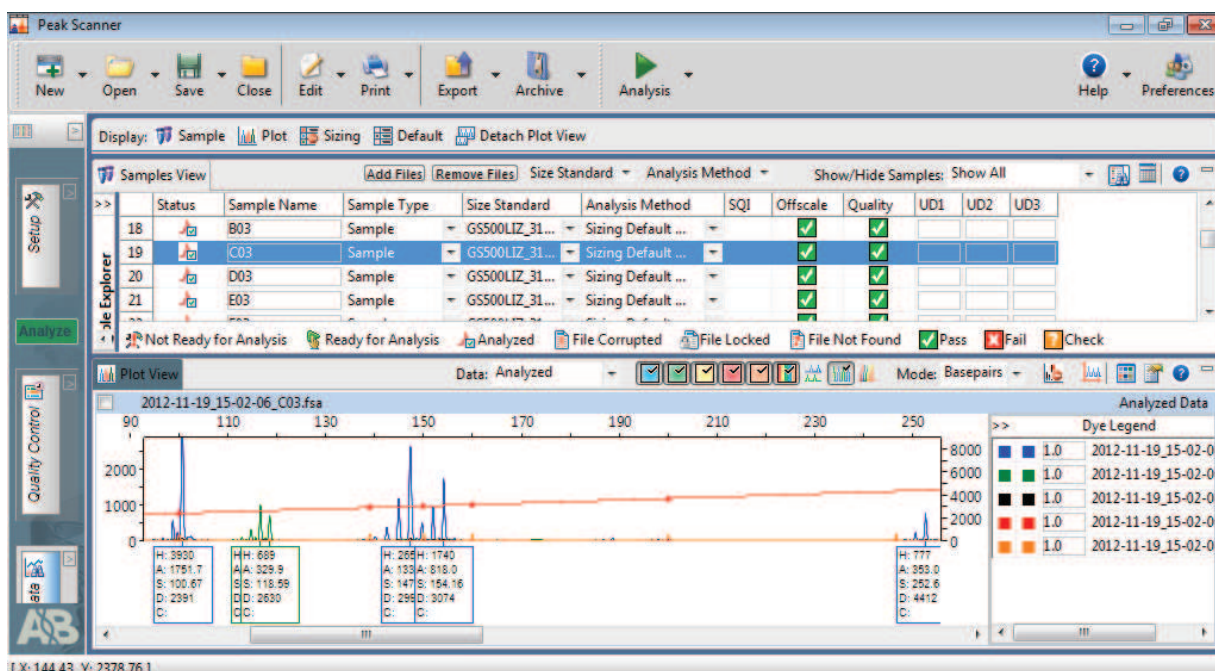
	Tetra1	Tetra2a	Tetra2b	Di2	Di3
<b>Dream Taq puffer</b>	2.5 µl				
<b>dNTP Mix</b>	1 µl				
<b>MgCl<sub>2</sub></b>	1 µl				
<b>DNS</b>	1 µl				
<b>Dream Taq enzim</b>	0.1 µl				
<b>dH<sub>2</sub>O</b>	15.4 µl		15.2 µl	14.9 µl	13.4 µl
<b>Primerek (forward+reverse)</b>	4 µl G09	2.5 µl G04 1.5 µl G12	3 µl G11 1.2 µl G15	1.5 µl Aa36 3 µl Aa39	2 µl Aa02 1 µl Aa27 3 µl Aa56
<b>PCR program</b>	1. 95 C° 2' 2. 30 ciklus: 95 C° 30" 65 C° 30" 72 C° 30" 3. 72 C° 7'		1. 95 C° 2' 2. -17 ciklus: 95 C° 30" 66→50 C° 30" 72 C° 30" -19 ciklus: 95 C° 30" 50 C° 30" 72 C° 30" 3. 72 C° 7'	1. 95 C° 2' 2. -17 ciklus: 95 C° 30" 66→50 C° 30" 72 C° 30" -19 ciklus: 95 C° 30" 50 C° 30" 72 C° 30" 3. 72 C° 7'	

1. táblázat: A multiplex PCR-ek összetétele

A PCR termékekkel gélelektroforézist végeztünk 2%-os agaróz gélen, hogy megbizonyosodjunk a PCR-ek sikerességéről. Negyvenöt percig futtattuk 100 voltos feszültségen, majd tíz percre etídium-bromidos fürdőbe helyeztük őket. Egy rövid desztillált vizes mosás után UV fény alatt vizsgáltuk meg a gélt. Mindegyik lókusznak egy adott bp hosszán jelenik meg, így meg lehetett határozni, hogy melyik PCR volt sikeres és melyiket kellett újra elvégezni.

## 6. Mikroszatellita fragmensek futtatása és analízise

A kész multiplex PCR-ek fragmens analízisét a Magyar Természettudományi Múzeum Molekuláris Taxonómiai Laboratóriumában végezték kapilláris gélelektroforézissel, ABI3130 automata szekvenátor segítségével (Applied Biosystems). A módszer lényege, hogy a fluoreszcens molekulákkal jelölt részecskék az elektromos térerő segítségével a kapillárisban elválasztódnak és detektálódnak. A kapillárisra feszültség van kapcsolva, amelynek hatására a töltött DNS-molekulák vándorolni kezdenek és méretük szerint szeparálódnak. A fluoreszcens jelölésekkel ellátott PCR-termékek mozgásuk során adott pontban lézer segítségével gerjesztődnek, amelynek emisszióját egy összetett fotoelektronikus egység detektálja. A műszer így precízen méri a fluoreszcencia változását az időben és így a fragmensek hosszúságát. A fragmenshosszokat a Applied Biosystems Peak Scanner nevű program az ismert hosszúságú jelölt fragmenseket tartalmazó méret markerhez (esetünkben GS500LIZ) viszonyítva számítja ki. Ennek segítségével tudtuk leolvasni a különböző lókuszon található allélok hosszúságát és így elkészíteni az egyedek DNS-profilját (4.ábra).



4. ábra: Allélhossz leolvasása az Applied Biosystems Peak Scanner nevű program segítségével

## 7. Analízisek

A leolvasott, kerekített és validált allélhosszokat egy Excel táblázatba foglaltuk össze. Az esetleges genotipizálási hibákat a Micro-checker szoftverrel ellenőriztük (*Oosterhout et al 2004*). A felnőttek és a fiókák DNS-profiljainak összehasonlítását egy Excelhez tartozó, GenAlEx (Genetic Analysis in Excel) 6.5 nevű makró segítségével végeztük el (*Peakall et al., 2012*). A program összehasonlítja egyenként a profilokat egymással és megadja, hogy melyek azok az egyedek, melyek genotípusai az adott lókuszon megegyeznek egymással. A GenAlEx-el számítottuk ki a PI (probability of identity) értéket (ami megmutatja annak a valószínűségét, hogy ha véletlenszerűen kiválasztunk két mintát, akkor azok ugyan attól az egyedtől származnak), valamint a lókuszon előforduló allélok mérőszámait is.

Az előbb említett programmal végeztünk Mantel-tesztet is, az egyedek rokonsági fokai és fészkeik földrajzi távolsága közötti korreláció vizsgálatára. A rokonsági fokokat is a GenAlEx számolta ki az egyedek genotípusai alapján.

A koordináták a magyarországi szabvány, EOVS (Egységes Országos Vetület) szerint voltak megadva, melyben az x tengely a gellérthegyi alapponton áthaladó kezdő meridián vetített képe, az y tengely pedig Magyarország középső szélességi vonala közelében haladó és a kezdő meridiánra merőleges legnagyobb gömbi kör vetített képe. A számítások egyszerűsítése érdekében a koordináta-tengelyeket önmagukkal párhuzamosan X irányban 200 000, Y irányban 650 000 méterrel eltolták azért, hogy az egész ország területe az első koordináta-negyedbe essék. Az x koordináta értéke 400 000 m-nél mindig kisebb, az y koordináta 400 000 m-nél pedig mindig nagyobb, így nem lehet felcserélni a koordinátákat. Mivel ezek a koordináták méterben vannak megadva ezzel lehetségessé vált, hogy a diszperziós távolságokat, mint vektorokat kezeljük. A vektorok x komponense volt a felnőttek és a fiókák szélességi koordinátáinak különbsége, az y pedig a hosszúságok különbsége. A vektorokat összeadva megkaptuk az összegvektor x,y komponensét és irányát. Az összegvektor hosszát kiszámítva és osztva az összeadott vektorok számával a sasok terjedésének átlagos tendenciáját kaptuk meg.

A távolságok kiszámításához WGS84 (World Geodetic System) koordináták kellettek dms (degrees/minutes/seconds) formátumban, a GenAlEx programhoz pedig dd (decimal degree) formátumra volt szükségünk. Az átalakításhoz egy internetes programot alkalmaztunk (Psoft informatikai Kft. koordináta átszámító: <http://www.psoft.hu>). A koordinátákat a Geographic Distance Matrix Generator program segítségével váltottuk át távolságokra ([http://biodiversityinformatics.amnh.org/open\\_source/gdmg/index.php](http://biodiversityinformatics.amnh.org/open_source/gdmg/index.php)).

A kelési diszperzióra ható tényezők hatásait az R statisztikai program segítségével értékeltük ki, boxplotok alapján (*R Development Core Team, 2008*). Két esetben szükségét éreztük statisztikai próba elvégzésének (Mann-Whitney U-próba), azonban ilyen kis mintaelemszámnál a teszt megbízhatósága alacsony.



## EREDMÉNYEK

### A DNS-kivonás és a PCR-ek sikeressége

A vizsgálat során összesen 265 fióka és 121 felnőtt madár tollából vontunk ki DNS-t, ebből a fiókák esetében 194 (73%), a felnőttek esetében pedig 117 (97%) lett sikeresen izolálva (legalább egy lókuszt sikerült felszaporítani). A minták sikerességét évekre lebontva a 2. táblázatban ábrázoltuk. Az összes 386 mintából 311 lett eredményes, ami 81%-os sikerességet jelent.

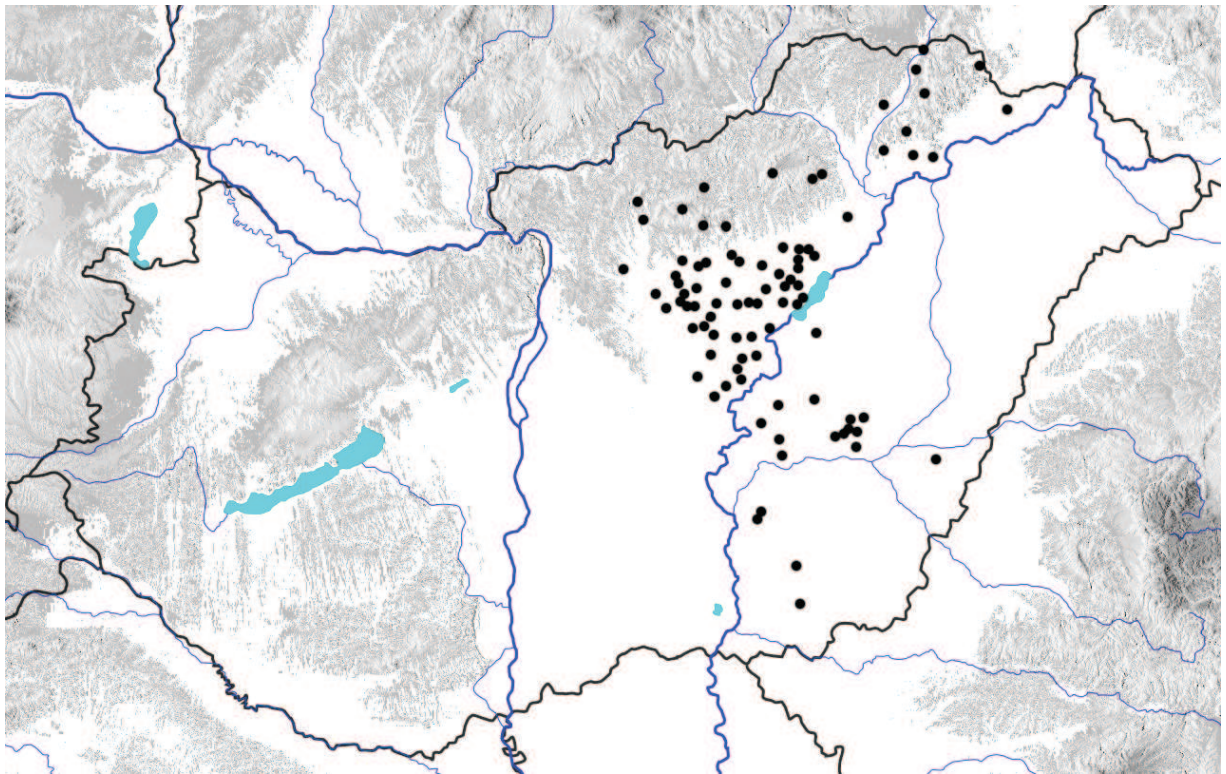
Év	Összes minta	Sikeresen izolált minta
2001	6	2
2002	25	6
2003	28	25
2004	31	27
2005	71	49
2006	32	29
2007	72	56
2011	121	117
<b>Összesen</b>	<b>386</b>	<b>311</b>

2. táblázat: DNS-kivonás sikeressége évekre lebontva

A vizsgálatba csak azokat a mintákat használtuk fel a DNS-profil összehasonlításoknál, melyeknél legalább hét mikroszatellita lókuszon sikeres volt a PCR. A fiókák esetében a 194 mintából 176-nak volt meg legalább hét lókusza, a felnőtteknél pedig a 117 mintából 104-re volt ez igaz. Az összehasonlítás során összesen 280 mintával tudtunk dolgozni (3. táblázat). Az analízisbe bevont 2011-es fészkek helyzetét a 5. ábra mutatja.

	10 lókuszt	9-7 lókuszt	6-3 lókuszt	2-1 lókuszt
<b>Fióka</b>	160	16	13	5
<b>Felnőtt</b>	93	11	7	5
<b>Összesen</b>	253	27	20	10

3. táblázat: A mikroszatellita lókusztok felszaporításának sikeressége



**5. ábra: Az analízisbe bevont felnőtt parlagi sasok fészkeinek elhelyezkedése**

## A mikroszatellita markerek alapvető mérőszámai

Az analízisben, a 7-10 lókuszra sikerült mintákkal tudtunk dolgozni, melyből 2011-es adult mintákból 104, a fióka mintákból pedig 176-ot használtunk fel (évekre lebontva a 7-10 lókuszra sikeres fióka minta: 2007:50, 2006:28, 2005:47, 2004:26, 2003:17, 2002:6, 2001:2). A genotipizálási hibák ellenőrzése során a Micro-checker szoftver nem talált „dadogásból” (stutter bands) vagy allélkiesésből (large allele dropout) származó hibát, viszont az Aa27 és Aa36 lókuszokon nullaléleket azonosított.

A PI érték a fiókák esetében 10 lókuszra  $4.7 \cdot 10^{-7}$ , a felnőttekre pedig  $3.78 \cdot 10^{-7}$  lett

Az egyes lókuszok alapvető mérőszámai a 4. illetve 5. táblázatban láthatók.

Lókusz	Na	Ho	He
<b>IEAAG09</b>	4.000	0.527	0.563
<b>IEAAG04</b>	4.000	0.241	0.248
<b>IEAAG12</b>	2.000	0.439	0.497
<b>IEAAG11</b>	4.000	0.676	0.697
<b>IEAAG15</b>	3.000	0.250	0.276
<b>Aa39</b>	8.000	0.711	0.760
<b>Aa36</b>	7.000	0.646	0.785
<b>Aa02</b>	6.000	0.788	0.757
<b>Aa27</b>	3.000	0.183	0.430
<b>Aa56</b>	6.000	0.429	0.434

4. táblázat: A mikroszatellita markerek mérőszámai; Na: allélok száma, Ho: megfigyelt heterozigócia, He: várt heterozigócia

<b>IEAAG09</b>		<b>IEAAG04</b>		<b>IEAAG12</b>		<b>IEAAG11</b>		<b>IEAAG15</b>	
477 bp	0.21023	231 bp	0.06115	126 bp	0.53597	327 bp	0.11273	105 bp	0.00181
481 bp	0.04924	235 bp	0.04676	130 bp	0.46403	331 bp	0.42909	109 bp	0.83514
485 bp	0.12879	239 bp	0.86331			335 bp	0.25455	117 bp	0.16304
489 bp	0.61174	243 bp	0.02878			339 bp	0.20364		

<b>Aa39</b>		<b>Aa36</b>		<b>Aa02</b>		<b>Aa27</b>		<b>Aa56</b>	
188 bp	0.04762	115 bp	0.16052	145 bp	0.02878	98 bp	0.06655	251 bp	0.02381
192 bp	0.36081	117 bp	0.27122	147 bp	0.04496	100 bp	0.72122	253 bp	0.7381
196 bp	0.01648	119 bp	0.1679	152 bp	0.30935	102 bp	0.21223	259 bp	0.08608
198 bp	0.16667	122 bp	0.00738	154 bp	0.23741			261 bp	0.04029
200 bp	0.26007	124 bp	0.12177	158 bp	0.28058			263 bp	0.00183
204 bp	0.09707	126 bp	0.00185	160 bp	0.09892			265 bp	0.10989
206 bp	0.04945	128 bp	0.26937						
208 bp	0.00183								

5. táblázat: : Az egyes lókuszokon található allélok és azok előfordulási gyakorisága (felső sor: tetranukleotid lókuszok; alsó sor: dinukleotid lókuszok)

## Kelési diszperzió

A 7-10 lókusszal rendelkező 2001-2007-es fiókák és a 2011-es felnőttek összehasonlításából 12 egyed mutatott teljes egyezést (6.táblázat). Ezek közül három hím és kilenc nőtény egyed volt.

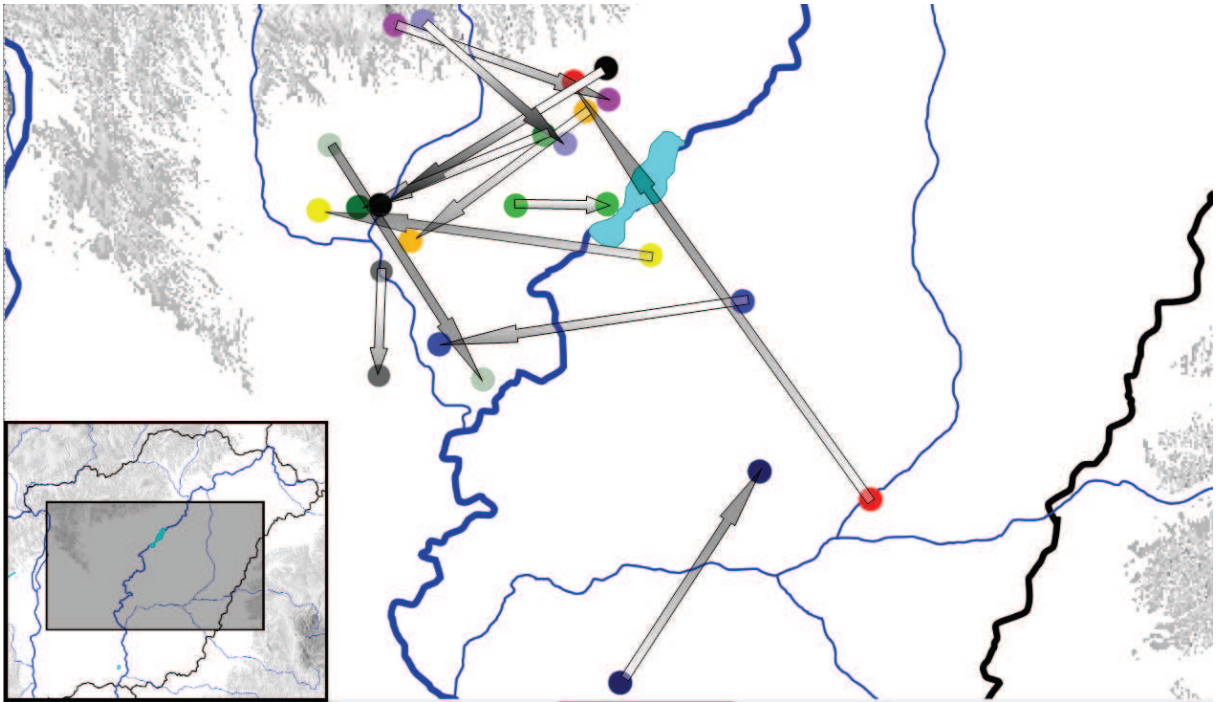
A nullalléles lókuszok (Aa27 és Aa36) nem befolyásolták a genotípusokon alapuló összehasonlítást: az egyező minták heterozigóták voltak ezeken a lókuszokon.

Fióka kódja	Kelési év	Territórium neve	Felnőtt kódja	Territórium neve	Ivar	Diszperziós távolság
F331	2003	BS-01	a11094	J-B	tojó	47.93 km
F347	2003	M-01	a11034	HS-23	tojó	35.56 km
F416	2004	HS-18	a11012	HS-04	hím	18.02 km
F420	2004	HS-13	a11062	J-16	tojó	37.10 km
F423	2004	NK-02	a11105	J-15	tojó	64.70 km
F513	2005	HS-01	a11035	J-13	tojó	40.85 km
F524	2005	J-01	a11088	J-21	tojó	53.06 km
F532	2005	J-04	a11085	J-28	hím	18.98 km
F536	2005	BE-05	a11004	BE-01	tojó	48.36 km
F603	2006	BE-06	a11044	BS-04	tojó	97.46 km
F746b	2007	M-02	a11084	BS-09	hím	43.18 km
F756	2007	NK-03	a11047	J-27	tojó	58.64 km

**6. táblázat: A 12 megtalált egyed adatai**

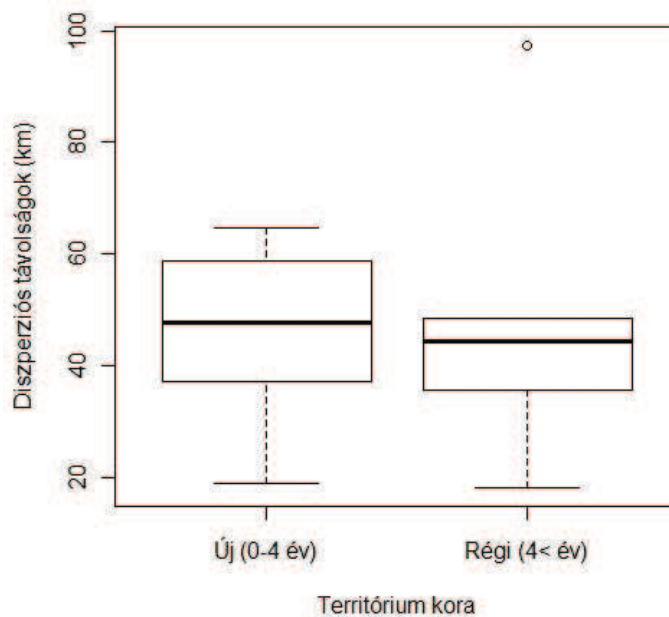
A parlagi sas átlagos kelési diszperziós távolsága a tizenkét megtalált egyed alapján 46.9 km, a medián pedig 45.55 km lett. Az értéktartomány 18.02-97.46 km.

Az egyes egyedek diszperziós távolságát és irányát vektorként összesítve azt kaptuk, hogy a tizenkét egyed alapján a parlagi sasok terjedésének tendenciája dél-nyugat irányba mutat, bár erőteljesebb a nyugat felé való terjeszkedés (12.14 km), mint a déli irányultság (3.14 km) (6.ábra).



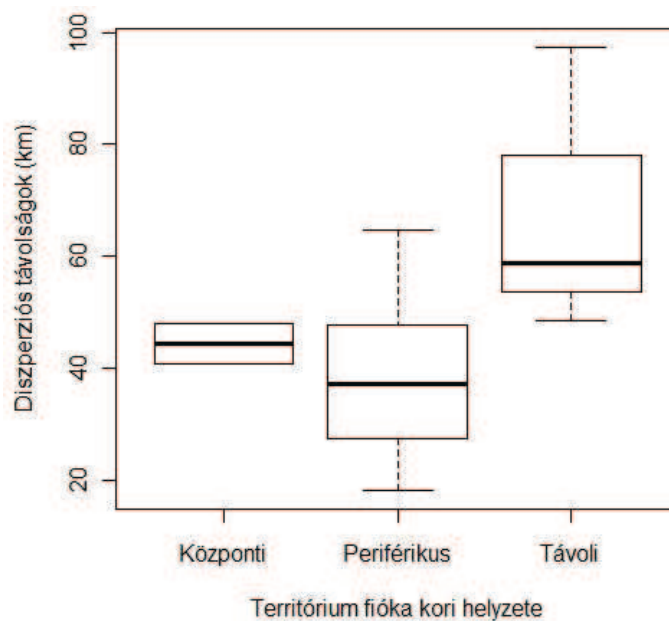
**6. ábra: A 12 megtalált madár kikelésének és 2011-es fészkelésének helyei. A nyilak a 2011-es fészkekre mutatnak. A kis térképen a bemutatott terület szürkével van kiemelve**

A territóriumok korát két kategóriába soroltuk be, a négy vagy annál fiatalabbak kerültek az „új” kategóriába, az öt vagy annál idősebbeket, pedig a „rég” kategóriába soroltuk. Mind két csoportba hat-hat egyed került, majd összehasonlítottuk a két csoport diszperziós távolságait (7.ábra). Az elvégzett Mann-Whitney U-próba p-értéke = 0.6991 és a boxplot alapján sem találtunk szignifikáns különbséget a két csoport diszperziója között.



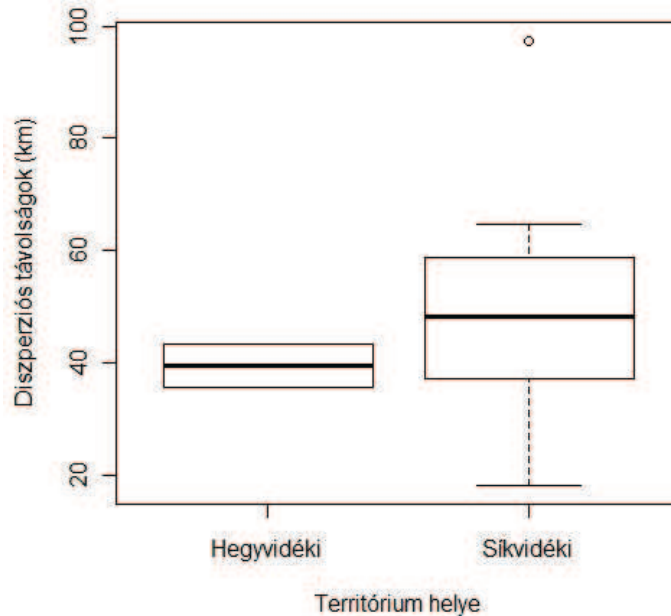
**7. ábra: Új és régi territóriumba tartozó egyedek diszperzióinak összehasonlítása**

Kíváncsiak voltunk arra is, hogy a költőterritóriumok helyzete (mind a keléskor, mind a fészkeléskor) befolyásolja-e a kelési diszperziót. Háromféle helyzet volt lehetséges, a terület lehetett a centrumban (több territóriumtól körülvéve), a periférián (több territórium közül a szélső), vagy egy teljesen új helyen, a többitől távol. Ezen kategóriákba soroltuk be a tizenkét egyed kelési és 2011-es költőterritóriumait. Összehasonlítottuk mind a felnőttkori, mind a fiókakori helyzeteket (8. ábra). A felnőttkori helyzetek között a diszperzióban nem észleltünk különbséget, viszont a fiókakori helyzeteknél látható különbségek vannak, a távoli fészkekben kikelt fiókák kelési helyüktől nagyobb távolságra fészkelnek.



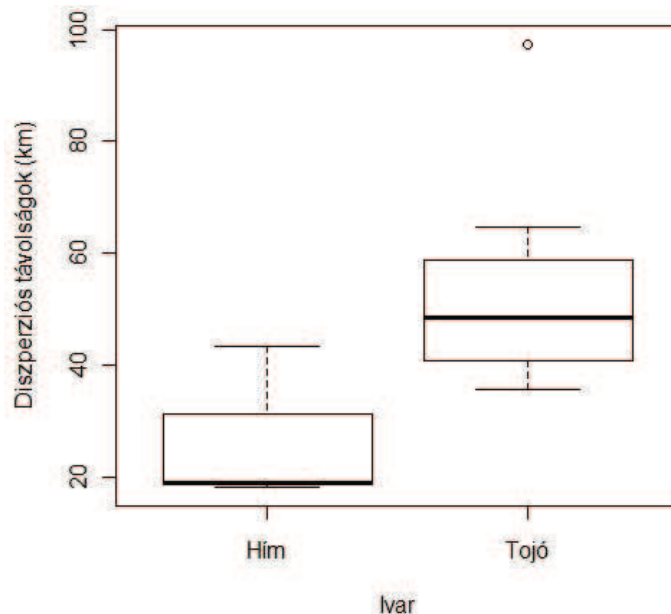
**8. ábra: A fióka kori helyzetek alapján a diszperziós távolságok**

A territórium helye alapján is végeztünk összehasonlítást, mely lehetett hegyvidéki vagy síkvidéki, azonban sajnos a tizenkét talált egyed közül csak két egyed volt hegyi. Elvégeztük az összehasonlítást (9.ábra), ez alapján nem találtunk különbséget a helyekhez tartozó egyedek diszperziós távolságai között.



**9. ábra: A territóriumok helye szerinti összehasonlítás**

Az ivarok diszperziós távolságai különböztek. A Mann-Whitney U-próba p-értéke = 0.03182 alapján azt kaptuk, hogy a tojók szignifikánsan messzebbre diszpergálnak, mint a hímek. Összesen három hím és kilenc nőstény egyedünk volt, a kelési diszperziók különbségét a 10. ábra is jól mutatja.



**10. ábra: A diszperziós távolságok az ivarok alapján**

Érdekes lett volna megtudni, hogy a többi sástól távol fészkelő, új territóriumot alapító egyedek milyen helyzetű territóriumokból jönnek, azonban csak egy ilyen egyedet találtunk. Ez a madár szintén új, a többi egyedtől távoli helyzetű fészkekben kelt ki.

Az egyedek rokonsági kapcsolatait egy mantel tesztben összehasonlítottuk a 2011-es fészkek egymástól való távolságaival (7.táblázat), hogy kiderítsük összefügghet-e a kelési diszperzió mintázata a rokonsági fokkal.

A teszt p-értéke 0.35, tehát az adataink alapján a rokonsági fok nem függ össze a diszperziós távolságokkal a talált egyedeinknél.

	a11094	a11034	a11012	a11062	a11105	a11035	a11088	a11085	a11004	a11044	a11084	a11047
a11094		0.09	0	0	0	0.02	0.48	0	0	0	0	0.05
a11034	36,12		0	0.1	0	0	0.53	0.04	0	0	0	0
a11012	42,98	14,20		0	0.37	0	0	0	0.23	0	0	0
a11062	4,47	40,58	47,16		0.15	0.09	0	0	0	0	0	0.48
a11105	13,38	49,40	56,20	9,04		0.07	0	0.03	0.01	0	0	0
a11035	8,87	34,67	38,64	10,79	18,87		0	0	0	0	0	0.33
a11088	38,47	46,72	40,50	39,42	44,96	29,63		0	0	0	0	0.02
a11085	32,81	56,08	54,37	31,39	33,05	26,07	20,01		0	0	0	0
a11004	88,05	71,62	57,47	90,67	98,15	79,88	55,90	75,36		0.05	0.39	0
a11044	42,52	11,74	23,99	46,92	55,11	43,14	58,29	66,44	80,93		0.6	0
a11084	46,90	11,84	19,79	51,37	59,93	46,26	57,62	67,87	75,21	7,39		0
a11047	28,94	44,54	41,62	29,35	34,40	20,35	10,65	12,97	65,99	55,46	56,15	

7. táblázat: A 12 megtalált felnőtt egyed rokonsági fokai (szürke) és fészkeik egymástól való távolságai (fehér, km)



## DISZKUSSZIÓ

Az 1980-as évektől kezdve exponenciálisan növekszik a magyarországi parlagi sasok száma. A kárpát-medencei állomány genetikai szintű vizsgálatai arra utalnak, hogy ez az állomány egységes és csak kicsi a valószínűsége, hogy génáramlás áll fenn a legközelebbi (macedón vagy bolgár) populációkkal és ha igen, akkor is csak a Kárpát-medence nyugati részén fészkelő madaraknál. Így valószínűsíthető, hogy az általunk vizsgált, a Dunától keletre élő állomány belterjes, és az Alföldön költő egyedek mindegyike a korábban a hegyekbe visszaszorult egyedek leszármazottja (*Kovács et al., in prep.*).

A faj a költőterület növekedése során érdekes mintázatot mutat. A már meglévő, de megüresedő (centrális vagy periférikus) territóriumok elfoglalása mellett (ami stabil, nem növekedő populációban az egyetlen lehetőség), a költőterület expanziója révén a fiatal költőpárok új területeket is kolonizálhatnak. Vannak új territóriumok, melyek már meglévő territóriumok közelében alakulnak ki, és vannak olyanok amiket a többi sástól távoli, addig nem kolonizált területen alapítanak. Az új helyen költők mellé aztán évről évre egyre több sas fészkel, így növelve az elterjedési területüket.

Egyedi szinten történő vizsgálatokkal, mint amilyen a kelési diszperzió, ez a folyamat sokkal részletesebben megvizsgálható, pontosabb képet kaphatunk a növekedő populáció dinamikájáról, a terjedés finomabb mintázatáról. Territoriális, monogám ragadozó madaraknál a születési diszperziót eddig csak nagyon kevés esetben vizsgálták. Legtöbbször műholdas adóval végeztek ilyen vizsgálatokat, viszont általában csak egy-két egyeden (*pl.: Cadahia, 2009, Grant and McGrady, 1999*). Az utóbbi időben a molekuláris vizsgálatokkal már több egyed is megfigyelhető, főleg a nem invazív, tollakból kivont DNS-mintázás segítségével (*González et al., 2006, Rudnick et al., 2008*). A kelési diszperziót azonban eddig csak az ivarok és a filopátia szempontjából vizsgálták meg többnyire, a diszperzióra ható tényezőket még nem nézték.

A felnőtt és a fióka DNS-profilok GenAIEx általi összehasonlításából összesen tizenkét egyed mutatott egyezést. Ezen egyedek alapján az átlagos kelési diszperziós távolság 46.9 km. Shields (1982) szerint filopatrikus egy faj, ha az effektív kelési diszperzió mediánja (a legdiszperzebb csoportból: nőstények) kisebb, mint az átlagos territórium átmérőjének a tízszerese (*Greenwood and Harvey, 1982 alapján*). A parlagi sasok átlagos territórium nagysága 48 km<sup>2</sup> (*Kovács et al., 2005*), tehát az átlagos territórium átmérője 7.82 km, azaz a maximális diszperziós távolság 78.18 km, hogy még filopatrikusnak tekinthessük a fajt. A megtalált tizenkét egyed tojóinak diszperziójának a mediánja 48.14 km, tehát ez a 12 sas

filopatikusnak tekinthető. Ha az egyedek diszperzióit külön külön nézzük meg, akkor egy egyed, a 97.46 km diszperzióval nem lenne filopatikus.

A parlagi sas költőterület-növekedése egyértelmű déli irányú expanziót mutat, az utóbbi két évtizedben az új alapítású költőterületek általában a meglévőktől délre jelentek meg (Horváth *et al.*, 2011). Ezt a tendenciát a 12 egyed esetében részben mi is megállapítottuk, mivel az egyedek mozgásának átlagolásával dél-nyugati irányultságot kaptunk. Az Északi-középhegységből (korábbi menedék) az Alföldre (megfelelő élőhely) való terjedés miatt nem meglepő a déli-délnyugati irány, a bihari, békési és kiskunsági területek felé. Az egyedi szintű vizsgálat viszont megmutatta, hogy az egyedek mozgása mennyire nem egységes. A már megalapított territóriumok közötti diszperzió mind az irányt, mind a távolságot tekintve nagyon változatos.

Több szempontból is megvizsgáltuk, hogy mi befolyásolhatja a kelési diszperzió mértékét. Nem találtunk sem a territóriumok jellege (hegyi, nem hegyi), sem kora vagy a felnőttkori helyzete, valamint a rokonsági fok és a diszperzió között összefüggést. Némi különbséget azonban tapasztaltunk a fiókakori helyzeteknél. Leginkább az új helyen kikelő egyedek diszperziója tért el a másik két csoporttól, valószínűleg azért, mert ezen egyedek, egy kivételével, a többi sas mellett kezdtek el költöni és így nagy távolságot kellett megtenniük odáig.

Az ivarok között nagy különbséget találtunk a tojók javára, mely megegyezik az általános vélekedéssel, miszerint a madarak esetében a nőstény egyedek diszpergálnak messzebbre. A parlagi sas legközelebbi rokon fajának, az ibériai sasnak (*Aquila adalberti*), a vizsgálata során nem találtak különbséget az ivarok effektív átlagos születési diszperziójában, tehát a két faj pleisztocén kori szétválása óta lehetséges, hogy két különböző diszperziós stratégiát alakított ki (González *et al.*, 2006).

Összességében tehát kijelenthetjük, hogy ennek a tizenkét egyednek a kelési diszperzióját nem befolyásolta a territóriumok kora, helye, felnőttkori helyzete illetve a rokoni kapcsolatok sem. A fiókakori territórium helyzetek szerinti összehasonlításnál, azonban különbséget találtunk a csoportok diszperziója között, lehetséges, hogy ez befolyásolja valamennyire a kelési diszperziót, illetve az ivarok között is van különbség, a nőstények javára. Az egyedek a diszperziójuk alapján filopatikusnak mondhatóak. Találtunk némi tendenciát a sasok terjedésében dél-nyugati irányában. Érdeemes lenne tovább folytatni vizsgálatot, minél több év és egyed bevonásával, hogy növelve a mintaszámot pontosabb statisztikákkal még jobb képet kapjunk a faj születési diszperziójáról.

## ÖSSZEFOGLALÓ

A parlagi sas (*Aquila heliaca*) világszerte veszélyeztetett faj, a Kárpát-medencétől egészen a Bajkál-tóig előfordul. Összesen 3000-7000 költőpár él belőle Európában és Ázsiában, a magyarországi állomány nagysága pedig nagyjából 140-150 párra tehető. A hazai populáció egyedeinek száma és elterjedési területe a védelmi programok bevezetése után indult növekedésnek és növekedése során érdekes terjedési mintázatot mutatott, melyet érdemes elemezni. A vizsgálat során hazai egyedek DNS-ujjlenyomatát határoztuk meg a faj születési diszperziójának tanulmányozásához. A születés utáni (kelési) diszperzió, a távolság melyet az egyed kelési és fészkelési helye között mérhetünk, analízise fontos információkkal szolgálhat a faj dinamikájáról, terjedéséről, a populációk struktúrájáról, amik segítségével a veszélyeztetett fajokat védő programok hatékonysága növelhető.

A felnőtt egyedek DNS-ét nem invazív módszerrel gyűjtött vedlett tollak felső köldökéből, a fiókákét pedig a gyűrűzés során kitépett tokos tollak csévéjéből nyertük ki. A DNS profilokat mikroszatellita lókuszok felszaporításával és fragmens analízisével állítottuk össze.

A vizsgálatban a 2011-es felnőtt (121 db) és a 2001-2007-es (265 db) fióka mintákat használtuk, ami 386 darabot jelentett összesen. A DNS izolálás 311 darabra sikerült (fióka: 194, felnőtt: 117), melyekből 280 mintánál volt meg legalább hét lókusz (fióka: 176, felnőtt: 104), ezeket tudtuk használni az összehasonlítás során. A GenAlEx program tizenkét egyezést talált, melyek közül három hím és kilenc nőstény volt. A kelési diszperzió a nőstények esetében sokkal nagyobbak bizonyult, mint a hímeké. A megegyező egyedek kelési diszperziója alapján a territóriumok kora, helye, felnőttkori helyzete és a rokonsági fok nem befolyásolja a diszperziót. A fiókakori helyzetek esetében különbségeket találtunk a csoportok diszperziója között, tehát valószínűsíthető a befolyásoltság. Az egyedek a diszperziójuk alapján filopatikusak. Dél-nyugat irányú tendenciát találtunk a tizenkét egyed alapján a sasok diszperziójában, azonban ez mind irányban, mind távolságban nagy egyedi változatosságot mutatott.

A mintaelemszámot tovább növelve, új évek és egyedek bevonásával, következtetni lehetne a faj terjedésére, dinamikájára a pontosabb statisztikák segítségével.

## SUMMARY

The Eastern Imperial Eagle (*Aquila heliaca*) is a globally threatened raptor species, being distributed from the Carpathian basin to the Baikal Lake. The world's total breeding population of the species is about 3000-7000 pairs in Europe and Asia, the size of the Hungarian population is roughly estimated at 140-150 pairs. After a recent bottleneck and habitat loss, population census in Hungary began to grow, along with an expansion in the breeding area. This expansion showed an interesting pattern that might be analyzed via individual-based analyses. In this study we attempted to reveal the natal dispersal patterns of Imperial Eagles by comparing DNA-profiles of breeding birds with previously ringed nestling eagles' profiles. Natal dispersal, defined as the movement of an individual from its birth site to its first breeding site, can provide information about the finer patterns of population structure and dynamics.

We used non-invasively collected feathers from adults and plucked feathers from nestling birds, getting the DNA from the blood clot formed at the superior umbilicus of the feather. We defined DNA profiles using 10 microsatellite loci.

We sampled altogether 121 adult feathers collected in 2011 and 265 nestling feathers plucked between 2001-2007, a total of 386. DNA isolation and amplification was successful in 280 samples. In this dataset, altogether 12 previously ringed nestling eagles were detected in the 2011 breeding population with fully matching genotypes. Three of them were male and nine were female. On the score of the individuals' dispersal distances, the species can be considered as philopatric. The females' natal dispersal distances were significantly greater than males'. Age, position in 2011 (central, peripheric or far) and location (mountain or plain) of the territories, along with relatedness of the breeding birds had no effect on dispersal distances. Eagles hatched in distantly founded nests moved to a greater distance than those of hatched in adjacent nests. There was a small tendency in the dispersion towards a south-west direction, but with a great individual variance in the dispersion direction and distance.

With more samples and study years we could get a more precise picture on the fine expansion patterns of this raptor species.

## **KÖSZÖNETNYILVÁNÍTÁS**

Elsősorban szeretném megköszönni témavezetőmnek, Szabó Krisztiánnak a vizsgálatban és a dolgozat megírásában nyújtott rengeteg segítséget. Köszönet jár Vili Nórának a rengeteg segítségért és tanácsokért.

Köszönet illeti a Magyar Madártani és Természetvédelmi Egyesület Parlagisas-védelmi Munkacsoportját és az Magyar Természettudományi Múzeum Molekuláris Taxonómiai Laboratóriumának munkatársait.

Köszönöm a témabeszámolókon adott javaslatokat illetve hozzászólásokat a kar tanáraitól, mellyel segítettek a szakdolgozatom előrehaladását.

Külön köszönöm családomnak, barátomnak és a barátaimnak a támogatást és a bátorítást.

## IRODALOMJEGYZÉK

- Bagyura J., Szitta T., Haraszthy L., Firmánszky G., Viszló L., Kovács A., Demeter I., Horváth M.: Population increase of imperial eagle (*Aquila heliaca*) in Hungary between 1980 and 2000. In: *Aquila*, 2002. 107-108. vol. 133-144. p.
- BirdLife International 2013. *Aquila heliaca*. In: IUCN Red List for birds. Downloaded from [www.birdlife.org](http://www.birdlife.org) on 25/04/2013.
- Busch J.D., Katzner T.E., Bragin E., Keim P.: Tetranucleotide microsatellites for *Aquila* and *Haliaeetus* eagles. In: *Molecular Ecology Notes*, 2005. 5. vol. 39–41. p.
- Cadahía L., López-López P., Urios V., Soutullo Á., Negro J. J.: Natal dispersal and recruitment of two Bonelli's Eagles *Aquila fasciata*: a four-year satellite tracking study. In: *Acta Ornithol*, 2009. 44. vol. 193–198. p.
- Danko Š.: Monitoring, Management und Schutz der Brutplätze des Kaiseradlers in der Ostslowakei im Jahre 2009. In: Manuscript. Michalovce, Slovakia, 2009. 19 p.
- Del Hoyo J., Elliot, A., Sargatal, J.: *Handbook of the Birds of the World*, 1995. 2. vol. Falconiformes to Galliformes. Barcelona (Lynx Edicions), 638 p.
- Demerdzhiev, D., Horváth, M., Kovács, A., Stoychev, S., Karyakin, I.: Status and Population Trend of the Eastern Imperial Eagle (*Aquila heliaca*) in Europe in the Period 2000-2010. In: *Acta Zoologica Bulgarica*, 2011. 3. vol. 5-14. p.
- Dravecký M., Sellis U., Bergmanis U., Dombrovski V., Lontkowski J., Maciorowski G., Maderič B., Meyburg B-U., Mizera T., Stój M., Treinys R., Wójciak J.: Colour ringing of the Spotted Eagles (*Aquila pomarina*, *Aquila clanga* and their hybrids) in Europe – a review. In: *Slovak Rapt J*, 2008 2. vol. 37–52. p.
- Ellegren H., Sheldon B.C.: New tools for sex identification and the study of sex allocation in birds. In: *Trends in Ecology and Evolution*, 1997. 12. vol. 255-259. p.
- Ellegren H.: Evolution of the avian sex chromosomes and their role in sex determination. In: *Trends in Ecology and Evolution*, 2000. 15. vol. 188–192. p.
- Fridolfsson, A.K., Ellegren, H.: A simple & universal method for molecular sexing of non ratite birds. In: *Journal of Avian Biology*, 1999. 30. vol. 116-121. p.
- Gemmel, N., Akiyama, S.: An efficient method for the extraction of DNA from vertebrate tissue. In: *Trends in Genetics*, 1998. 12. vol. 338-339. p.

- González, L.M., Oria, J., Margalida, A., Sánchez, R., Prada, L., Caldera, J., Aranda, A., Molina, J.I.: Effective natal dispersal and age of maturity in the threatened Spanish Imperial Eagle (*Aquila adalberti*): conservation implications. In: Bird Study, 2006. 53. vol. 285–293. p.
- Grant J.R., McGrady M.J.: Dispersal of Golden Eagles *Aquila chrysaetos* in Scotland. In: Ringing and Migration, 1999. 19:3. vol. 169-174. p.
- Greenwood, P.J.: Mating systems, philopatry and dispersal in birds and mammals. In: Animal Behavior, 1980 28. vol. 1140–1162. p.
- Greenwood, P.J., Harvey, P.H.: The natal and breeding dispersal of birds. In: Annual Review of Ecology and Systematics, 1982, 13.vol 1–12. p.
- Haraszthy L., Bagyura J., Szitta T., Petrovics Z., Visszó L.: Biology, Status and Conservation of the Imperial Eagle (*Aquila heliaca*) in Hungary. In: Meyburg, B.-U. & Chancellor, R. D. (eds.): Eagle Studies. WWGBP: Berlin, London & Paris, 1996. 425-428. p.
- Hebblewhite, M., Haydon, D.T.: Distinguishing technology from biology: a critical review of the use of GPS telemetry data in ecology. In: Philosophical Transactions of the Royal Society, 2010. B365. vol. 2303-2312. p.
- Horváth M., Martínez-Cruz, B., Negro, J.J., Kalmár L., Godoy, J.A.: An overlooked DNA source for non-invasive genetic analysis in birds. In: Journal of Avian Biology, 2005. 36. vol. 84-88. p.
- Horváth, M., Demeter, I., Fatér, I., Firmánszky, G., Kleszó, A., Kovács, A., Szitta, T., Tóth, I., Zalai, T. and Bagyura, J.: Population dynamics of the Imperial Eagle (*Aquila heliaca*) in Hungary between 2001 and 2009. In: Acta Zoologica Bulgarica, 2011. 3. vol. 61-70. p.
- Jánossy D.: Plio-Pleistocene bird remains from the Carpathian basin VI. Systematical and Geographical Catalogue. In: Aquila, 1980. 87. vol. 9-21. p.
- Johnson, M.L., Gaines, M.S.: Evolution of dispersal: theoretical models and empirical tests using birds and mammals. In: Annual Review of Ecology and Systematics, 1990. 21.vol. 449–480. p.
- Kovács A., Horváth M., In: MME, 2005 Demeter I., Fülöp Gy., Frank T., Szilvácsku Zs.: Parlagisas-védelmi kezelési javaslatok.. Budapest. 159. p.
- Kovács Sz., Szabó K., Vili N., Kalmár L., Horváth M.: Genetic structure, genetic diversity and phylogeography of the western populations of the Eastern Imperial Eagle (*Aquila heliaca*). *In prep.*

- Li, J.C., Korol, A.B., Fahima, T., Beiles, A., Nevo, E.: Microsatellites: genomic distribution, putative functions and mutational mechanisms: a review. In: *Molecular Ecology*, 2002. 11. vol. 2453-2465. p.
- Martínez-Cruz, B., David, V.A., Godoy, J.A., Negro, J.J., O'Brien, S.J., Johnson, W.E.: Eighteen polymorphic microsatellite markers for the highly endangered Spanish imperial eagle (*Aquila adalberti*) and related species. In: *Molecular Ecology Notes*, 2002. 2. vol. 323-326.p.
- Oosterhout C., Hutchinson W.F, Wills D.P.M., Shipley P.: Micro-checker: software for identifying and correcting genotyping errors in microsatellite data. In: *Molecular Ecology Notes*, 2004. 4. vol. (3) 535-538. p.
- Peakall, R., Smouse, P.E.: GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research-an update. In: *Bioinformatics*, 2012. 28. vol. 2537-2539. p.
- R Development Core Team: R: A language and environment for statistical computing. In: R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria, 2008. ISBN 3-900051-07-0, URL <http://www.R-project.org>.
- Rudnick J.A., Katzner T.E., Bragin E.A., Dewoody J.A.: A non-invasive genetic evaluation of population size, natal philopatry, and roosting behavior of non-breeding Eastern Imperial Eagles (*Aquila heliaca*) in central Asia. In: *Conservation Genetics*, 2008. 9. vol. 667-676. p.
- Shields, W.M.: *Philopatry, Inbreeding and the Evolution of Sex*. New York: University of New York Press, 1982. 245. p.
- Vasvári M.: Die Verbreitung und Oekologie des Kaiseradlers (*Aquila heliaca* Sav.). In: *Festschrift für Prof. Dr. Embrik Strand*. Riga, 1938. 5. vol. 290-317. p.
- Vili N., Nemesházi E., Kovács Sz., Horváth M., Kalmár L., Szabó K.: Factors affecting DNA quality in feathers used for non-invasive sampling. In: *Journal of Ornithology*, 2012. 154 vol. 587-595 p.



# HuVetA - SZIA

## ELHELYEZÉSI MEGÁLLAPODÁS ÉS SZERZŐI JOGI NYILATKOZAT\*

Név:.....

Elérhetőség (emailcím):.....

A feltöltendő mű címe:.....

.....

A mű megjelenési adatai:.....

Az átadott fájlok száma: .....

Jelen megállapodás elfogadásával a szerző, ill. a szerzői jogok tulajdonosa nem kizárólagos jogot biztosít a HuVetA és a SZIA számára, hogy archiválja (a tartalom megváltoztatása nélkül, a megőrzés és a hozzáférhetőség biztosításának érdekében) és másolásvédt PDF formára konvertálja és szolgáltatassa a fenti dokumentumot (beleértve annak kivonatát is).

Beleegyeznek, hogy a HuVetA és a SZIA egynél több (csak a HuVetA és a SZIA adminisztrátorai számára hozzáférhető) másolatot tároljon az Ön által feltöltött dokumentumból kizárólag biztonsági, visszaállítási és megőrzési célból.

Kijelenti, hogy a feltöltött dokumentum az Ön műve, és/vagy jogosult biztosítani a megállapodásban foglalt rendelkezéseket arra vonatkozóan. Kijelenti továbbá, hogy a mű eredeti és legjobb tudomása szerint nem sérti vele senki más szerzői jogát. Amennyiben a mű tartalmaz olyan anyagot, melyre nézve nem Ön birtokolja a szerzői jogokat, fel kell tüntetnie, hogy korlátlan engedélyt kapott a szerzői jog tulajdonosától arra, hogy engedélyezhesse a jelen megállapodásban szereplő jogokat, és a harmadik személy által birtokolt anyag rész mellett egyértelműen fel van tüntetve az eredeti szerző neve a művön belül.

A szerzői jogok tulajdonosa a hozzáférés körét az alábbiakban határozza meg **(egyetlen, a megfelelő négyzetben elhelyezett x jellel)**:

- engedélyezi, hogy a HuVetA-ban/SZIA-ban tárolt művek korlátlanul hozzáférhetővé váljanak a világhálón,
- a Szent István Egyetem belső hálózatára (IP címeire) korlátozza a feltöltött dokumentum(ok) elérését,
- a SZIE Állatorvos-tudományi Könyvtárban található, dedikált elérést biztosító számítógépre korlátozza a feltöltött dokumentum(ok) elérését,
- csak a dokumentum bibliográfiai adatainak és tartalmi kivonatának feltöltéséhez járul hozzá (korlátlan hozzáféréssel),
- nem engedélyezi a feltöltött dokumentum(ok) elérését és a dokumentum bibliográfiai adatainak nyilvánossá tételét a HuVetA-ban/SZIA-ban.

\* Jelen nyilatkozat az 5/2011. számú, *A Szent István Egyetemen folytatott tudományos publikációs tevékenységgel kapcsolatos adatbázis kialakításáról és alkalmazásáról* című rektori utasításhoz kapcsolódik, illetve annak alapján készült.

Kérjük, **nyilatkozzon a négyzetben elhelyezett jellel a helyben használatról is:**

Engedélyezem a dokumentum(ok) nyomtatott változatának helyben olvasását a könyvtárban.

Amennyiben a feltöltés alapját olyan mű képezi, melyet valamely cég vagy szervezet támogatott illetve szponzorált, kijelenti, hogy jogosult egyetérteni jelen megállapodással a műre vonatkozóan.

A HuVetA üzemeltetői a szerző, ill. a jogokat gyakorló személyek és szervezetek irányában nem vállalnak semmilyen felelősséget annak jogi orvoslására, ha valamely felhasználó a HuVetA-ban engedéllyel elhelyezett anyaggal törvénytisztító módon visszaélne.

Budapest, 2013. év .....hó .....nap

---

**aláírás**

**Szerző/a szerzői jog tulajdonosa**

---

*A **HuVetA Magyar Állatorvos-tudományi Archívum – Hungarian Veterinary Archive** a Szent István Egyetem Állatorvos-tudományi Könyvtár, Levéltár és Múzeum által működtetett szakterületi online adattár, melynek célja, hogy a magyar állatorvos-tudomány és -történet dokumentumait, tudásvagyonát elektronikus formában összegyűjtse, rendszerezze, megőrizze, kereshetővé és hozzáférhetővé tegye, szolgáltassa, a hatályos jogi szabályozások figyelembe vételével.*

*A HuVetA a korszerű informatikai lehetőségek felhasználásával biztosítja a könnyű, (internetes keresőgépekkel is működő) kereshetőséget és lehetőség szerint a teljes szöveg azonnali elérését. Célja ezek révén*

- *a magyar állatorvos-tudomány hazai és nemzetközi ismertségének növelése;*
- *a magyar állatorvosok publikációira történő hivatkozások számának, és ezen keresztül a hazai állatorvosi folyóiratok impakt faktorának növelése;*
- *az Állatorvos-tudományi Kar és az együttműködő partnerek tudásvagyonának koncentrált megjelenítése révén az intézmények és a hazai állatorvos-tudomány tekintélyének és versenyképességének növelése;*
- *a szakmai kapcsolatok és együttműködés elősegítése,*
- *a nyílt hozzáférés támogatása.*

*A **SZIA Szent István Archívum** a Szent István Egyetemen keletkezett tudományos dolgozatok tára.*