

MTA Doktori Pályázat
Doktori Értekezés Tézisei

**Papagájok védelme és kihalási kockázatai:
Multidiszciplináris és konzervációgenetikai
megközelítések**

**Parrot conservation and extinction risks:
Multidisciplinary and conservation genetic approaches**

Oláh György

The Australian National University

Budapest
2025

A papagájalakúak rendje (Psittaciformes) rendkívül sokszínű, mintegy 400 ma élő fajjal (Smith *et al.* 2024). Ezeket a madarakat jellegzetes morfológiai jegyek, mint például erős, ívelt csőrük és zigodaktil lábuk egyesítik (Forshaw 2006). Ezek lehetővé teszik számukra, hogy kiaknázzák a növényi erőforrások széles skáláját, még a nehezen hozzáférhető magokat is (Blanco *et al.* 2018), és ezáltal kulcsfontosságú szerepük van az ökoszisztémában a magvak és a pollen terjesztése terén (Baños-Villalba *et al.* 2017; Tella *et al.* 2019). A papagájok legalább 70%-a már meglévő faüregekben fészkel, így a szelektív erdőirtás nagy mértékben csökkenti a rendelkezésükre álló fészkelőhelyek számát és ezáltal a szaporodási sikerüket (Newton 1994).

Méretük figyelemre méltóan változatos, az apró, 10 grammos harkálpapagájtól (*Micropsitta*) a fenséges, több mint 1 kilogrammos arákig (pl. *Ara*) és kakadukig terjed (pl. pálmakakadu, *Probosciger aterrimus*). Ugyan evolúciós eredetük vitatott – a filogenetikai adatok Gondwana-i eredetre utalnak (Tavares *et al.* 2006), míg a fosszilis leletek északi eredetet sugallanak (Waterhouse 2006) –, evolúciós értelemben legközelebbi kapcsolatot a verébalakúakkal (Passeriformes) mutatnak, e két madárrend közös őse pedig a sólyomfélékkel (Falconidae) mutat rokonságot (Hackett *et al.* 2008). A papagájalakúak diverzifikációja valószínűleg a korai oligocénben, mintegy 28–34 millió évvel ezelőtt történhetett (Kimball *et al.* 2019).

A papagájok elsősorban a déli félteke trópusi és szubtrópusi élőhelyein őshonosak (Juniper and Parr 1998), de az elmúlt évszázadok emberi közvetítésével, világszerte több mint 75 populációjuk honosodott meg eredeti élőhelyükön kívül (Vall-llosera and Cassey 2017), beleértve az olyan széles körben elterjedt fajokat, mint a kis

sándorpapagáj (*Alexandrinus krameri*) és a barátpapagáj (*Myiopsitta monachus*), amelyek a városi környezetben is megtelepedtek (Pruett-Jones 2021).

A papagájok rendkívül társas lények, komplex kommunikációs rendszerekkel, a testméretükhöz képest nagy méretű aggyal és gyakran színpompás tollazattal (Toft and Wright 2015). Ezen tulajdonságuk az emberi társadalomban nagy népszerűségnek örvendenek már évezredek óta (Boehrer 2004; Pires 2012). Ugyan Magyarországon a papagájok nem őshonosak, de számos fajukat tartják kedvtelésből, amit hazai és nemzetközi jogszabályok szabályoznak. A papagájfajok magyar neveinek egyértelműsítéséhez – többek között e jogszabályokhoz – korábban egy egységes magyar nyelvű névjegyzéket publikáltunk (Olah and Bankovics 2022) a legújabb taxonómiát követve (Provost *et al.* 2018; Joseph *et al.* 2020; Smith *et al.* 2023), egy rendszeresen frissülő online adatbázisban (<http://papagajok.info>).

Ökológiai jelentőségük és népszerűségük ellenére a papagájok átható fenyegetésekkel néznek szembe az antropocén korban (Martin *et al.* 2014). Ezek között korábban az ismertebbek az erdőirtások okozta élőhelypusztulás (Snyder *et al.* 2000) és az állatkereskedelem (Pires 2012; Tella and Hiraldo 2014) voltak. Egy faj veszélyeztetettségének valószínűsége azonban gyakran korrelál olyan biológiai tényezőkkel, mint a testméret vagy a generációs idő (Fisher *et al.* 2003), továbbá befolyásolja az élőhelyükön élő emberi populációk társadalmi-gazdasági státusza is (Czech *et al.* 2000). Az ökológiai, társadalmi-gazdasági és emberi tényezők komplex kölcsönhatása összehangolt nemzetközi erőfeszítéseket tesz szükségessé a papagájalakúak megértésére és védelmére.

A vadon élő papagájpopsulációk tanulmányozása e természetvédelmi erőfeszítések megalapozásához jelentős kihívásokat támaszt (Heinsohn *et al.* 2018). Rejtőző viselkedésük és összetett társadalmi struktúráik gyakran alkalmatlanná teszik őket a hagyományos ökológiai és statisztikai megközelítésekre (Toft and Wright 2015), mint például a befogás-visszafogás alapú vizsgálatokra (White and Burnham 1999), ami innovatív módszertanok kritikus szükségességét emeli ki a papagájkutatásban és -védelemben.

Genetikai módszereket már régóta alkalmaznak a papagajok kutatására, például fogságban tartott és vadon élő egyedek megkülönböztetésére mikroszatellita markerekkel (Coetzer *et al.* 2017), lefoglalt tojások azonosítására mitokondriális DNS alapján (Coghlan *et al.* 2012), vagy a közeli rokonok feltérképezésére egy tenyésztési program vérmintáiból kivont DNS segítségével (Ringler 2012). Azonban, annak ellenére, hogy a vedlett tollakból származó DNS egyedi azonosításra való felhasználásának technikája már régóta rendelkezésre állt (Horváth *et al.* 2005), ezt nem aknázták ki a papagajok egyedi azonosításában.

Disszertációm témája összetett módszerekkel próbálja orvosolni e hiányosságokat, az alábbi kérdéseket taglalva:

I. Milyen biológiai, társadalmi-gazdasági és antropogén tényezők befolyásolják a papagajok kihalási kockázatát globális és regionális szinten?

Első lépésként összehasonlító meta-analízisekkel vizsgálom a papagájalakúak globális és faunaterületenkénti fenyegetettségét, fontos hangsúlyt fektetve a társadalmi-gazdasági hatásokra és a papagájfajok evolúciós hátterére.

II. Hogyan nyújthat új ismereteket a vadon élő papagájpopulációk biológiájáról és védelméről egy interdiszciplináris megközelítés, amely a terepi ökológiát úttörő genetikai módszerekkel ötvözi?

A munkám sarokkövét képező fejlett genetikai technikák alkalmazásával demonstrálom a nem-invazív genetikai elemzések hasznosságát az egyedek befogása nélkül.

III. Hogyan lehet fejlett genetikai technikákat alkalmazni a veszélyeztetett papagájpopulációk életképességének hatékony felmérésére, és ajánlásokat tenni természetvédelmi kezelésükhöz?

Itt munkám konzervációgenetikai eredményeit mutatom be, amelyek átfogó elemzéseket tesznek lehetővé a populációgenetikától a szaporodási rendszerek vizsgálatáig és az effektív populációméret becsléséig.

E multidiszciplináris megközelítések olyan részletes ökológiai és demográfiai adatok megszerzését teszik lehetővé, amelyek egyébként hozzáférhetetlenek lennének, ezáltal jelentősen előmozdítva képességünket a karizmatikus madárrend tanulmányozására és megőrzésére. Kutatásom nagy része intenzív terepmunkán alapult, amely számos papagáj élőhelyet érintett, beleértve Peru biodiverz amazóniai esőerdeit, Indonézia Wallacea régiójának állatkereskedelmi gócpontjait, és Ausztrália kritikusan veszélyeztetett fecskepapagájának (*Lathamus discolor*) fészkelőhelyeit Tasmaniában.

Ez az integrált megközelítés a különböző terepi helyszínekről származó empirikus adatokat széles körű meta-analízisekkel ötvözi, ezáltal átfogó stratégiát mutat be a papagájok természetvédelmi kihívásainak megértésére és kezelésére különböző léptékben és kontextusban.

Eredményeim alapvető fontosságúak a veszélyeztetett madárrend természetvédelmi stratégiáinak kidolgozásához.

A disszertáció fő eredményei

A disszertáció fő tudományos hozzájárulásait tizenhat lektorált közlemény részletes eredményei mutatják be, három tematikus részbe szervezve. Ezek az eredmények együttesen előmozdítják a papagájok természetvédelmével kapcsolatos ismereteinket a fenyegetések diagnosztizálásával, az interdiszciplináris kutatások terepi alkalmazásával, valamint élvonalbeli genetikai eszközök fejlesztésével és értékelésével.

I. A papagájok kihalási kockázata

Az első részben a papagájok globális hanyatlását okozó fenyegetések kritikus diagnózisát végeztük el. Munkám kimutatta, hogy a papagájalakúak átlagosan veszélyeztetettebbek, mint a hasonló madárcsoportok. Az elemzések modellezték a kihalási kockázattal összefüggő tényezőket, feltárva, hogy a kis történelmi elterjedési területtel, nagy testmérettel, hosszú generációs idővel rendelkező- és az erdőktől függő fajok a leginkább veszélyeztetettek, a filogenetikai hovatartozásuktól függetlenül. E tanulmány elsőként mutatta ki, hogy a társadalmi-gazdasági tényezők, mint például egy ország urbanizációja vagy az egy főre jutó GDP mértéke, az adott országban természetesen előforduló papagájok kihalási kockázatának egyik mozgatórugója. Ezen eredmények elősegítik a veszélyeztetettséggel kapcsolatos globális és regionális tényezők megértését, és javítják a természetvédelmi intézkedések prioritásainak meghatározását.

További vizsgálatunk értékelte az ember által okozott élőhely-átalakítás hatását globális léptékekben, a 2050-es évekre előrevetített predikciókkal. Az eredmények négy természetvédelmi gócpontot azonosítottak a papagájok számára (kettőt a neotrópusokon, kettőt Ausztrálázsiában/Óceániában), amelyek jelentős erdőveszteséget szenvedhetnek el, és amelyeket a jelenlegi természetvédelmi területek hálózata nem megfelelően véd. Ez a munka rávilágított arra, hogy a vadon élő papagájok jövője nagymértékben függ e gócpontok, különösen Dél-Ausztrália és az Amazonas-medence politikai döntéseitől.

Óceániára fókuszáló regionális elemzésünk feltárta, hogy az invazív fajok különösen súlyos fenyegetést jelentenek a papagájokra ezen a területen. A munka azonosította Ausztrália, Új-Zéland, Új-Guinea, Wallacea és a Csendes-óceáni szigetek specifikus természetvédelmi prioritásait, megerősítve a fokozott természetvédelmi erőfeszítések szükségességét, különös tekintettel a hatalmas indonéz szigetvilágra.

A vadon élő állatok illegális kereskedelmének összetett mozgatórugóit vizsgálva, kutatásunk kriminológiai modellt alkalmazott az indonéziai papagájkereskedelmi mintázatok elemzésére, amely az előző tanulmányaink értelmében egy globális prioritású ország a papagájok természetvédelme szempontjából. Ez a tanulmány demonstrálta, hogy mind a keresleti oldali tényezők (pl. fajok vonzereje, értékesíthetősége), mind pedig a lehetőségeken alapuló tényezők (pl. hozzáférhetőség) együttesen magyarázzák az illegális papagájkereskedelem mintázatait. Az eredmények példa értékűek kriminológiai módszerünk más, vadon élő állatok kereskedelmi adatainak elemzéséhez, és jelentős értékkel bírnak a helyi és nemzetközi stratégiák kidolgozásához ezen illegális tevékenység ellenőrzésére.

A Seram-szigeten (Maluku, Indonézia) végzett esettanulmányunk rávilágított arra, hogy a jelentős helyi állatkereskedelem közvetlen hatással van a vadon élő papagájok egyedszámára. Érveket mutattunk be számos endemikus faj természetvédelmi státuszának felminősítése mellett a Természetvédelmi Világszövetség (IUCN) Vörös listáján. A tanulmány hangsúlyozta, hogy a megfelelő kezelés, a lefoglalt papagájok rehabilitációja és a helyi közösségek bevonása a természetvédelmi erőfeszítésekbe pozitív hatással lehet a papagájok természetvédelmére a területen.

II. Ara kutatás interdiszciplináris megközelítése a perui Amazóniában

A második rész az interdiszciplináris kutatás alkalmazását mutatta be, ötvözve a terepi ökológiát genetikai módszerekkel, hogy specifikus kérdéseket vizsgáljon az arák biológiájával és természetvédelmével kapcsolatban a perui Amazóniában.

Munkám a sárgaszárnyú ara (*Ara macao*) fészkelési ökológiáját vizsgálta, több mint egy évtizednyi adatot elemezve természetes és mesterséges (PVC-cső és költőláda) fészkekről. Az eredmények demonstrálták, hogy a mesterséges fészkekodúk a természetes odúkhöz hasonló szaporodási paramétereket mutattak, ami azt sugallja, hogy hatékony természetvédelmi kezelési eszközként alkalmazhatók ott, ahol a természetes fészkekodúk korlátozottan állnak rendelkezésre, különösen a fakitermelés által érintett területeken. Külön kiemeltük a sikeres mesterséges fészkekodúk paramétereit is. A tanulmány betekintést nyújtott a fészkek-újrafoglalási arányokba, demonstrálva, hogy a fészkek újrafoglalása

(gyakran ugyanazon költőpárok által) leginkább az adott fészek előző évi költési sikerétől függött.

Ezenkívül kutatásunk elemezte a *Philornis* sp. legyek lárváinak parazitizmusának előfordulását és intenzitását a fiókáknál. A tanulmány jelentős prevalenciát mutatott ki, különösen a mesterséges fészkekben, valószínűsítve a mesterséges költőládák napközbeni átmelegedésének hatását. Továbbá leírtunk egy új, rendkívül hatékony technikát a paraziták eltávolítására, ami gyakorlati eszközt kínál a fiókák túlélésének javítására, és széles körben alkalmazható állatorvosok és biológusok számára, akik különböző gerinces gazdaállatokkal dolgoznak.

Kulcsfontosságú módszertani hozzájárulás volt a nem-invazív genetikai jelölési módszer sikeres kifejlesztése és validálása vadon élő sárgaszárnyú arák vedlett tollainak felhasználásával, a kihívást jelentő trópusi környezetben. Elsőként e faj teljes genomjára alapozva 41 fajspecifikus genetikai markert (mikroszatellitákat) fejlesztettünk ki, majd ezeket teszteltük jó minőségű- (vérminták) és degradáltabb (toll) DNS felhasználásával. Új primereket is közöltünk genetikai ivarmeghatározáshoz, melyek különösen degradált DNS esetében alkalmazhatók. Ez a kutatás bizonyította a tollminták megbízhatóságát a faj azonosításától, a molekuláris ivarmeghatározáson át egészen az egyedi azonosításig, még degradált DNS esetében is, ezáltal leküzdve a rendkívül mobilis és lombkorona-lakó madarak befogásának kihívásait.

Az újonnan kifejlesztett genetikai jelölési technikát ezután zöldszárnyú arákon (*Ara chloropterus*) alkalmaztuk. A technika többek között lehetővé tette az egyedszám becslését a helyi agyagfalakat rendszeresen látogató arák tollmintáit felhasználva genetikai jelölés-visszafogás módszerrel, demonstrálva hasznosságát a vadon nehezen

befogható fajok kulcsfontosságú populációs paramétereinek megszerzésében. A tanulmányban továbbá konkrét javaslatokat is tettünk a módszer még hatékonyabb alkalmazására konzervációgenetikai kutatásoknál.

Egy további tanulmányban vizsgáltuk a LIDAR (Light Detection and Ranging), azaz lézer alapú távérzékeléses technológiával gyűjtött természetes tájképi jellemzők génáramlásra gyakorolt hatását a sárgaszárnyú arák esetében. A kutatás kiterjedt génáramlást talált az alacsonyan fekvő Amazonas-medencében, de az Andok lábánál fekvő előhegyeket jelentős természetes akadályként azonosította. Ezek az eredmények értékes alapinformációkat szolgáltattak az olyan jövőbeli antropogén változások, mint az élőhely-fragmentáció génáramlásra gyakorolt hatásának megértéséhez az Amazonas-medence aráinak populációgenetikai szerkezetében.

III. Konzervációgenetika a papagájkutatásban

A harmadik rész a papagájalakúak természetvédelmében alkalmazott genetikai és genomikai megközelítésekre fókuszált, demonstrálva hasznosságukat a populációk életképességének felmérésében és kezelési stratégiák megalapozásában. E rendnél alkalmazott természetvédelmi genetikai technikák átfogó áttekintése rávilágított arra, hogy a szakterület hogyan alakította a papagájkutatást, konkrét példákkal szolgálva több kontinensről. Az áttekintés továbbá összefoglalta az eddigi genetikai- és genomikai kutatások alkalmazásának fontos mérföldköveit, és felvázolta a jövőbeli genomikai kutatások kulcsfontosságú tudáshiányait is.

A konzervációgenetikai módszerek alkalmazását az Ausztráliában endemikus (nomád, de Tasmániában költő) fecskepapagáj példáján keresztül mutattuk be. Elsőként, a populációgenetikai elemzéseink megerősítették, hogy ez a nomád faj egyetlen, panmiktikus természetvédelmi egységként működik a szaporodási területén, alátámasztva azokat a korábbi, populáció-életképességi (PVA) elemzéseket, amelyek súlyos populációcsökkenést jósoltak a behurcolt cukormókusok ragadozása miatt. Ezek az eredmények kihangsúlyozták a széles körű természetvédelmi intézkedések fontosságát a teljes populációt (ez esetben az egész fajt) érintő fenyegetések enyhítésére.

A fecskepapagáj szaporodási rendszerének további genetikai vizsgálata szokatlanul magas arányú megosztott apaságot tárt fel. Ez valószínűsíthetően a behurcolt ragadozó okozta ivararány-eltolódás hatása (a kifejlett egyedek több, mint 70%-a hím). Tanulmányunk pedig demonstrálta, hogy minél nagyobb a megosztott apaság aránya egy fészekaljban, annak annál kisebb volt a kirepülési sikere, negatívan befolyásolva az egyedi rátermettséget és a faj hosszú távú populáció-életképességét. Ez kulcsfontosságú betekintést nyújtott az antropogén fenyegetések összetett és gyakran közvetett következményeibe, a veszélyeztetett fajok szaporodási sikerére és demográfiai trendjeire.

Módszertani fejlesztéseink közé tartozott három genetikai technika összehasonlítása az effektív populációméret (N_e) becslésére, szintén fecskepapagájoknál. A tanulmány során aggasztóan kicsi N_e értékeket tártunk fel, ami alátámasztja a faj kritikusan veszélyeztetett státuszát. Ez továbbá felhívja a figyelmet a kulcsfontosságú demográfiai paraméterek és genetikai

adatok felhasználására, ami empirikus genetikai egyedszámbecslést tesz lehetővé, az eddigi szakértői vélemények mellett. A munka gyakorlati ajánlásokat is adott az N_e és az effektíven szaporodó egyedek számának (N_b) becslésére hiányos genetikai adatokból. Ezt a módszert később mikroszatellita és SNP (Single Nucleotide Polymorphism, vagyis pontmutációs) genetikai markerekkel is teszteltük. Az összehasonlító elemzés demonstrálta, hogy bár az SNP-ek nagyobb pontosságot és szűkebb konfidencia-intervallumokat kínálnak, a mikroszatelliták továbbra is értékes adatokat szolgáltathatnak számos természetvédelmi alkalmazásban. Az irodalomban a SNP-ek felé mutató általános eltolódás tehát nem feltétlenül teszi elavulttá a mikroszatellita markereken alapú természetvédelmi ismereteinket, különösen akkor, ha nagy számú minta áll a kutatók rendelkezésére.

Értékelés és kitekintés

Ez a disszertáció egy egységes kutatási munkát képvisel, amely együttesen előmozdította a természetvédelmi biológia, különösen a papagájok természetvédelmének területét. Kutatásom szisztematikusan foglalkozott a papagájok kihalási kockázataival kapcsolatos kritikus hiányosságokkal, és innovatív, empirikusan megalapozott megoldásokat nyújtott. A disszertáció elsődleges intellektuális hozzájárulása az interdiszciplináris megközelítés úttörő alkalmazásában rejlik, amely ötvözte a nagyléptékű összehasonlító meta-analíziseket, az intenzív terepi ökológiát és az élvonalbeli természetvédelmi genetikát az összetett, valós természetvédelmi kihívások kezelésére.

Munkám diagnosztizálta a papagájalakúak globális helyzetét, megerősítve aránytalanul magas kihalási kockázatukat más madárcsoportokhoz képest, és azonosította a belső biológiai tényezők és az antropogén nyomások bonyolult hálózatát – az élőhelyek elvesztésétől és fragmentációjától az illegális vadon élő állatok kereskedelmének dinamikájáig –, amelyek a hanyatlásukat okozzák.

A diagnózison túlmutatva új módszertani kereteket dolgoztam ki és alkalmaztam. Kutatásom úttörő szerepet játszott a nem-invazív genetikai jelölés validálásában és alkalmazásában trópusi környezetben vedlett tollakból, ami jelentős előrelépés a vadon élő papagájpopulációk tanulmányozásának kihívásai miatt, lehetőséget nyitva a jövőbeli kutatások számára. Demonstráltam továbbá a különböző molekuláris markerek hasznosságát és korlátait, kritikus iránymutatást nyújtva a genomikai eszközök gyorsan fejlődő világában navigáló természetvédelmi szakemberek számára.

Munkám jelentősen hozzájárult a természetvédelmi genetika, a tájökológia és a madárvédelem növekvő tudásanyagához. E tudományágak integrálásával munkám holisztikus keretet biztosított a papagájokat fenyegető összetett veszélyek megértéséhez és kezeléséhez. A papagájok globális kihalási kockázataival kapcsolatos kutatásom demonstrálta mind a biológiai, mind a társadalmi-gazdasági tényezők kritikus szerepét egy faj természetvédelmi státuszának meghatározásában. Indonéziai kutatásunk eredményeképp például a malukui kakadu (*Cacatua moluccensis*) 'sebezhető' helyett 'veszélyeztetett' besorolást kapott (BirdLife International 2025).

A fecskepapagájokkal kapcsolatos kutatásom rávilágított a genetikai paraméterek, a szaporodási rendszerek és a populációk életképessége közötti közvetlen kapcsolatokra, olyan genetikai adatokat szolgáltatva, amelyek kulcsfontosságú alapként szolgálhatnak a természetvédelmi tenyésztési programokhoz. Kutatócsoportunk eredményei alapján kapta meg a faj a 'súlyosan veszélyeztetett' természetvédelmi státuszt, a helyi hatóságok pedig egy – a genetikai eredményeinken alapuló – genetikailag kezelt tartalék populáció létrehozását mérlegelik az IUCN Fajfenntartási Bizottság (SSC) bevonásával.

A kutatás nemzetközi elismertségét a tudományos közösségen belüli és azon túli jelentős hatása is bizonyítja, amely jelentős médiafigyelmet is kapott tudományos kommunikáció iránti elkötelezettségemnek köszönhetően, amelyet tovább példáz három természetfilm elkészítése a kutatási eredmények szélesebb közönség számára történő bemutatására:

- Amazónia Papagájai (2006)
<https://youtu.be/WaFBtZB9Epk>,
- Papagájexpedíció Amazóniában (2018)
<https://youtu.be/oBkceaJJTYM>,
- Az Indonéz Papagájvédelmi Projekt (2019)
<https://youtu.be/W00GvuUL5LM>.

Irodalomjegyzék

Baños-Villalba A, Blanco G, Díaz-Luque JA, Dénes FV, Hiraldo F, Tella JL (2017). Seed dispersal by macaws shapes the landscape of an Amazonian ecosystem. *Scientific Reports* 7, 7373. doi:10.1038/s41598-017-07697-5

BirdLife International (2025). Species factsheet: Salmon-crested Cockatoo *Cacatua moluccensis*. Downloaded

- from
<https://datazone.birdlife.org/species/factsheet/salmon-crested-cockatoo-cacatua-moluccensis> on 21/08/2025.
- Blanco G, Hiraldo F, Tella JL (2018). Ecological functions of parrots: An integrative perspective from plant life cycle to ecosystem functioning. *Emu - Austral Ornithology* **118**, 36–49. doi:10.1080/01584197.2017.1387031
- Boehrer BT (2004). ‘Parrot culture: Our 2500-year-long fascination with the world’s most talkative bird’. (University of Pennsylvania Press: Philadelphia) Available at: https://books.google.com.au/books?id=ceu4BG_6Lh_oC
- Coetzer WG, Downs CT, Perrin MR, Willows-Munro S (2017). Testing of microsatellite multiplexes for individual identification of Cape Parrots (*Poicephalus robustus*): Paternity testing and monitoring trade. *PeerJ* **5**, e2900. doi:10.7717/peerj.2900
- Coghlan ML, White NE, Parkinson L, Haile J, Spencer PBS, Bunce M (2012). Egg forensics: An appraisal of DNA sequencing to assist in species identification of illegally smuggled eggs. *Forensic Science International: Genetics* **6**, 268–273. doi:10.1016/j.fsigen.2011.06.006
- Czech B, Krausman P, Devers P, Volkswirtschaftliche Fakultät L-M-U (2000). ‘Economic associations among causes of species endangerment in the United States’ Available at: <http://mpira.ub.uni-muenchen.de/2306/>
- Fisher DO, Blomberg SP, Owens IPF (2003). Extrinsic versus intrinsic factors in the decline and extinction of Australian marsupials. *Proceedings of the Royal*

- Society of London. Series B: Biological Sciences* **270**, 1801–1808. doi:10.1098/rspb.2003.2447
- Forshaw JM (2006). ‘Parrots of the world’. (Princeton University Press)
- Hackett SJ, Kimball RT, Reddy S, Bowie RCK, Braun EL, Braun MJ, Chojnowski JL, Cox WA, Han K-L, Harshman J, Huddleston CJ, Marks BD, Miglia KJ, Moore WS, Sheldon FH, Steadman DW, Witt CC, Yuri T (2008). A phylogenomic study of birds reveals their evolutionary history. *Science* **320**, 1763–1768. doi:10.1126/science.1157704
- Heinsohn R, Buchanan KL, Joseph L (2018). Parrots move to centre stage in conservation and evolution. *Emu - Austral Ornithology* **118**, 1–6. doi:10.1080/01584197.2018.1411223
- Horváth MB, Martínez-Cruz B, Negro JJ, Kalmár L, Godoy JA (2005). An overlooked DNA source for non-invasive genetic analysis in birds. *Journal of Avian Biology* **36**, 84–88. doi:10.1111/j.0908-8857.2005.03370.x
- Joseph L, Merwin J, Smith BT (2020). Improved systematics of lorikeets reflects their evolutionary history and frames conservation priorities. *Emu - Austral Ornithology* **120**, 201–215. doi:10.1080/01584197.2020.1779596
- Juniper T, Parr M (1998). ‘Parrots: A Guide to Parrots of the World’. (Yale University Press) Available at: <http://books.google.com.au/books?id=R4TF7Smz7ZQC>
- Kimball RT, Oliveros CH, Wang N, White ND, Barker FK, Field DJ, Ksepka DT, Chesser RT, Moyle RG, Braun MJ, Brumfield RT, Faircloth BC, Smith BT, Braun EL

- (2019). A phylogenomic supertree of birds. *Diversity* **11**. doi:10.3390/d11070109
- Martin RO, Perrin MR, Boyes RS, Abebe YD, Annorbah ND, Asamoah A, Bizimana D, Bobo KS, Bunbury N, Brouwer J, Diop MS, Ewnetu M, Fotso RC, Garteh J, Hall P, Holbech LH, Madindou IR, Maisels F, Mokoko J, Mulwa R, Reuleaux A, Symes C, Tamungang S, Taylor S, Valle S, Waltert M, Wondafrash M (2014). Research and conservation of the larger parrots of Africa and Madagascar: A review of knowledge gaps and opportunities. *Ostrich* **85**, 205–233. doi:10.2989/00306525.2014.948943
- Newton I (1994). The role of nest sites in limiting the numbers of hole-nesting birds: A review. *Biological Conservation* **70**, 265–276. doi:10.1016/0006-3207(94)90172-4
- Olah G, Bankovics A (2022). Hungarian nomenclature of parrots (Psittaciformes). *Allattani Közlemények* **107**, 109–174. doi:10.20331/AllKoz.2022.107.1-2.5
- Pires SF (2012). The illegal parrot trade: A literature review. *Global Crime* **13**, 176–190. doi:10.1080/17440572.2012.700180
- Provost KL, Joseph L, Smith BT (2018). Resolving a phylogenetic hypothesis for parrots: Implications from systematics to conservation. *Emu - Austral Ornithology* **118**, 7–21. doi:10.1080/01584197.2017.1387030
- Pruett-Jones S (Ed.) (2021). ‘Naturalized parrots of the world: Distribution, ecology, and impacts of the world’s most colorful colonizers’. (Princeton University Press)
- Ringler E (2012). The use of cross-species testing of microsatellite markers and sibship analysis in ex situ

- population management. *Conservation Genetics Resources* **4**, 815–819. doi:10.1007/s12686-012-9642-5
- Smith BT, Merwin J, Provost KL, Thom G, Brumfield RT, Ferreira M, Mauck WM III, Moyle RG, Wright TF, Joseph L (2023). Phylogenomic analysis of the parrots of the world distinguishes artifactual from biological sources of gene tree discordance. *Systematic Biology* **72**, 228–241. doi:10.1093/sysbio/syac055
- Smith BT, Thom G, Joseph L (2024). Revised Evolutionary and Taxonomic Synthesis for Parrots (Order: Psittaciformes) Guided by Phylogenomic Analysis. *Bulletin of the American Museum of Natural History* **2024**, 1–89. doi:10.1206/0003-0090.468.1.1
- Snyder N, McGowan P, Gilardi J, Grajal A (2000). ‘Parrots. Status survey and Conservation Action Plan 2000–2004’. (IUCN: Gland, Switzerland and Cambridge, UK.)
- Tavares ES, Baker AJ, Pereira SL, Miyaki CY (2006). Phylogenetic relationships and historical biogeography of Neotropical parrots (Psittaciformes: Psittacidae: Arini) inferred from mitochondrial and nuclear DNA sequences. *Systematic Biology* **55**, 454–470.
- Tella JL, Blanco G, Dénes FV, Hiraldo F (2019). Overlooked parrot seed dispersal in Australia and South America: Insights on the evolution of dispersal syndromes and seed size in Araucaria trees. *Frontiers in Ecology and Evolution* **7**, 1–10. doi:10.3389/fevo.2019.00082
- Tella JL, Hiraldo F (2014). Illegal and legal parrot trade shows a long-term, cross-cultural preference for the most attractive species increasing their risk of

- extinction Ed DL Roberts. *PLoS ONE* **9**, e107546.
doi:10.1371/journal.pone.0107546
- Toft CA, Wright TF (2015). ‘Parrots of the wild: A natural history of the world’s most captivating birds’. (University of California Press: Berkeley, CA, USA) Available at:
<https://books.google.com.au/books?id=IBFiCgAAQB>
AJ
- Vall-llosera M, Cassey P (2017). Leaky doors: Private captivity as a prominent source of bird introductions in Australia Ed CA Lepczyk. *PLOS ONE* **12**, e0172851.
doi:10.1371/journal.pone.0172851
- Waterhouse DM (2006). Parrots in a nutshell: The fossil record of Psittaciformes (Aves). *Historical Biology* **18**, 227–238. doi:10.1080/08912960600641224
- White GC, Burnham KP (1999). Program MARK: Survival estimation from populations of marked animals. *Bird Study* **46**, S120–S139.
doi:10.1080/00063659909477239

Az értekezés témaköréből készült közlemények

Az értekezés alapjául szolgáló közlemények

1. **Olah G.**, Butchart S.H.M., Symes A., Guzmán I.M., Cunningham R., Brightsmith D.J., Heinsohn R. (2016) Ecological and socio-economic factors affecting extinction risk in parrots. *Biodiversity and Conservation* **25**(2):205–223. (IF₂₀₁₆ = 2.265)
<https://doi.org/10.1007/s10531-015-1036-z>
2. Vergara-Tabares D.L., Cordier J.M., Landi M.A., **Olah G.**, Nori J. (2020) Global trends of habitat destruction and consequences for parrot conservation. *Global*

Change Biology 26(8):4251–4262. (IF₂₀₂₀ = 10.863)
<https://doi.org/10.1111/gcb.15135>

3. **Olah G.**, Theuerkauf J., Legault A., Gula R., Stein J., Butchart S.H.M., O'Brien M., Heinsohn R. (2018) Parrots of Oceania: A comparative study of extinction risk. *Emu – Austral Ornithology* 118(1):94–112. (IF₂₀₁₈ = 1.351)
<https://doi.org/10.1080/01584197.2017.1410066>
[Videó-absztrakt: <https://youtu.be/OJn3053dTaM>]
4. **Olah G.***, Pires S.F.*, Nandika D., Agustina D., Heinsohn R. (2021) What drives the illegal parrot trade? Applying a criminological model to market and seizure data in Indonesia. *Biological Conservation* 257:109098. (IF₂₀₂₁ = 7.499)
<https://doi.org/10.1016/j.biocon.2021.109098>
[Dr. Pires-szel egyenlő mértékben járultunk hozzá ehhez a tanulmányhoz a koncepció kidolgozásában, elemzésében és közös megírásában. Videó-absztrakt: <https://youtu.be/1GbRyb94qlw>]
5. Nandika D.*, Agustina D.*, Heinsohn R., **Olah G.** (2021) Wildlife trade influencing natural parrot populations on a biodiverse Indonesian island. *Diversity* 13(10):483. (IF₂₀₂₁ = 3.031)
<https://doi.org/10.3390/d13100483>
6. **Olah G.**, Vigo G., Heinsohn R., Brightsmith D.J. (2014) Nest site selection and efficacy of artificial nests for breeding success of Scarlet Macaws *Ara macao macao* in lowland Peru. *Journal for Nature Conservation* 22(2):176–185. (IF₂₀₁₄ = 1.646)
<https://doi.org/10.1016/j.jnc.2013.11.003>
7. **Olah G.**, Vigo G., Ortiz L., Rozsa L., Brightsmith D.J. (2013) *Philornis* sp. bot fly larvae in free living scarlet

macaw nestlings and a new technique for their extraction. *Veterinary Parasitology* 196(1–2):245–249. (IF₂₀₁₃ = 2.545)

<https://doi.org/10.1016/j.vetpar.2012.12.052>

8. **Olah G.**, Heinsohn R.G., Espinoza J.R., Brightsmith D.J., Peakall R. (2015) An evaluation of primers for microsatellite markers in Scarlet Macaw (*Ara macao*) and their performance in a Peruvian wild population. *Conservation Genetics Resources* 7(1):157–159. <https://doi.org/10.1007/s12686-014-0317-2>
9. **Olah G.**, Heinsohn R.G., Brightsmith D.J., Espinoza J.R., Peakall R. (2016) Validation of non-invasive genetic tagging in two large macaw species (*Ara macao* and *A. chloropterus*) of the Peruvian Amazon. *Conservation Genetics Resources* 8(4):499–509. (IF₂₀₁₆ = 0.470) <https://doi.org/10.1007/s12686-016-0573-4>
10. **Olah G.**, Heinsohn R.G., Brightsmith D.J., Peakall R. (2017) The application of non-invasive genetic tagging reveals new insights into the clay lick use by macaws in the Peruvian Amazon. *Conservation Genetics* 18(5):1037–1046. (IF₂₀₁₇ = 2.025) <https://doi.org/10.1007/s10592-017-0954-6>
[Videó-absztrakt: <https://youtu.be/Ilr9Llm-d9U>]
11. **Olah G.**, Smith A.L., Asner G.P., Brightsmith D.J., Heinsohn R.G., Peakall R. (2017) Exploring dispersal barriers using landscape genetic resistance modelling in scarlet macaws of the Peruvian Amazon. *Landscape Ecology* 32(2):445–456. (IF₂₀₁₇ = 3.833) <https://doi.org/10.1007/s10980-016-0457-8>
[Videó-absztrakt: https://youtu.be/uZWFpTQyY_A]

12. **Olah G.**, Smith B.T., Joseph L., Banks S.C., Heinsohn R. (2021) Advancing genetic methods in the study of parrot biology and conservation. *Diversity* 13(11):521. (IF₂₀₂₁ = 3.031)
<https://doi.org/10.3390/d13110521>
13. Stojanovic D.*, **Olah G.***, Webb M., Peakall R., Heinsohn R.G. (2018) Genetic evidence confirms severe extinction risk for critically endangered swift parrots: implications for conservation management. *Animal Conservation* 21(4):313–323. (IF₂₀₁₈ = 3.048)
<https://doi.org/10.1111/acv.12394>
[Dr. Stojanovic-csal egyenlő mértékben járultunk hozzá ehhez a tanulmányhoz a koncepció kidolgozásában, elemzésében és közös megírásában. Videó-absztrakt: <https://youtu.be/HzACJxhP3Bc>]
14. Heinsohn R.G., **Olah G.**, Webb M., Peakall R., Stojanovic D. (2019) Sex ratio bias and shared paternity reduce individual fitness and population viability in a critically endangered parrot. *Journal of Animal Ecology* 88(4):502–510. (IF₂₀₁₉ = 4.554)
<https://doi.org/10.1111/1365-2656.12922>
15. **Olah G.***, Stojanovic D.*, Webb M., Waples R., Heinsohn R.G. (2021) Comparison of three techniques for genetic estimation of effective population size in a critically endangered parrot. *Animal Conservation* 24:491–498. (IF₂₀₂₁ = 4.377)
<https://doi.org/10.1111/ACV.12655>
[Videó-absztrakt: <https://youtu.be/4RKhfBTmEhk>]
16. **Olah G**, Waples R, Stojanovic D (2024) Influence of molecular marker type on estimating effective population size and other genetic parameters in a

critically endangered parrot. *Ecology and Evolution* 14(3):e11102. (IF₂₀₂₄ = 2.3)
<https://doi.org/10.1002/ece3.11102>

További közlemények a PhD fokozat megszerzése óta

Olah G, Heinsohn R, Berryman AJ, Legge SM, Radford J, Garnett ST (2024) Biological characteristics of Australian threatened birds. *Emu – Austral Ornithology* 124(1):83–92.
<https://doi.org/10.1080/01584197.2023.2285821>

Berryman AJ, Butchart SHM, Jackson MV, Legge SM, **Olah G**, Thomas J, Woinarski JCZ, Garnett ST (2024) Trends and patterns in the extinction risk of Australia's birds over three decades. *Emu – Austral Ornithology* 124(1):55–67.
<https://doi.org/10.1080/01584197.2023.2289999>

Stojanovic D, McLennan E, **Olah G**, Cobden ML, Heinsohn R, Manning A, Alves F, Hogg C, Rayner L (2023) Reproductive skew in a Vulnerable bird favors breeders that monopolize nest cavities. *Animal Conservation* 26(5):675–683.
<https://doi.org/10.1111/acv.12855>

Olah G & Bankovics A (2022) A papagájalakúak (Psittaciformes) rendjéhez tartozó fajok magyar nevei. *Állattani Közlemények* 107(1–2):109–174.
<https://doi.org/10.20331/AllKoz.2022.107.1-2.5>

Crates R*, **Olah G***, Adamski M, Aitken N, Banks S, Ingwersen D, Ranjard L, Rayner L, Stojanovic D, Suchan T, Takach-Dukai B, Heinsohn R (2019) Genomic impact of severe population decline in a nomadic songbird. *PLOS ONE* 14(10):e0223953.
<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0223953>