

15.

Kolozsvári Biológus Napok

15th Biology Days



Kivonatfüzet

Abstracts

Kolozsvár

Cluj-Napoca

2014

április 4-6.

15. KOLOZSVÁRI BIOLÓGUS NAPOK

Kivonatfüzet



Kolozsvár
2014
április 4-6.

Szervezők/Organizers:



Babeş-Bolyai Tudományegyetem, Magyar
Biológiai és Ökológiai Intézet
Babeş-Bolyai University, Hungarian Depart-
ment of Biology and Ecology

Apáthy István Society



Kolozsvári Akadémiai Bizottság
Biológiai Szakosztálya
Regional Committee of the Hungarian
Academy of Sciences in Kolozsvár,
Biology Section

Támogatók/Supporters:

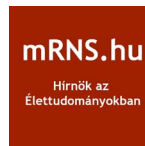


**COMMUNITAS
ALAPÍTVÁNY**
Alapította az RMDSZ

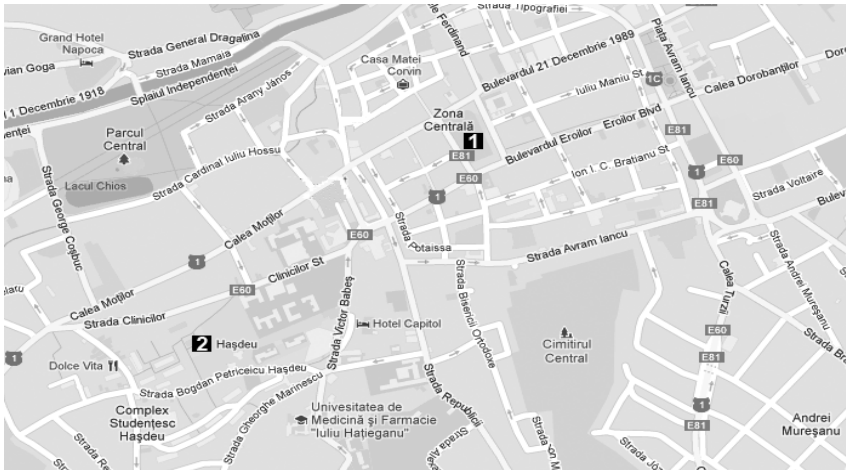


BETHLEN GÁBOR
Alap

Médiapartnerek/ Communication partners:



Borítókép: Kósa Ferenc



Kolozsvár központja a főtérrrel (1) és a konferenciahelyszínnel (2). / The city centre of Cluj with the main square (1) and the location of the conference (2).

Szervezők

dr. Markó Bálint, főszervező – BBTE – MBÖI

Balogh Tímea – III. év, Ökológia

Bartos Beáta – III. év, Biológia

Butean Andreea – III. év, Ökológia

Csata Enikő – PhD-hallgató, BBTE – MBÖI

dr. Czekes Zsolt – BBTE – MBÖI

dr. Fenesi Annamária – DE – Ökológia Tanszék / BBTE – MBÖI

Erős Katalin – PhD-hallgató, BBTE – MBÖI

Ferencz Márta – PhD-hallgató, BBTE – MBÖI

Kötő Emese – II. év, Biológia

dr. László Zoltán – BBTE – MBÖI

Német Enikő – PhD-hallgató, BBTE – MBÖI

dr. Pap Péter László – BBTE – MBÖI

Sallai Tímea – III. év, Biológia

Szabó Ágota – III. év, Ökológia

dr. Vágási István Csongor – DE – VÖCS / BBTE – MBÖI

Walcz Róbert – II. év, Biológia





Tartalomjegyzék / Contents

A konferencia programja / Conference program	9
Kivonatok / Abstracts	
Kröel-Dulay György: A bolygatások növelik a vegetáció klímaváltozásra való érzékenységét: tanulságok egy hosszútávú európai kísérletről	15
Vágási I. Csongor: Oxidatív stressz evolúcióbiológiai perspektívából	16
Török Péter, Deák Balázs, Miglécz Tamás, Kelemen András, Tóth Katalin, Albert Ágnes-Júlia, Valkó Orsolya, Béres Viktória, Borics Gábor, Tóthmérész Béla, Török-Krasznai Enikő: Biomassza és fajgazdagság kapcsolata: Általánosan jellemző-e az egycsúcsú görbe?	17
Albert Ágnes-Júlia, Kelemen András, Valkó Orsolya, Miglécz Tamás, Csecserits Anikó, Rédei Tamás, Deák Balázs, Tóth Katalin, Tóthmérész Béla, Török Péter: Spontán szukcesszió szerepe homoki gyepek növényzetének regenerálódásában	18
Fenesi Annamária, Vágási I. Csongor, Beldean Monica, Földesi Rita, Kolcsár Levente-Péter, Török Edina, Kovács-Hostyánszki Anikó: Az inváziós kanadai aranyvessző (<i>Solidago canadensis</i>) növény- és beporozóközösségre kifejtett hatása különböző korú parlagokon	19
Kelemen András, Török Péter, Valkó Orsolya, Deák Balázs, Tóth Katalin, Albert Ágnes-Júlia, Miglécz Tamás, Tóthmérész Béla: Növényfajok közötti interakciók szikes gyepekben	20
Lukács Balázs András, Török Péter, Kelemen András, Simon Edina, Miglécz Tamás, Tóthmérész Béla, Valkó Orsolya: Magkészlet ökológiai vizsgálatok hortobágyi száraz és nedves szikes gyepekben	21
Dénes Avar-Lehel, Kolcsár Levente-Péter, Keresztes Lujza: A Kárpátok mikorendémikus fajainak molekuláris genetikai és morфомetriai vizsgálata: a <i>Pedicia staryi</i> Savch. fajcsoport (Diptera, Pediciidae)	22
Kolcsár Levente-Péter, Török Edina, Dénes Avar-Lehel, Keresztes Lujza: A genetikai és morfológiai variabilitás mintázatainak összehasonlítása a <i>Dicranota (Ludicia) lucidipennis</i> (Edwards, 1921) (Diptera: Pediciidae) esetében	23
Török Edina, Kolcsár Levente-Péter, Keresztes Lujza: Egy Európa szerte szélesen elterjedt vízi rovarfaj, a <i>Ptychoptera albimana</i> Fabr. (Diptera, Ptychopteridae) morfológiai és genetikai strukturálódásának összehasonlító vizsgálata	24
László Zoltán, Prázmári Hunor, Túróczi Andrea: Ragadozás nyomai és a rózsgubacsok elhelyezkedése rózacsérjéken	25
László Zoltán, Prázmári Hunor: Tarvágás hatása a rózacsérjékre és gubacsokozóik visszatelepülésére	26
Oborny Beáta, Hubi G. András: Az élőhely növény-perspektívából: foltméretek, távolságok és növekedési válaszok	27
Benedek Veronika, Englert Péter, Oborny Beáta: Képes-e a növény elfoglalni az összes, számára alkalmas szabad helyet? – A növekedést korlátozó tényezők	28
Höhn Mária, Fehér Anita, Vég Viktória, Barabás Sándor: Klimatikus indikátor növényfajok viselkedése a Soroksári Botanikus Kertben	29
Prázmári Hunor: A rózacsérjék térbeli eloszlása és architekturális tulajdonságaik kapcsolata	30
Nagy András Attila, Imecs István: A Torockói-hegység halfaunája: pokol vagy paradicsom?	31
Takács Péter, Csoma Eszter, Erős Tibor, Specziár András, Vitál Zoltán, Sály Péter, Dolezsai Anna, Bíró Péter: Magyarországi lápi póc – <i>Umbra krameri</i> Walbaum, 1792 – állományok populációgenetikai viszonyai	32
Vitál Zoltán, Boros Gergely, Mozsár Attila, Józsa Vilmos, Specziár András: Busa fajok ökológiai szerepe a Balatonban	33
Tóth Zsófia: A klímaváltozás hatásai a zöld varangy (Anura: Bufonidae) metamorfózis utáni diszperziójára	34



Qianwen Sun, Csorba Tibor, Konstantina Skourti-Stathaki, Nicholas J. Proudfoot, Caroline Dean: A hosszú nem-kodoló RNsek szerepe a virágzás szabályozásában	35
Buczkó Krisztina: Kozmopolitizmustól az endemizmusig: a kovaalgák sokféleségéről és mintázatairól a Kárpátokban	36
Keresztes Zsolt Gyula, Somogyi Boglárka, Felföldi Tamás, Nagy Erika, Vörös Lajos: Fotoautotróf mikroorganizmusok légköri előfordulása	37
Mentes Anikó, Keresztes Zsolt Gyula, Pálffy Károly, Somogyi Boglárka, Márialigeti Károly, Máthé István, Vörös Lajos, Felföldi Tamás: A Kárpát-medence vizes élőhelyeken előforduló sajátos fotoszintetizáló mikroszervezetei	38
Rosa Márta Erzsébet, Barta Zoltán, Tökölyi Jácint: Zöld hidrák (<i>Hydra viridissima</i>) válasza hirtelen környezetváltozásra	39
Kozma Anita, Lózer Beáta, Ruprecht Eszter, Fenesi Annamária: Tűzhöz való adaptáció-e a fedélrozsнок amerikai inváziójának kulcsa?	40
Domokos Péter, Fenesi Annamária, Ruprecht Eszter: Az égetés hatása erdélyi gyepekben élő lágyszárú növények magjainak csírázására	41
Kiss Réka, Ruprecht Eszter, Fenesi Annamária: Veszélyt jelent-e az inváziós fajok terjedése a gyakran égetett gyepekre?	42
Kuhn Thomas, Fodor Enikő, Tripon Septimiu, Ferencz Erzsébet, Fenesi Annamária, Ruprecht Eszter: Összefüggések délkelet-európai elterjedésű gyepi növényfajok magvainak morfológiai és anatómiai tulajdonságai között	43
Tóth András, Duzs Ágnes, Kiss Enikő, Németh Brigitta, Rákhely Gábor: Hidrogén termeléshez kapcsolódó anyagcsere folyamatok és enzimek fotoszintetikus bíbor kénbaktériumokban	44
Palombi Barbara, Nagy Nándor, Sárkány-Kiss Endre: Az édesvízi kagylók táplálék-felvevő és felszívó működésének vizsgálata a lipid felvétel tekintetében	45
Hegedűs Botond, Számel M., Bende G., Perei K., Rákhely Gábor: A szulfanilsav bontásért felelős metabolikus útvonal lépései és eredete	46
Bücs Szilárd, Jére Csaba, Csósz István, Barti Levente, Bartha Csaba, Jakab Endre, Hoffmann Richard, Szodoray-Parádi Farkas: Denevérvédelmi intézkedések és előzetes eredményeik ÉNY Romániai védett területeken	47
Jére Csaba, Csósz István, Bücs Szilárd, Szodoray-Parádi Farkas: Denevérek aktivitásának dinamikája a párizsi időszakban egy Királyerdei nászbarlang példáján bemutatva	48
Szakács Mónika: Ökoszisztéma szolgáltatások értékelése hagyományos falusi közösségeknél: természetvédelmi vonatkozások	49
Csósz Éva, Kalló Gergő, Csutak Adrienne, Tózsér József: Védekezés felsőfokon – kémiai barrier a könnyben	50
Csata Enikő, Magdalena Witek, Hanna Babik, Erős Katalin, Czekes Zsolt, Markó Bálint: Hogyan változtatja meg egy parazita gomba a hangyák szociális struktúráját?	51
Maák István, Kiss Anett, Markó Bálint: Szemét vagy táplálékforrás: tetemek sorsa a <i>Formica polyctena</i> hangyafajnál (Hymenoptera: Formicidae)	52
Szabó Ágota, Erős Katalin, Markó Bálint: A pollen, mint lehetséges alternatív táplálékforrás szubmisszív hangyafajoknál egy <i>Formica exsecta</i> szuperkolónia területén	53
Rádai Zoltán: A pusztai farkaspók, mint modellállat a biológiai kutatásokban	54
Katona Gergely, Pecsénye Katalin, Juhász Edit: Morfomeriai vizsgálatok a lápi tarkalepke (<i>Euphydryas aurinia</i> , [Rottenburg, 1775]) Kárpát-medencei populációiban	55
Fodor Eszter Klára, Pákáski Magdolna, Sántha Petra, Oláh Zita, Sántha Miklós, Janka Zoltán, Kálmán János: Akut és krónikus immobilizációs stressz hatása az aktin citoskeletonra vad típusú egerekben és az Alzheimer-kór transzgenikus állatmodelljében	56
Oláh Zita, Kálmán János, Ivitz Eszter, Fodor Eszter, Sántha Petra, Várhelyi Zoltán, Sántha Miklós, Janka Zoltán, Pákáski Magdolna: ADK és Grin-1: molekuláris kapcsolat epilepszia, Alzheimer-kór és stressz között	57



Haskó János, Wilhelm Imola, Fazakas Csilla, Molnár Judit, Nyúl-Tóth Ádám, Yuri Persidsky, Krizbai István: A kettes-típusú kannabinoid receptorok szerepe a melanómasejtek agyi áttétképzésében	58
Sántha Petra, Veszelka Szilvia, Mészáros Mária, Kiss Lóránd, Walter Fruzsina, Oláh Zita, Tóth Andrea, Bocsik Alexandra, Pákási Magdolna, Kálmán János, Kittel Ágnes, Dér András, Kincses András, Deli Mária: Agyunk védelmező rendszere a vér-agy gát: változás stressz hatására	59
Ónodi Gábor, Csörgő Tibor: A nagy (<i>Dendrocopos major</i> Linnaeus, 1758) és a kis fakopáncs (<i>Dendrocopos minor</i> Linnaeus, 1758) élőhely preferenciája puhafás ártéri erdőben, invazív növényfajok jelenlétében – előtanulmány	60
Benkő Zoltán, Cristian Domşa, Gábos Ede, Veres-Szászka Judit, Szabó D. Zoltán: Országos léptéktű elterjedés- és állománybecslések: térbeli modellezés a romániai Mindennapi Madarak Monitoringja program keretén belül gyűjtött adatok használatával	61
Veres-Szászka Judit, Ciprian Fântână, Cristian Domşa, Gábos Ede: Költő vízimadarak felmérése Romániában	62
Pap Péter László, Sándor Krisztina, Osváth Gergely, Vincze Orsolya, Bárbos Lőrinc, Marton Attila, Vágási I. Csongor: A madártoll szerkezetének változatossága a repülési mód és az életmód függvényében	63
Végh Attila Gergely, Fazakas Csilla, Wilhelm Imola, Molnár Judit, Szegletes Zsolt, Krizbai István, Váró György: A sejtközi adhézió szerepe az agyi áttétek kialakulásában	64
Fazakas Csilla, Wilhelm Imola, Tamás Andrea, Tóth Gábor, Reglődi Dóra, Krizbai István: A PACAP neuroptid javítja az agyi mikroendothelium barrier tulajdonságait	65
Szabó Enikő, Czibula Ágnes, Fajka-Boja Roberta, Kriston-Pál Éva, Uher Ferenc, Kudlik Gyöngyi, Katona Róbert, Monostori Éva: Az egér csontvelői mesenchymalis őssejtek heterogenitása differenciálódás és immunszuppresszió szempontjából	66
Harmati Petra-Anikó, Nagy Nándor: A bursa Fabricii dendritikus sejtjeinek karakterizálása egy új monoklonális ellenanyaggal	67
Bartha László, Sramkó Gábor, Polina A. Volkova, Boštjan Surina, Alexander L. Ivanov, Horia Banciu: A kakasmandikó (<i>Erythronium dens-canis</i> , Liliaceae) európai léptéktű filogeográfiája	68
Tamás Réka, Macalik Kunigunda, Kolcsár Levente- Péter, Keresztes Lujza: Az endémikus jósika orgona (<i>Syringa josikaea</i>) jelenlegi elterjedésének vizsgálata az Erdélyi Szigethegységben	69
Laczkó Levente, Lukács Balázs András, Molnár V. Attila, Sramkó Gábor: A nagyváradi lótsz relikum voltáról – egy molekuláris genetikai kitekintés	70
Mosolygó-Lukács Ágnes, Sramkó Gábor, Barabás Sándor, Surányi Gyula: Kárpát-medencei sáfrány fajok molekuláris taxonómiai vizsgálata	71
Antal Péter: Mikrobiális Üzeményag Cellák (MÜC)	72
Bódi Nikolett, Wirth Roland, Maróti Gergely, Talapka Petra, Giricz Zsófia, Fekete Éva, Kovács L. Kornél: A bél baktériumflórájának bélszakasz-specifikus változása streptozotocinnal indukált diabéteszes patkányokban	73
Domokos Judit, Khayer Bernadett: Sertés eredetű <i>Bordetella bronchiseptica</i> törzsek antibiotikum rezisztencia vizsgálata	74
Gálik Bence, Gyula Péter, Pach Péter, Szabó Zsolt, Bató Emese, Bihari Zoltán: Újgenerációs szekvenáláson alapuló mikrobiális összetétel meghatározásának kihívásai	75
Novák János: Troglobiont álskorpiók Erdélyben	76
Lengyel Gábor Dániel, Lazányi Eszter, Soltész Zoltán, Papp László: Kétszárnyúak szárnyerezet-terminológiájának kritikai áttekintése	77
Soltész Zoltán, Lazányi Eszter: Hogyan fogjunk kétszárnyúakat madárodúban babaolajjal?	78
Sárkány-Kiss Endre, Demeter László: <i>Vertigo angustior</i> (Jeffreys, 1830), <i>Vertigo moulinsiana</i> (Dupuy, 1849) fajok és kísérőfajaik azonosítása az Alsó-Medencében	79
Boros Imre Miklós: A kromatinszerkezet hatása a génkifejeződésre	80



Kovács Levente, Nagy Olga, Pál Margit, Octavian Popescu, Deák Péter: Egy <i>Drosophila</i> dezubikvitiláló enzim szerepe az ubikvitin stressz szabályozásában	81
Nagy Csaba István, Vass Imre, Rákhely Gábor, Vass István Zoltán, Tóth András, Dúzs Ágnes, Kós B. Péter: Szulfid- és arzén indukált gének a <i>Synechocystis</i> 6803-ban ősi, anaerob anyagszereűtak maradványai	82
Sike Ádám, Boros Imre Miklós: Rákos sejtek multidrog rezisztenciájának molekuláris háttere	83
Nagy László Jácint, Vágási I. Csongor, Fülöp Attila, Pap Péter László: A tollbontó baktériumok gyakoriságát befolyásoló tényezők vizsgálata költő füsti fecskéken (<i>Hirundo rustica</i>)	84
Szabados László, Rigó Gábor, Papdi Csaba, Zsigmond Laura, Imma Pérez Salamó, Kovács Hajnalka, Mary Prathiba Joseph, Cséplő Ágnes, Koncz Csaba: A szárazság és sötétítés szabályozása a növényekben.	85
Regisztrált résztvevők jegyzéke	87



15. Kolozsvári Biológus Napok - részletes program -

április 4., péntek

Gerinctelen Állattan Előadó (SZN)

08:50 Nyitó

Plenáris előadások

09:00 Kröel-Dulay György: *A bolygatások növelik a vegetáció klímaváltozásra való érzékenységét: tanulmányok egy hosszútávú európai kísérletről*

09:50 Vágási I. Csongor: *Oxidatív stressz evolúcióbiológiai perspektívából*

10:40–11:00 Kávészünet

Kiselőadások

1. szekció – Gerinctelen Állattan Előadó (SZN)

ülésvetető: Oborny Beáta

11:00 Török Péter, Deák Balázs, Migléc Tamás, Kelemen András, Tóth Katalin, Albert Ágnes-Júlia, Valkó Orsolya, Béres Viktória, Borics Gábor, Tóthmérész Béla, Török-Krasznai Enikő: *Biomassa és fajgazdagság kapcsolata: Általánosan jellemző-e az egycsúcsú görbe?*

11:15 Albert Ágnes-Júlia, Kelemen András, Valkó Orsolya, Migléc Tamás, Csecserits Anikó, Rédei Tamás, Deák Balázs, Tóth Katalin, Tóthmérész Béla, Török Péter: *Spontán szukcesszió szerepe homoki gyepek növényzetének regenerálódásában*

11:30 Fenesi Annamária, Vágási I. Csongor, Beldean Monica, Földesi Rita, Kolcsár Levente-Péter, Török Edina, Kovács-Hostyánszki Anikó: *Az inváziós kanadai aranyvessző (*Solidago canadensis*) növény-és beporzóközösségre kifejtett hatása különböző korú parlagokon*

11:45 Kelemen András, Török Péter, Valkó Orsolya, Deák Balázs, Tóth Katalin, Albert Ágnes-Júlia, Migléc Tamás, Tóthmérész Béla: *Növényfajok közötti interakciók szikes gyepekben*

12:00 Lukács Balázs András, Török Péter, Kelemen András, Simon Edina, Migléc Tamás, Tóthmérész Béla, Valkó Orsolya: *Magkéslet ökológiai vizsgálatok hortobágyi száraz és nedves szikes gyepekben*

2. szekció – Zoológia Amfiteátrum (AZ)

ülésvetető: Maák István

11:00 Dénes Avar-Lehel, Kolcsár Levente-Péter, Keresztes Lujza: *A Kárpátok mikorendemikus fajainak molekuláris genetikai és morfometriai vizsgálata: a *Pedicia staryi* Savch. fajcsoport (Diptera, Pediciidae)*

11:15 Kolcsár Levente-Péter, Török Edina, Dénes Avar-Lehel, Keresztes Lujza: *A genetikai és morfológiai variabilitás mintázatainak összehasonlítása a *Dicranota* (*Ludicia*) *lucidipennis* (Edwards, 1921) (Diptera: Pediciidae) esetében*

11:30 Török Edina, Kolcsár Levente-Péter, Keresztes Lujza: *Egy Európa szerte szélesan elterjedt vízi rovarfaj, a *Ptychoptera albimana* Fabr. (Diptera, Ptychopteridae) morfológiai és genetikai strukturálódásának összehasonlító vizsgálata*



11:45 László Zoltán, Prázsmári Hunor, Túróczi Andrea: *Ragadozás nyomai és a rózsagubacsok elhelyezkedése rózsacserjéken*

12:00 László Zoltán, Prázsmári Hunor: *Tarvágás hatása a rózsacserjékre és gubacsokozóik visszatelepülésére*

12:15–12:30 Kávészünet

Kiselőadások

1. Szekció – Gerinctelen Állattan Előadó (SZN)

ülésvetető: Kröel-Dulay György

12:30 Oborny Beáta, Hubai G. András: *Az élőhely növény-perspektívából: foltméretek, távolságok és növekedési válaszok*

12:45 Benedek Veronika, Englert Péter, Oborny Beáta: *Képes-e a növény elfoglalni az összes, számára alkalmas szabad helyet? – A növekedést korlátozó tényezők*

13:00 Höhn Mária, Fehér Anita, Végh Viktória, Barabás Sándor: *Klimatikus indikátor növényfajok viselkedése a Soroksári Botanikus Kertben*

13:15 Prázsmári Hunor: *A rózsacserjék térbeli eloszlása és architektúráis tulajdonságai kapcsolata*

2. szekció – Zoológia Amfiteátrum (AZ)

ülésvetető: Pap Péter László

12:30 Nagy András Attila, Imecs István: *A Torockói-hegység halfaunája: pokol vagy paradicsom?*

12:45 Takács Péter, Csoma Eszter, Erős Tibor, Specziár András, Vitál Zoltán, Sály Péter, Dolezsai Anna, Bíró Péter: *Magyarországi lápi póc – Umbra krameri Walbaum, 1792 – állományok populációgenetikai viszonyai*

13:00 Vitál Zoltán, Boros Gergely, Mozsár Attila, Józsa Vilmos, Specziár András: *Busa fajok ökológiai szerepe a Balatonban*

13:15 Tóth Zsófia: *A klímaváltozás hatásai a zöld varangy (Anura: Bufonidae) metamorfózis utáni diszperziójára.*

13:30–15:00 Ebédészünet

Gerinctelen Állattan Előadó (SZN)

Plenáris előadás

15:00 Qianwen Sun, Csorba Tibor, Konstantina Skourti-Stathaki, Nicholas J. Proudfoot, Caroline Dean: *A hosszú nem-kodoló RNsek szerepe a virágzás szabályozásában*

15:50–16:00 Kávészünet

Kiselőadások

1. szekció – Gerinctelen Állattan Előadó (SZN)

ülésvetető: Fodorpataki László

16:00 Buczkó Krisztina: *Kozmopolitizmustól az endemizmusig: a kovaalgák sokféleségéről és mintázatairól a Kárpátokban*

16:15 Keresztes Zsolt Gyula, Somogyi Boglárka, Felföldi Tamás, Nagy Erika, Vörös Lajos: *Fotoautotróf mikroorganizmusok légköri előfordulása*



16:30 Mentes Anikó, Keresztes Zsolt Gyula, Pálffy Károly, Somogyi Boglárka, Márialigeti Károly, Máthé István, Vörös Lajos, Felföldi Tamás: *A Kárpát-medence vizes élőhelyeken előforduló sajátos fotoszintetizáló mikroszervezetek*

16:45 Rosa Márta Erzsébet, Barta Zoltán, Tökölyi Jácint: *Zöld hidrák (Hydra viridissima) válasza hirtelen környezetváltozásra*

2. szekció – Zoológia Amfiteátrum (AZ)

ülésvezető: Török Péter

16:00 Kozma Anita, Lózer Beáta, Ruprecht Eszter, Fenesi Annamária: *Tűzhöz való adaptáció-e a fedélrozsok amerikai inváziójának kulcsa?*

16:15 Domokos Péter, Fenesi Annamária, Ruprecht Eszter: *Az égetés hatása erdélyi gyepekben élő lágyszárú növények magjainak csírázására*

16:30 Kiss Réka, Ruprecht Eszter, Fenesi Annamária: *Veszélyt jelent-e az inváziós fajok terjedése a gyakran égetett gyepekre?*

16:45 Kuhn Thomas, Fodor Enikő, Tripon Septimiu, Ferencz Erzsébet, Fenesi Annamária, Ruprecht Eszter: *Összefüggések délkelet-európai elterjedésű gyepi növényfajok magvainak morfológiai és anatómiai tulajdonságai között*

17:00–17:15 *Kávészünet*

1. szekció – Gerinctelen Állattan Előadó (SZN)

ülésvezető: Fodorpataki László

17:15 Tóth András, Duzs Ágnes, Kiss Enikő, Németh Brigitta, Rákhely Gábor: *Hidrogén termeléshez kapcsolódó anyagcsere folyamatok és enzimek fotoszintetikus babor kénbaktériumokban*

17:30 Palombi Barbara, Nagy Nándor, Sárkány-Kiss Endre: *Az édesvízi kagylók táplálék-felvevő és felszívó működésének vizsgálata a lipid felvétel tekintetében*

17:45 Hegedűs Botond, Számel M., Bende G., Perei K., Rákhely Gábor: *A szulfanilsav bontásért felelős metabolikus útvonal lépései és eredete*

2. szekció – Zoológia Amfiteátrum (AZ)

ülésvezető: Vágási I. Csongor

17:15 Bücs Szilárd, Jére Csaba, Csósz István, Barti Levente, Bartha Csaba, Jakab Endre, Hoffmann Richard, Szodoray-Parádi Farkas: *Denevérvédelmi intézkedések és előzetes eredményeik ÉNY Romániai védett területeken*

17:30 Jére Csaba, Csósz István, Bücs Szilárd, Szodoray-Parádi Farkas: *Denevérek aktivitásának dinamikája a párzási időszakban egy Királyerdei nászbarlang példáján bemutatva*

17:45 Szakács Mónika: *Ökoszisztéma szolgáltatások értékelése hagyományos falusi közösségeknél: természetvédelmi vonatkozások*

Gerinctelen Állattan Előadó (SZN)

18:00–19:00 Szabó D. Zoltán: *Búvárokodás a Vörös-tengeren: bohóchalak, korallok és egyéb fura szerzetek*

20:00 kötetlen beszélgetés a *La Cizmărie (A csizmadia)* lokálban



április 5., szombat

Gerinctelen Állattan Előadó (SZN)

Plenáris előadások

09:00 Csász Éva, Kalló Gergő, Csutak Adrienne, Tözsér József: *Védekezés felsőfokon – kémiai barrier a kőnyben*

09:50 Szabados László, Rigó Gábor, Papdi Csaba, Zsigmond Laura, Imma Pérez Salamó, Kovács Hajnalka, Mary Prathiba Joseph, Cséplő Ágnes, Koncz Csaba: *A szárazság és sőtűrés szabályozása a növényekben.*

10:40–11:00 Kávészünet

Kiselőadások

1. szekció – Gerinctelen Állattan Előadó (SZN)

ülésvetető: Keresztes Lujza

11:00 Csata Enikő, Magdalena Witek, Hanna Babik, Erős Katalin, Czekes Zsolt, Markó Bálint: *Hogyan változtatja meg egy parazita gomba a hangyák szociális strukturáját?*

11:15 Maák István, Kiss Anett, Markó Bálint: *Szemét vagy táplálékforrás: tetemek sorsa a Formica polyctena hangyafajnál (Hymenoptera: Formicidae)*

11:30 Szabó Ágota, Erős Katalin, Markó Bálint: *A pollen, mint lehetséges alternatív táplálékforrás szubmisszív hangyafajoknál egy Formica exsecta szuperkolónia területén*

11:45 Rádai Zoltán: *A pusztai farkaspók, mint modellállat a biológiai kutatásokban*

12:00 Katona Gergely, Pecsénye Katalin, Juhász Edit: *Morfomeriai vizsgálatok a lápi tarkalepke (Euphydryas aurinia, [Rottenburg, 1775]) Kárpát-medencei populációiban*

2. szekció – B2-es terem

ülésvetető: Jakab Endre

11:00 Fodor Eszter Klára, Pákáski Magdolna, Sántha Petra, Oláh Zita, Sántha Miklós, Janka Zoltán, Kálmán János: *Akut és krónikus immobilizációs stressz hatása az aktin citoskeletonra vad típusú egerekben és az Alzheimer-kór transzgenikus állatmodelljében*

11:15 Oláh Zita, Kálmán János, Ivitz Eszter, Fodor Eszter, Sántha Petra, Várhelyi Zoltán, Sántha Miklós, Janka Zoltán, Pákáski Magdolna: *ADK és Grin-1: molekuláris kapcsolat epilepszia, Alzheimer-kór és stressz között*

11:30 Haskó János, Wilhelm Imola, Fazakas Csilla, Molnár Judit, Nyúl-Tóth Ádám, Yuri Persidsky, Krizbai István: *A kettes-típusú kannabinoid receptorok szerepe a melanómasejtek agyi áttétképzésében*

11:45 Sántha Petra, Veszélka Szilvia, Mészáros Mária, Kiss Lóránd, Walter Fruzsina, Oláh Zita, Tóth Andrea, Bocsik Alexandra, Pákáski Magdolna, Kálmán János, Kittel Ágnes, Dér András, Kincses András, Deli Mária: *Agyunk védelmező rendszere a vér-agy gát: változás stressz hatására*

12:15–12:30 kávéészünet

1. szekció – Gerinctelen Állattan Előadó (SZN)

ülésvetető: Hartel Tibor

12:30 Ónodi Gábor, Csörgő Tibor: *A nagy (Dendrocopos major Linnaeus, 1758) és a kis fakopáncs (Dendrocopos minor Linnaeus, 1758) élőhely preferenciája puhafás ártéri erdőben, invazív növényfajok jelenlétében – előtanulmány*



12:45 Benkő Zoltán, Cristian Domşa, Gábos Ede, Veres-Szászka Judit, Szabó D. Zoltán: *Országos léptékű elterjedés- és állománybecslések: térbeli modellezés a romániai Mindennapi Madarak Monitoringja program keretén belül gyűjtött adatok használatával*

13:00 Veres-Szászka Judit, Ciprian Fântână, Cristian Domşa, Gábos Ede: *Költő vízimadarak felmérése Romániában*

13:15 Nagy László Jácint, Vágási I. Csongor, Fülöp Attila, Pap Péter László: *A tollbontó baktériumok gyakoriságát befolyásoló tényezők vizsgálata költő füsti fecskéken (*Hirundo rustica*)*

13:30 Pap Péter László, Sándor Krisztina, Osváth Gergely, Vincze Orsolya, Bärbos Lőrinc, Marton Attila, Vágási I. Csongor: *A madártoll szerkezetének változatossága a repülési mód és az életmód függvényében*

2. szekció – B2-es terem

ülésvezető: Kovács Levente

12:30 Végh Attila Gergely, Fazakas Csilla, Wilhelm Imola, Molnár Judit, Szegletes Zsolt, Krizbai István, Váró György: *A sejtközi adhézió szerepe az agyi áttétek kialakulásában*

12:45 Fazakas Csilla, Wilhelm Imola, Tamás Andrea, Tóth Gábor, Reglődi Dóra, Krizbailstván: *A PACAP neuropeptid javítja az agyi mikroéndothelium barrier tulajdonságait*

13:00 Szabó Enikő, Czibula Ágnes, Fajka-Boja Roberta, Kriston-Pál Éva, Uher Ferenc, Kudlik Gyöngyi, Katona Róbert, Monostori Éva: *Az egér csontvelői mesenchymalis őssejtek heterogenitása differenciálódás és immunszuppresszió szempontjából*

13:15 Harmati Petra-Anikó, Nagy Nándor: *A bursa Fabricii dendritikus sejteinek karakterizálása egy új monoklonális ellenanyaggal*

13:30/13:45–15:00 ebédszünet

Gerinctelen Állattan Előadó (SZN)

Plenáris

15:00 Kovács M. Gábor: *Szürke eminenciások sokszínűsége – mikorrhizaképző gombák és funkcióik.*

15:50–16:00 Kávészünet

Kiselőadások

I. szekció – Gerinctelen Állattan Előadó (SZN)

ülésvezető: Ruprecht Eszter

16:00 Bartha László, Sramkó Gábor, Polina A. Volkova, Boštjan Surina, Alexander L. Ivanov, Horia Banciu: *A kakasmandikó (*Erythronium dens-canis*, Liliaceae) európai léptékű filogeográfiája*

16:15 Tamás Réka, Macalik Kunigunda, Kolcsár Levente- Péter, Keresztes Lujza: *Az endémikus jósika orgona (*Syringa josikaea*) jelenlegi elterjedésének vizsgálata az Erdélyi Szigetegységben*

16:30 Laczkó Levente, Lukács Balázs András, Molnár V. Attila, Sramkó Gábor: *A nagyváradi lótosz reliktum voltáról – egy molekuláris genetikai kitekintés*

16:45 Mosolygó-Lukács Ágnes, Sramkó Gábor, Barabás Sándor, Surányi Gyula: *Kárpát-medencei sáfrány fajok molekuláris taxonómiai vizsgálata*



2. szekció – B2-es terem

ülésvetető:

Sike Ádám

16:00 Antal Péter: *Mikrobiális Üzeményeg Cellák (MÜC)*

16:15 Bódi Nikolett, Wirth Roland, Maróti Gergely, Talapka Petra, Giricz Zsófia, Fekete Éva, Kovács L. Kornél: *A bél baktériumflórájának bélszakasz-specifikus változása streptozotocinnal indukált diabéteszes patkányokban*

16:30 Domokos Judit, Khayer Bernadett: *Sertés eredetű Bordetella bronchiseptica törzsek antibiotikum rezisztencia vizsgálata*

16:45 Gálk Bence, Gyula Péter, Pach Péter, Szabó Zsolt, Bató Emese, Bihari Zoltán: *Újgenerációs szekvenáláson alapuló mikrobiális összetétel meghatározásának kihívásai*

17:00–17:15

Kávészünet

1. szekció – Gerinctelen Állattan Előadó (SZN)

ülésvetető: László Zoltán

17:15 Novák János: *Troglobiont álskorpiók Erdélyben*

17:30 Lengyel Gábor Dániel, Lazányi Eszter, Soltész Zoltán, Papp László: *Kétszárnyúak szárnyerezet-terminológiájának kritikai áttekintése*

17:45 Soltész Zoltán, Lazányi Eszter: *Hogyan fogjunk kétszárnyúakat madárodúban babaolajjal?*

18:00 Sárkány-Kiss Endre, Demeter László: *Vertigo angustior (Jeffreys, 1830), Vertigo moulinsiana (Dupuy, 1849) fajok és kisérfajaik azonosítása az Alcsíki-Medencében*

2. szekció – B2-es terem

ülésvetető: Fazakas Csilla

17:15 Boros Imre Miklós: *A kromatinszerkezet hatása a génkifejeződésre*

17:45 Kovács Levente, Nagy Olga, Pál Margit, Octavian Popescu, Deák Péter: *Egy Drosophila dezubikvitiláló enzim szerepe az ubikvitin stressz szabályozásában*

18:00 Nagy Csaba István, Vass Imre, Rákhely Gábor, Vass István Zoltán, Tóth András, Dúzs Ágnes, Kós B. Péter: *Szulfid- és arzén indukált gének a Synechocystis 6803-ban ősi, anaerob anyagszereűtök maradványai*

18:15 Sike Ádám, Boros Imre Miklós: *Rákos sejtek multidrog rezisztenciájának molekuláris háttere*

Gerinctelen Állattan Előadó (SZN)

18:30 **Apáthy díjak ünnepélyes átadása** (díjazottak: dr. Hartel Tibor és Bartha Helga) / **Konferenciázárás**

20:00

Biológusbuli – Agapé vendéglő, alagsor
(jegyeket a helyszínen lehet kapni)



A bolygatások növelik a vegetáció klímaváltozásra való érzékenységét: tanulások egy hosszú távú európai kísérletből

Kröel-Dulay György, Johannes Ransijn, Inger Kappel Schmidt, Claus Beier, Josep Penuelas

*MTA Ökológiai Kutatóközpont, Ökológiai és Botanikai Intézet, Vácrátót
University of Copenhagen, Department of Geosciences & Natural Resources
Center for Catchments and Urban Water Research NIVA, Oslo
CSIC, Global Ecology Unit, CREAM-CEAB-CSIC-Universitat Autònoma de Barcelona*

A klímaváltozás növekvő fenyegetést jelent a természetes ökoszisztémák számára. Terepi körülmények között a problémakör vizsgálható hosszú távú monitorozással, tér-idő megfeleltetéssel, valamint manipulatív kísérletekkel. Bevezetésképpen néhány példát mutatok az egyes módszerekre, kiemelve az előnyöket és a hátrányokat. A különböző módszerek kombinálása jelentősen növelheti a kutatás érvényességi körét. Példaképpen bemutatok egy hosszú távú vizsgálatot, amelyben a vegetáció (borítás, fajgazdagság, fajösszetétel) válaszait vizsgáltuk mérsékelt melegítésre és szárazodásra hét európai cserjés ökoszisztémában. A cserjések kevésbé voltak érzékenyek a kezelésekre. A kis számú szignifikáns hatást azokban a rendszerekben találtuk, amelyeket a közelmúltban valamilyen bolygatás ért (vágás, tűz, kártevő-gradáció). Ezen hatások többsége is csak hosszú távon (7-14 év) jelent meg, rövid távon (2-5 év) nem. Ezek az eredmények arra utalnak, hogy hosszú távú, sok területen folyó kísérletek szükségesek ahhoz, hogy kimutassuk azokat a hatásokat, amelyek lassan alakulnak ki, vagy ritka eseményekhez kötődnek. Úgy tűnik, hogy a szukcessziós stádium jelentősen meghatározza az ökoszisztémák klímaváltozásra való érzékenységét, mivel viszonylag kis mértékű változás is elég lehet a szukcesszió eltérítésére, ha a rendszert valamilyen bolygatás éri. Végül röviden bemutatok egy most induló kísérletet, ahol bolygatás (szélsőséges aszály) nem egy véletlen esemény, hanem a kísérleti elrendezés része, kombinálva az évente visszatérő mérsékelt csapadékkizárással vagy öntözéssel.

Disturbance makes shrublands more sensitive to climate change

Climate change is predicted to be one of the major threat to ecosystems in the 21st century. There are multiple ways to assess the effects of changing climate in the field including long-term monitoring, space-for time substitution, and manipulative experiments. I will start with presenting examples of these approaches and highlight their merits and limitations. The combination of these approaches may provide a unique insight into how ecosystems respond to changing climate. As an example, I will present the responses of the vegetation (total cover, species richness, species composition) to 7-14 years of moderate experimental warming and drought in seven European shrubland ecosystems. Overall, shrublands were rather resistant to experimental treatments. However, the few significant responses were found in ecosystems that were recently influenced by disturbances, such as management cutting, wildfire or pest outbreak. Most of these effects only emerged in the long term (7-14 years), and were not seen in the short term (2-5 years). We conclude that long-term, multi-site experiments are needed for capturing effects that accumulate slowly and for capturing rare events. Our results suggest that successional state strongly influences the sensitivity of ecosystems to climate change and that small changes in climate are sufficient to change the course of succession after a disturbance. I will end up with shortly presenting a new experiment where disturbance (extreme drought event) is not accidentally happening but is part of the experimental design, in combination with recurring drought and rain addition treatments.



Oxidatív stressz evolúcióbíológiai perspektívából

Vágási I. Csongor

*Debreceni Egyetem, MTA-DE „Lendület” Viselkedésokológiai Kutatócsoport, Evolúciós Állattani Tanszék
Evolúciós Ökológia Csoport, Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, Babeş-Bolyai Tudományegyetem*

A legfontosabb biológiai kérdések egyike: Miért öregedünk és halunk meg? Humán egészségügyi vonatkozásai és természetes populációk demográfiáját befolyásoló hatása ellenére az öregedés és élettartam evolúciója mai napig vitatott. Célom ennek a témakörnek a kivonatolt ismertetése. Előadásomat 3 részre osztom. Először bemutatom az oxidatív stressz biokémiai hátterét, vagyis a mitokondriumok által termelt reaktív oxigénformákat (ROF), ezek sejtkárosító hatását és az ezekkel szembeni védekezési rendszert. Ezután azokat a fő öregedési elméletek következnek, melyek az élettartamot az oxidatív stressz valamely összetevőjével magyarázzák. Ezeket főként filogenetikai összehasonlító vizsgálatok eredményeivel szemléltem. Végezetül a témakörben általunk végzett kísérleteket és összehasonlító munkákat kivonatolom. Kísérleteinkben az oxidatív stressz okait kerestük. Az összehasonlító munkákban metabolikusan költséges fenotípusos és viselkedési jellegek (pl. agyméret és repülés) evolúcióját vizsgáljuk, mert arra vagyunk kíváncsiak, hogy ezek a jellegek milyen oxidációs és sejtkárosodási költségekkel járnak és az antioxidáns védekezési rendszer ehhez hogyan alkalmazkodott. Legfőbb üzeneteim, hogy (1) az öregedés magyarázata nem korlátozható a ROF termelési rátájára és (2) a redox állapot pleiotróp hatásai miatt biológiai jellegek széles spektrumának evolúcióját képes magyarázni. Az összehasonlító kutatás a TÁMOP 4.2.4.A/2-11-1-2012-0001 Nemzeti Kiválóság Program című kiemelt projekt keretében zajlott. A projekt az Európai Unió támogatásával, az Európai Szociális Alap társfinanszírozásával valósul meg.

Oxidative stress from an evolutionary perspective

Why do we grow old and die is a fundamental question in biology. Although ageing and lifespan has implications for human wellbeing and the demography of natural populations, their evolution is still poorly understood. I aim at outlining this topic. I first present the biochemical background of oxidative stress, i.e. how mitochondria generate reactive oxygen species (ROS), how ROS may damage vital cellular components, and the defence arsenal that evolved to overcome these damages and reinstate the redox homeostasis. After then, I summarize those evolutionary theories of ageing, which specify components of oxidative state as the main cause of ageing, and the evidence for or against them based on phylogenetic comparative analyses. Finally, I show some experiments and comparative studies conducted by our Evolutionary Ecology Group that touch upon this topic. The experiments sought to reveal potential causes of oxidative stress. The comparative analyses strive to uncover the oxidative costs and associated antioxidant defences of metabolically expensive phenotypic and behavioural traits (e.g. brain size and flight). Messages to take home are that (1) the explanation of ageing cannot be reduced to the production rate of ROS and (2) redox state might govern the evolution of a wide range of biological traits given its pleiotropic effects. The comparative research was supported by the European Union and the State of Hungary, co-financed by the European Social Fund in the framework of TÁMOP 4.2.4. A/2-11-1-2012-0001 ‘National Excellence Program’.



Biomassza és fajgazdagság kapcsolata: Általánosan jellemző-e az egycsúcsú görbe?

Török Péter, Deák Balázs, Miglécz Tamás, Kelemen András, Tóth Katalin, Albert Ágnes, Valkó Orsolya, B-Béres Viktória, Borics Gábor, Tóthmérész Béla, Török-Krasznai Enikő

*MTA DE Biodiverzitás Kutatócsoport, DE TTK Ökológiai Tanszék,
DE TTK Hidrobiológiai Tanszék, MTA ÖK Dunakutató Intézet, Tiszakutató Osztály*

A biomassza produkció és fajgazdagság kapcsolatának vizsgálata kiemelt fontosságú az egyes ökoszisztémákban zajló dinamikai folyamatok megértésében. Bár az ilyen vizsgálatok hosszú múltra tekintenek vissza, az ilyen jellegű kutatások új reneszánszát éljük. A produkció és fajgazdagság viszonyának, széles produktivitási gradiens mentén történő leírására alkalmas összefüggés az ún. humped-back modell, amelyben a produkció növekedésével kezdetben emelkedik a fajszám, majd egy bizonyos produkciós érték elérése után csökkenni kezd. A görbe kezdeti szakaszán tapasztalható alacsony produkció alacsony fajszámmal párosul. Ennek magyarázata, hogy az élőhelyeket jellemző magas abiotikus stresszt kevés faj képes elviselni és ezek biomassza produkciója is rendszerint alacsony. A tápanyagtartalom növekedésével a biomassza produkció is növekszik és a stressz hatása egyre alacsonyabb lesz, ami emelkedő fajszámmal párosul. Az emelkedő produkció azonban az növekvő mértékű kompetíciót eredményezhet, amivel a görbe leszálló ágán tapasztalható fajszám-csökkenés magyarázható. Munkánk során két, merőben eltérő közösség (szik- és löszgyepek illetve fitoplankton közösségek) biomassza és fajgazdagság viszonyát vizsgáltuk és megállapítottuk, hogy a biomassza és a fajgazdagság mindkét közösségben humped-back görbét mutatott. Az ökológiai folyamatok és mintázatok általában alapvetően függenek a vizsgált közösségtől. Emiatt kiemelt jelentőséggel bír, hogy a produktivitás-fajgazdagság közötti összefüggést lokális léptékben két, eltérő élőlényközösség esetében is kimutattuk, melynek vélhető magyarázata lehet a forrásfelosztás jelensége, amelyre utal az is, hogy, mind a növényi- mind a fitoplankton stratégiák diverzitása a fajszámhoz hasonlóan humped-back görbét mutatott.

Is the relationship between biomass and species richness explained by the humped-back curve?

The study of the relationship between biomass production and species richness is essential for the proper explanation of dynamic changes in ecosystems. To explain the relationship along a broad biomass production gradient, the humped-back model is proposed. In the model the species richness first increases and then decreases along increasing biomass. At the initial part of the curve the low diversity and biomass production are both explained by the extremely unproductive environment where only a few species are able to establish. The decreasing part of the humped back curve is generally explained by the increasing competition and other limiting biotic interactions. In our research we studied the relationship between biomass production and species richness along a broad gradient in two contrasting species groups (vascular plants in alkali and loess grasslands, and phytoplankton assemblages in stagnant waters). We found that for both species groups a humped-back curve explained the relationship between biomass production and species richness. The novelty of our study is that the same relationship was detected with standardised sampling for two contrasting species groups. The most likely explanation for the detected relationship is resource partitioning, which is supported by the findings that the diversity of functional species groups showed also a humped-back curve along increasing productivity gradient.



Spontán szukcesszió szerepe homoki gyepek növényzetének regenerálódásában

Albert Ágnes-Júlia, Kelemen András, Valkó Orsolya, Miglécz Tamás, Csecserits Anikó,
Rédei Tamás, Deák Balázs, Tóth Katalin, Tóthmérész Béla, Török Péter

*Debreceni Egyetem, Ökológiai Tanszék
MTA-DE Biodiverzitás Kutatócsoport, Debrecen*

Jelen kutatásunkban 24 különböző korú homoki parlagot vizsgáltunk a Kiskunság és a Nyírség homokterületein. Három korcsoportot különítettünk el, ezek az alábbiak voltak: 10 évesnél fiatalabb, 10-20 éves és 20-40 éves korcsoportú parlagok. Referenciaként a parlagok közvetlen közelében levő nyílt- és zárt gyepeket vizsgáltunk. A növények százalékos borítását parlagonként öt, 2×2 m-es kvadrátban rögzítettük 2012-ben. Tér-idő-helyettesítéssel alkalmazva, a következő kérdésekre kerestük a választ: (i) Milyen a célfajok betelepülésének dinamikája a szukcesszió előrehaladtával? (ii) Hogyan változik a különböző funkcionális csoportok aránya a szukcesszió során? (iii) Mennyire hatékony a gyepek regenerálódása a szekunder szukcesszió során? Eredményeink azt mutatják, hogy a rövidéletű, valamint a klonális terjedésre nem képes növényfajok aránya lecsökkent a szukcesszió előrehaladásával. Ezzel szemben az élő növényfajok és a hatékony klonális terjedési képességgel jellemezhető fajok aránya pedig növekedett a szukcesszió során. A célfajok nagy része már a fiatalabb parlagokra is betelepült, viszont arányuk magasabb volt az idősebb parlagokon. A parlagokon megfigyelhető volt, hogy a vegetációfejlődés eredményeként a céltársulásokhoz hasonló összetételű és többé-kevésbé hasonló dominanciaviszonyokkal leírható növényközösség alakul ki a szukcesszió során. A spontán szukcesszió kiváló lehetőséget jelenthet a homoki gyepek növényzetének regenerációjában. A homoki gyepek fajkészletének nagy része helyreállhat az első mintegy 10-20 év során. Ugyanakkor, a sikeres gyepregenerációt erősen befolyásolhatja a környező vegetációban levő fajkészlet is, valamint a folyamat lelassulhat, ha a megfelelő propagulumok mennyisége és a parlagokra való bejutása korlátozott.

The role of spontaneous succession in the recovery of target sand grasslands

We evaluated vegetation development in 24 sand old-fields in two regions: twelve fields in the calcareous sand region of Kiskunság, and twelve fields in the acidic sand region of Nyírség. Old-fields were classified into three age-categories: (i) less than 10-year-old, (ii) 10-20-year-old and (iii) 20-40-year-old. For baseline vegetation reference, we sampled 3 open and 3 closed sand grassland stands in both regions. We recorded the percentage cover of vascular plants in five 2×2 m plots in each site in 2012. Using the chronosequence method we aimed to answer the following questions: (i) Which target species establish successfully in the old-fields during the course of succession? (ii) How do the proportions of different functional groups change during succession? (iii) How successful is spontaneous succession in the recovery of target grasslands? We detected 87 and 97 vascular plant species in calcareous and acidic old-fields, respectively. The cover of short-lived species and species without clonal-spreading ability decreased with time. The cover of perennials and clonal-spread groups increased in time. The mean cover of target species was higher in the two older age-groups of old-fields. We found that vegetation development on old-fields led towards the reference grasslands. Spontaneous succession can be a vital option in recovery of sand grassland vegetation, the majority of the species pool of sandy grasslands can be recovered in the first 10-20 years. However, the success of grassland recovery can be strongly influenced by the surrounding species pool and slow if seed dispersal is limited.



Az inváziós kanadai aranyvessző (*Solidago canadensis*) növény- és beporzóközösségre kifejtett hatása különböző korú parlagokon

Fenesi Annamária, Vágási I. Csongor, Beldean Monica, Földesi Rita,
Kolcsár Levente-Péter, Török Edina, Kovács-Hostyánszki Anikó

Debreceni Egyetem, Ökológia Tanszék, Debrecen, Babeş-Bolyai Tudományegyetem, Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, Evolúciós Állattani Tanszék, Debreceni Egyetem, MTA ÖK, Lendület Ökoszisztéma Szolgáltatások Kutatócsoport

Az inváziós fajok megtelepedése módosíthatja a parlagok másodlagos szukcessziós folyamatait és közösségszintű változásokat okozhat. Épp ezért, olyan lágyszárú parlagokat vizsgáltunk az erdélyi Szászvidéken, melyeken az inváziós kanadai aranyvessző (*Solidago canadensis*) eltérő relatív borítással (0–90%) volt jelen. Arra voltunk kíváncsiak, hogy (1) milyen hatással van az aranyvessző inváziója a növény- és beporzóközösség összetételére és diverzitására, (2) változik-e az inváziós faj hatása a szukcessziós stádiumok függvényében, és (3) változik-e az őshonos növényfajok rovarok általi látogatottsága az inváziós faj jelenlétében. Eredményeink értelmében, bár a növényfajok száma csökken az invázió hatására a parlagok korától függetlenül, az aranyvessző leginkább az idősebb parlagok diverzitását csökkenti. Az invázió negatívan hatott a méhek abundanciájára, de pozitívan befolyásolta a zengőlegyek tömegességét szukcessziós stádiumtól függetlenül. Az őshonos növényfajokat kevesebb beporzó látogatta az erőteljesen előzőnlött területeken. Úgy véljük, hogy sürgető feladat lenne az inváziós faj állományainak gyors kiirtása, hogy a másodlagos szukcessziós folyamatok során őshonos fajokban gazdag másodlagos gyepek jöjjenek létre és az őshonos fajok és mutualistáik közötti természetes kapcsolatok helyreálljanak. A kutatás a TÁMOP 4.2.4.A/2-11-1-2012-0001 Nemzeti Kiválóság Program című kiemelt projekt keretében zajlott. A projekt az Európai Unió támogatásával, az Európai Szociális Alap társfinanszírozásával valósul meg.

***Solidago canadensis* impacts on native plant and pollinator communities in different stages of old-field succession**

Secondary succession of abandoned croplands might be altered by the colonization of invasive alien species with possible community-wide impacts. Therefore, we aimed to inventory the effect of a highly invasive species, *Solidago canadensis*, on plant and pollinator communities along a gradient of invasion severity and along different successional stages of abandoned croplands in Southern Transylvania, Romania. We wanted to answer the following questions: (1) Does the invasion of *S. canadensis* cause shifts in the composition and diversity of plant and pollinator communities? (2) If so, in which stage of the succession does the greatest shift occur and what kind of compositional changes are manifested? (3) To what extent does the presence of *S. canadensis* affect the flower visitation of native species by pollinator insects? According to our results, the invasion reduced the native plant species richness throughout succession, although the most profound negative effect on diversity and naturalness was exerted mainly in late-stage communities. Moreover, the invasion of *S. canadensis* had a negative effect on the abundance of bees, but enhanced the abundance of hoverflies irrespective of the successional stage. Native flowers experienced reduced visitation by both pollinator groups due to the augmented presence of *S. canadensis*. These results highlight the need for urgent eradication efforts to restore the natural, mutualistic links between the native elements of the communities and to govern the trajectory of succession towards valuable, semi-natural communities. This research was supported by the European Union and the State of Hungary, co-financed by the European Social Fund in the framework of TÁMOP 4.2.4. A/2-11-1-2012-0001 'National Excellence Program'.



Növényfajok közötti interakciók szikes gyepekben

Kelemen András, Török Péter, Valkó Orsolya, Deák Balázs,
Tóth Katalin, Albert Ágnes-Júlia, Míglécz Tamás, Tóthmérész Béla

Debreceni Egyetem: MTA-DE Biodiverzitás Kutatócsoport, Ökológiai Tanszék

A pannon szikes gyepek nemzetközi viszonylatban veszélyeztetett élőhelyek és annak ellenére, hogy a Kárpát-medencében még nagy kiterjedésben fordulnak elő, sérülékeny élőhelyeknek számítanak. Természetvédelmi jelentőségük ellenére meglehetősen kevés publikáció foglalkozik a szikes gyepekben zajló növényökológiai folyamatok finom léptékű, részletes vizsgálatával. A fajok közötti biotikus interakciók vizsgálata elengedhetetlenül fontos e közösségek működésének megértése és megőrzése szempontjából. Kutatásunk során fitomassza minták elemzésével vizsgáltuk az egyes fitomassza frakciók fajgazdagságra és funkcionális diverzitásra gyakorolt hatását. A funkcionális diverzitást négy kompetitív növényi tulajdonság alapján számoltuk, amelyek a következők voltak: magasság, magtömeg, vegetatív terjedési képesség és gyökerezési mélység. A Hortobágyi Nemzeti Parkban végzett vizsgálataink során arra kerestük a választ, hogy a fő fitomassza frakciók (avar, domináns faj fitomasszája, alárendelt fajok fitomasszája) milyen hatással van a fajgazdagságra és a funkcionális diverzitásra. Eredményeink jól mutatják, hogy a fő fitomassza frakciók között pozitív összefüggés áll fenn. Emellett a fő fitomassza frakciók pozitív hatással vannak a fajgazdagságra és a funkcionális diverzitás növekedésére. Eredményeink alapján elmondhatjuk, hogy a stresszelt szikes gyepekben a facilitáció az egyik legfontosabb közösségformáló fajok közötti kölcsönhatás. Ennek ellenére több faj kis léptékű együttes előfordulását segítik a funkcionális tulajdonságaikban lévő különbségek.

Biotic plant interactions in stressed alkali grasslands

Dry alkali grasslands harbouring a unique flora are endangered communities in Europe and are included in the Natura 2000 Habitats Directive as priority habitats. Beside the importance of these habitats there are only a few papers, which studied the dynamical processes shaping the biotic interactions and biodiversity in dry alkali grasslands. The study of biotic interactions using functional trait diversity based on biomass data provides a reliable insight to vegetation functioning. We studied the interactions between structural and functional biomass components in alkali grasslands. Our study site consists nine stands of dry, open alkali grasslands dominated by *Festuca pseudovina* in Hortobágy National Park on the eastern part of Great Hungarian Plain. We collected 30, 20×20-cm-sized aboveground biomass samples per stand and after drying sorted them to vascular plant species and litter (in total 270 samples). We used competitive traits of subordinate species to calculate functional diversity. The used competitive traits were the canopy height, seed weight, lateral spread and rooting depth. We detected positive relationships between the main biomass fractions (litter, green biomass of dominant species, green biomass of subordinate species) and the species number and richness. The total biomass affected positively the functional diversity, mainly due to the effect of slight litter accumulation. Our results support that the coexistence of subordinate species permitted of the limiting similarity in competitive traits. We can also conclude that the facilitation is one of the most important factors shaping the vegetation structure in dry alkali grasslands characterized by high levels of abiotic stress.

**Magkészet ökológiai vizsgálatok hortobágyi száraz és nedves szikes gyepekben**

Lukács Balázs András, Török Péter, Kelemen András, Simon Edina,
Miglécz Tamás, Tóthmérész Béla, Valkó Orsolya

MTA Ökológiai Kutatóközpont, Tisza-kutató Osztály; Debreceni Egyetem, Ökológia Tanszék; MTA-DE Biodiverzitás Kutatócsoport

A Pannon biogeográfiai régió egyik legjellemzőbb és legjobb állapotban megőrzött élőhely típusa a kontinentális szikes gyepek, amely a Natura 2000 hálózatban, mint kiemelten fontos élőhely típus szerepel. Jellemző rájuk az alkáli sók magas koncentrációja, illetve számos ritka és karakterisztikus fajnak szolgál élőhelyül. Só által stresszelt élőhelyek magkészetének és a vegetáció összetételének kapcsolatát kizárólag kontinentális és tengerparti sós mocsarakban, gyepekben és sós sivatagokban vizsgálták. Vizsgálati területünkön a balmazújvárosi Nagy-sziken, száraz és nedves szikes gyepekben vizsgáltuk a vegetáció és a talaj magbank hasonlóságát (i) magasan elhelyezkedő *Artemisia* dominálta száraz szikes gyepekben; (ii) közepes magasságban levő *Puccinellia* dominálta száraz gyepekben; (iii) alacsonyan fekvő *Puccinellia* dominálta száraz gyepekben és (iv) alacsonyan fekvő *Juncus* dominálta nedves szikes réteken. Feltételeztük, hogy (i) a magbank diverzitása és sűrűsége a sók által leginkább stresszelt szikes élőhelyeken a legmagasabb; (ii) a vízborítást jól tűrő (hygrofita) fajok magbank sűrűsége a tengerszint feletti magasság csökkenésével párhuzamosan növekszik. Vizsgálataink során az átlagos magsűrűség 30104-51410 mag/m² volt. Eredményeink az első hipotézisünket nem igazolták, mivel a legalacsonyabb magszámot a legsósabb, magasan fekvő Puccinelliás élőhelyeken találtuk. Mivel a legsósabb, közepes magasságban található Puccinelliás élőhelyek magbankjából hiányoztak a hygrofita fajok ezért a tengerszint feletti magasság és a hygrofita magbank sűrűsége között nem találtunk szignifikáns összefüggést. A talaj magbankban több fajt találtunk, mint a felszíni vegetációban, ami a magbanknak a diverzitás megőrzésében nyújtott jelentőségét hangsúlyozza. Megállapítottuk továbbá, hogy a jellemző graminoid fajok (a *Juncus compressus* kivéve) nem rendelkeznek számottevő magkészlettel. Összességében megállapítható, hogy a legtöbb szikes gyepi faj esetében a tartós magbank alárendelt jelentőségű.

Seed bank diversity survey in alkali grasslands

For an effective conservation and management in stressed grasslands harbouring a unique flora and fauna, like alkali grasslands it is essential to understand mechanisms sustaining biodiversity. Aboveground vegetation, seed bank and environmental factors were studied in three stands of the following alkali grassland types: (i) *Artemisia* dry alkali grasslands at highest elevations; (ii) *Puccinellia* high and (iii) *Puccinellia* low grasslands at medium to low elevations, and (iv) *Juncus* wet alkali grasslands at the lowest elevations. Our hypotheses were: (i) Seed bank species diversity and density are the highest in the most stressed grassland types, where regeneration by seeds could have a major importance in sustaining vegetation diversity. (ii) Seed bank density of hygrophytes increases with decreasing elevation, because the cover of hygrophytes in the vegetation increases with decreasing elevation. We recorded mean seed bank densities ranging from 30,104 to 51,410 seeds/m². Contrary to our first hypothesis the lowest seed bank density and diversity were detected in the most stressed *Puccinellia* high grasslands; the highest seed densities of almost all hygrophyte species in the lowest-elevated *Juncus* grasslands. Since hygrophyte species were missing from the seed bank at the medium-elevated, but most saline *Puccinellia* grasslands we did not find a significant monotonous correlation between elevation and the overall hygrophyte seed bank density. Characteristic graminoids possessed no considerable seed banks, except for *Juncus compressus*. We can conclude that persistence and establishment of most alkali grassland species are not supported by the local persistent seed bank.



**A Kárpátok mikorendémikus fajainak molekuláris genetikai és morfometriai vizsgálata:
a *Pedicia staryi* Savch. fajcsoport (Diptera, Pediciidae)**

Dénes Avar-Lehel, Kolcsár Levente Péter, Keresztes Lujza

Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, Babeş-Bolyai Tudományegyetem

A Kárpátok térsége fontos diverzifikációs központ a vízi és vízhez kötött életmódú fajok számára. Ennek ellenére kevés információval rendelkezünk az itt élő endemikus fajok genetikai strukturálódásáról és az ezt befolyásoló folyamatokról. Jelen tanulmányunkban a szőrösszemű iszapszúnyogok (Diptera, Pediciidae) *Pedicia staryi* fajcsoportját vizsgáltuk morfometriai és molekuláris genetikai módszerekkel, az ide sorolt öt faj filogenetikai kapcsolatának meghatározása és a fajon belüli genetikai és morfológiai diverzitásának feltárása érdekében. A Maximum Likelihood és a Bayes-féle Markov lánc Monte Carlo algoritmusokkal készített filogenetikai fák alapján a fajcsoport egy monofiletikus egységet képez. Ezen belül három faj (*P. apusenica*, *P. lobifera*, *P. staryi*) kizárólag a Kárpátok forrásokra mentén él 1000 és 1500 m magasságban és egy jól elhatárolható evolúciós vonalat képez, amely körülbelül 7 millió évvel ezelőtt vált el a hozzá legközelebb álló *P. stramineától*. A *P. lobifera* egy morfológiailag és genetikailag jól alátámasztott faj. Genetikai eredményeink azt mutatják, hogy a *P. apusenica* és a *P. staryi* genetikailag tovább strukturálódnak és jelenleg öt, határozottan elkülönülő fejlődési vonalat képez. Ezek a Kárpátokban szigetszerű elterjedéssel rendelkeznek, ami allopatrikus fajképződési folyamatokra utal. A molekuláris óra alapján a kriptikus fejlődési vonalak elválása a Miocénben és a Pliocénben történhetett. A hím genitália mikromorfológiai struktúrái csak részben támasztják alá ezt a genetikai struktúráldást. A *P. staryi* Bucegi populációi jól elkülönülnek a faj többi populációjától, melyek között azonban nincs jelentős morfológiai szétválás.

**The molecular genetic and morphometric analysis of Carpathian microendemic species:
the *Pedicia staryi* Savch. species group (Diptera, Pediciidae)**

The Carpathians are an important diversification center for the European aquatic and semi-aquatic fauna. Despite this fact, information regarding the genetic structures of species and the processes influencing them are scarce. In this study we used morphometric and molecular genetic analysis to infer the phylogeny and the inter- and intra specific structuring of the five hairy-eyed craneflies species belonging to the *P. staryi* (Diptera, Pediciidae) species group. Our phylogenetic trees based on the Maximum Likelihood and the Bayesian Markov chain Monte Carlo algorithms show the species complex to be monophyletic. Within this group the three range-restricted endemic species (*P. apusenica*, *P. lobifera*, *P. staryi*) from the Carpathians form a well-defined clade that diverged from its sister species (*P. straminea*) about 7 million years ago. *P. lobifera* is a morphologically and genetically well supported species. *P. apusenica* and *P. staryi* are represented by five well defined genetic lineages and show an insular like distribution through the Carpathians, implying allopatric speciation processes. The molecular clock shows that these lineages diverged in the Miocene-Pliocene. The micromorphological structures of the male genitalia show clear differences only between the *P. staryi* populations from the Bucegi Mountain and the rest of the lineages.



A genetikai és morfológiai variabilitás mintázatainak összehasonlítása a *Dicranota (Ludicia) lucidipennis* (Edwards, 1921) (Diptera: Pediciidae) esetében

Kolcsár Levente-Péter, Török Edina, Dénes Avar-Lehel, Keresztes Lujza

Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, Babeş-Bolyai Tudományegyetem

Az európai hegyvidéki vízi rovarok esetében ma már paradigmaticus törvényszerűség, hogy ezek a hidegkedvelő fajok a hagyományos refúgiumok helyett több kisebb, hegyvidéki refúgiumban is átvészelhették a Pleistocén-kori eljegesedéseket. A glaciális és interglaciális időszakokat fluktuáló elterjedés és visszahúzódás jellemezte. Ezek a folyamatok a genetikai és morfológiai jellegek strukturálódásához vezettek, melyek az izoláció mellett gyakran a populációk újbóli találkozását és keveredését is eredményezhették. A Kárpátok térsége a hidegkedvelő vízi rovarok egyik fontos Pleisztocén-kori menedéke, ugyanakkor találkozási pontja is az interglaciálisokban Európa egyéb menedék területéről terjedő genetikai vonalaknak. Vizsgálatunk tárgya egy olyan hegyvidéki diptera faj, a *Dicranota (Ludicia) lucidipennis* (Diptera, Pediciidae), mely Nyugat- és Közép-Európában szélesen elterjed, főként hegyvidéki faj. A Balkáni - Dinári Alpok béli populációk esetében olyan színváltozatokat azonosítottak, melyeket sokáig külön fajként is kezeltek. Kutatásunk során Európa több különböző területéről származó egyedek összehasonlító vizsgálatát végeztük és magas morfológiai variabilitást találtunk, mely főleg az egyedek méretében és színezetében nyilvánult meg. Ennek ellenére az ivarszervek esetében nem figyelhető meg jól csoportosító, elkülönítő bélyeg méretbeli különbségeket leszámítva. A lineáris és geometriai morfometriai vizsgálatok alá támasztották a színezet alapján történő csoportosítás helyességét a szárnyak, a testméret, a fej függelékeinek, illetve az ivarszervi függelékek alapján. Kutatásunk azt is igazolta, hogy Románia területén két, egymástól eltérő morfológiai csoport is jelen van. Ezzel ellentétben a molekuláris (mtCOI) elemzések eredményei a morfológiai strukturálódástól eltérő mintát mutatnak. A genetikai strukturálódás azt mutatja, hogy az Erdélyi Szigethegység egy külön ágat alkot, és elkülönülnek a Déli- és Keleti-Kárpátokból származó egyedektől.

Comparing morphological divergencies with genetic structuring in the case of *Dicranota (Ludicia) lucidipennis* (Edwards, 1921) (Diptera: Pediciidae)

In the case of the European aquatic insects it is paradigmatic now the importances of some extramediterranean small mountainous refugia during the Pleistocene climate change. During the glacial and interglacial periods important area dynamics were also detected in such Central European mountains in a series of recent case studies, and as consequences the emergence of highly structured morphological and genetic structuring of the populations from here. The Carpathians are recognized as one of the most important cryptic refugia of cold tolerant aquatic insects from Europe, but also a meeting place of some genetic structures of different extra-Carpathian origin. In the present study we investigate a mountainous aquatic dipteran, *Dicranota (Ludicia) lucidipennis* (Diptera, Pediciidae) which is quite abundant in Western and Central Europe. The chromatic variability of the species in the Balcan-Dinarian populations were already use in some taxonomic revision of the species. To test the taxonomic importance of such chromatic divergences we analyzed individuals from the whole range of the species. Important morphological variability was detected between populations, mostly on the size and color of the individuals. Linear and geometric morphometry support the divergent morphological groups, but detect no divergent pattern in genital structures only if this size. Our results confirm the presence of two morphological structures in Romania. However the presences of such divergent morphological groups were not support also by genetic evidences (based on mtCOI sequences), but detect a highly structured genetic lineage in populations from Apuseni Mountains, which are highly divergent from those collected from the Southern and Eastern Carpathians.



Egy Európa szerte szélesen elterjedt vízi rovarfaj, a *Ptychoptera albimana* Fabr. (Diptera, Ptychopteridae) morfológiai és genetikai strukturálódásának összehasonlító vizsgálata

Török Edina, Kolcsár Levente-Péter, Keresztes Lujza

Babes-Bolyai Tudományegyetem, Biológia és Geológia Kar, Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet,

Vizsgálataink során magas fajon belüli variabilitást találtunk az Európa szerte elterjedt *Ptychoptera albimana* redős szúnyog faj ivarszervi strukturák illetve a szárnyak esetében. Összesen 80 példányt hasonlítottunk. A morfometriai statisztikai analízisek alapján két élesen elkülönülő morfotípust különítettünk el. A módosult morfotípussal rendelkező *P. albimana* populációk Romániából és Bulgáriából származnak. Ezzel ellentétben a „tipikus” *P. albimana* jelleggel rendelkező populációk közép Európában fordulnak elő, általunk vizsgált populációk Luxemburgból, Németországból, Franciaországból és Magyarországból származnak. Azonban a két eltérő morfotípus nem szigetelődik el allopatrikusan, mivel Romániában mind a két morfotípus előfordul, de különböző tengerszint feletti magasságban. Eredményeik alapján tapasztalt morfológiai variabilitás genetikai hátterét is vizsgáltuk, mtCOI szekvenciák összehasonlítása viszont nem támasztotta alá a morfológiai szétválást, ellenben magas genetikai variabilitást mutattak ki a Balkán és a Kárpátok térségéből. Mindez a faj komplex evolúciós történetét sugallja a Kárpátok térségében, mely mint egy „randevú” helye a különböző eljegesedést követő elterjedési területtel rendelkező populációknak. A genetikai és a morfológiai változatosság alapján megfigyelhető egy izoláció a Kárpátok-Balkán térségében a különböző nedves élőhelyeken belül.

A comparative investigation of morphological and genetic structuring in the case of the European widespread *Ptychoptera albimana* Fabr. (Diptera, Ptychopteridae)

Important intraspecific variability of the male genital structures and wings was discovered in the case of the European widespread, large dipteran, *Ptychoptera albimana*. A number of 80 male individual were analyzed and compared. Two sharply different morphological groups can be recognized among individuals investigated by us, support also by morphometric statistics. A divergent morphological group was identified among *P. albimana* populations from Romania and Bulgaria which differ in a series of morphological structures of the body and genital appendages. This is in contrast with the “typical” *P. albimana* described from Central Europe, but also investigated by us from Luxembourg, Germany, France and Hungary. However the two divergent morphogroups are not allopatrically isolated, In Romania, here the both type are present, but at different altitudes. Morphological divergences were compared with genetic data using Barcoding sequences (COI) to test taxonomic status of the identified divergent morphological structures. By contrast, the genetic data not support the morphological structuring among the European populations of *P. albimana*, but suggest a high genetic diversity, in populations in the Carpathian and Balkan region. This suggest a complex evolutionary history of the species in the Carpathians area, as a genetic “rendezvous” place of populations with different histories during Pliocene glaciations. Despite the genetic „uniformity”, the morphological divergences suggests signs of recent isolation in wet habitats in different mountainous enclaves in the Carpathian-Balkan area.



Ragadozás nyomai és a rózsagubacsok elhelyezkedése rózsacserjéken

László Zoltán, Prázsmári Hunor, Túróczi Andrea

Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, Babeş-Bolyai Tudományegyetem

A gubacsok közösségei nem csupán okozóikból, társbérlőikből és ezek parazitoidjaiból állnak, hanem a gubacsokkal táplálkozó gerincesek is szerves részét képezik a közösségeknek. A gubacsokozó fajok dinamikáját így nem csupán a parazitáltság, hanem a gerinces ragadozás is befolyásolja. A gubacsok mechanikai sérülései általában a gerincesek általi ragadozás következményei. A gubacsok ragadozói vagy madarak, vagy kisméltók, melyek a téli időszakban felbontott gubacsokból a bennük található lárvákat fogyasztják. A vadrózsacserjéken előforduló rózsagubacsok, a *Diplolepis rosae* és a *D. mayri* esetében vizsgáltuk mechanikai sérüléseiket és a talajtól számított cserjén való elhelyezkedésük magasságát. Feltételezésünk szerint kapcsolat létezik az eltérő mechanikai sérülés-mintázatok, a gubacsok faji jellegei és a gubacsok magassága között. Vizsgálatunkat 2013 és 2014-ben gyűjtött adatokon végeztük. Összesen 2476 gubacs magasságát és a sérüléseiket vizsgáltuk Túrterebe (Szatmár megye), Kolozsvár (Kolozs megye) és Kibéd (Maros megye) közelében, összesen 13,5 hektáron. Eredményeink alapján a *D. mayri* gubacsai a rózsacserjéken alacsonyabban helyezkednek el, mint a *D. rosae* gubacsok. Továbbá a ragadozott *D. mayri* gubacsok is szignifikánsabban alacsonyabban találhatóak, mint a *D. rosae* gubacsok. A két faj mechanikai sérülései eltéréseket mutatnak: míg a *D. mayri* esetében „reszelőnyomos” sérüléseket figyeltünk meg, addig a *D. rosae* esetében a sérülések inkább kúp alakzatot mutattak, csúcsukkal a gubacs középpontjába irányítva. A kutatást a román Oktatási Minisztérium, CNCS - UEFISCDI, támogatta a PN-II-RU-PD-2012-3-0065 projekt keretében.

Signs of predator activity and rose gall position on shrubs

Gall inhabiting communities are not formed only by gall makers, inquillines and parasitoids. Gall consuming vertebrates may be also key members of these systems. Dynamics of gall maker populations are shaped both by the presence of parasitoids and vertebrate predators. The most frequent mechanical damages of galls are results of vertebrate predation. The most possible predators of galls may be birds or small mammals, which in winter time are feeding with gall inhabitant larvae from opened galls. We studied mechanical damages and the gall height from the ground in the case of two gall inducer species, *Diplolepis rosae* and *D. mayri*, occurring on rose shrubs (*Rosa* sp.). We assumed that there is a correlation between mechanical damage pattern type, gall species and gall height. Our study is based on data collected between 2013 and 2014. In total we investigated the height and damage pattern of 2476 galls collected from three distant sites, in total from a surface of 13.5 hectares. Our results show that *D. mayri* galls occur on lower heights on rose shrubs than *D. rosae* galls. Furthermore, the predated *D. mayri* galls also occur significantly lower than *D. rosae* galls. The mechanical damage pattern occurring on the two gall species shows clear differences: in the case of *D. mayri* the damage pattern is rasped-like, while on *D. rosae* is cone shaped with its tip heading towards the centre of the gall. This work was supported by a grant of the Romanian Ministry of Education, CNCS-UEFISCDI, project number PN-II-RU-PD-2012-3-0065.



Tarvágás hatása a rózsacserjékre és gubacsokozóik visszatelepülésére

László Zoltán, Prázmári Hunor

Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, Babeş-Bolyai Tudományegyetem

A területalapú támogatások miatt az elmúlt években a legelőtisztítások Románia-szerte elterjedtek. A cserjék válogatás nélküli kivágása nem szükségszerű; a teljes cserjénítés csökkenti a biodiverzitást közvetlen módon és a legelőn élő közösségek komplexitásának csökkentése révén is. A legelőtisztítások rovarközösségekre gyakorolt hatását vizsgáltuk 2011-2014 között Kolozsvár környékén, 6 hektáros területen. A hat darab egy hektáros kvadrátban az összes rózsacserje és a rajtuk található *Diplolepis rosae* valamint *D. mayri* gubacsok is felvételre kerültek. A hat vizsgálati kvadrátból hármat 2011 tavaszán, illetve 2013 nyarán teljes mértékben letisztítottak. Egyetlen kvadrát esetében 2013 nyarán a legelőtisztítást második alkalommal is elvégezték. Megfigyeléseink harmadik évében a letisztított kvadrátokban a rózsagubacsdarazsak kolonizációja jelentős mértékben változott: visszatelepedési rátájuk a frissen kihajtott rózsacserjékre több mint a felével csökkent az előző éves visszatelepedéshez képest. A kontroll kvadrátokban a rózsagubacsdarazsak visszatelepedése viszont vagy növekedést mutatott, vagy nem változott, vagy legfeljebb 40%-al csökkent. A negyedik évben az első tisztításnak alávetett kvadrátokban a visszatelepedési csökkenés egy esetben megmaradt 50% körülire, azonban ahol megismételték a legelőtisztítást visszatelepülést már nem tapasztaltunk. Szintén a negyedik évben, azon a területen ahol a legelőtisztítást a harmadik évben végezték el először, a visszatelepülés mértéke 90%-os csökkenést mutatott. A kezeletlen területeken egy esetben 50%-os növekedést, egy esetben 40%-os, illetve egy másik esetben 60%-os csökkenést tapasztaltunk. Összegezve megfigyeléseinket: a rózsacserjék gubacsokozó fajainak visszatelepedésében kétszer akkora csökkenést tapasztaltunk tarvágások esetében, mint a kezeletlen területeken. Eredményeink alapján a legelők tarvágásának károságát fenntarthatjuk, legalább is a gubacsokozó fajok szempontjából, és ajánljuk a részleges legelőtisztításokat. A kutatást a román Oktatási Minisztérium, CNCS-UEFISCDI támogatta a PN-II-RU-PD-2012-3-0065 projekt keretében.

Effect of pasture clearcutting on rose bushes and gall inducer colonisation

Due to area based direct payment schemes, pasture clearings are spreading across Romania. Systematic clear-cutting of all shrubs on pastures is unnecessary and negatively affects both biodiversity and community complexity. Pasture clearing effects on galling communities were studied between 2011 and 2014 on six one hectare quadrates near Cluj-Napoca, Romania. In studied quadrates all rose shrubs were marked and all *Diplolepis* galls were collected each year. During the spring of 2011 and summer of 2013 three from studied quadrates were cleared. In one quadrate the clearing was repeated in 2013. In the third year colonisation by gall wasps decreased significantly in cleared quadrates: colonisation on newly formed shrubs dropped to half compared to colonisation from the previous year. In undisturbed quadrates colonisation increased, showed no change, or decreased at most with 40%. In the cleared quadrates in the fourth year colonisation decreased again with 50%. On quadrates with repeated clearings colonisation disappeared. On quadrates where clearing occurred only in the third year colonisation decreased with 90%. Also in the fourth year, in undisturbed quadrates we observed a 50% increase, and a 40 or a 60% decrease in colonisation. As conclusion: colonisation by rose gall inducers was two times smaller in the case of clearcut quadrates than in the undisturbed ones. Based on our results the harmfulness of pasture clearcuttings is affirmed, and therefore we recommend only partial clearings of pastures. This work was supported by a grant of the Romanian Ministry of Education, CNCS-UEFISCDI, project number PN-II-RU-PD-2012-3-0065.



Az élőhely növény-perspektívából: foltméretek, távolságok és növekedési válaszok

Oborny Beáta, Hubai G. András

ELTE Növényrendszertani, Ökológiai és Elméleti Biológiai Tanszék

A növények növekedésükkel és elágazásukkal aktívan válaszolni képesek a környezetből érkező ingerekre. Az azonban, hogy ezek a válaszok adaptív előnnyel járnak-e, általában nem ezen a finom, lokális skálán dől el, hanem azon múlik, hogy a teljes növény mintázata mennyire fed át az élőhelyen található források (pl. fény, víz és talajbeli tápanyagok) mintázatával nagyobb léptékben. A növényegyed számára két fő információhiány is kockázatot jelent: 1) Mekkora az a forrásgazdag folt, amelyet épp megtalált? 2) Mekkora a távolság a következő foltig? Számítógépes szimulációkban vizsgáltuk, hogy ha változtatjuk a forrásgazdag vs. szegény terület arányát, hogyan változik a növény optimális növekedési válasza a folthatáron. Eredményeink azt jelzik, hogy élesen elváló két környezettípust különböztethetünk meg. Az egyikben érdemes a lehető legtöbb biomasszát a már megtalált forrás-folton belül tartani; a másikban kifizetődőbb átlépni a folthatárt, és energiát fektetni a forrásszegény területen található növényi részek fenntartásába. A két környezettípus közötti elválás meglepően éles; erre általános magyarázatot ad az ún. perkolációelmélet. Kutatási támogatás: OTKA K109215.

The habitat from the perspective of a plant: patch sizes, distances, and responses by growth

Plants can actively respond to environmental signals by growth and branching. The relevant scale for evaluating the adaptive advantage of growth responses is usually broader than the scale of individual responses, because it depends on the whole plant's match to the pattern of resources (light, water, and nutrients). The growing plant generally lacks two kinds of basic information: 1) How large is the actual resource patch? 2) How far is the next patch? In computer simulations, we varied the ratio of resource-rich vs. poor area, and investigated the optimal growth response to a patch boundary. The results indicate two distinct habitat types. In type 1, it is optimal to retain the plant's whole biomass in a resource-rich patch; in type 2 it is advantageous to cross the patch boundary, investing energy into the maintenance of plant parts in poor areas. Percolation theory offers a plausible explanation for the relatively sharp distinction between these habitat types. Research grant: OTKA K109215.



Képes-e a növény elfoglalni az összes, számára alkalmas szabad helyet? A növekedést korlátozó tényezők

Benedek Veronika, Englert Péter, Oborny Beáta

ELTE Növényrendszertani, Ökológiai és Elméleti Biológiai Tanszék

Térbeli szimulációs modell segítségével arra kerestük a választ, hogy a növény architektúrája hogyan korlátozza egy kedvező környezeti folt (pl. egy talajbeli tápanyagfolt) kihasználását. Azt az esetet vizsgáltuk, amikor a növény nem léphet be a rossz (forrásban szegény) foltba, csak abban a jó (forrásban gazdag) foltban növekedhet, ahová magva érkezett. A folton belül a növény növekedési szabályai határozzák meg, hogy milyen mértékben tudja kihasználni a számára alkalmas szabad helyeket. Eredményeink szerint ha csökken az elágazás valószínűsége, vagy nő az elágazási pontok közötti várható távolság (internodium hossz), akkor a növény egyre nagyobb területeket hagy üresen. Ugyanígy, ha a növekedési szabályokat rögzítjük és a környezeti foltmintázat szemésségét csökkentjük, akkor is megfigyelhető, hogy a növekedés a szűk folyosókat, zsákutcákat nem tudja követni, ha léptéke nem eléggé finom a foltmintázat léptékéhez képest. Ez a jelenség különösen az ún. perkolációs küszöb közelében feltűnő, ahol a kedvező folt várhatóan nagyméretű, viszont zegzugos szerkezetű. Érdekes módon az elágazási szög változása nem befolyásolja jelentősen a növény területfoglalását. A szabadon hagyott, forrásgazdag helyek elérhetőek maradnak más növények számára. Így a növénytársulások szerveződése szempontjából is fontos, hogy ugyanannak a fajnak az architektúrája a különböző környezetekben más-más hiányfolt (gap) mintázatot generál. Kutatási támogatás: OTKA K109215.

Plant architecture limits the occupation of suitable habitat

We applied a spatial simulation model to investigate the exploitation of a resource patch by plant growth, limited by architectural constraints. We assumed that the plant could not colonize any resource-poor site, i.e., its growth was limited to a single resource-rich patch, where its seed had landed. Occupancy of the patch depended on the rules of growth. The results showed that an increase in the branching probability or a decrease in the expected distance between branching points (internode length) could significantly decrease the occupancy of suitable sites. Likewise, when we fixed the growth rules, but varied the grain of habitat patchiness, we observed that the plant could not track many of the narrow corridors and dead-ends, as the resolution of growth was too coarse relative to the resolution of the resource pattern. This phenomenon was particularly strong near the percolation threshold, where the expected size of the patch is large, but its structure is filamental. Interestingly, varying the branching angle did not change the occupancy significantly. Unoccupied sites can be colonized by other plants. From the view of community assembly, we emphasize that the same architecture can generate different gap patterns in different habitats. Research grant: OTKA K109215.



Klimatikus indikátor növényfajok viselkedése a Soroksári Botanikus Kertben

Höhn Mária, Fehér Anita, Végh Viktória, Barabás Sándor

Budapesti Corvinus Egyetem, Kertészettudományi Kar

A Soroksári Botanikus Kert 60 hektáros területén a korábban betelepített, idegenhonos fajok spontán terjedését vizsgáljuk különös figyelmet fordítva az utóbbi évek klímaváltozásához kapcsolódó fajok viselkedésére. A Kert a Pesti síkság déli peremén fekszik, kontinentális klímájú terület. A homokbuckák és az ezeket felszabdáló laposokon kialakuló talajok többnyire rossz víz- és tápanyagellátásúak. Az alföldi klímajellegből adódóan a nagymértékű hőingadozás és extrém csapadékeloszlás befolyásolja a növényzet fejlődését, a betelepített parcellák növényanyagának fennmaradását. Az utóbbi 20 év hőmérsékleti és csapadék adatainak összegzése során megállapítottuk, hogy az átlaghőmérséklet 10.6° C-ról 11.2° C-ra nőtt, míg a csapadék 606.34mm-ről, a 2000-es években 558.26mm-re csökkent. Úgy tűnik, hogy több idegenhonos növényfaj spontán terjedésének kedvezett ez a változó klíma. Az inváziós fajok közül az országosan terjedő és özönfajként problémát okozó fajok mellett figyeljük a potenciálisan veszélyes taxonokat is. A néhány évtizede még takarással védett, két észak-amerikai *Opuntia* faj (*O. humifusa* és *O. phaeacantha*) jelenlegi spontán terjedését dokumentáltuk a kert területén és mindkettőnél a polikormonok számának, méretének gyors növekedését tapasztaltuk, de a magoncok jelenléte a sikeres generatív stratégiára is utal. 240 feljegyzett spontán *Opuntia* sarjtelep közül 134 csupán vegetatív hajtásokkal rendelkezett. A többszáz méteres terjedési területen összesen 67 telepnél voltak jelen természetes szártagok és áttelelt magoncok. A *Lonicera* nemzetségbe tartozó egyes hibrid eredetű taxonok gyors terjedését is dokumentáltuk. A 70-es években telepített *Lonicera* hibridek közül a *Lonicera fragrantissima* alakkörbe tartozó egyedek terjedését már 1997-ben Udvardy dokumentálta. A ma még nem azonosított, feltehetően multihibrid eredetű taxon terjedését több ezer egyed jelenléte bizonyítja és ebből több száz a kerten kívül található. Eredményeinket más botanikus kertek tapasztalataival is összevetettük.

Climate indicator plant species and their behaviour in the Soroksár Botanical Garden (Hungary)

We studied the behaviour of planted, allochthonous species that are spreading spontaneously and have become naturalized on the 60 hectare territory of the Soroksár Botanical Garden. The garden has a continental climate and it is situated on the Southern part of the Hungarian lowland area (Pesti sík). The sandy dunes and interleaved flat meadows are characterized by poor soils with water and nutrient shortage. Due to the specific lowland climate the development of the plant cover is strongly influenced by the extreme temperatures and fluctuating precipitation values. In the past 20 years the average annual temperature on the studied territory increased from 10.6 °C to 11.2 °C and the average precipitations decreased from 606.34mm to 558.26mm during the early 2000. This climate change strongly promotes the spreading of some aliens. Beside the invasive species spreading along the whole country we also tackled the spreading and naturalization of some warm tolerant species. The North-American *Opuntia* species (*O. humifusa*, *O. phaeacantha*) started to spread and establish within the territory of the garden. We recorded an increased number and elevated size of polychorms. As well, we could detect an increased number of seedlings. The 240 records of spontaneous spreading 134 exhibit just vegetative organs, but 67 had already fruiting shoots and seedlings. We also studied the behaviour of *Lonicera* taxa spreading within the territory of the botanic garden. In the late 70th hybrid *Lonicera* taxa from the *Lonicera fragrantissima* group were planted in the garden. Their spontaneous spreading was already monitored by Udvardy in 1997. Presumably taxa with multihybrid origin but taxonomically not yet identified spreads most intensively. Altogether more than seven thousand naturalized individuals were recorded among which few hundred were already found outside the territory of the garden. Our results were compared with the experiences of other botanical gardens.



A rózsacserjék térbeli eloszlása és architekturális tulajdonságaik kapcsolata

Prázsmári Hunor

Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, Babeş-Bolyai Tudományegyetem

A növények architekturális tulajdonságai fajspecifikusak és szigorú genetikai ellenőrzés alatt állnak. Azonban a környezeti feltételek, mint például a fény, hőmérséklet, nedvesség és a rendelkezésre álló tápanyagok hatása is jelentő lehet. A növények térbeli eloszlását az intra- és interspecifikus kompetíció, valamint környezeti tényezők is befolyásolják. Vizsgálatomban rózsacserjék (*Rosa* sp.) egyedek térbeli eloszlásának kapcsolatát vizsgáltam olyan architekturális jellemzőkkel, mint a hajtások száma, cserjék magassága és szélessége. A vizsgálatot Kolozsvár környékén 6 hektáros kvadrátban végeztem 2011-ben. Eredményeim alapján a cserjék hajtásszáma negatív szignifikáns összefüggést mutatott a cserjék aggregációjával. A magasságuk és átmérőjük nem mutatott összefüggést a térbeli eloszlással. Továbbá a hajtásszám és a magasság, illetve a szélesség is függetlennek bizonyult. A növekvő cserje aggregáció mellett megfigyelt hajtásszám csökkenést magyarázhatja a cserjék kora is, hiszen a fiatal egyedek kis hajtásszámmal jellemezhetőek, és ha megfelelő környezetbe kerülnek a propagulumok kis területen többen is kihajthatnak. A továbbiakban a cserjék korának és a hajtásszámnak a kapcsolatát tervezem vizsgálni a feltételezésem teszteléséhez. A kutatás a TÁMOP 4.2.4.A/2-11-1-2012-0001 Nemzeti Kiválóság Program című kiemelt projekt keretében zajlott (pályázati azonosító: A2-CT-HTKH-13-0003). A projekt az Európai Unió támogatásával, az Európai Szociális Alap társfinanszírozásával valósul meg.

Spatial distribution and architectural complexity of wild roses

The architectural characteristics of plants is species dependent and it is under a strict genetic regulation, however the abiotic environmental conditions like light, temperature, humidity and available nutrients may have significant roles as well. Spatial distribution of plants is influenced by intraspecific and interspecific competition and environmental conditions. In my study I examined the correlation between the spatial distribution of rose shrubs (*Rosa* sp.) and their architectural characteristics like numbers of shoots, height and width of the plants. The study was made in the vicinities of Cluj (Romania) on 6 one hectare quadrates in 2011. Results show that there is a negative significant correlation between the numbers of shoots and the aggregation of shrubs. The height and width of shrubs shows no correlation with the spatial distribution of the plants. Furthermore the shoot number was independent of plant height and width. The observed decrease in shoot number parallel with the increasing aggregation may be explained with the age of the shrubs, because the junglings are characterized with a smaller shoot number, and in adequate conditions in a smaller place more propagules will sprout. In the future I will study the correlation between shrub age and number of shoots to test my hypothesis. This research was supported by the European Union and the State of Hungary, co-financed by the European Social Fund in the framework of TÁMOP 4.2.4. A/2-11-1-2012-0001 'National Excellence Program'.



A Torockói-hegység halfaunája: pokol vagy paradicsom?

Nagy András Attila, Imecs István

“*Milvus* Csoport” Madártani és Természetvédelmi Egyesület

A Torockói-hegység biodiverzitás-forrópontnak számít Romániában. A hegység halfaunájáról kevés irodalmi adat áll rendelkezésünkre, ezen adatok is az Aranyos folyóra vonatkoznak. A kisebb patakok halfaunáját illető adatok teljes mértékben hiányoznak. Célunk a „ROSCI0253 Torockói-hegység” Natura 2000-es terület halfaunájának feltérképezése, illetve kezelési intézkedések összeállítása volt az itt élő védett (és nem csak) halak hosszútávú megőrzése érdekében. Felméréseink során egy SAMUS 725 MP típusú elektromos halászgépet használtunk. Összesen 30 mintavételi pontról gyűjtöttünk adatokat. A következő halfajokat sikerült azonosítanunk: *Salmo fario*, *Squalius cephalus*, *Gobio gobio*, *Phoxinus phoxinus*, *Barbus petenyi*, *Rhodeus amarus* (csak az Ompolyban), *Barbatula barbatula* és *Cottus gobio* (csak a Podsága és Aklos patakokban). Két korábban jelzett fajt (*Thymallus thymallus* és *Chondrostoma nasus*) nem sikerült megtalálnunk. A hegység halfaunájára mélyen rányomta bélyegét a bányászat illetve a települések okozta szennyezés, a különböző típusú árvízvédelmi munkálatok (például kisebb gátak, vízlépcsők, mederkotrások), a kavicskitermelés valamint a túlzott mértékű erdőkitermelés. Emellett helyenként megjelenő probléma a fás vegetáció eltűnése a patakok partjáról, a patakok vízének kiszivattyúzása illetve a kis kapacitású vízerőművek építése. Ezeknek köszönhetően a hegységben található patakok halfaunája szegényes, az érzékeny fajok legtöbb esetben hiányoznak. Ajánlott védelmi intézkedések: halak szabad mozgásának illetve szezonális helyváltoztatásának elősegítése az akadályok eltávolítása révén; fák ültetése a patakok partjára; szennyező források felszámolása (bányák rehabilitációja, falvak csatornázása); kis kapacitású vízerőművek építésének betiltása; a patakokat negatívan befolyásoló egyéb munkálatok (többek között építkezések, kavicskitermelés, feleltlen árvízvédelmi munkálatok) betiltása.

Fish fauna of the Torockó/Trascău Mountain: Hell or Heaven?

The Torockó/Trascău Mountain is a biodiversity hotspot in Romania. Data about the ichthyofauna of the mountain are scarce and cover only the Aranyos/Arieș River. There is no data about the brooks' ichthyofauna. The aim of the study was to map the distribution of Natura 2000 (and also other) fish species inside the ROSCI0253 Munții Trascău and to compile management measures to ensure the long term survival of the fish species. Fish were captured by electro-fishing (SAMUS 725 MP). We collected data from 30 sampling station, and identified the following species: *Salmo fario*, *Squalius cephalus*, *Gobio gobio*, *Phoxinus phoxinus*, *Barbus petenyi*, *Rhodeus amarus* (only in Ompoly/Ampoi River), *Barbatula barbatula* and *Cottus gobio* (only in Podsága/Poșaga and Aklos/Ocoliş brooks). However, we were not able to identify two species previously identified in the study area (*Thymallus thymallus* and *Chondrostoma nasus*). The mining and the pollution originating from the villages, the non-adequate flood protection measures (for example concrete and wood thresholds), gravel mining and logging endanger the fish fauna. In addition, the logging in the river bank, the water extraction and the microhydro power plants are also a serious threat. Due to the above-mentioned factors, the ichthyofauna of the brooks is poor, and sensitive species are missing in most cases. Proposed conservation measures are the following: facilitating the migration and the free movement of the fish species by removing the thresholds, planting trees, liquidating the pollution by rehabilitation of the mines and drainage systems of the villages, prohibiting microhydro power plant construction and other works that negatively affect the waters (for example construction, gravel mining, non-adequate flood protection measures).



Magyarországi lápi póc - *Umbra krameri* Walbaum, 1792- állományok populációgenetikai viszonyai

Takács Péter, Csoma Eszter, Erős Tibor, Specziár András,
Vítal Zoltán, Sály Péter, Dolezsai Anna, Bíró Péter

MTA Ökológiai Kutatóközpont, Balatoni Limnológiai Intézet, Tihany,
Debreceni Egyetem, Orvosi Mikrobiológiai Intézet

A 19. század közepén meginduló vízrendezési munkák és a mezőgazdasági termelés átalakulása jelentősen átalakították a Kárpát-medence belső területeit. A nagy folyókhoz kapcsolódó vizes élőhelyek visszaszorultak, illetve izolálódtak egymástól. Ezek a változások jelentősen befolyásolták a vizes élőhelyekhez kötődő élőlények elterjedési mintázatát is. A Kárpát-medence halfaunájának kiemelten fontos tagja, a csukafélék közé tartozó közép-dunai endemizmus, a lápi póc (*Umbra krameri* Walbaum, 1792). E faj a szabályozások előtt általánosan elterjedt volt a medence belső területein, élőhelyeinek beszűkülésével viszont jelentősen visszaszorult. Állomány nagysága egyes becslések szerint az utóbbi évtizedben harmadával csökkent, így a veszélyeztetett fajok listájára is felkerült. Jelen előadásunk célja, hogy bemutassuk a lápi póc recens magyarországi elterjedés mintázatát. Illetve genetikai elemzésekkel rávilágítsunk arra, hogy az élőhelyek beszűkülése és fragmentálódása hogyan befolyásolja e faj populációgenetikai viszonyait. A lápi póc a 2010 és 2012 között elvégzett terepi felméréseink során 7 nagyobb régió több mint 40 mintavételi helyéről került elő. A populációgenetikai vizsgálatokat 8 mikroszatellit marker felhasználásával 31 póc populáció összesen 374 egyedén végeztük el. Eredményeink alapján a lápi póc állományok jelentős régiós szintű elkülönülést mutatnak, ugyanakkor bizonyos esetekben vízrajzilag közel fekvő populációk között is jelentős izolációt tapasztaltunk. Valószínűleg a szeparálódás és az élőhely beszűkülés miatt több állománynál tudunk recens palacknyak-effektust kimutatni. Eredményeink rámutatnak arra, hogy a szabályozások megkezdése eltelt több mint 150 év során nemcsak a régiók közti génáramlás szűnhetett meg, hanem az sokszor még régióin belül is jelentősen korlátozott. Eredményeinket az élőhely-rekonstrukciós beavatkozásokhoz kapcsolódó repatriációs munkák tervezésekor lehet felhasználni.

Population genetic features of European mudminnow - *Umbra krameri* Walbaum, 1792- in Hungary

European mudminnow (*Umbra krameri* Walbaum, 1792) is a protected endemic fish species in the Danube drainage system. The centre of its distribution area is the inner Carpathian Basin. Due to river regulation works and habitat degradation it is known to have been extirpated from many locations. It is estimated that the population has declined by more than 30% in the past 10 years. For the long term preservation of this species beside the habitat preservation we have to consider its population genetic structure as well. Moreover in relation with some conservation biological projects - habitat rehabilitations and reconstructions- knowledge of population genetic structure is essential if a casual resettlements are of these species are planned. The aim of this presentation (i) to show the recent distribution pattern of this protected vulnerable fish species in Hungary, and (ii) to reveal its population genetic structure within and among regions, As the result of our field surveys mudminnow noted from more than 40 sampling sites. Fin clips of 374 specimens were collected by electrofishing from 31 locations across 7 regions in the Middle-Danubian drainages. Nine microsatellite markers were used for the genetic analysis. Results show high level of differentiation among regions, and various levels of separation detected within regions. In some cases recent population bottleneck was revealed. Our results may give relevant background information for any planned resettlement works.



Busa fajok ökológiai szerepe a Balatonban

Vitál Zoltán, Boros Gergely, Mozsár Attila, Józsa Vilmos, Specziár András

MTA ŐK Balatoni Limnológiai Intézet, Tihany

A balatoni busatelepítés 1973 és 1983 között zajlott. Ez idő alatt összesen közel 300 tonna busa került be a tóba. Eleinte fehér busát (*Hypophthalmichthys molitrix*), majd később a fehér és pettyes busa (*H. nobilis*) hibridjét telepítették. Egy 2009-ben készült, egész tóra kiterjedő állománybecslés szerint napjainkban 4-5 ezer tonnányi, halászattal hasznosítható busa élhet a Balatonban. A fő problémát az jelenti, hogy a szűrő táplálkozású busa fajok táplálék-konkurensai lehetnek a többi planktonfogyasztónak, emiatt jelenlétük ökológiai kockázatot jelent. Megállapítottuk, hogy a balatoni busák táplálékának meghatározó részét zooplankton alkotja, ezáltal az őshonos halfajaink ivadékainak bizonyítottan táplálék-konkurensai. A busák fitoplankton fogyasztása elhanyagolható, illetve táplálkozásukra jellemző, hogy főként a 100 μm -nél nagyobb szervezetek fogyasztására specializáltak. Az általunk vizsgált egyedek életkora 8-17 év között változott, tehát jóval az utolsó hivatalos telepítés után kerültek a Balatonba. Az egyedek növekedése más fellelhető kutatási eredményekkel összevetve átlagosnak mondható. Ugyanakkor a balatoni busa egyedekre jellemző kondíciófaktor kiemelkedően magas, 40-50%-kal meghaladja más busaállományok hasonló értékeit, amely meglepő egyrészt a Balaton oligo-mezotróf volta miatt, másrészt pedig a busák által nagy mennyiségben kiszűrt és elfogyasztott szervesanyag miatt. Szaporodásuk a Balatonban egyelőre nem bizonyítható. A legelfogadottabb nézetek szerint a busák jellemzően folyóvízben képesek szaporodni, amelyet alátámaszthat a Balatonban élő, női ivarú egyedekben folyamatosan megtalálható és nagy mennyiségű ika. Ugyanakkor néhány egyed petefészkeinek szövettani metszeteiben ivásra utaló nyomokat találtunk, amely alapján nem zárható ki esetleges szaporodásuk állóvízi körülmények között sem. Kutatásainkat az OTKA (K 83893) és a TÁMOP-4.2.2.A-11/1/KONV-2012-0038 támogatta.

Ecological impact of filter-feeding Asian carps in Lake Balaton

About 300 tonnes of Asian carps (AC) were stocked to Lake Balaton between 1973 and 1983. Stocking was started with silver carps (*Hypophthalmichthys molitrix*), and was continued with silver and bighead carp (*H. nobilis*) hybrids. A survey conducted in 2009 pointed out that the biomass of AC is still high in the lake (around 4-5 thousand tonnes). The major problem is that filter-feeding AC may have dietary overlap with native planktivores, thus their presence is considered to be an ecological threat. We revealed that AC consumed primarily zooplankton in L. Balaton, while their phytoplankton consumption was negligible, and they were specialized to feed on particles $> 100 \mu\text{m}$. The age of the examined specimens varied between 8-17 years, thus they got into the lake after the last official stocking. AC exhibited average growth compared to the same parameters of AC in other ecosystems. However, their condition factor was extremely high; it was about 40-50% higher than the same parameters reported from other lakes. This is quite interesting if we consider that L. Balaton is oligo-mesotrophic and AC consumed considerable amounts of inorganic detritus. Natural reproduction of AC was not confirmed by our results. The most commonly notion is that AC are able to reproduce only in rivers, which was supported by the continuously high gonado-somatic indexes, but was partially confuted by the histological sections of ovaries which showed that eggs were released in some cases. This study was supported by OTKA K83893 and TÁMOP-4.2.2.A-11/1/KONV-2012-0038.



A klímaváltozás hatásai a zöld varangy (*Anura:Bufonidae*) metamorfózis utáni diszperzációjára

Tóth Zsófia

Debreceni Egyetem, Evolúciós Állattani és Humánbiológiai Tanszék

Köztudott, hogy a klímaváltozás többek között a kétélűvek viselkedésére is befolyásoló hatással van. Az adult egyedek magasabb hőmérséklet, illetve alacsonyabb nedvesség mellett idejük nagy részét menedékhelyeken töltik, tehát aktivitásuk csökken. Felmerül a kérdés, hogy vajon befolyásolja-e a metamorfózis utáni diszperziót a klímaváltozás? Abban az esetben, ha szárazföldi életük kezdeti szakaszán gátolja a migrációt a magasabb hőmérséklet, akkor a populáció dinamikát is jelentősebb mértékben befolyásolhatja. Vizsgálataimat 2012. június 22-től július 12-ig végeztem a debreceni Köztemetőben található Tükör-tóban. Modell állatnak a zöld varangyot (*Pseudepidalea viridis*, Laurenti 1768) választottam, mivel ez egy kultúrkövető faj, az antropogén zavarásra nem, vagy csak kis mértékben érzékeny. Méréseimet naponta háromszor végeztem el (reggel, délben és este) melyhez négy darab, egy méter széles sávtranszektet jelöltem ki, melyekben az összes újonnan átalakult egyedet leszámláltam. A légköri változók (hőmérséklet, légnyomás, páratartalom és csapadék) és az egyedszám változás közötti kapcsolatot vizsgáltam. Az általam leszámlolt egyedeket, a napi és a napszakos átlagokkal vettem össze. A tavat elhagyó juvenilis egyedek száma a hőmérséklettel és egyes esetekben a légnyomással mutatott szignifikáns összefüggést. A hőmérséklet növekedésével a diszperzió mértéke egyértelműen csökken, tehát megállapíthatjuk, hogy az emelkedő hőmérséklet a teresztris életformának már a korai szakaszában negatívan befolyásolja az egyedek migrációját.

The climate change effect on dispersion after metamorphosis on European Green Toad (*Anuran:Bufonidae*)

It is well known, that the climate change has an effect on the behaviour of amphibians. At higher temperature and lower humidity adult toads spend more time in their hideouts, therefore their activity decreases. This leads to the question: Does the climate change have an effect on the dispersion after metamorphosis? If so, in the early stages of the terrestrial life cycle environmental factors can change population dynamics. My research took place in Cemetery of Debrecen from 22.06.2012. to 12.07.2012. For model animal I chose the European Green Toad (*Pseudepidalea viridis*, Laurenti 1768). Measurements were made three times on each day, using transects to count the juveniles leaving the water. During the analysis I have tested the correlation between weather conditions (temperature, atmospheric pressure, humidity) and the number of toads. The number of juvenile individuals showed correspondence with the temperature and in several cases with the atmospheric pressure. The rate of dispersion decreased significantly with the increase of temperature, therefore it seems to be possible that the increasing temperature influences the migration of the individuals.



A hosszú nem-kodoló RNsek szerepe a virágzás szabályozásában

Qianwen Sun, Tibor Csorba, Konstantina Skourti-Stathaki, Nicholas J. Proudfoot, Caroline Dean

*Department of Cell and Developmental Biology, John Innes Centre, Norwich Research Park;
NAIK-MBK Gödöllő; Sir William Dunn School of Pathology, University of Oxford*

Számos megfigyelés és kísérleti adat bizonyítja hogy a hosszú nem-kodoló RNsek (lncRNAs) fontos szerepet töltenek be a génszabályozásban. Önmaguknak, az lncRNAs-eknek az expressziós szabályozása azonban nem ismert. Egy genetikai screen segítségével azonosítottunk egy növényi (*Arabidopsis*) homeobox fehérjét, az AtNDX-et, mely az FLC lokuszról antiszensz irányban íródó lncRNA, a COOLAIR expresszióját szabályozza. Az AtNDX fehérje egyszálú DNS kötő tulajdonsággal bír *in vitro* és *in vivo*. Az AtNDX hozzájárul egy RNS:DNS hibrid, úgynevezett R-loop struktúra stabilizációjához a COOLAIR promotor régiójában. Az R-loop stabilizáció negatívan érinti a COOLAIR expresszióját. A COOLAIR expressziós változása módosítja a lokuszról érő FLC fehérje kifejeződését és ezáltal a virágzás idejét. Ez a fajta génszabályozási mechanizmus általános lehet az élővilágban.

The roles of long non-coding RNAs in gene regulation

Roles for non-coding RNAs (lncRNA) in gene expression are emerging, but regulation of the lncRNA itself is poorly understood. We have identified a homeodomain protein, AtNDX, that regulates COOLAIR, a set of antisense transcripts originating from the 3' end of *Arabidopsis* FLOWERING LOCUS C (FLC). AtNDX associates with single-stranded DNA rather than double-stranded DNA non-sequence-specifically *in vitro*, and localizes to a heterochromatic region in the COOLAIR promoter *in vivo*. Single-stranded DNA was detected *in vivo* as part of an RNA-DNA hybrid, or R-loop, that covers the COOLAIR promoter. R-loop stabilization mediated by AtNDX inhibits COOLAIR transcription, which in turn modifies FLC expression. Differential stabilization of R-loops could be a general mechanism influencing gene expression in many organisms.

**Kozmopolitizmustól az endemizmusig: a kovaalgák sokféleségéről és mintázatairól a Kárpátokban**

Buczko Krisztina

Magyar Természettudományi Múzeum

A Kárpátok lágjainak, hegyi és vulkanikus tavainak kovaalgáit több mint tíz éve vizsgáljuk, részben az OTKA 83999 pályázat támogatásával. A hosszú ideig általánosan elfogadott nézet szerint a kovaalgák kozmopoliták, vagyis széles elterjedéssel rendelkeznek. Az utóbbi évek vizsgálatai szerint azonban sok közülük endemikus. Az előadásban példákat mutatunk be a széles elterjedésű fajok alkalmazására paleolimnológiai rekonstrukciókban (pl. *Genkalia digitulus*). Néhány, a tudományra új kovaalga fajt írtunk le a Kárpátokból (pl. *Kobayasiella tintinnus*, *K. elongata*, *Nupela pocsi*). Mivel ezek jelenleg csak egy-egy élőhelyről ismertek, endemikusnak tekinthetők. Az ritka és endemikus fajok magas aránya arra utal, hogy a Kárpátok saját, rá jellemző diatómaflórával jellemezhető. Három olyan példát is ismertetünk, amelyben eddig csak Európán kívül élő fajokat mutattunk ki a Kárpátok hegyi tavaiból. *Humidophila fukushimae* és *Nupela paludosa* csak Észak-Amerikából volt ismert. Mindkét fajt megtaláltuk a Parengben és Retezátban. Nevének megfelelően a *Neidium antarctica* az Antarktikus területekre jellemző, nemrégiben leírt kovaalga, amint nemrégiben mutattunk ki a Retezatról. Még számos kovaalga taxonómiai helyzete bizonytalan, tisztázásra vár.

From cosmopolitanism to endemism: diversity and distribution of diatoms in the Carpathians

The diatom assemblages of peats, fens, mire, mountains and crater lakes of the Carpathians have been studied for more than ten years partly by the support of the Hungarian Scientific Research Fund (OTKA No 83999). Detailed taxonomic research has revealed that the geographic distribution of diatoms ranges from global to narrow endemic. We show examples for the distribution of cosmopolitan taxa, that has high (but questionable) potential in environmental reconstructions (e.g. *Genkalia digitulus*). Some new taxa were also found during the study and formally described from this area, like *Kobayasiella tintinnus*, *K. elongata*, *Nupela pocsi*. Because these taxa are known only from their type of localities to date, we must regard them as endemic ones. It is believed and generally accepted that a typical regionalization existed within the Carpathian Region as demonstrated by the high number of endemic taxa. But some of our results are against the theory of endemism: we also found examples for occurrence of non-European diatoms in the Carpathians. It was believed that the distribution of *Humidophila fukushimae* and *Nupela paludosa* is restricted to North America, but we found them in Pareng and Retezat Mts. Respectively. *Neidium antarctica* was described from Antarctica, and we found it in Retezat as well. The taxonomical position of several taxa are unclear yet.

**Fotoautotróf mikroorganizmusok légköri előfordulása**

Keresztes Zsolt Gyula, Somogyi Boglárka, Felföldi Tamás, Nagy Erika, Vörös Lajos

MTA, Ökológiai Kutatóközpont, Balatoni Limnológiai Intézet, Tihany; Edutus Főiskola, Műszaki Intézet, Tatabánya; Eötvös Loránd Tudományegyetem, Mikrobiológiai Tanszék; Babeş-Bolyai Tudományegyetem, Matematika és Informatika Kar, Kolozsvár

Korábbi kutatásaink során megállapítottuk, hogy a Kárpát-medence hipersós tavaiban piko-mérettartományba (0,8-2µm) eső tengeri piko-eukarióták és cianobaktériumok gyakran domináns szerepet töltenek be. A tengeri pikoalgák előfordulása a szárazföld belsejében jó diszperziós képességükkel állhat összefüggésben. Ennek ellenére légköri terjedésük mechanizmusait még nem vizsgálták. Ezért tanulmányoztuk a légkörben és a lehulló csapadékban (eső, hó) előforduló fotoautotróf mikroorganizmusok mennyiségét és összetételét (mintavételi helyek: Balaton- Felvidék, Mecsek, Kiskunság, Rax Alpok). A levegőből történő mintavételhez egy új mintavevő eszközt fejlesztettünk ki, amelynek alapját egy szivattyú és egy csapdázó egység képezi. A mintákat epifluoreszcens mikroszkóppal és molekuláris biológiai módszerekkel vizsgáltuk. A csapadék pH-ja 4,26 és 7,32 között változott, a vezetőképesség 11 és 24 µS/cm között volt. Az esővízben és a hó olvadátkban az a-klorofill koncentráció meglepően magas volt, a 0,25 és 2,59 µg/L között változott. A pikocianobaktériumok abundanciája 310 és 710 sejt között változott milliliterenként, miközben a levegőben lévő pikoalgák száma 2300 és 52000 sejt/m³ között változott. A mintákban pikoalgák mellett nagy számban fordultak elő pollenszemcsék és gombaspórák is. Eredményeink alapján kijelenthető, hogy a légkörben igen nagy számban előfordulnak pikocianobaktériumok, amely megmagyarázza széleskörű elterjedésüket. (A kutatást a TÁMOP-4.2.2.A-11/1/KONV-2012-0038 pályázat támogatta. Keresztes Zsolt Gyulát a TÁMOP-4.2.4.A/2-11/1-2012-0001 Nemzeti Kiválóság Program című kiemelt projekt ösztöndíja támogatta. A projekt az Európai Unió támogatásával, az Európai Szociális Alap társfinanszírozásával valósul meg.)

Occurrence of photoautotrophic microorganisms in the atmosphere

In the hyper-saline lakes of the Carpathian Basin, marine picoeukaryotes and marine picocyanobacteria (0,8-2 µm) often predominate. Frequent occurrence of marine pikoalgae in inland waters can be the result of their good dispersion potential. However the spreading mechanism of pikoalgae has not been studied so far. We examined the abundance and composition of phototrophic microorganisms occurring in the precipitation (rainwater, snow) and the atmosphere (sampling stations: Balaton- Felvidék, Mecsek, Kiskunság, Rax Alpen). A new sampling device was developed. Collected phototrophs were studied by epifluorescence microscopy and molecular techniques. The pH of the precipitation varied between 4.26 and 7.32, while its conductivity ranged between 11 and 24 µS/cm. The chlorophyll *a* concentration was surprisingly high, ranging between 0.25 and 2.59 µg/L. In the precipitation, the abundance of picocyanobacteria varied between 310 and 710 cells/ml, while in the air it ranged between 2,300 and 52,000 cells/m³. Based on our results, the atmosphere contains picocyanobacteria in high number, which could explain their wide distribution. (This research was supported by the European Union and the State of Hungary, co-financed by the European Social Fund in the framework of TÁMOP-4.2.4.A/ 2-11/1-2012-0001 National Excellence Program and TÁMOP-4.2.2.A-11/1/KONV-2012-0038).



A Kárpát-medence vizes élőhelyeken előforduló sajátos fotoszintetizáló mikroszervezetei

Mentes Anikó, Keresztes Zsolt Gyula, Pálffy Károly, Somogyi Boglárka,
Márialigeti Károly, Máthé István, Vörös Lajos, Felföldi Tamás

ELTE Mikrobiológiai Tanszék; MTA Ökológiai Kutatóközpont, Balatoni Limnológiai Intézet, Tihany; Edutus Főiskola, Műszaki Intézet; Sapientia Egyetem, Biomérnöki Tanszék

Sós tavak a Földön szinte mindenhol megtalálhatóak, amelyekről a összetételük miatt elkülöníthetőek az ún. szikes tavak. A magyarországi sekély szikes vízterek Európában fontos természeti értéket képviselnek. Ezzel szemben, Erdély sós tavai mélyebbek, amely lehetőséget biztosít diverz és egyedi mikrobiális közösségek kialakulására. Mindkét víztípusra az ún. fotoautotróf pikoplankton szervezetek (<2µm) gazdagsága jellemző. E kutatás célja a kiskunsági Zab-székéből származó szikes, és az erdélyi Tarzan-tóból és Medve-tóból származó sós vízmintában levő pikofitoplankton faji összetételének megismerése volt. Zab-széken az irodalomban közölt egyik legmagasabb mértékű zöldalga tömegprodukciónak volt megfigyelhető. A Tarzan-tavi és Medve-tavi vízminták mikroszkópos vizsgálata azt sugallta, hogy a pikocianobaktériumok jelentősége az erdélyi sós tavakban meghatározó. A mintákat molekuláris biológiai PCR alapú technikák segítségével vizsgáltuk, a pikofitoplankton tagjait a taxonómiai azonosításra alkalmas DNS szakaszok összehasonlító bázissorrend elemzésével azonosítottuk. Az eredmények azt mutatták, hogy Zab-széken új pikoeukarióta alga taxonok (Trebouxiophyceae, Chlorophyta) felelősek a rendkívüli vízvirágzásért; a sós tavak fotoautotróf pikoplankton közösségét pedig főleg tengeri környezetekből leírt pikocianobaktérium csoportok (*Synechococcus*, *Cyanobacteria*) tagjai alkották, ami szintén egyedi megfigyelés. (A kutatás az OTKA PD 105407 és TÁMOP-4.2.4.A/2-11/1-2012-0001, A2-CT-FOK-12-0008 pályázatok támogatásával valósult meg.)

Occurrence of unique photosynthetic microorganisms in the special aquatic habitats of the Carpathian Basin

Salt lakes are widespread on Earth, soda lakes could be distinguished from saline lakes based on their salt composition. The shallow turbid soda pans located in the Danube-Tisza Interfluvium are unique in Europe. In contrast, Transylvanian salt lakes are deeper, which allows the development of diverse and unique microbial communities. Both types of these lakes could be characterized with extreme photoautotrophic picoplankton (PPP, <2µm) richness. The study aimed to reveal the species composition of the eukaryotic algal community in the water sample taken from a soda pan (Zab-szék), and to characterize the picocyanobacterial community of saline lakes in the Transylvanian Basin (Lake Tarzan and Lake Ursu). A mass production of pico-sized green algae in Zab-szék was among the highest abundance values published. Microscopic examination of Lake Tarzan and Lake Ursu water samples suggested that the importance of picocyanobacteria in the Transylvanian salt lakes is significant. Samples were studied by PCR-based molecular biological techniques, PPP species were identified by the comparative analysis of DNA sequences that are suitable for taxonomic identification. Our results showed that new green algal taxa (Trebouxiophyceae, Chlorophyta) have caused the extraordinary bloom. In the Transylvanian saline lakes, PPP community was dominated by picocyanobacterial phylotypes (*Synechococcus*, *Cyanobacteria*) characteristic to oceans and seas, which was also a unique observation. (This research was supported by the Hungarian Scientific Research Fund OTKA PD 105407 and the National Excellence Program TÁMOP-4.2.4.A/2-11/1-2012-0001, A2-CT-FOK-12-0008.)



Zöld hidrák (*Hydra viridissima*) válasza hirtelen környezetváltozásra

Rosa Márta Erzsébet, Barta Zoltán, Tökölyi Jácint

Debreceni Egyetem, Evolúciós Állattani és Humánbiológiai Tanszék

A legtöbb természetes környezetet valamilyen szintű variabilitás jellemzi, amely következménye az élőlényekre nézve a kedvezőbb és rosszabb időszakok váltakozása. Ennek megfelelően az egyedeknek képesnek kell lenniük arra, hogy hirtelen környezetváltozás esetén át tudják alakítani fiziológiai felépítésüket és viselkedési szokásaikat, ami gyakran hatással van a különböző életmenet-jellegekre is. Egyes esetekben kimutatták, hogy az ilyen változásokat jelentős mértékben meghatározzák az egyed által korábban tapasztalt körülmények valamint a környezeti variabilitás fluktuációjának mintázatai, ami gyakorlatilag megfelel a pesszimizmus illetve optimizmus fogalmának. Ezt a hipotézist teszteltük zöld hidrák (*Hydra viridissima*) esetében. Az állatokat négy csoportra osztottuk aszerint, hogy ritkábban vagy gyakrabban etették őket, illetve, hogy ezek az etetési alkalmak rendszeresen vagy random módon történtek. Húsz nap akkomodációt követően mindegyik csoport felénel megváltoztattuk (növeltük vagy csökkentettük) az etetési gyakoriságot. A kísérlet alatt naponta mértük az aszexuális szaporodási rátát (bimbózást) a kísérlet végén pedig a különböző csoportok oxidatív stresszel szembeni toleranciáját vizsgáltuk. Az eredmények alapján úgy tűnik, hogy hidráknál megfigyelhető optimizmus és pesszimizmus is: a környezet romlását követően néhány napig fenntartják a magas szaporodási rátát, míg környezetjavulás esetén csak lassan reagálnak a táplálékélérhetőség növekedésére. A környezetjavulásra adott válasz lassabban következett be, mint a környezetromlásra való reakció és a véletlenszerűen változó táplálék-rezsimen tartott egyedek lassabban reagáltak. Az optimizmusnak ára van: a környezetromlást követően magas szaporodási rátát mutató egyedek stressztoleranciája lecsökkent.

Response of green hydra (*Hydra viridissima*) to sudden environmental change

Natural environments tend to be variable which results in alternating good and bad periods for the individuals. Thus, individuals have to be able to accommodate to sudden environmental changes by adjusting their physiology and behaviour to new conditions. Some studies suggest that the behaviour of animals experiencing a change in environment can depend on the environmental conditions experienced previously, resulting in a behaviour that seems optimistic or pessimistic. In this study we used green hydras (*Hydra viridissima*) to test this hypothesis. We assigned hydras into four groups differing in feeding frequency (high or low) and food regularity (random or stable). After 20 days of accommodation feeding frequency was changed (increased or decreased) in half of the groups. We measured the rate of asexual reproduction (budding) and tolerance to oxidative stress in each group. The results show that in green hydras both optimism and pessimism are present: budding rate remains high for days after the worsening of environmental conditions, while their reaction to improved conditions is slow. Response to environmental improvement was slower than reaction to worsening conditions and groups kept on a random food regime responded even slower. We also found that optimism is costly: stress tolerance decreased in hydras maintaining high reproductive output following a switch to poor environmental conditions.



Tűzhöz való adaptáció-e a fedélrozsнок amerikai inváziójának kulcsa?

Kozma Anita, Lózer Beáta, Ruprecht Eszter, Fenesi Annamária

BBTE, Biológia és Geológia Kar, Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet

Egyes inváziós növényfajok növelik a tüzek előfordulási gyakoriságát és intenzitását, és így rendszerátalakító hatásuk van. Az Európában őshonos, egvényes fedélrozsнок (*Bromus tectorum*) Észak-Amerika fészárszáz növényközösségeiben, tömeges megjelenésével, megváltoztatja a természetes tüzek időpontját, kiterjedését és erősségét, negatívan befolyásolva ezáltal az őshonos növényfajokat. Mivel a gyakori égetés elősegíti és fenntartja a fedélrozsнок dominanciáját, feltételezhetjük, hogy a faj a tűzhöz adaptálódott, bár korábbi vizsgálatok ezt nem tesztelték. Épp ezért, gyakran égetett amerikai és soha/ritkán égetett európai populációk égetéshez kapcsolódó jellegeit hasonlítottuk össze. A fedélrozsнок magjainak tűztoleranciáját vizsgáltuk a tűz összetevőinek (hősokk, láng, füst és korom) egyenkénti hatására, valamint kísérleti égetés során. Teszteltük továbbá, hogy van-e különbség a populációk között az égetés utáni forrás-felhasználást tekintve: a nitrogén- és víz-szint változtatása mellett vizsgáltuk a földfeletti biomassza alakulását. Végül, összehasonlítottuk a száraz földfeletti biomassza gyúlékonyságát és éghetőségét (flammabilitás) a két kontinens populációi között. Eredményeink alapján, a gyakran égetett populációkból származó magvak tűztoleranciája nem volt nagyobb az európai magvakénál. Hasonlóan, az égetés során felszabaduló nitrogént sem hasznosították jobban az amerikai populációk, bár átlagosan nagyobb biomasszát termeltek. Ezzel szemben két – a leggyakrabban égetett - amerikai populáció flammabilitása jobb volt, azaz hamarabb és alacsonyabb hőmérsékleten kezdtek füstölni és izzani, mint az európai populációk. Összefoglalva, csupán egy, égetéshez kapcsolódó jellegben mutattunk ki eltérést az amerikai és európai populációk között, így a faj inváziós sikere nem csak a gyakori tűzhöz való adaptáció, hanem a tűztől független jelleg-komplexum eredménye.

Is the adaptation to fire the key of *Bromus tectorum* invasion?

Invasive plant species that increase the frequency and size of wildfires are recognized as some of the most important system-altering species. The European annual *Bromus tectorum* is the most problematic invader in semiarid ecosystems of North-America, because it increases the period, areal extent and severity of fire, totally replacing the native vegetation. Due to the ability of *B. tectorum* to alter fire regimes and then flourish under the new conditions it creates, it can be postulated that it is fire-adapted, although no study has directly addressed this question before. Therefore, we planned a study to compare possible fire-related traits in several *B. tectorum* populations with different fire histories: frequently burned American populations and rarely/never burned European populations. We tested the fire-tolerance of seeds of *B. tectorum* by exposing them to heat shocks, flame, smoke and ash, and also to experimental fire. The plant performance in post-fire conditions was tested by manipulating the availability of nitrogen and water in pot experiments. We also tested for the flammability of aboveground biomass using a quartz epiradiator. Our results revealed that there are no differences between American and European populations regarding the fire-tolerance of seeds, or the performance of individuals at different nitrogen or water levels. However, two out of three American populations proved to be significantly more flammable than the European populations. In summary, we found differences at one particular fire-related trait between the *B. tectorum* populations of two continents; therefore, the invasion success of this species in North-America must be related to other non-fire related traits as well.

**Az égetés hatása erdélyi gyepekben élő lágyszárú növények magjainak csírázására**

Domokos Péter, Fenesi Annamária, Ruprecht Eszter

*Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, Babeş-Bolyai Tudományegyetem
Debreceni Egyetem, Ökológia Tanszék*

Erdélyben a hagyományos gyepezés csökkenésével egy sokak számára tetszetős és egyszerű alternatívaként merül fel az égetés lehetősége. A kérdés csak az, hogy a tűz segít-e fenntartani a gyepeinkben jelen lévő változatosságot? Ennek a problémakörnek az egyik kulcskérdése, hogy mennyire tudják tolerálni a növényfajok magjai az égetést, hiszen a magról történő szaporodás a növénypopulációk hosszú távú fennmaradását biztosítja. Jelen kutatás célja az előző évi kísérletünkben megismert családok reakcióinak kiegészítése további öt, kevésbé elterjedt család, illetve rend (boglárfakélék, keresztesvirágúak, ernyősvirágzatúak, liliomvirágúak, spárgavirágúak) és az ezekbe tartozó összesen 19 faj bevonásával. Megvizsgáltuk, hogy milyen hatással van a vizsgált fajok magjainak csírázására az égetés. A növényfajok talaj felszínére helyezett magjait vagy egymagvú terméseit kísérleti égetésnek vetettük alá. A kezelés után kint körülmények között, cserepekben csíráztattuk a magokat és összehasonlítottuk a kezelt magok csírázási arányát a kontroll magokéval. Eredményeink azt mutatják, hogy a liliomvirágúak és spárgavirágúak rendjét kivéve, minden családban volt legalább egy vagy több olyan faj, amelynek a csírázását negatívan befolyásolta a kísérleti égetés. Csak az ágas homokliliom esetében tapasztaltunk pozitív hatást. Összefoglalva tehát, az égetések az általunk vizsgált fajok 42 %-ának csírázását befolyásolták negatívan, különösen az ernyősvirágzatúak és keresztesvirágúak családjába tartozó fajokét. Éppen ezért azt javasoljuk, hogy a természetvédelmi céllal fontolgatott égetéseket nagy körültekintéssel tervezzék meg, nehogy a tüzre érzékeny és kis denzitásban lévő fajok populációit negatívan befolyásolja.

The impact of anthropogenic fire on the germination of Transylvanian grassland species

After the decrease of traditional grassland management in Transylvania, an easy and popular alternative management appeared: burning. The question is whether anthropogenic fire can help to maintain the biodiversity of grasslands or not. Regeneration from seed is very important for the long-term persistence of plant populations. Therefore, one of the key issues is how tolerant the seeds of different plant species are to fire. The main aim of the present study was to complete the last years' experimental results on the effect of fire on seed germination of grassland species belonging to the four most common plant families with five other, less widespread, families and orders (Ranunculaceae, Brassicaceae, Apiaceae, Liliales and Asparagales), 19 species in total. We analyzed the impact of burning on seed germination of species. We put the seeds or the single seeded fruits on the soil surface in pots and exposed them to experimental fire. After our treatment, the seeds were germinated in outside conditions. At the end of the experiment, we compared the germination rate of treated seeds with the control group. The results show that in each one of the families or orders, the seeds of one or more species were negatively impacted by the experimental fire, except Liliales and Asparagales. *Anthericum ramosum* was the only species with positive response. As a conclusion, anthropogenic fire has a negative impact on the germination rate of 42 % of the studied grassland species, especially on species from the Brassicaceae and Apiaceae. We suggest that prescribed burning must be carefully planned as a management tool, in order not to harm the populations of sensitive plant species to fire and with a low abundance in grasslands.



Veszélyt jelent-e az inváziós fajok terjedése a gyakran égetett gyepekre?

Kiss Réka, Ruprecht Eszter, Fenesi Annamária

*Babeş-Bolyai Tudományegyetem, Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet
Debreceni Egyetem, Ökológia Tanszék,*

A gyepek rendszeres égetése egy új és egyre elterjedtebb tájhasználati mód Közép-Kelet Európában. A tűz során nem csak az elhalt növényi biomassa ég el, de sok növényfaj egyede és magjai is elpusztulnak az égetés során. Hipotézisünk szerint ezekben az égetett gyepekben nagy eséllyel szaporodnak el idegenhonos fajok, melyek gyakori égetéshez adaptálódtak eredeti élőhelyeiken (pl. Észak-Amerika). Épp ezért vizsgálatunkban arra keressük a választ, hogy két észak-amerikai inváziós faj, az élőlvé kanadai aranyvessző (*Solidago canadensis*) és az egyéves betyárkóró (*Conyza canadensis*) magjai hogyan reagálnak az égetésre, illetve a tűz mely komponensei alakítják e válaszokat. Mindkét faj esetén három romániai (nem/ritkán égetett) és három amerikai (gyakori égetésnek kitett) populáció magjait vetettük alá hősokk kezeléseknél és kísérleti égetésnek. Eredményeink alapján az aranyvessző magvak már 1 percig tartó 100°C-os hősokk kezelés hatására csökkenést mutatnak csírázási arányukban, míg 5 percig tartó 140°C-os hősokk elpusztítja a magvak többségét, származási helytől függetlenül. Ezzel szemben a betyárkóró csökkent csírázási arányt csak az 5 percig tartó 160°C-os hősokk kezelésnél mutatott, mely el is pusztította a kezelt magvakat. A kísérleti égetés során nem csökkent a magvak csírázási aránya az aranyvessző populációk esetén, míg a betyárkóró esetén, érdekes módon, az amerikai populációk csírázási aránya csökkent átlagosan 15%-al, de a romániai populációké nem. Összefoglalva, bár a magasabb hősokk kezelése hatására a magvak nagy része elpusztult, a kísérleti égetés során a magvak csírázási aránya nem vagy csak nagyon keveset csökkent, ennek pedig, gyepeink rendszeres égetésével, komoly természetvédelmi következményei lehetnek az inváziós fajok széleskörű térnyerése által.

Is the spreading of invasive species a threat in frequently burned grasslands?

The regular burning of grasslands is a new land use type in Central and Eastern Europe. However, fire removes not only the dead biomass, but it may destroy the living individuals and the seeds of native species as well. Therefore, we hypothesized that adventive species from fire-prone ecosystems are likely to invade and spread in these frequently burned grasslands. For this reason, we analyzed the response of two invasive species, the perennial Canada goldenrod (*Solidago canadensis*) and the annual horseweed (*Conyza canadensis*) to experimental burning and separately to the most important component of fire (heat shock). We collected or purchased seeds from three Romanian populations (rarely/not burned) and three American populations (frequently burned). Our results show that the germination rate of the seeds of Canada goldenrod decreased after 1 minute of 100°C and by 90% after 5 minutes of 140°C. In contrast, the horseweed seed's germination did not decrease up to 5 minutes of 160°C heat-shock, when all seeds died. The experimental burning did not influence the germination rate of Canada goldenrod, whereas the germination rate of horseweed decreased in the American populations by 15%, but not in the Romanian once. In summary, although high temperature heat-shock treatment destroyed the seeds in goldenrod populations, horseweed showed extremely high heat-shock tolerance. In addition, the experimental burning did not or just slightly decreased the germination rate of these invasive species. These results suggest that the spreading of these invasive species can be a serious danger in frequently burned grasslands.



Összefüggések délkelet-európai elterjedésű gyepi növényfajok magvainak morfológiai és anatómiai tulajdonságai között

Kuhn Thomas, Fodor Enikő, Tripon Septimiu, Ferencz Erzsébet, Fenesi Annamária, Ruprecht Eszter

Babes-Bolyai Tudományegyetem: Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, Molekuláris Biológia és Biotechnológia Intézet; Debreceni Egyetem: Ökológia Tanszék

A magvak anatómiai és morfológiai tulajdonságai számos magbankkal és endozoochóriával kapcsolatos cikkben tárgyaltak. A maganatómia és magmorfológia közötti összefüggéseket tárgyaló kutatások viszont háttérbe szorulnak ökológiai jelentőségük ellenére. Ehhez a problémakörhöz kapcsolódóan hipotéziseink szerint (1) a magvak mérete és alakja összefügg a maghéj és terméscső vastagságával és anatómiájával illetve (2) a terméscső diszperzió utáni megléte befolyásolja a maghéj vastagságát és anatómiáját. Vizsgálatunkhoz 39 gyepben előforduló növényfaj magjáról vagy egyszemű fel nem nyíló terméséről készítettünk metszeteket illetve végeztünk morfológiai méréseket. Eredményeink alapján a magmérettel pozitívan nő a védőburkok vastagsága, a védőrétegek lignifikációja és szövettani összetettsége. Feltételezzük, hogy mivel a nagyobb magvak inkább a talajfelszínen maradnak diszperziójukat követően és jobban ki vannak téve magpredációknak és más magvakat károsító tényezőknek, ezeknek méretükhöz viszonyítva aránytalanul vastagabb és összetettebb védőburkuk lesz. A kerekded magok ugyancsak vastagabb védőréteggel és több lignifikálódott szövetrel rendelkeznek mint a hosszúkáskak. Továbbá a terméscső jelenléte negatívan befolyásolja a maghéj vastagságát és összetettségét. Terméscső nélkül a maghéj az egyedüli védőburk, ezért magvak esetében ez igen fejlett és gyakran lignifikálódott. A terméscső jelenléte esetében a maghéj védelmi szerepe háttérbe szorul, szerkezete erősen leegyszerűsödik. Mindezek mellett a terméscső jellemzően vastagabb és szövettanilag összetettebb védőburk mint a maghéj (magvak esetében), amit azzal magyarázunk, hogy a terméscső egy evolúciós újítás a zártermők körében a maghéjhoz képest. Ezen eredményeknek nagy jelentősége lehet magvak és termések ökológiájában.

Allometric relationships between seed morphology and seed covering anatomy of temperate grassland species from south-eastern Europe

Anatomical and morphological seed traits are of great ecological importance and are a main subject e.g. of seed-bank or endozoochory studies. However, we consider a lack of information about the relationship between seed anatomy and seed morphology and its ecological significance. We assumed that (1) thickness and anatomical complexity of the testa (seed coat) and pericarp is related to seed size and shape, furthermore (2) the presence or absence of the pericarp may influence seed coat thickness and anatomy. In our study we included one seeded diaspores (seeds or fruits) of 39 south-eastern European grassland species and recorded the thickness and anatomical complexity of their seed coverings. We also took measurements to determine diaspore size and shape. Our results indicate that the size of the diaspore is positively related to seed covering thickness, lignification degree and anatomical complexity. This might be the result of a greater predation pressure on bigger diaspores, because they tend to stay on the soil surface and are more exposed to predation risk and environmental threat than smaller diaspores. Furthermore, more rounded shaped diaspores had disproportionately thicker and more lignified coverings than longer ones. We also found, that seeds as diaspores have a thicker and more lignified testa than fruits. In fruits, the pericarp “takes the protective role”, it is thick, and the testa is poorly developed. Our results also suggest that the pericarp is a more complex structure than the seed coat, probably due to the huge evolutionary success of the angiosperm fruits. These findings may have implications in the ecology of seeds and fruits.



Hidrogén termeléshez kapcsolódó anyagcsere folyamatok és enzimek fotoszintetikus bíbor kénbaktériumokban

Tóth András, Duzs Ágnes, Kiss Enikő, Németh Brigitta, Rákhely Gábor

Magyar Tudományos Akadémia Szegedi Biológiai Kutatóközpont Biofizikai Intézet; Szegedi Tudományegyetem Biotechnológiai Tanszék

A hidrogén, mint a legtisztább energia hordozó, a napfény energiájának felhasználásával megújuló módon is előállítható fotoszintetikus mikroorganizmusok segítségével. A biohidrogén termelését katalizáló enzimek és a hidrogén szintézishez alacsony redox potenciálú elektronokat szolgáltató anyagcsere útvonalak részletes ismerete alapvető fontosságú a hatékony hidrogén termelő képességű mikroorganizmusok kifejlesztéséhez.

A hidrogén termelésre képes *Thiocapsa roseopersicina* egy fotoszintetikus bíbor kénbaktérium amely különféle szerves anyagokat és szervesetlen redukált kénvegyületeket (pl.: szulfid, elemi kén, tioszulfát) hasznosít az anyagcsere folyamatai elektron forrásaként. A sejtek hidrogén és kénanyagcsereje közti kapcsolat nagyon szoros. A *T. roseopersicina* négy aktív [NiFe] hidrogenázzal rendelkezik, valamint a változatos kénanyagcserejében szerepet játszó enzimeinek génjei is ismertek. Azonosítva lettek a diszulfid oxidoreduktáz fehérje családba tartozó ősi flavocitokrómm c (FccAB) és szulfid kinon oxidoreduktáz (Sqr, Sqn) enzimek, amelyek a szulfidtól a fotoszintetikus rendszerig tartó elektron transzport első lépésében játszanak szerepet. Az Sqr és Sqn fehérjék a diszulfid oxidoreduktázok még nem jellemzett csoportjainak képviselői. A tisztított rekombináns FccAB és Sqn fehérjéken elvégzett biokémiai, kinetikai és strukturális vizsgálatok lehetővé teszik az enzimek tulajdonságainak, katalitikus működésének, a sejtekben betöltött funkciójának részletes megismerését. Eredményeink hozzájárulnak a redukált kénvegyületek fotobiológiai hidrogén termelésben játszott szerepének jobb megértéséhez. Köszönetnyilvánítás: A kutatás a TÁMOP 4.2.4.A/2-11-1-2012-0001 Nemzeti Kiválóság Program című kiemelt projekt keretében zajlott. A projekt az Európai Unió támogatásával, az Európai Szociális Alap társfinanszírozásával valósul meg. A munkát szintén támogatta a TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0012 program.

Metabolic processes and enzymes connected to biological hydrogen production in photosynthetic purple sulfur bacteria

Hydrogen as the cleanest energy carrier can be produced by photosynthetic microorganisms on renewable way driven by the sunlight. Detailed understanding of hydrogen producer enzymes and metabolic processes which can serve high energy electrons for hydrogen synthesis are essential for development of efficient hydrogen producer organisms. *Thiocapsa roseopersicina* is a phototrophic purple sulfur bacterium capable to produce molecular hydrogen. It can utilize various organic compounds and inorganic reduced sulfur species (eg. sulfide, elemental sulfur, thiosulfate) as electron donors during photosynthetic growth. There is a very tight connection between hydrogen and sulfur metabolism of the cells. *T. roseopersicina* contains four different active [NiFe] hydrogenases and genes encode enzymes of the versatile sulfur metabolism are also known. Members of disulfide oxidoreductase protein family: the flavocytochrome c (FccAB) and sulfide quinone oxidoreductases (Sqr, Sqn) were identified. These ancient enzymes play a role in the first step of electron transport from sulfide into the photosynthetic electron flow. Sqr and Sqn proteins belong to uncharacterized groups of disulfide oxidoreductases. Biochemical, kinetic and structural studies on purified recombinant FccAB and Sqn proteins were performed to explore the properties, catalytic mechanism and physiological function of these enzymes. Our results may contribute to understanding the role of reduced sulfur compounds in the photobiological hydrogen production. Acknowledgement: This research was supported by the European Union and the State of Hungary, co-financed by the European Social Fund in the framework of TÁMOP 4.2.4. A/2-11-1-2012-0001 'National Excellence Program'. The work was also supported by TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0012.



**Az édesvízi kagylók táplálék-felvevő és felszívó működésének vizsgálata
a lipid felvétel tekintetében**

Palombi Barbara, Nagy Nándor, Sárkány-Kiss Endre

*Semmelweis Egyetem, Humánmorfológiai és Fejlődésbiológiai Intézet, Budapest
Apáthy István Biológiai Kutató és Oktató Központ*

Az édesvízi kagylók táplálékfelvevő és felszívó működésének vizsgálata egy kevésbé kutatott téma. Munkánk középpontjában a táplálékfelvevő és felszívó működésén belül a zsírok felszívódásának vizsgálata állt, különös figyelmet fordítva néhány általunk kiemelt szervre (láb, köpeny, kopoltyú). Kutatásunk alapjául szolgált Gorka Sándor (1918) munkája. A szakirodalomban szereplő szövettani témájú cikkekben főként tengeri fajok emésztőmirigyekben raktározódott lipidek mennyiségi évszakos változását vizsgálták, fontosnak tartottuk, hogy az édesvízi kagylók tekintetében is részletesebben tanulmányozzuk ezt a kérdést. Célunk volt, hogy lipid szemcséket mutassunk ki a kagylók (*Anodonta cygnea*, *Sinanodonta woodiana*) különböző testrészeiben, bizonyítva ezáltal azt, hogy a lipideket az egyes testrészeik hámsajtjein keresztül is felveszik és felhalmozzák. Vizsgálatunk során sikerült bizonyítanunk, hogy a vízben emulgeált kis molekulájú zsírok felvétele a hámsajtjeken keresztül történik, valamint eltérő mértékű az egyes szervekben való felhalmozódásuk. Kísérletünk során a jelen kornak megfelelő modern technikai eljárásokat és eszközöket alkalmaztunk (zselatinos beágyazás, fagyasztott metszés, lipidek kimutatása Oil-Red-O technikával. Az előzetes elemzések alapján elmondható, hogy a felhalmozódás jól detektálható és különböző mértékű az egyes szervekben. Az ipari szennyezések által a vizeinkbe kerülő szerves vegyületek okozta szennyezések detektálására az általunk kapott eredmények egy lehetséges megoldást jelentenek.

**Investigation of the nutrition uptake and absorption capability of freshwater mussels
in point of lipid absorption**

The nutrition uptake and absorption capability of freshwater mussels is a less researched topic. Our work focused on the fat absorption in some important organs of mussels (foot, mantle and gill). This paper is based on the fundamental work of our research Sándor Gorka (1918). Based on the literature the seasonal changes of the lipid quantity in the digestive glands of marine species were mainly analyzed. However it is important to examine this question also in freshwater mussels in greater detail. The purpose of the present study was to detect lipid particles in the mussel's different body parts (*Anodonta cygnea*, *Sinanodonta woodiana*). Furthermore our aim was to demonstrate that these animals accumulate lipids to varying degrees in specific body parts. Our study suggests that mussels adsorb some small molecule emulsified fat through epithelial surface. In addition they accumulate it in particular organs to various degrees. We used modern, technical proceeding and equipments (gelatin embedding, frozen section, detection of lipids with Oil-Red-O technique). Our results contribute to the possibility of creating a system to detect organic contaminants in freshwater ecosystems.



A szulfanilsav bontásért felelős metabolikus útvonal lépései és eredete

Hegedűs Botond, M. Számel, G. Bende, K. Perei, G. & Rákhely

Szegedi Tudományegyetem Biotechnológiai Tanszék

A vegyipar az utóbbi évtizedekben robbanásszerű fejlődésen ment keresztül. Ennek káros következményeként nagy mennyiségű mesterségesen előállított szennyezőanyag jut ki a környezetbe. Az így kijutó vegyületek mérgező hatása mellett jelentős problémának számít az a közös tulajdonságuk, hogy természetes körülmények között csak nagyon nehezen bomlanak le. Ennek következtében a környezetben felhalmozódhatnak, ami révén hatással lehetnek a biológiai sokszínűsége illetve a mezőgazdasági folyamatok útján bekerülhetnek a táplálékláncba is. Ezeknek a szennyezőanyagoknak egyik jelentős képviselője az ipar számos területén használt szulfanilsav. Az laboratóriumunk sikeresen izolált egy olyan baktérium törzset, a *Novosphingobium subarcticum* SA1 törzset, amely képes az ipari szennyvizekben található szulfanilsav bontására. Ebben a közegben, a mikroorganizmus feltételezhetően metabolikusan adaptálódott arra, hogy le tudja bontani, illetve fel tudja használni a szulfanilsavat egyedüli szén, nitrogén és kén forrásként. A kutatásunk célja a szulfanilsav bontás lépéseinek és azok metabolikus hátterének megismerése volt. Klasszikus genomikai és funkcionális genomikai technikák használatával sikerült azonosítani azokat a géneket és az általuk kódolt fehérjéknek, amelyek szerepet játszanak a szulfanilsav bontásában. A metabolikus útvonal nagy részét rekombináns enzimekkel rekonstruáltuk. Ezen kívül filogenetikai módszerekkel azonosítottunk egy olyan horizontális gén transzfer eseményt, ami az eredete lehetővé az általunk vizsgált útvonal kialakulásának. Ezeknek az eredményeknek a felhasználásával átfogóbb képet kaphatunk a természetben újonnan, nagy mennyiségben megjelenő ipari szennyezőanyagok lebontásában is szerepet játszó metabolikus útvonalak evolúciós változásának folyamatáról. "A projekt az Európai Unió támogatásával, az Európai Szociális Alap társfinanszírozásával valósul meg (a támogatás száma TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0012)."

The main steps and the origin of the sulfanilic acid degrading pathway

In the last decades, the chemical industry went through an explosive development. As its negative effect, huge amount of artificial chemical compounds are released into the environment. Beside toxicity, the most serious issue of artificial pollutants are their ineffective degradation in nature. Consequently, they might be accumulated in the environment, have negative impact on biodiversity, and can get into the food chain through agricultural processes. One prominent representative of these pollutants is the sulfanilic acid widely used by several industries. A unique strain, the *Novosphingobium subarcticum* SA1 isolated in our lab was shown to be able to degrade sulfanilic acid even in industrial waste water. Presumably, this organism could adapt its own metabolic pathways for efficient assimilation of sulfanilic acid. The aim of our research is to understand the steps of sulfanilic acid catabolism and its metabolic context. Using classical genomic and functional genomic tools we identified genes and proteins which are involved in this process, and we reconstructed the major part of this pathway. Moreover, a phylogenetic reconstruction study identified a horizontal gene transfer event which could lead to this pathway. Based on these findings we can get a deeper insight into the natural evolutionary mechanisms of the metabolic pathway suitable for elimination of industrial pollutions. "The Project is supported by the European Union and co-financed by the European Social Fund (grant agreement no. TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0012)."



Denevérvédelmi intézkedések és előzetes eredményeik ÉNY Romániai védett területeken

Bücs Szilárd, Jére Csaba, Csósz István, Barti Levente, Bartha Csaba,
Jakab Endre, Hoffmann Richard, Szodoray-Parádi Farkas

Romániai Denevérvédelmi Egyesület, Szatmárnémeti

A 2010-2013-as periódusban lezajlott "Denevérvédelem a Királyerdő, Bihar és Torockói hegységekben" LIFE pályázat elsődleges célkitűzése az ÉNY Romániai denevéralomány hosszútávú védelme. A területre jellemző hét denevérfaj védelmét célzó pályázat során számos konkrét denevérvédelmi intézkedés került kivitelezésre a 16 Natura 2000-es célterületen: (1) mesterséges odúk kihelyezése kulcsfontosságú élőhelyeken, (2) magas látogatottságú, de ugyanakkor jelentős denevérrkolóniáknak otthont adó barlangok esetében a látogatási útvonalak és a mesterséges megvilágítás módosítása, (3) kilenc érintett barlangból nagymennyiségű hulladék eltávolítása, (4) negyven figyelmeztető tábla kihelyezése a denevérek szempontjából fontos barlangok bejáratához, (5) tizenöt, fokozott védelmet igénylő barlang denevérrbarát módon való lezárása. Az előzetes eredmények alapján a felsorolt tevékenységek pozitív hatással vannak a régió denevéreire. A denevérvédelmi intézkedések hatásának ellenőrzésekor több barlangnál jelentős növekedést tapasztaltunk úgy a hibernáló állományok, mint a szülőkolóniák esetében. A védelmi intézkedések lehetővé tették a rendszeres zavarás jelentős csökkenését vagy megszűnését. A Les-völgyi vizesbarlang nagy patkósdenevér (*R. ferrumequinum*) hibernáló állománya 489 egyedről 817 egyedre nőtt, míg a Tasádfői barlang kereknyergű patkósdenevér (*R. euryale*) szülőkolóniája 250 helyett 400 felnőtt egyedet foglal magába. A mesterséges odúk esetében már a kihelyezés évében nagyarányú elfoglalást (>22%) tapasztaltunk. Irodalmi adatok alapján a denevérek csupán több év elteltével foglalják el hasonló arányban a mesterséges odúkat, ezért a védelmi tevékenységet sikeresnek mondhatjuk. A kihelyezett 300 denevérodú hozzájárul az erdőkitermelések által elvesztett odvas fák pótlásához, de nyilvánvalóan nem pótolhatja az idős erdők elvesztését.

Bat conservation measures and preliminary results in protected areas of NW Romania

The LIFE project "Bat conservation in Pădurea Craiului, Bihor and Trascău Mountains", implemented in 2010-2013, has as primary objective the long term protection of bat populations from NW Romania. The project implemented several concrete conservation measures in 16 Natura 2000 sites, by (1) placing artificial bat boxes in key habitats, (2) changing the artificial lighting and tourist routes in caves that are frequently visited, (3) cleaning nine caves from large amounts of waste, (4) placing forty warning signs at caves, (5) closing fifteen highly important caves in a bat-friendly way. Preliminary results show that conservation measures have a positive impact on bats. While monitoring the impact of these activities, we observed significant growth in the size of hibernating and nursery colonies. The conservation measures led to the significant reduction of disturbance. The size of the greater horseshoe bat (*R. ferrumequinum*) hibernation colony from Leşului Cave grew from 489 to 817 bats, while the nursery colony of the mediterranean horseshoe bat (*R. euryale*) in Taşad Cave grew from 250 to 400 bats. In case of artificial bat boxes we observed, already in the year of placement, a high occupation rate (>22%). According to the literature, bats occupy artificial boxes only after several years in this proportion. The 300 artificial boxes placed in the target areas will compensate for the loss of hollow trees due to deforestation, but can not compensate for the loss of old, natural forests.



Denevérek aktivitásának dinamikája a párzási időszakban egy Királyerdei nászbarlang példáján bemutatva

Jére Csaba, Csósz István, Bücs Szilárd, Szodoray-Parádi Farkas

Romániai Denevérvédelmi Egyesület, Szatmárnémeti

A denevérek fő nászidőszaka, fajtól, a szálláshely földrajzi helyzetétől, valamint időjárási tényezőktől függően, július végétől október közepéig terjed. Ebben az időszakban a denevérek nagyszámban keresnek fel földalatti szálláshelyeket, elsősorban tágas bejáratú termekkel rendelkező barlangokat. A nászperiódusban olyan fajok is megjelennek a barlangoknál, amelyek az év más szakaszaiban eltérő típusú szálláshelyeket használnak (épületek, faodúk). Ez a viselkedés egyrészt a párzást segíti elő, másrészt a megfelelő hibernálóhelyek „felmérését”. A jelentős nászbarlangoknál nagy területről gyűlnek össze a denevérek, így ezek a populációk közti génáramlásban is igen fontos szerepet játszanak. A Királyerdő hegység központi részén található Íntorsuri barlangnál 2013 augusztusa és októbere közt 6 alkalommal végeztünk hálózásokat, átlagban 8-12 napos időközökben. A hálózások során figyelemmel kísértük az egyes fajok relatív abundanciáját, illetve ennek változását a periódus folyamán. A vizsgálati időszak során összesen 11 faj 189 példánya került befogásra. A hímek száma, a nászbarlangokra jellemző módon, jelentős mértékben meghaladta a nőstények számát (4:1 arány). Ez valószínűleg annak tulajdonítható, hogy a hímek hosszabb időt töltenek ezeken a szálláshelyeken, illetve bizonyos viselkedései sajátosságok is szerepet játszhatnak. A befogott egyedek közt leggyakoribb fajok a csonkafülű denevér (*Myotis emarginatus*, a befogott egyedek 31%-a), a nagyfülű denevér (*Myotis bechsteini*, 28%), a közönséges denevér (*Myotis myotis*, 10%), a barna hosszűfűlű denevér (*Plecotus auritus*, 9%) és a pisze denevér (*Barbastella barbastellus*, 6%). Az eredményeket összehasonlítva más, a Királyerdő hegységben található barlangok hálózási adataival, szembevetendő, hogy mindegyik szálláshely különböző fajspektrumot és abundanciaviszonyokat mutat, tehát egyes szálláshelyek alkalmasak lehetnek bizonyos célfajok monitoringjára.

Dynamics of bat activity during the mating season through the example of a swarming site from Pădurea Craiului Mountains

The main mating season of bats, depending on species, geographical location of roosts, and weather, extends from the end of July to mid-October. During this period, large numbers of bats visit underground roosts, primarily caves with large halls near the entrance. This behavior facilitates mating, and also provides the assessment of adequate hibernacula. At important swarming sites bats can gather from large areas, in this way playing an important role also in the gene-flow between populations. We performed six mist-nettings (on average, every 8-12 days) in the period of August-October 2013, at the Íntorsuri Cave, in the central part of the Pădurea Craiului Mountains. We monitored relative abundance of species and its changes during the study period. A total of 189 bats from 11 species were captured. The number of males, typical for swarming sites, significantly exceeded the number of females (4:1 ratio). Among the bats captured the most common species are Geoffroy's bat (*Myotis emarginatus*, 31% from all captured bats), Bechstein's bat (*Myotis bechsteini*, 28%), the greater mouse-eared bat (*Myotis myotis*, 10%), the brown long-eared bat (*Plecotus auritus*, 9%) and the Barbastelle (*Barbastella barbastellus*, 6%). When comparing results with mist-nettings from other caves in the Pădurea Craiului Mountains, it is notable that all roosts show different species composition and abundance. Based on this, key roosts could be used for species specific monitoring.



Ökoszisztéma szolgáltatások értékelése hagyományos falusi közösségeknél: természetvédelmi vonatkozások

Szakács Mónika, Hartel Tibor, Markó Bálint

Babeş-Bolyai Tudományegyetem, Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet

A hagyományos szociális-ökológiai rendszerek egyik jellemzője az ember és a természet sajátos kapcsolata. Ezek együttesen olyan hagyományos tájakat alkotnak, melyek magas konzervációs értékkel bírnak. Az ember sokféle kölcsönhatásban van az őt körülvevő tájjal kezdve a tájhasználati formáktól a tájak komponenseinek értékeléséig. Ezek a kölcsönhatások következményekkel járnak, mind a táj strukturális tulajdonságaira (ökoszisztéma szolgáltatások) mind az emberi közösségekre. Jelen kutatásunkat öt faluban végeztük (Kilyénfalva és Szenéte, Újfalu, Tekerópaták, Vasláb) (Hargita megye, Gyergyó környéke). A terület magába foglalja a Szenétei lápot (Mlaştina după luncă) mely a Natura 2000 hálózat részét is alkotja. A kutatót szociális rendszer fő jellegzetessége, hogy változásokon megy át: a hagyományos tájhasználat és életforma mellett egyre inkább teret foglal a modern, nyugati típusú életforma, tájhasználat és intézmény rendszer. Emellett a táj természetvédelmi és ökológiai értéke nagy, valamint diverz ökoszisztéma szolgáltatásokat nyújtanak a helyi közösségeknek. Elsőként azt tanulmányoztuk, hogy az emberek hogyan értékelik az őket körülvevő, a tájat jellemző különböző ökoszisztéma szolgáltatásokat. Az emberek 21 ökoszisztéma szolgáltatást véleményeztek a fontosság valamint a sérülékenység szempontjából. Másodszor azt vizsgáltuk, hogy az emberek miként vélekednek a közösségük szociális és gazdasági helyzetéről, és milyen elképzeléseik vannak a jövőt illetően. Harmadszor, az emberek véleményét kérdeztük a nemrégiben kijelölt Natura 2000 területekkel kapcsolatban. A térség lakóinak különösen fontosnak bizonyultak olyan ökoszisztéma szolgáltatások, mint az erdő, patak, forrásvíz, tüzifa és termő talaj. Ezen szolgáltatások vélt sérülékenysége is viszonylag magasnak bizonyult. A falusi közösségek fő jellemzője a munkanélküliség és az ebből fakadó elvándorlás, valamint konfliktusok jelenléte (főként az erőforrások megosztása körül). Erős késztetést tapasztaltunk a modern, nyugati fejlődés irányába. A megkérdezettek legalább fele nem hallott a Natura 2000 területekről és nincs tudomása arról, hogy lenne védett terület a környéken, bár Natura 2000 terület szomszédságában élnek és/vagy dolgoznak a földjeiket. Eredményeink igazolják azt a jelenleg alakuló általános véleményt, mely szerint a nagy természetvédelmi értékkel bíró kulturális tájak védelmében kulcsfontosságú a szociális komponens megértése és figyelembe vétele ahhoz, hogy megoldásokat találjunk a modern típusú gazdasági törekvések valamint a táj kulcsfontosságú elemeinek és ökoszisztéma szolgáltatásainak megőrzésére.

Appreciation of ecosystem services in changing traditional rural communities: implications for nature conservation

An important feature of the traditional social-ecological systems is the specific nature of the links between societies and the natural systems. The result of their interactions is a cultural landscape with high conservation value. Traditional communities interact in diverse ways with their natural environment, from the resource use to the modalities how they value these landscapes and their components. These interactions have strong implications for both the social and the ecological systems, including the capacity of ecosystems to provide various goods and services for humans. Our research was conducted in five villages (Kilieni and Senetea, Suseni, Valea Strâmbă, Voşlobeni) (Harghita, in the vicinity of Gheorgheni). The area includes the Szenéte wetland (Mlaştina după luncă) which is part of the Natura 2000 network. The main characteristic of the studied social system is that it's going through major socio-economic changes, typically characterized by transitions from a more traditional to a modern lifestyle. In addition the landscape has a high conservation and ecological value including diverse ecosystem services to local communities. First, we studied how people appreciate the different ecosystem services. To do this people were asked to rank 21 ecosystem services in terms of importance and vulnerability. Second, we examined the perceptions of people regarding the social and economic conditions in their communities and their future aspirations in this respect. Finally we assessed their knowledge and impressions about the recently designated Natura 2000 site in the vicinity of their villages. People found particularly important certain ecosystem services such as forest, local streams, spring water, firewood and topsoil. These were perceived relatively more vulnerable and important than other ecosystem services. Local communities are affected by lack of job opportunities, emigration and conflicts (especially around the natural resources). Most of people expressed strong aspirations towards a modern type of economic development. Almost half of the respondents were not aware about the existence of a Natura 2000 site or a protected area in their vicinity, even if their land was close to this site. Our findings confirm the emerging view in Europe, that an effective conservation of the cultural landscapes should consider the various features and aspirations of the local communities. This understanding can contribute to solutions regarding a more effective, conflict free and sustainable nature conservation strategy for the changing traditional cultural landscapes of Europe.



Védekezés felsőfokon – kémiai barrier a könnyben

Csász Éva, Kalló Gergő, Csutak Adrienne, Tózsér József

*Proteomika Szolgáltató Laboratórium, Biokémiai és Molekuláris Biológiai Intézet, Általános Orvostudományi Kar, Debreceni Egyetem
Szemészeti Klinika, Debreceni Egyetem*

Szervezetünk minden pontján, ahol a potenciális patogénnel kapcsolatba kerülhetünk egy jól felépített első vonalbeli védekezési rendszer található, amely fizikai és kémiai barrierből, valamint a kommenzális baktériumokból áll. A kémiai barrier fő komponensei a konstitutívan jelen levő vagy indukálható antimikrobiális és immunmodulátor (AMP) peptidok és fehérjék. Egyes betegségek során ez az antibakteriális védekezés felborul, ekkor lokális vagy szisztémás fertőzés alakulhat ki. Munkánk során a különböző testfolyadékok AMP összetételét vizsgáltuk oly módon, hogy kifejlesztettünk egy AMP mérésére alkalmas SRM alapú célzott proteomikai módszert, és ezt a módszert könnyminták vizsgálatára használtuk fel. Mivel a könny egy folyamatosan termelődő, nem invazív módon gyűjthető biológiai minta, nagy diagnosztikai jelentősége van. A kutatás a TÁMOP 4.2.4. A/2-11-1-2012-0001 és TÁMOP-4.2.2.A-11/1/KONV-2012-0045 támogatásával készült.

High-level defense – the chemical barrier in tears

The complex environment on body surfaces coming in contact with the potential pathogens trying to invade our organism consist of the physical and chemical barriers and the commensal bacteria constituting a first line defense system in our body. Major components of the chemical barrier are the constitutively present or inducible proteins and peptides from the antimicrobial and immunomodulatory peptide (AMP) family. The antibacterial immunity in different disease states may be impaired, increasing the risk of general and local infections. In order to examine the changes in the AMP composition of body fluids SRM-based targeted proteomics methods were developed and validated for several AMPs and the method was used for screening tear samples. Since tear is a biological fluid easy to collect by non invasive methods, the diagnosis of diseases based on tear analysis has high diagnostic potential. This research was funded by TÁMOP 4.2.4. A/2-11-1-2012-0001 and TÁMOP-4.2.2.A-11/1/KONV-2012-0045.



Hogyan változtatja meg egy parazita gomba a hangyák szociális struktúráját?

Csata Enikő, Magdalena Witek, Hanna Babik, Erős Katalin, Czokes Zsolt, Márkó Bálint

*Babeş-Bolyai Tudományegyetem, Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet
Debreceni Egyetem, Evolúciós Állattani és Humánbiológiai Tanszék
Museum and Institute of Zoology, Polish Academy of Sciences*

Egy szociális rendszerben a közös gondoskodás, a kölcsönös tisztogatás megnöveli a paraziták távoltartásának esélyét. Ennek következtében maga a rendszer létrejötte is a paraziták elleni védekezés egyik hatékony formája lehet. Ennek ellenére a hangyák szociális rendszerében számos parazita található. Ennek oka, hogy fészkeik időben és térben is stabil struktúrák, amelyeket többé-kevésbé állandó mikroklíma jellemez, s a nagy egyedsűrűség vonzó célpontot jelent paraziták és patogének számára. Romániában a *Rickia wassmannii* Cavara 1899 (Ascomycetes: Laboulbeniales) gombafaj parazitál bizonyos hangyafajokat (*Myrmica* spp.) obligát módon, a hangyák kutikuláján nagy mennyiségben meglepedve, s ezáltal, feltehetően, megváltoztatva a fészektárs-felismerést lehetővé tevő szagmintázatot. Egyik leggyakoribb gazdafaja a *M. scabrinodis*, egy fakultatív poligin faj, ahol a fiatal királynők már létező kolóniákkal fogadtatják be magukat. Kutatásunk során vizsgáltuk, hogy vajon e gombafaj hatással van-e a *M. scabrinodis* kolónia-struktúrájára? Vajon a parazita jelenlétében könnyebben fogadnak-e be újabb királynőt? Laboratóriumi körülmények között vizsgáltuk fertőzött és nem-fertőzött királynők, fertőzött és nem-fertőzött idegen, dolgozócsoportok általi befogadási sikerét. Eredményeink azt mutatják, hogy a fertőzött fészkek dolgozói kevésbé agresszívek fertőzött királynővel szemben, ezzel ellentétben a nem-fertőzött fészkek dolgozói agresszívebben viselkedtek a nem-fertőzött királynőkkel szemben. Úgy tűnik, hogy a gombás fertőzés következményeként a dolgozók könnyebben fogadnak be új királynőket, vagyis a fertőzött hangyakolóniák rendszere nyitottabbá válik. A kutatás a TÁMOP 4.2.4.A/2-11-1-2012-0001 Nemzeti Kiválóság Program című kiemelt projekt keretében zajlott. A projekt az Európai Unió támogatásával, az Európai Szociális Alap társfinanszírozásával, valamint a Collegium Talentum által valósult meg.

Could fungal infestation change the structure of ant societies?

Ants employ a number of hygienic behaviours to reduce virulence and transmission of entomopathogenic agents within the colony, as increased grooming and nest cleaning, pathogen avoidance, removal of infected individuals. However, ants constitute hosts to a large array of parasites and pathogens, as ant nests are stable structures, which are characterized by more or less constant microclimate, as well as by high abundance of potential host organisms for parasites and pathogens. Several fungi exploit ants, most of them are from the tropics, but some fungi are known from Europe. *Rickia wassmannii* (Ascomycetes: Laboulbeniales) is an ectoparasitic fungus living on different species of the ant genus *Myrmica* in Europe. Presumably, the fungus could change the cuticular hydrocarbon profile of the host, which constitutes the basis for nestmate-recognition in ants. In Romania the most frequent host species is *Myrmica scabrinodis*, a facultative polygynous species, where young gynes are sometimes adopted by already existing colonies. We tested the effect of *R. wassmannii* on adoption of gynes by *M. scabrinodis* under laboratory conditions. Infected and un-infected gynes were presented to infected and un-infected artificial nests. The results showed that infected workers were less aggressive to infected gynes than un-infected workers to un-infected gynes. Our results suggest that infection could influence the social structure of *M. scabrinodis* colonies and may promote the adoption of foreign gynes. This research was supported by the European Union and the State of Hungary, co-financed by the European Social Fund in the framework of TÁMOP 4.2.4. A/2-11-1-2012-0001 'National Excellence Program', and by the Collegium Talentum.



Szemét vagy táplálékforrás: tetemek sorsa a *Formica polyctena* hangyafajnál (Hymenoptera: Formicidae)

Maák István, Kiss Anett, Markó Bálint

Szegedi Tudományegyetem, Ökológiai Tanszék
Babeş-Bolyai Tudományegyetem, Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet

A szociális rovarok általában nagy kolóniákat alkotnak, s a kolonialis életmód az előnyök mellett számos egészségügyi veszéllyel jár. A csoportos tevékenység és életmód révén nagy mennyiségű szemét halmozódhat fel, melynek egyik különleges komponensét képezik a fészektársak tetemei, egyben egészségügyi veszélyforrást is jelentve. Ugyanakkor a tetemek felhasználhatók a populációk közötti konfliktusokban, vagy esetenként táplálékforrásként is. A rovartetemek fogyasztása, beleértve más hangyafajok tetemeit is, egy széles körben elterjedt stratégia a mindenevő hangyafajok esetében, azonban a fészektársak tetemfogyasztását csak egy pár munkában említik. Munkánk során laboratóriumi körülmények között vizsgáltuk a territoriális *Formica polyctena* hangyafaj esetében a saját tetemek táplálékforrásként történő felhasználását egy éhezési periódus előtt, alatt és után. Külcsoportként *Camponotus vagus* hangyafaj tetemeit használtuk. Ez egyedi színjelöléssel ellátott tetemetek mind kísérlet előtt, mind azok temetőre kerülésük után is lemértük. A tetemek száradása révén történő súlyvesztésüket kontroll-tetemek segítségével becsültük. A tetemek nagy részét a fészekbe szállították. A temetőről begyűjtött jelölt tetemek legnagyobb arányú fogyasztását az éhes kolóniák esetén tapasztaltuk. A rivális *C. vagus* tetemeiket darabolták fel a legnagyobb mértékben. Eredményeink alapján arra következtettünk, hogy a fészektárs tetemeinek fogyasztása sokkal közönségesebb lehet, mint előzőleg ismeretes volt.

Waste or food: the fate of corpses in the ant *Formica polyctena* (Hymenoptera: Formicidae)

Social insects usually live in large colonies. This lifestyle, besides its advantages, can imply major health risks. Group living may result e.g. in the accumulation of high amounts of waste material. Corpses of nest-mates constitute also a significant proportion of refuse material, which, besides acting as potential source of further infections, can also be used during interspecific conflicts, or, sometimes, consumed as food. Scavenging on corpses of other ant species is a wide spread phenomenon in ants, but the consumption of nestmate corpses has only been documented in a few cases, and has never been investigated experimentally. We examined the consumption of nest-mate corpses before, during and after a starvation period in the case of the territorial ant species *Formica polyctena* under laboratory conditions, using *Camponotus vagus* corpses as outgroup. The weight of the individually marked corpses was measured before the experiments and after they were brought from the nests to the cemeteries. The difference in the corpse weight was used to estimate whether a corpse was consumed inside the nest. The normal weight loss of corpses due to desiccation was measured with the help of control corpses. The majority of corpses were brought inside the nest. The painted corpses retrieved from the cemeteries were found consumed in highest amounts in the case of the starved colonies. The corpses of the rival *C. vagus* were mostly chopped into pieces. On the basis of our result we can conclude, that nest-mate corpse consumption could be an important food source in the case of an ant species with large colonies, not just in the lack of food.



A pollen, mint lehetséges alternatív táplálékforrás szubmisszív hangyafajoknál egy *Formica exsecta* szuperkolónia területén

Szabó Ágota, Erős Katalin, Markó Bálint

*Babeş-Bolyai Tudományegyetem, Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet
Debreceni Egyetem, Evolúciós Állattani és Humánbiológiai Tanszék*

A hangyák (Hymenoptera: Formicidae) közössége egy sajátos kompetitív hierarchikus rendszerbe szerveződik. A hierarchia csúcán lévő területiális hangyafajok, esetünkben egy többfészkés rendszerben élő *F. exsecta*, dominálják a forrásokat, míg a szubmisszív fajoknak, tér-, idő- vagy forráskihasználási stratégiát váltva, alkalmazkodniuk kell. Egy ilyen lehetséges alternatív táplálékforrás lehetne a pollen, amelyet azonban a hangyák, a növények által termelt repellens anyagok miatt, többnyire elkerülnek. Hangyák pollenfogyasztásáról nagyon kevés adat áll rendelkezésünkre, a specializált trópusi fajok (pl. *Cephalotes* spp.) kivételével, csak néhány hangyafaj esetében figyelték meg, többek között egy-két szubmisszív *Myrmica* fajnál. Hipotézisünk szerint egy területiális hangyafaj által dominált területen élő hangyafajok rákényszerülve a pollenre, kiaknázzák azt. Vizsgálatunkat a Gyergyói-medencében egy *F. exsecta* szuperkolónia területén, valamint annak szomszédságában, egy, hasonló élőhely paraméterekkel jellemezhető, kontroll területen végeztük. Feljegyeztük a mintavételi körökben jelenlévő hangyafajokat, valamint azok aktivitását a virágokon és a pollen csalétkéken. Eredményeik megerősítették, hogy a pollenfogyasztás hangyáknál valóban ritka. Mindazonáltal a *F. exsecta* territóriumán a szubmisszív fajok (pl. *F. cunicularia*, *Myrmica* spp.) gyakrabban látogatták a virágokat és fogyasztják a pollen csalétket, mint a kontroll terület. Úgy tűnik, hogy a pollen, mint alternatív táplálékforrás, jelentősége felértékelődhet szuboptimális körülmények között, azaz pl. erős kompetitív nyomás hatására. E. K.-t a Collegium Talentum támogatta és a publikációt megalapozó kutatása a TAMOP-4.2.4.A/2-11/1-2012-0001 azonosító számú NKP – Hazai hallgatói, illetve kutatói személyi támogatást biztosító rendszer kidolgozása és működtetése konvergencia program című kiemelt projekt keretében zajlott. A projekt az EU támogatásával, az Európai Szociális Alap társfinanszírozásával valósul meg.

Pollen as potential alternative food source for submissive ants in a *Formica exsecta* supercolony

Ant (Hymenoptera: Formicidae) communities are organized in a competitive hierarchical system. Territorial species are at the top of this hierarchy, as in our case, the *F. exsecta*, which dominate the resources, while submissive species have to change feeding strategy to adapt to competitive pressure. Pollen can be such an alternative food source. Despite this ants usually avoid pollen, due to repellent substances produced by flowers. Thus, pollenivory in ants is not widespread; only in some cases it was observed in specialized tropical species (e.g. *Cephalotes* spp.) and in submissive *Myrmica* species. Our hypothesis is that ant living in areas dominated by territorial ants are driven to utilize the less-preferred pollen. Our study was carried out in a *F. exsecta* supercolony and in a similar, but territorial-free area as control site. We recorded the abundance of ants, their presence on flowers and on pollen baits within quadrats. The results show that indeed pollen consumption is very rare in ants. However, submissive ants (e.g. *F. cunicularia*, *Myrmica* spp.) visited more often flowers and ate more frequently pollen in the territory of *F. exsecta*, than at the control site. The frequency of pollen consumption could potentially increase in submissive ants under suboptimal conditions, e.g. high competitive pressure. K.E. benefited from scholarships granted by the EU and the State of Hungary, co-financed by the European Social Fund in the framework of TAMOP 4.2.4. A/2-11-1-2012-0001 'NEP', and by Collegium Talentum (Hungary).



A pusztai farkaspók, mint modellállat a biológiai kutatásokban

Rádai Zoltán

Debreceni Egyetem

Ahogy a biológián belüli tudományágak, úgy az egyes kutatási területeken belül alkalmazott modellszervezetek is igen sokfélék lehetnek, attól függően, hogy mi a kutatás célja, fő kérdése. Például a sokat vizsgált pusztai farkaspók (*Pardosa agrestis*, Westring, 1861) az elmúlt két évtizedben többek közt a szünbiológia és viselkedéskológia fontos modellfajává vált. Közelmúltban elvégzett, valamint a jövőben véghez vinni kívánt kutatások ismertetésével kerül bemutatásra ezen faj jelentősége a biológiai kutatásokban.

The field wolf spider as model organism in biological researches

As there are many disciplines of biology, in the different biological sciences researchers use many kinds of model organisms. For example, the well researched field wolf spider (*Pardosa agrestis*, Westring, 1861) has become an important animal model in ecology and behavioural ecology in the last two decades. In this presentation, the importance of this spider species in biological researches will be emphasized by presenting previous and on coming studies.



Morfomeriai vizsgálatok a lápi tarkalepke [*Euphydryas aurinia*, (Rottenburg,1775)] Kárpát-medencei populációiban

Katona Gergely, Pecsénye Katalin, Juhász Edit

Debreceni Egyetem

Fő célom a morfometriai variabilitás vizsgálata volt a lápi tarkalepke populációkban. A lápi tarkalepke európai elterjedése diszkontinuus, mivel Közép-Európában egy elterjedési hiátus húzódik. Felmerülhet tehát az a kérdés, hogy tapasztalható-e morfológiai elkülönülés a dunántúli populációk, amik a nyugati área perifériális populációi, és a keleti erdélyi populáció között. Másodsorban megvizsgáltam, hogy tapasztalható-e számottevő aszimmetriabeli különbség Dunántúl általam vizsgált populációi között az área pereme felé haladva. Összesen hét populáció egyedeit vizsgáltam meg: Szlovénia (Trnovski Gozd), Órség régió (Gödörháza és Magyarszombatfa), Bakony régió (devecseri Széki-erdő, Középső-Hajag), Somogy térsége (Látrány), Erdély (Magyarsárd). Az általam vizsgált populációk között morfológiai eltéréseket tapasztaltam. A különbségek legfőképpen azokban a jellegekben mutatkoztak, melyek a szárnyméretet, és szárnyalakot határozzák meg. Az erdélyi régió elkülönülését a statisztikai analízisek alátámasztották. A nyugati populációk között is tapasztaltam azonban morfológiai differenciálódást, mely trendszerűnek mutatkozott. Sikertelt kimutatni egy földrajzi klin jelenlétét a nyugati populációk morfológiai jellegeiben. A klin mentén az egyedek szárnymérete egyre kisebb, alakja pedig egyre szélesebb lesz az área pereme felé haladva. A földrajzi klinnek az erdélyi populáció nem volt a tagja. Mivel a nyugati populációk között a morfológiai differenciálódás egy földrajzi gradiens mentén figyelhető meg, megvizsgáltam, hogy ezen terület legnyugatibb populációja (Trnovski Gozd), és a legkeletibb populációja (Látrány) között tapasztalható-e különbségek a jellegekben és azok aszimmetria viszonyaiban. A jellegekben a földrajzi klin alapján várható különbségeket tapasztaltam. Az aszimmetria tekintetében nem tapasztalható számottevő különbség a két vizsgált populáció között, mindösszesen egy jelleg esetében a peremhelyezeti látrányi populáció egyedei bizonyultak aszimmetrikusabbnak.

Morphometric studies in the Carpathian basin populations of the marsh fritillary butterfly [*Euphydryas aurinia*, (Rottenburg,1775)]

The main objective of this study was to investigate the morphometric variability in the Marsh Fritillary (*Euphydryas aurinia*) populations in Central-Europe. The European distribution of the Marsh Fritillary is discontinuous because of a range gap in Central-Europe. Thus, the question arises if morphological differences could be detected between Pannon populations (which are peripheral populations of the western area) and the eastern population of Transylvania. Furthermore we estimated the changes of fluctuating asymmetry in between the Pannonian populations towards the edge of the area. Seven population were investigated in total: Slovenia (Trnovski Gozd), Órség region (Gödörháza and Magyarszombatfa), Bakony region (devecseri Széki-erdő, Középső-Hajag), Somogy area (Látrány), Transylvania (Magyarsárd). We found substantial morphological differences among the studied populations detected in traits related the wing size and shape. Separation of the Transylvanian region was supported by all of the analyses. Nevertheless, we found morphological differences between the western Pannonian populations as well, which presented a clinal trend. Along the cline the individual wing size seemed to be decreasing, and the wing shape showed increasing patterns as we move to the edge of the area. Since morphological difference was observed along a geographical gradient between the western populations, we analysed whether there are any differences between westernmost population (Trnovski Gozd) and the easternmost population (Látrány) of the region. Similarly, we found differences between the wing size and shape of the two populations. Nonetheless, investigation of asymmetry revealed significant difference between the two studied populations in a single character indicating that individuals at the edge population proved to be more asymmetric.



Akut és krónikus immobilizációs stressz hatása az aktin citoskeletonra vad típusú egerekben és az Alzheimer-kór transzgénikus állatmodelljében

Fodor Eszter Klára, Pákáski Magdolna, Sántha Petra,
Oláh Zita, Sántha Miklós, Janka Zoltán, Kálmán János

Szegedi Tudományegyetem

A rövid és hosszú távú stressz nagymértékben hozzájárulhat a depresszió és a neurodegeneratív betegségek, például az Alzheimer-kór (AK), kialakításához. Kutatásunk során, azt vizsgáltuk, hogy az akut és krónikus stressz hogyan befolyásolja a neurodegenerációs folyamatokban résztvevő β -aktin és a hozzákapcsolódó aktin-kötő fehérje, a kofilin kifejeződését mRNS és fehérje szinten. Kísérletünk során hím vad típusú (C57BL/6J) egereket és az Alzheimer-kór transzgénikus egér modelljét (APP^{swe}/PS1 Δ E9) rövid (3 nap) és hosszú (7, 14, 21 nap) távú immobilizációs stressznek (IS) tettünk ki. Mintát tettünk a hippokampuszból és a frontális kortexből, melyekből az mRNS koncentrációt real-time RT-PCR technikával, a fehérje kifejeződését western blot segítségével állapítottuk meg. Krónikus stressz hatására a β -aktin és a kofilin mRNS expressziója a 21. napra szignifikánsan lecsökkent a frontális kortexben. A β -aktin fehérje kifejeződés szignifikánsan megemelkedett a hippokampuszban a 14. és 21. napra, míg a kofilin expressziója szignifikánsan lecsökkent a frontális kortexben a 7, 14. és 21. napra a vad típusú és a transzgénikus egereknél is. Eredményeink azt mutatják, hogy az IS szignifikánsan módosítja az aktin citoskeletonot, melyek elősegíthetik a szinaptikus veszteséget, a kognitív csökkenést és hozzájárulhatnak a neurodegeneráció és az Alzheimer-kór kialakulásához. A kutatás a TÁMOP-4.2.4.A/2-11/1-2012-0001 Nemzeti Kiválóság Program című kiemelt projekt keretében zajlott. A projekt az Európai Unió támogatásával, az Európai Szociális Alap társfinanszírozásával valósul meg. Munkánk a Társadalmi Megújulás Operatív Program (TÁMOP-4.2.2.A-11/1/KONV-2012-0052), és az OTKA (83667) pályázat támogatásával készült.

Acute and chronic restraint stress effect on actin cytoskeleton in wild type and transgenic Alzheimer's disease mice

Acute and chronic stress has a significant role in the development of depression and neurodegenerative disorders, such as Alzheimer's disease (AD). We studied the effect of acute and chronic restraint stress (RS) on expressions of β -actin and cofilin in wild type and transgenic AD mice. Transgenic mouse model of AD (APP^{swe}/PS1 Δ E9) were compared to C57BL/6J wild type (WT) mice. Mice were subjected to acute (3 day) or chronic (7, 14, 21 day) RS. We studied the mRNA and protein expression in the hippocampus and frontal cortex. We observed significant difference in mRNA expression of β -actin and cofilin only in frontal cortex of WT animals. We found significant changes in the β -actin protein expression in the hippocampus of transgenic and WT mice on day 14 and 21. We observed significant decrease in the frontal cortex of AD and WT mice in the cofilin expression on day 7, 14 and 21. Our results suggest that acute and chronic RS modificate the actin cytoskeleton both in WT and AD model mice, which can promote impaired synaptic plasticity, progressive cognitive decline and play important role in the development of AD. Acknowledgement: This research was supported by the European Union and the State of Hungary co-financed by European Social Fund in the framework of TÁMOP-4.2.4.A/2-11/1-2012-0001 'National Excellence Program'. This study was supported by grants from OTKA (83667), and the Hungarian Ministry of Education and Culture (TÁMOP -4.2.2.A-11/1/KONV-2012-0052).



ADK és Grin-1: molekuláris kapcsolat epilepszia, Alzheimer-kór és stressz között

Oláh Zita, Kálmán János, Ivitz Eszter, Fodor Eszter, Sántha Petra,
Várhelyi Zoltán, Sántha Miklós, Janka Zoltán, Pákási Magdolna

Pszichiátriai Klinika, Szegedi Tudományegyetem

A stressz szerepe bizonyított az Alzheimer-kór (AK) patomechanizmusában és az epilepsziás rohamtevékenység indukciójában. Az asztrociták expresszált adenosin-kináz (ADK), valamint az ionotróp glutamát receptor NMDA-1 alegysége, a Grin-1 kulcsfontosságúak az epilepsziás roham propagációjában és az AK-hoz kapcsolható kognitív romlásban. Célunk volt az immobilizációs stressz (IS) indukálta ADK és a Grin-1 génexpresszió változásainak nyomonkövetése AK transzgén és vad típusú egértörzsekben. Vizsgálatainkhoz vad típusú (VT) és az AK transzgén egér modelljét, az amiloid prekursor protein és presenilin gén mutációját hordozó dupla transzgén állatokat használtunk. Akut és krónikus IS-t követően, az állatok hippocampusából (HC) és prefrontális kortexéből (PFC) teljes mRNS transzkriptomot izoláltunk. Az ADK és Grin-1 génexpresszióját qPCR technikával vizsgáltuk. A VT egerekben szignifikáns Grin-1 és ADK génexpresszió változás nem következett be egyik vizsgált agyi régióban sem. Stressz hatására a transzgén állatok PFC-jében az ADK génexpressziója mindegyik vizsgált időpontban szignifikáns emelkedést mutatott, míg a Grin-1 mRNS expresszió ellentétes irányban változott. Az AK transzgén egerek HC-ában 1 hetes IS-t követően, a PFC-ben 3 és 14 napos IS-t követően csökkent a Grin-1 génexpresszió szignifikáns mértékben. Az AK transzgén egérmodell stressz érzékenysége kifejezettebb a VT egerekéhez képest a göröcsaktivitást szabályozó génexpresszió tekintetében. A két molekula együttes változása a korábbi adatokkal egybehangzóan alátámasztja ezek mediátor szerepét a stressz, epilepszia és AK esetében. Így az AK transzgén egerekben megfigyelt stressz-indukált expresszió változás a genetikai és környezeti hatások együttes szerepét feltételezi az epileptiform roham indukciójában. Köszönetnyilvánítás: TÁMOP 4.2.4.A/2-11-1-2012-0001; 4.2.2.A-11/1/KONV-2012-0052, OTKA(83667), NAP(2013).

The molecular link between epilepsy, Alzheimer's disease and stress

The role of stress both in the patomechanism of Alzheimer's disease (AD) and the induction of epileptic activity has been proven. The adenosine kinase (ADK) expressed by astrocytes and Grin-1 subunit of ionotropic NMDA may have role in propagation of epilepsy and cognitive decline associated with AD. The aim of our study was to evaluate the immobilisation stress (IS) induced transcriptional change of ADK and Grin-1 in AD transgenic (Tg) and wild type (Wt) mice. Wt and amyloid-precursor protein and presenilin1 double-Tg mice were used. Acute and chronic IS was followed by totalRNA isolation from hippocampus (HC) and prefrontal cortex (PFC). The levels of mRNAs were measured by qPCR. In Wt mice, there were no significant expressional changes in ADK or Grin-1 gene expression neither in HC nor in PFC. In PFC of AD Tg mice there was significant elevation of ADK mRNA while the Grin-1 gene expression reduced significantly induced by stress. The Grin-1 gene expression reduced significantly in the HC of Tg mice after 7-day stress and in the PFC of Tg mice after 3-day and 14-day stress. The expression of epilepsy regulator genes were more sensitive to stress in AD Tg mice than in Wt mice. In accordance with the literature, the change of expression pattern of these molecules confirmed their potential modulator role. The stress induced changes in AD Tg mice presumed the interaction between genetic and environmental factors in induction of epileptic activity. Acknowledgement: TÁMOP4.2.4.A/2-11-1-2012-0001;4.2.2.A-11/1/KONV-2012-0052,OTKA(83667), NAP(2013).



A kettes-típusú kannabinoid receptorok szerepe a melanómasejtek agyi áttétképzésében

Haskó János, Wilhelm Imola, Fazakas Csilla, Molnár Judit,
Nyúl-Tóth Ádám, Yuri Persidsky, Krizbai István

MTA Szegedi Biológiai Kutatóközpont, Biofizikai Intézet, Szeged, Department of Pathology and Laboratory Medicine, Temple University School of Medicine, Philadelphia, Pennsylvania

A parenchymális agyi metasztázisok kialakulása során a tumorsejteknek át kell jutniuk a vér-agy gát alapját képező agyi endotélsejtek rétegén. A metasztatikus sejtek transzendenteliális migrációjáról azonban kevés adat áll rendelkezésünkre. A tumorsejtek extravazációjának számos lépése hasonlít a fehérvérsejtekéhez. Ez utóbbit – korábbi eredményeink alapján – gátolja a kettes-típusú kannabinoid receptorok (CB2) aktiválása. Ezért megvizsgáltuk a CB2 receptorok szerepét a melanómasejtek agyi endotéliumon való átvándorlásában. CB2 receptorok mRNS-ét sikerült kimutatnunk úgy az agyi endotélsejteken, mint a melanómasejteken. Eredményeink alapján a CB2 agonisták növelték az agyi endotélsejtek transzendenteliális elektromos ellenállását, ugyanakkor csökkentették az agyi endotélsejtekre letapadó melanómasejtek számát. A CB2 agonista JWH-133 adhéziócsökkentő hatását a Gi/Go α alegység gátlásával sikerült megakadályoznunk, míg a MAP-kináz gátló U0126-tal nem. A JWH-133 csökkentette az agyi endotéliumon átvándorló melanómasejtek számát is. Ezt a hatást sikerült kivédnünk SR144528 CB2 antagonistá kezeléssel, mely bizonyítja a JWH-133 CB2 specifikus hatását. Mindezen eredmények arra utalnak, hogy a kettes-típusú kannabinoid receptorok aktivációja gátolja a melanómasejtek átjutását a vér-agy gáton. A kutatás az Európai Unió és Magyarország támogatásával, az Európai Szociális Alap társfinanszírozásával a TÁMOP 4.2.4.A/2-11-1-2012-0001 azonosító számú „Nemzeti Kiválóság Program – Hazai hallgatói, illetve kutatói személyi támogatást biztosító rendszer kidolgozása és működtetése konvergencia program” című kiemelt projekt keretei között valósult meg.

CH2 receptor activation inhibits melanoma cell transmigration through the blood-brain barrier

During parenchymal brain metastasis formation tumor cells need to migrate through cerebral endothelial cells, which form the morphological basis of the blood-brain barrier (BBB). The mechanisms of extravasation of tumor cells, however, are highly uncharacterized, but in some aspects recapitulate the diapedesis of leukocytes. Extravasation of leukocytes through the BBB is decreased by the activation of type 2 cannabinoid receptors (CB2); therefore, in the present study we sought to investigate the role of CB2 receptors in the interaction of melanoma cells with the brain endothelium. First we investigated the presence of cannabinoid and cannabinoid-like receptors in endothelial and tumor cells. We identified the presence of CB1, CB2, GPR18 (transcriptional variant 1, but not transcriptional variant 2) and GPR55 receptors, but not of GPR119 in brain endothelial cells, while melanoma cells expressed CB2, GPR18 transcriptional variants 1 and 2, GPR55 and GPR119. We observed that activation of CB2 receptors with JWH-133 reduced the adhesion of melanoma cells to the layer of brain endothelial cells. JWH-133 decreased the transendothelial migration rate of melanoma cells as well. Our results suggest that changes induced in endothelial cells by CB2 agonists are critical in the mediation of the effect of CB2 agonists. Our data identify CB2 as a potential target in reducing the number of brain metastases originating from melanoma. This research was supported by the European Union and the State of Hungary, co-financed by the European Social Fund in the framework of TÁMOP-4.2.4.A/2-11/1-2012-0001 ‘National Excellence Program’.



Agyunk védelmező rendszere a vér-agy gát: változás stressz hatására

Sántha Petra, Veszelka Szilvia, Mészáros Mária, Kiss Lóránd, Walter Fruzsina,
Oláh Zita, Tóth Andrea, Bocsik Alexandra, Pákáski Magdolna, Kálmán János,
Kittel Ágnes, Dér András, Kincses András, Deli Mária

MTA Szegedi Biológiai Kutatóközpont, Biofizikai Intézet

Korábbi tanulmányok igazolták, hogy a stressz fontos szerepet játszik ez egyes neurodegeneratív betegségek - mint például az Alzheimer-kór (AK) - kialakulásában. Az AK-ban a neuronpusztulás mellett a vér-agy gát funkciózavara is bizonyított. Korábbi eredményeink igazolták, hogy az immobilizációs stressz hatására megemelkedik a neurális degenerációban szerepet játszó β -aktin és cofilin citoskeletális fehérjék mRNS és fehérje expressziós szintje is patkányok hippocampus régiójában. Jelen kísérletünkben az immobilizációs stressz kezelést követő morfológiai változásokat vizsgáltuk. Elektron mikroszkópia mellett a citoskeletális β -aktin, az agyi endothélsejt (occludin, klaudin-5 és glükóztanszporter-1), pericyta (PDGFR- β) és astroglia (GFAP) marker fehérjék festését követően konfokális mikroszkópiával készített képeket képanalizáló programmal elemeztük. Elektron mikroszkópos felvételek igazolták a szoros kapcsolatok fellazulását. A stressz megváltoztatta a szoros kapcsolatokat alkotó klaudin-5 és occludin fehérjék immunfestésének intenzitását és elhelyezkedését, és jelentős csökkenést eredményezett az astrogliákat festő GFAP intenzitásában a kortikális régióban. Korábbi eredményeinkkel egybevágóan krónikus immobilizációs stressz hatására a β -aktin immunfestés intenzitása megemelkedett a hippocampális régióban. A vér-agy gát fontos szerepet játszik az agy működéséhez szükséges ionos homeosztázis megteremtésében, tápanyagokkal való ellátásában. Eredményeink az immobilizációs stressz által kiváltott morfológiai változást igazolták a vér-agy gát sejtjeire. A stressz által kiváltott vér-agy gát változások hozzájárulhatnak a homeosztázis felborulásához és ezzel Alzheimer-kór esetében a kognitív funkciók romlásához. Munkánk az Társadalmi Megújulás Operatív Program (TÁMOP-4.2.2.A-11/1/KONV-2012-0052) pályázat támogatásával készült.

The guardian of the brain, the blood-brain barrier: role in stress

Stress increases the risk of Alzheimer's disease (AD), in which neuronal death and blood-brain barrier dysfunction were demonstrated. Previously we described that immobilization stress changed the transcription and the protein translation of the main cytoskeletal component β -actin and its regulatory protein cofilin in the hippocampal region in rats. In the present study the effects of immobilization stress with different duration in rats were investigated on the morphology of the neuro-vascular unit. The ultrastructure of brain samples were analyzed by electron microscopy. Frontal cortex and hippocampus sections were immunostained for brain endothelial cell (occludin, claudin-5, glucose transporter-1), pericyte (PDGFR- β) and astroglia (GFAP) markers, visualized by confocal microscopy and evaluated by image analysis. Tight junction alterations and vacuolization in endothelial cells were observed by electron microscopy in brain capillaries after stress. Intensity alterations and morphological changes in the immunostaining of claudin-5 and occludin in brain capillaries were seen in all stress groups. Stress decrease the intensity of GFAP staining of glial cells in the cortical samples. In agreement with our previous Western-blot data, immobilization stress caused an increase in the intensity of β -actin immunostaining in the hippocampus. These results demonstrated that immobilization stress in rats caused morphological changes in the cells of the blood - brain barrier. Since the blood-brain barrier regulates brain homeostasis and transport of nutrients, the observed changes may be linked to functional alterations and participate in the progression of cognitive dysfunction in Alzheimer's disease. This study was supported by grant from the Ministry of Education and Culture TÁMOP-4.2.2.A-11/1/KONV-2012-0052.



A nagy (*Dendrocopos major* Linnaeus, 1758) és a kis fakopáncs (*Dendrocopos minor* Linnaeus, 1758) élőhely preferenciája puhafás ártéri erdőben, invazív növényfajok jelenlétében - előtanulmány

Ónodi Gábor, Csörgő Tibor

Nyugat-magyarországi Egyetem; Eötvös Loránd Tudományegyetem

A vizsgálatot 2012-ben a Közép-Tiszai Tájvédelmi Körzetben, egy 60-70 éves, kb. 35 hektáros, kezeletlen fűz-nyár ártéri erdőben végeztük. A területen két invazív fafaj fordul elő, az amerikai kőris (*Fraxinus pennsylvanica*) és a zöld juhar (*Acer negundo*). E két fafaj terjedése jelentős környezeti problémát jelent. Másodlagos lombkorona szintet alkotva leárnyékolják az őshonos fák újulatát, allelopatikumokkal meggátolják az őshonos fűz és nyár csemeték fejlődését. A területen szintén előforduló, gyorsan terjedő hibrid szőlőfaj (*Vitis sylvestris* x *Vitis riparia*) szintén problémát jelent. Két harkályfajt, a nagy és a kis fakopáncsot vizsgáltuk. Az előbbi fajból 11, az utóbbiból 2 költött a területen ebben az évben. A következő kérdésekre kerestük a választ: A táplálkozó-pihenő madarak mely fafajokat preferálják? Az egyedek milyen téreloszlásban vannak jelen a fákon? A fafaj preferenciák vizsgálatához felmértük az egyes fafajok, illetve a hibrid szőlőfaj gyakoriságát. A fafaj és microhabitat preferenciára vonatkozó adatokat teljes éven át, heti rendszerességgel gyűjtöttük egy 2,5 km-es transzekt mentén, egy adott egyedet 5 percig figyelve (n(nagy fakopáncs)=540, n(kis fakopáncs)=49). Az amerikai kőrist és a zöld juhart nagy egyedszámuk ellenére egyik vizsgált faj sem preferálta, mindkét faj az őshonos fafajokat részesítette előnyben. A kis fakopáncsok gyakoriságukhoz képest nagymértékben keresték táplálékaikat a hibrid szőlő karvastagságú száraiban. A nagy fakopáncsok a fákon főként a felsőbb régiókban, a törzsön, a kis fakopáncsok a lombsátor legvékonyabb ágain mozogtak. A jelenlegi állapothoz képest az őshonos fafajok állománycsökkenése a vizsgált fajok számára szuboptimális élőhely kialakulásához vezet. Mivel ezen élőhely típusban a vizsgált fajok a fő odúkészítők, az említett változások más odúlakó állatfajok helyzetét is befolyásolhatják.

The habitat preference of Great-spotted Woodpecker (*Dendrocopos major* Linnaeus, 1758) and Lesser-spotted Woodpecker (*Dendrocopos minor* Linnaeus, 1758) in a riparian forest, in the presence of invasive plant species - preliminary study

This study was done in the Central Tisza Landscape Protection Area, in 2012. Our study area was an unmanaged poplar-willow forest. There are two invasive tree species in the area, the Red Ash and the Boxelder Maple. These two species reproduce more effectively and are much more abundant than the native species in the study area. There are also invasive hybrid wild grapes, which is also a widespread problem in floodplain forests in Hungary. We studied Great-spotted and Lesser-spotted Woodpeckers. Our questions were: Which arboreal species were preferred by the foraging woodpeckers? How did the birds spatially distribute between microhabitats? To determine the spatial distribution, we gathered our data through a weekly standard 2.5 km long transect (n(Great-spotted)=540, n(Lesser-spotted)=49). Based on our findings we determined that despite the much lower abundance of the native trees, they turned out to be more preferred species for the birds. Surprisingly, the hybrid grape is as preferred as native trees by Lesser-spotted Woodpeckers. On the microhabitat scale the Great-spotted Woodpeckers preferred the upper parts of the trees, they moved mainly on the trunk. The Lesser-spotted Woodpeckers used the thinnest branches in the canopy. In conclusion we feel confident to predict that the decrease of the native tree species may result in a suboptimal habitat compared to the current situation. As the major cavity excavators, the study species play key role in alluvial forest communities, the above mentioned changes will have a significant effect on the population dynamics of numerous cavity dependent species.



Országos léptékű elterjedés- és állománybecslések: térbeli modellezés a romániai Mindennapi Madarak Monitoringja program keretén belül gyűjtött adatok használatával

Benkő Zoltán, Cristian Domșa, Gábos Ede, Veres-Szászka Judit, Szabó D. Zoltán

*Román Madártani Egyesület / BirdLife Romania,
Babeș-Bolyai Tudományegyetem, Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet*

A madarak, ökológiájuknak köszönhetően kiválóan jelzik az élőhelyeiken zajló változásokat. Ezért az elmúlt évtizedekben számos monitoring program indult Európában, melyek ezen időbeli változásokat igyekeznek követni. Az így gyűjtött információk, más megközelítés segítségével alkalmasak lehetnek térbeli eloszlások és állományméretek becslésére is. A romániai Mindennapi Madarak Monitoringja program keretén belül 2010 és 2013 között 375, az ország területén megközelítőleg egyenletesen elszórt mintavételi négyzet volt felmérve. Összesen 3667 pontról származó jelenlét és hiány adat valamint 28 környezeti változó felhasználásával modelleztük a gyakori fajok sűrűségének térbeli eloszlását az R programozási nyelvben megírt TRIMmaps csomag segítségével. Bár kizárólag a modell eredmények nem elégségesek a pontos becslésekhez, az így nyert ismeretek egyéb módszerek hiányában kiemelt fontossággal bírhatnak.

Estimating distributions and population size on a national scale: Evaluation of data obtained from the Romanian „Common Bird Monitoring” scheme using spatial modeling techniques

Due to their ecology, birds react within short periods of time to the changes in their habitats. Therefore, in the recent decades, a number of monitoring programs have been launched across Europe, aiming to follow these temporal changes / trends, and to use them as indicators for the condition of the habitats on a landscape level. The information collected by these monitoring schemes however may be used in another approach to estimate spatial distributions and population sizes. Between 2010 and 2013, in Romania 375 uniformly distributed squares were sampled within the “Common Bird Monitoring” program. Using the presence and absence data from 3667 sampling points and 28 environmental variables, the spatial distribution of several species’ densities were modeled. All models were created using the TRIMmaps package written in the R programming language. Although the exclusive use of models is not sufficient for accurate estimates, the knowledge obtained by them may be of particular importance, especially in the absence of alternative methods.



Költő vízimadarak felmérése Romániában

Veres-Szászka Judit, Ciprian Fântână, Cristian Domşa, Gábos Ede

Societatea Ornitologică Română / BirdLife Romania

A nemzetközileg alkalmazott téli vízimadár-számlálások évek óta megbízható adatokat szolgáltatnak a vízi madarak állományváltozásait illetően, de nem vonatkozathatóak országos költő populációkra. Így hiányoznak azok a demográfiai adatok, amelyek a téli számlálások során észlelt változásokat magyarázhatnák. Továbbá a vizes élőhelyek eltűnése és leromlása szintén sürgetővé teszi az országos léptékű adatok gyűjtését. Az előadás során bemutatott felmérési módszer e hiány pótlásaként arra hivatott, hogy minél átfogóbb képet nyújtson a Romániában költő vízi madarak állományairól és elterjedéséről. A 2013-ban indított felmérés során 69, 2x2 km-es rétegzett random módon kijelölt négyzetről gyűjtöttünk adatot, 37 felmérő segítségével, négy előre meghatározott időszakban, április-július között. A megfigyelők a négyzeten töltött idő első felében négy, vízpartokon előre kijelölt helyen végeztek pontszámlálást. Később bejárták a négyzeten található vizes élőhelyeket, majd a nap végén megbecsülték az észlelt célfajok költő állományait. Az előadásban bemutatjuk a felmérés részleges eredményeit valamint az időközben gyűjtött tapasztalatokat és tanulságokat.

Breeding waterbird survey in Romania

Though the international waterbird censuses provide reliable data regarding the population changes of wintering waterbirds, these cannot be used on a national scale. Thus, there is a lack in demographic data that could explain the changes detected by the winter counts. In addition, the degradation and loss of wetland habitats also urges the implementation of a national breeding bird scheme. The method presented, being the first step of filling in this gap in our knowledge, aims to provide on a national scale a comprehensive picture regarding the population size and distribution of breeding waterbirds. During the survey in 2013, 69, 2x2 km squares were visited, and data was collected in four pre-established periods between April and July by 37 observers. In the first part of each field trip the observers made point counts on four points placed in the proximity of water surfaces, then covered all wetland habitats by transects. Finally, in the end of the day, the breeding populations of the target species observed were estimated. In the presentation the results and the experiences regarding the survey will be discussed.



A madártoll szerkezetének változatossága a repülési mód és az életmód függvényében

Pap Péter László, Sándor Krisztina, Osváth Gergely, Vincze Orsolya,
Bárbos Lőrinc, Marton Attila, Vágási I. Csongor

Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, Babeş-Bolyai Tudományegyetem

A madár tollazatának kiemelkedő szerepe van a repülésben, hőszigetelésben, a víz lepergetésében és a kommunikációban. A toll fizikai jellemzői és struktúrája a fenti szerepeknek megfelelően változhat, ellenben a fajok között megfigyelhető változatosság mértékéről és ennek okairól keveset tudunk. Egy összehasonlító vizsgálat keretében 137 madárfajtól gyűjtöttünk külső és belső evezőtollakat, és arra próbáltunk választ adni, hogy az egyes fajok viselkedésmódi és életmódbeli jellemzői hogyan befolyásolják a repülő tollak fizikai paramétereit és mikroszerkezetbeli sajátosságait. A csapkodó repülési móddal jellemezhető fajok tollszárvastagsága vékonyabb a siklórepülő fajokéhoz viszonyítva, ami a vitorlázó repüléshez szükséges merev tollszár és szárnyfelület jelentőségére utal. A magas frekvenciával jellemzett csapkodó repülő evezőtollainak zászló felülete sűrű szerkezetű, ami a légnyomással szembeni alacsony áteresztőképességre utal. A tollszár vastagságának és az ágak denzitásának a növekedése a belső és a külső evezők között a csapkodó repülő fajok esetében a legjelentősebb. Ez arra enged következtetni, hogy a külső tollakon az aerodinamikai nyomás a csapkodó repülő fajok esetében a legnagyobb. Továbbá a vízi életmódnak találtuk fontos szerepét a tollszerkezet tekintetében, ugyanis a vízi fajok tollszár vastagsága vékonyabb, míg a tollzászló denzitása magasabb volt a szárazföldi fajokéhoz viszonyítva. A vedlés során fellépő kényszerhatások közül a vedlési idő bizonyult fontos tényezőnek. Vizsgálatunk szerint a fajok repülési szokásai és életmódbeli jellemzői fontos szerepet játszanak a fajok között megfigyelhető tollstruktúra változatosságának a kialakításában.

Interspecific variation in the structural properties of flight feathers in birds: an adaptation to flight and habitat

The structure of flight feathers may vary in function of their use. However, the adaptive value of the large among-species variability in feather structure is poorly understood. We conducted a phylogenetic comparative analysis on several structural measures of proximal and distal primary feathers of 137 European bird species and found that species characterized by low wing-beat frequency flight (soaring and gliding) have feather shaft of large diameter and vanes with low branching density (low number of barbs and barbules per unit length) related to birds with active flapping flight. These results support the hypothesis that birds with soaring and gliding flight are selected for stiffer feathers with large shaft diameter to generate more lift by increasing the effective surface area of the aerofoil (i.e. wing). The high branching density of the vane in flapping flyers may have evolved as a response to reduce the transmissivity of the wing under strong aerodynamic pressure. The increase in shaft diameter and barb density from the proximal to distal wing feathers was the highest in species with flapping flight indicating that the aerodynamic pressure on distal feathers is the strongest in flapping flyers. The reduced shaft diameter and high barb and barbule density of feathers of aquatic species suggest an adaptation to increase water repellence and resistance to water penetration. Finally, we found little evidence for the moult constraint of feather quality traits, except the barb density: species with long moult duration, which does not overlap with other costly life-history stages (i.e. breeding, migration) have the highest barb density of the vane. Our results show that flight style, habitat and moult shape the structural aspects of flight feathers, and so brings new findings about the function of feather structure in birds.



A sejtközi adhézió szerepe az agyi áttétek kialakulásában

Végh Attila Gergely, Fazakas Csilla, Wilhelm Imola,
Molnár Judit, Szegletes Zsolt, Krizbai István és Váró György

MTA SZBK Biofizikai Intézet, Szeged

A rosszindulatú tumorok agyi áttétei igen rossz prognózissal és korlátozott terápiás lehetőséggel bírnak. Az agyi metasztatizisok leggyakrabban tüdőrák (50%), mellrák (15-20%) illetve melanoma (10%) eredetűek, utóbbi esetében kiemelkedő gyakoriság mutatható ki. Magyarországon évente 1700 új melanómát diagnosztizálnak, s ez a szám sajnos növekvő tendenciát mutat. A radioterápiát és a sebészi eltávolítást leszámítva szinte ki is merül a kezelés lehetőségeinek tárháza. Ennek fényében az áttétek kialakulásának megakadályozása, vagy akár gyakoriságának csökkentése is alternatívát jelenthet. Nyirokkeringés hiányában, a központi idegrendszerbe való áttétképzés folyamatában kulcsszerep jut a vér-agy gátnak, melynek első védvonalá az ereket bélelő endotélsejtek szoros kapcsolatokkal átszőtt rétege. A véráramban sodródó tumorsejteknek először megfelelő tapadást kell kialakítaniuk ezt követően keresztülfurakodni az endotélsejtek rétegén. Laboratóriumunkban, egyedi élő sejtek nano-mechanikai tulajdonságait vizsgáljuk atomerő mikroszkóp segítségével. Különböző eredetű egyedi melanóma sejtet rögzítünk az atomerő mikroszkóp tú nélküli rugólapkájához, majd egy konfluens endotél réteghez közelítve erő-benyomódás görbéket készítünk. A két sejt között fellépő adhéziót vizsgáljuk a kontaktussal töltött idő, valamint a sejtközi nyomás függvényében. Az intercelluláris adhézió felbomlása elemi események sorozatára bontható, melyek méret eloszlása a tapadás lenyomatának tekinthető. Kísérleteinkben összefüggéseket keresünk a tapadási események méret eloszlása valamint a sejtek metasztatikus potenciálja között. A tapadási szakadások mintázatának ismerete fontos részleteket szolgáltathat a sejtközi adhézió felépülésének folyamatához. A projekt keretében gyűjtött intercelluláris paraméterek széles spektrumára alapozva az agyi metasztatizisok kialakulásának részletesebb leírása mellett, új farmakológiai valamint terápiás lehetőségek kerülhetnek felszínre. A kutatás a TÁMOP 4.2.4.A/2-11-1-2012-0001 Nemzeti Kiválóság Program című kiemelt projekt keretében zajlott. A projekt az Európai Unió támogatásával, az Európai Szociális Alap társfinanszírozásával valósul meg.

Involvement of intercellular adhesion in brain metastasis formation

Presence of brain metastasis is of very poor prognosis; the median survival time can be counted in months, rarely few years. The most common origins of brain metastases include lung cancer (50%), breast cancer (15-20%) and melanoma (10%), the latter showing an outstanding rate of brain metastasis formation. The treatment possibilities are predominantly limited to surgical intervention and radiotherapy. Therefore, prevention or lowering their incidence would be highly desired both by patients and physicians. Since the central nervous system (CNS) lacks lymphatic circulation, metastatic cells invading the CNS must breach the blood-brain barrier. The key step in this process is the establishment of firm adhesion between the blood-traveling cell and the cerebral endothelial layer. In our laboratory, we perform morphological and nano-mechanical investigation of living cells, with an atomic force microscope. As the melanoma has an elevated potential to form metastases to the brain, we have investigated the adhesion formation between a melanoma cell and a confluent layer of cerebral endothelial cells. Intercellular adhesion was measured at physiological conditions. Adhesion strength dependence upon applied load and contact time is investigated for cancer cells of different origin. The size distribution of individual ruptures is a hallmark of the adhesion formation, which are compared in case of multiple cancer cell types with different metastatic potential. This research was supported by the European Union and the State of Hungary, co-financed by the European Social Fund in the framework of TÁMOP 4.2.4. A/2-11-1-2012-0001 'National Excellence Program'.



A PACAP neuropeptid javítja az agyi mikroér endothelium barrier tulajdonságait

Fazakas Csilla, Wilhelm Imola, Tamás Andrea, Tóth Gábor, Reglödi Dóra, Krizbai István

MTA SZBK Biofizikai Intézet, Szeged

Az agyi kapillárisok endotélsejtjei az őket körülvevő pericitákkal és asztrocitákkal együtt alkotják a vér-agy gátat. A vér-agy gát az endotélsejtek közötti folytonos szoros kapcsolatok, specifikus transzportrendszerek, receptorok és enzimek jelenléte által szabályozza a különböző molekulák transzportját, és ezáltal biztosítja a központi idegrendszer homeosztázisát. A hipofízis adenilát-cikláz aktiváló polipeptid (PACAP) számos sejtvédő hatással rendelkezik. Keveset tudunk azonban arról, hogy hogyan hat a PACAP az agyi endotélsejtekre, illetve a vér-agy gát barrier tulajdonságaira. In vitro vér-agy gát modellen végzett kísérleteinkben kimutattuk, hogy a PACAP-nak nem volt jelentős hatása az agyi endotélsejtek túlélési képességére; ugyanakkor PACAP jelenlétében jelentősen javultak az agyi endotélsejtek barrier funkciói. A PACAP kezelés eredményeként emelkedett az agyi endotélsejtek transzendentáliás elektromos ellenállása (TEER), mely a sejtek közötti szoros kapcsolatok állapotának fontos jellemzője. Továbbá agyi endotélsejtekben a PACAP védelmet biztosított az oxidatív stressz és a glükóz megvonás által okozott junkcionális károsodás ellen. A kutatás a TÁMOP 4.2.4.A/2-11-1-2012-0001 azonosító számú Nemzeti Kiválóság Program – Hazai hallgatói, illetve kutatói személyi támogatást biztosító rendszer kidolgozása és működtetése országos program című kiemelt projekt által nyújtott személyi támogatással valósult meg. A projekt az Európai Unió támogatásával, az Európai Szociális Alap társfinanszírozásával valósult meg.

PACAP Enhances Barrier Properties of Cerebral Microvessels

Cerebral microvascular endothelial cells – coming in contact with pericytes and astrocytes – constitute the structural basis of the blood-brain barrier (BBB). The continuous belt of interendothelial tight junctions (TJs) and the presence of specific transport systems, enzymes and receptors in the brain endothelium regulate the molecular and cellular traffic into the central nervous system. Pituitary adenylate cyclase activating polypeptide (PACAP) is a neuropeptide having several cellular protective effects. However, little is known about the effects of PACAP on the cerebral endothelium and BBB functions. Here we show that PACAP has no significant pro-survival role in cerebral microvascular endothelial cells; however, it improves the barrier properties of the brain endothelium. PACAP induces an increase in the transendothelial electrical resistance, which is the most important marker of the tightness of the TJs. Moreover, PACAP has a protective role against glucose-deprivation- and oxidative stress-induced junctional damage in microvascular brain endothelial cells. The research of Csilla Fazakas was supported by the European Union and the State of Hungary, co-financed by the European Social Fund in the framework of TÁMOP 4.2.4. A/2-11-1-2012-0001 ‘National Excellence Program’.



Az egér csontvelői mesenchymalis őssejtek heterogenitása differenciálódás és immunzsuppresszió szempontjából

Szabó Enikő, Czibula Ágnes, Fajka-Boja Roberta, Kriston-Pál Éva,
Uher Ferenc, Kudlik Gyöngyi, Katona Róbert, Monostori Éva

MTA Szegedi Biológiai Kutatóközpont, Genetikai Intézet, Szeged; Országos Vérellátó Szolgálat, Budapest

Az egér csontvelői mesenchymalis őssejtek (BMMSC) vagy stroma sejtek adherens, kolóniát képző, multipotens sejtek, melyek *in vivo* osteoblast, chondrocyta és adipocyta irányban differenciálódnak. Számos emberi betegség állati modelljében sikerrel alkalmaztak MSC terápiát, melynek háttérében az állhat, hogy az MSC-k elősegítik a szöveti regenerációt és az érképződést és visszaszorítják a szövetkárosodás helyén fellépő gyulladásos folyamatokat és az immunválaszt. Annak ellenére, hogy az MSC terápia preklinikai és klinikai tanulmányainak száma lépten-nyomon nő, több alapvető kérdés az MSC biológia területén tisztázásra szorul. Már az MSC kutatás első éveiben fény derült arra, hogy az MSC populáció differenciálódás szempontjából heterogén. Az utóbbi években az MSC-k terápiás hatékonyságát trofikus és immunzsuppresszív hatásuknak tulajdonítják. Ugyanakkor klonális szinten az MSC-k immunzsuppresszív tulajdonságairól kevés és egymásnak ellentmondó információ áll rendelkezésünkre. A mi munkánk célja az volt, hogy egy sejt eredetű MSC klónok vizsgálatán keresztül többféle szempontból jellemezzük az egér BMMSC populáció heterogenitását: sejtfelszíni marker expresszió, differenciálódási képesség, érképződés támogatása és immunmoduláció. Az általunk vizsgált MSC klónok immunzsuppresszív funkciójukban tértek el jelentős mértékben. Az MSC klónok eltérő mértékig gátolták a mitogén-aktivált T-sejtek proliferációját és enyhítették az ovalbumin által kiváltott késői típusú túlérzékenységi (angolul DTH) reakciót. Az MSC klónok közötti különbség azonban gyulladásos környezetre jellemző citokinek hatására mérséklődött, ekkor az MSC klónok egyöntetűen erőteljesen gátolták a T-sejtek proliferációját és az ovalbumin által kiváltott DTH reakciót. Eredményeinkből az is látszott, hogy az MSC klónok eltérő faktorok révén fejtik ki immunzsuppresszív hatásukat.

Uniform or different? Heterogeneity of murine bone marrow mesenchymal stem cells in differentiation and immunosuppression

Bone marrow mesenchymal stem or stromal cells (BMMSCs) are adherent, colony-forming cells and are defined as multipotent cells differentiating into several cell types (e.g. osteoblasts, chondrocytes and adipocytes). BMMSCs were found therapeutically beneficial in models for numerous human diseases by multiple processes including enhancement of tissue regeneration, supporting angiogenesis, subduing inflammation and modulating the immune response at the site of tissue damage. Despite the incessantly increasing number of preclinical and clinical MSC studies, there are some basic issues about MSCs, which still remain unresolved. The heterogeneity in differentiation potential of MSCs was demonstrated decades ago. Up to this day, few and inconsistent data have been collected reporting uniform or different immunosuppressive properties of single MSC clones, even if it is highly relevant to the therapeutical effectivity of MSCs. We aimed to examine the heterogeneity of murine BMMSC population through characterizing 6 single cell-derived BMMSC clones in terms of cell surface marker expression, differentiation potential, support of angiogenesis and immunomodulatory properties. MSC clones were found to be remarkably different only in their immunosuppressive features. MSC clones inhibited mitogen-activated T cell proliferation and alleviated the ovalbumin-induced delayed-type hypersensitivity (DTH) response at different extent, although inflammation-mimicking milieu could turn MSC clones to a strongly inhibitory phenotype and more effective in the prevention of DTH response. Our results also suggested, that immunosuppression mediated by different MSC clones involves different factors.

**A bursa Fabricii dendritikus sejtjeinek karakterizálása egy új monoklonális ellenanyaggal**

Harmati Petra-Anikó, Nagy Nándor

*Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, Babeş-Bolyai Tudományegyetem
Simmelweis Egyetem, Általános Orvostudományi Kar Humánmorfológiai és Fejlődésvirológiai Intézet*

A bursa Fabricii a madarakra jellemző primer nyirokszerv, amelynek folliculusaiban a B limfocita prekursorok proliferációja és differenciálódása történik. A folliculusok stromális sejtjének hálózata (hámretikulum és vimentin intermedium filamentumot termelő dendritikus sejtek) hozzá léte a B sejtek éréséért felelős bursai mikrokozmoszt. Habár a csirke dendritikus sejtek kimutatására többféle marker is használható, ezekre a sejtekre specifikus ellenanyag jelenleg nem elérhető. Munkám során egy új, 10C12 elnevezésű, bursa sejtek ellen termeltetett egér monoklonális ellenanyag immuncitokémiai tesztelését végeztem el különböző korú embriók és kikelt állatok nyirokcszervein. A müncheni egyetemen készített ellenanyag immunhisztokémiai festése során azt tapasztaltuk, hogy a 10C12 nevű ellenanyag a bursa folliculus velőállományának szekréciós dendritikus sejtjeit, valamint az embrióban ezek előalakjait jelöli. A kettős immunfluoreszcencia festések azt mutatták, hogy a 10C12 ellenanyag a többi nyirokszerv dendritikus sejtjeit (coecalis tonsillában a folliculáris dendritikus sejtjeit, valamint a lép fehérpulpájának ellipszoid-asszociált sejttrétegét) is jelöli. Továbbá, konfokális mikroszkópiával kimutattuk, hogy 10C12 ellenanyag által felismert antigén citológiai lokalizációja alapján a dendritikus sejtek membránjára koncentrálódik. Következtetés: feltételezzük, hogy a 10C12 ellenanyag olyan membrán antigént ismer fel, melyet a dendritikus sejtek és prekursorai fejlesztenek ki. A 10C12 antigén molekulatömegének meghatározása folyamatban van.

Characterization of bursal secretory dendritic cells with a novel monoclonal antibody

The bursa of Fabricius (BF) is a primary lymphoid organ in the birds responsible for B-cell maturation within its follicular units. Stromal cells of the bursal follicles (epithelial reticular cells and dendritic cells) create the bursa specific microenvironment for the developing B-cells. As an effort to learn how the antigen presenting dendritic cells of the bursa develop a panel of mouse monoclonal antibodies (mAb) were produced against cell suspension of the chicken BF. This study characterizes the expression pattern of a novel mAb designated 10C12, on the primary and secondary lymphoid organs of chicken, in different developmental stages. The immunohistochemical analysis showed that 10C12 mAb specifically recognizes the bursal secretory dendritic cells in the medulla of the bursal follicles and its precursors in the embryo. Double immunofluorescence staining of the adult tissues clearly showed that 10C12 mAb also marks the dendritic cells in other lymphoid organs (cecal tonsil's follicular dendritic cells and ellipsoid-associated cells in the white pulp of spleen). Confocal microscopic analysis demonstrated that the antigen, recognized by 10C12 mAb, was concentrated in the cell membrane of the dendritic cells. Taken together, these data suggest that 10C12 mAb recognized ramified cells in the embryonic bursal primordium, and these cells are differentiated to secretory dendritic cells. Determination of the molecular weight of the 10C12 antigen is in progress.



A kakasmandikó (*Erythronium dens-canis*, Liliaceae) európai léptékű filogeográfiája

László Bartha, Gábor Sramkó, Polina A. Volkova, Boštjan Surina,
Alexander L. Ivanov, Horia Banciu

Institutul de Cercetări Interdisciplinare în Bio-Nano Științe, Universitatea Babeș-Bolyai

Az európai elterjedésű, mérsékelt égövi növényfajok filogeográfiája az arktikus és alpin fajok filogeográfiájánál sokkal kevésbé kutatott. Továbbá, egy széles európai elterjedéssel rendelkező faj populációinak genetikai strukturálódását még nem vizsgálták egy nyugati – keleti (longitudinális) földrajzi grádiens mentén közép Európa „magasságában”. A jelen tanulmányban a kakasmandikó filogeografiáját vizsgáltuk a faj teljes áréája mentén két nem-kódoló plasztisz régió (rpl32-trnL és rps15-ycf1) segítségével. Az eredmények egy eddig nem dokumentált filogeográfiai mintázathoz vezettek, mely az *Erythronium* nemzetség három, földrajzi átfedést nem mutató kládján alapul: egy kaukázusi klád („*E. caucasicum*”), egy erdélyi elterjedésű és genetikailag diverz klád, valamint egy nyugat Európától a Balkánig terjedő, genetikailag homogén ún. nem-erdélyi klád. A három klád között egy feloldatlan politómia létezik, ami azt sugallja, hogy a szétválás ősi. Az erdélyi klád megléte az eddigi „legerősebb” bizonyíték egy mérsékelt égövi növényfajnak a Kárpát-medence keleti részében való túlélésére a negyedidőszaki eljegesedések idején. Az erdélyi klád nagyfokú genetikai diverzitása arra utal, hogy a faj Erdélyen belül több mikrorefugiumban élte túl a glaciálisokat. Az eredmények kiemelik az Erdélyi-medencének a mérsékelt égövi növényfajok negyedidőszaki történetében betöltött refugialis és a genetikai diverzitást fokozó szerepét.

Phylogeography of *Erythronium dens-canis* (Liliaceae) at a European scale

Quaternary history of temperate European plants is still poorly understood when compared with that of the arctic-alpine species. Moreover, their phylogeography is rarely considered from a western – eastern European longitudinal gradient. We here used *Erythronium dens-canis* L. as a model organism to study its genetic division across a longitudinal European gradient. This species has a wide range in terms of longitudes (from the Atlantic coast to the Carpathians) and a relatively narrow range in terms of latitudes (doesn't penetrate above the Alps or in southern parts of main South European peninsulas). Nucleotide variation in the rpl32-trnL and rps15-ycf1 plastid regions among 52 populations of *E. dens-canis* from most of its distribution range uncovered a phylogeographically unique pattern. This relies on two, geographically non-overlapping phylogroups: a genetically more diverse Transylvanian lineage with a narrow distribution range and a genetically more homogenous 'non-Transylvanian' lineage with widespread geographic distribution. The revealed pattern conforms to a previously undocumented eastern richness – western purity phenomenon. The Caucasian, Transylvanian and non-Transylvanian clades form an unresolved polytomy suggesting their island like (vicariant) isolation. Eastern and Southern Carpathians, as well as Pannonian and South-Ukrainian steppes most likely had the highest impact on the formation of the above structures. The results underline a previously underestimated role of Transylvania (incl. Apuseni Mts.) in generating diversity among temperate herbs and serving them as glacial refuge.



**Az endémikus jósika orgona (*Syringa josikaea*) jelenlegi
elterjedésének vizsgálata az Erdélyi Szigethegységben**

Tamás Réka, Macalik Kunigunda, Kolcsár Levente- Péter, Keresztes Lujza

Babeş- Bolyai Tudományegyetem

A Kárpátokban endémikus jósika orgona (*Syringa josikaea* Jacq.ex Rchb.) jelenlegi elterjedését vizsgáltuk az Erdélyi Szigethegységben. Az irodalmi adatok alapján felkutattuk a faj korábbi előfordulási helyeit, az elterjedését befolyásoló biotikus és abiotikus tényezőket. A Jád völgyén azonosítottuk a legnagyobb populációt (94 klón) és csak egy pár egyed volt jelen a Sebes völgyén (3 egyed), az Aranyos mentén (5 egyed), és a Fekete Körös mentén (5 egyed). A Dregán völgyéről, a Meleg Szamos völgyéről és a Sebes Körös völgyéről eltűnt a faj. Eltűnése nagy valószínűséggel az antropikus hatásoknak tudható be (út és gátépítés, erdőkitermelés). Így az alig 200 éve felfedezett faj mára a kihalás szélére került. A völgyek mentén a kertekben is találtunk jósika orgonát, a helyiek kedvelik a növényt a kellemes megjelenése és az illatos virágok miatt.

**Present status of the *Syringa josikaea* Jacq.ex Rchb.,
an endemic species in the Apuseni Mountains**

This paper presents the actual distribution of the Carpathian endemic vascular plant, *Syringa josikaea* Jacq.ex Rchb. in the Apuseni Mountains, Romania. With the help of literary works on the species, we have researched its past range, and factors, both biotic and abiotic, influencing its spread. The largest population we've managed to find was on the valley of the Iad river (94 clones), with only a few specimens on the valleys of the Hent (3 specimens), Aries (5 specimens) and Crisul Negru (5 specimens) rivers. The species has disappeared from the valleys of the Dregan, Someşul Cald, and Crişul Repede rivers. The disappearance of these populations was most likely due to anthropic factors (constructions of roads and dams, exploitation of the forests). Thus, the species, which was only discovered 200 years ago is now on the brink of extinction. These plants can also be found in the gardens of the locals, who live along these valleys, they enjoy the plant for its aesthetic appearance and fragrant flower.



A nagyváradi lótosz reliktum voltáról – egy molekuláris genetikai kitekintés

Laczkó Levente, Lukács Balázs András, Molnár V. Attila, Sramkó Gábor

Debreceni Egyetem TTK Növénytan Tanszék; MTA ÖKK DKI Tisza-kutató Osztály, Debrecen; MTA-ELTE-MTM Ökológiai Kutatócsoport, Budapest

A Nagyvárad melletti Püspökfürdő termájában élő hévízi tündérrózsa (*Nymphaea lotus* var. *thermalis*) különleges jelentőséggel bír mind a magyar, mind pedig a román növényföldrajzi irodalomban – mind a magyar (Borhidi & Sánta in Borhidi & Sánta 1999), mind a román (Pop in Beldie & Morariu 1976) botanika a jégkorszakokat megelőző, Tercier időszak maradványának tekinti, noha egyes szerzők ezt kétségbe vonják. Természetvédelmi jelentőségét adja, hogy az EU élőhelyvédelmi irányelvében (43/92/EGK) külön védendő élőhelyként szerepel (“31A0* Transylvanian hot-spring lotus beds”). A molekuláris genetikai eszköztárat használó vizsgálataink során az alábbi kérdésekre kerestük a választ: (i) genetikailag valóban jelentősen elkülönül-e a püspökfürdői növény afrikai fajtársaitól, így elképzelhető-e a kb. 2,5 millió éves izoláció; (ii) a faj filogeográfiai mintázata alapján mely állományok állnak genetikailag legközelebb az erdélyi növényekhez? Ezen kérdések megválaszolásához Erdélyből, Egyiptomból, Etiópiából, Elefántcsontpartról és a Dél-Afrikai Köztársaságból származó terepi mintákat szekvenáltunk, de a GenBank adatbázisból származó szekvenciákkal is dolgoztunk. Vizsgálataink során – a molekuláris óra elméletét és a nemzetség datált filogenetikáját (Löhne et al. 2008) felhasználva – megállapítottuk, hogy a püspökfürdői növények nrITS és trnT-trnL IGS régiójában nem halmozódott fel annyi mutáció, amennyit kb. 2,5 millió éves izoláció esetén várhatnánk a nemzetségen belüli egyenletes mutációs rátát feltételezve. Másrészt a sejtmagi rITS, valamint a plasztidban kódolt három, gyorsan mutálódó IGS régió (trnT-trnF, psbM-trnD, rpl32-trnL) mintegy 2450 bp-nyi szekvenciája alapján az erdélyi növények teljesen megegyeztek az egyiptomi mintákkal. Ebből azt a következtetést vonjuk le, hogy a püspökfürdői növények nem lehetnek Tercier reliktumok, hanem az evolúciós léptékben mért közelmúltban Egyiptomból történt betelepülés vagy betelepítés során kerültek a faj áréájának szélére.

On the relict origin of *Oradea Lotus* – in molecular perspective

The *Oradea Lotus* (*Nymphaea lotus* var. *thermalis*), living in a thermal spring near Baile-1-May close to Oradea (W Romania), has a special importance for the Hungarian and the Romanian biogeographic literature – both countries’ botany (Pop in Beldie & Morariu 1976, Borhidi & Sánta in Borhidi & Sánta 1999) considers, although equivocally, this species to be a Tertiary relict. The conservational importance of the occurrence is emphasised by the inclusion of its habitat in EU’s Habitats Directive (43/92/EGK) as a separate habitat (“31A0* Transylvanian hot-spring lotus beds”). In our study utilising molecular genetic tools we ask the following questions: (i) is the Transylvanian plant that much significantly isolated genetically from the conspecific populations of Africa what we can expect during a ca. 2,5 My old isolation; (ii) based on the phylogeography pattern, what are the genetically most closely related populations to the Transylvanian plants? To answer these questions, we sequenced field-collected samples from Transylvania, Egypt, Ethiopia, Ivory Coast and South Africa, but also used sequences from GenBank. By using the theory of molecular clock and the dated phylogeny of the genus (Löhne et al. 2008), we found much less mutations in the nrITS and trnT-trnL IGS region of the Transylvanian plants than what we could expect during a ca. 2.5 My old isolation. Secondly, the ca. 2450 bp long combined sequence of the nuclear rITS plus three fast-evolving plastid IGSS (trnT-trnF, psbM-trnD, rpl32-trnL) could not differentiate the Transylvanian plants from the Egyptian ones. To sum, we conclude the non-Tertiary relict nature of the Romanian plants and postulate an evolutionary recent colonisation or transplantation from Egypt.



Kárpát-medencei sáfrány fajok molekuláris taxonómiai vizsgálata

Mosolygó-Lukács Ágnes, Sramkó Gábor, Barabás Sándor, Surányi Gyula

Debreceni Egyetem: TTK Növényteni Tanszék; Budapesti Corvinus Egyetem: Növényteni Tanszék és Soroksári Botanikus Kert

A morfológiailag és citogenetikailag meglehetősen változatos tavaszi sáfrány (*Crocus vernus* agg.) alakkört a Kárpát-medencében az alábbi taxonok képviselik: *C. albiflorus* Kit., *C. heuffelianus* Herb., *C. scepusiensis* (Rehm. & Wol.) Borb., *C. vittatus* Schloss. & Vukot. Molekuláris taxonómiai vizsgálataink során 31 Kárpát-medencei sáfrány populációból (Magyarország, Románia, Ukrajna, Szlovákia, Horvátország) 65 egyedet vizsgáltunk, hogy megállapíthassuk a Kárpát-medencei fajok taxonómiai helyzetét. A filogenetikai kapcsolatok feltárása a plaztídban kódolt accD-psal IGS régió (cpIGS) és egy DNS ujlenyomat technika (AFLP) alapján történt. A populációk közti genetikai távolságok alapján készített szomszéd-összevonó ("neighbour-joining") fa és a maximum parsimónia alapján épített filogenetikai fa a populációkat alapvetően egy statisztikailag erősen támogatott balkáni és adriai kládra osztja. A balkáni csoportot az erdélyi *Crocus heuffelianus* és *Crocus vittatus* populációk, valamint a magyar *Crocus tommasianus* populáció (utóbbi őshonos volta vitatott!) alkotja. Az adriai ághoz a magyar és horvát *Crocus vittatus* és *Crocus albiflorus* populációk tartoznak. A felvidéki *Crocus scepusiensis* populációk a cpIGS adatok alapján a balkáni kládba, míg az AFLP adatok alapján az adriai kládba tartoznak. Eredményeinknek ez a fajta inkongruenciája a taxon hibrid eredetét feltételezi. Kariológiai vizsgálataink során a *Crocus scepusiensis* esetén $2n=18$ kromoszómát számoltunk, ezzel alátámasztva, hogy a taxon a balkáni $2n=10$ kromoszómaszámú klád (pl. erdélyi *Crocus heuffelianus*) és a $2n=8$ kromoszómaszámú az adriai klád (*Crocus albiflorus*) allopoliploid hibridje. Esetleg hasonló fajképződési folyamat vezethetett a Kárpát-medence déli felében a *Crocus vittatus* ($2n=18$) kialakulásához is. A kutatás a TÁMOP-4.2.4.A/2-11/1-2012-0001 Nemzeti Kiválóság Program című kiemelt projekt keretében zajlott. A projekt az Európai Unió támogatásával, az Európai Szociális Alap társfinanszírozásával valósul meg.

Molecular taxonomic analysis of the *Crocus* species in the Carpathian Basin

Within the morphological and cytological variable *Crocus vernus* aggregate the following taxa are described from the Carpathian Basin: *C. albiflorus* Kit., *C. heuffelianus* Herb., *C. scepusiensis* (Rehm. & Wol.) Borb., *C. vittatus* Schloss. & Vukot. Our molecular taxonomic investigations aimed at revealing the taxonomic position of the Carpathian Basin's species. Altogether, 65 individuals were sampled from 31 populations originating from Hungary, Romania, Ukraine, Slovakia and Croatia. The exploration of the phylogenetic relationship was made by DNA sequences of the plastid-encoded accD-psal IGS region (cpIGS) and the DNA fingerprint technique of AFLP. The neighbour joining tree of AFLP data and a maximum parsimony phylogenetic tree based on plastid sequences clustered the samples into a Balkan and an Adriatic clade with strong branch support. The Balkan clade contained *Crocus heuffelianus* and *Crocus vittatus* samples from Transylvanian plus the *Crocus tommasianus* samples from Hungary (a disputably autochthon population); the Adriatic clade contains *Crocus vittatus* and *Crocus albiflorus* samples from Hungary and Croatia. A strong incongruence was found in the placement of Slovakian specimens of *Crocus scepusiensis* which was clustered into the Balkan clade based on plastid tree while it failed into the Adriatic clade based on AFLPs. If we add to the above that our cytological investigation determined $2n=18$ for chromosome number of *Crocus scepusiensis*, we can conclude an allopolyploid hybrid origin of this taxon between the $2n=10$ Balkan clade (e.g.: *Crocus heuffelianus* from Transylvanian) and the $2n=8$ Adriatic clade (*Crocus albiflorus*). A similar speciation process might have taken place in case of the other $2n=18$ taxon, *Crocus vittatus*, at the southern part of the Carpathian Basin. This research was supported by the European Union and the State of Hungary, co-financed by the European Social Fund in the framework of TÁMOP-4.2.4.A/2-11/1-2012-0001 'National Excellence Program'.



Mikrobiális Üzemyanyag Cellák (MÜC)

Antal Péter

Bay Zoltán Nonprofit Kft. Biotechnológiai Intézet

A mikrobiális üzemyanyag cellák olyan rendszerek, melyekben bizonyos baktériumok (elektrogén baktériumok) közvetlenül képesek áramot termelni az anyagcsere folyamataiknak köszönhetően. Alternatív energiaforrást jelenthetnek, melyek kiaknázhadják a természetben végbemenő anaerob bomlási folyamatokat. Kutatásunk során egy költséghatékony MÜC konstrukció megalkotását tűztük ki célul. Ennek érdekében egyterű, membrán nélküli rendszerekben vizsgáltuk a különböző baktériumok és elektród anyagok hatását az üzemyanyag cellák teljesítményére. A MÜC teljesítménye nagymértékben függ az áramot termelő biofilm összetételétől és az azt alkotó baktériumok anyagcserejének hatékonyságától és gyorsaságától az adott körülmények között. Ismert elektrogén baktériumokkal (*P. aeruginosa* 01, *P. aeruginosa* 785, *P. aeruginosa* 541, *Sh. putrefaciens*, *E. coli*, *O. anthropi*, vasredukáló izolátum) beoltott üzemyanyag cellák hatékonyságát vizsgáltuk. Ennek eredményeként rövidtávon a *Sh. putrefaciens* volt képes növelni a MÜC-ök hatékonyságát, azonban hosszú távon egyik törzs sem tudott szignifikáns különbségeket produkálni a kontroll rendszerekhez képest. Szintén vizsgáltuk több könnyen beszerezhető anyag elektródként történő hasznosíthatóságát. A szén elektródok több szempontból is jó választásnak tűnnek, mivel stabilak, biokompatibilisek és jó vezetők, így vizsgáltuk a szénszövet alkalmazhatóságát. A szénszövet mellett teszteltük még az alumínium, rozsdamentes acél, vasgél és mesterséges biofilm hatását a MÜC áramtermelésére. Eddigi eredményeink alapján a szénszövet és rozsdamentes acél produkálta a legnagyobb teljesítményt.

Microbial Fuel Cell (MFC)

Microbial fuel cells are able to produce electricity directly from organic matter thanks to special bacteria, that are able to transfer the electrons, derived from their metabolism, to an electrode surface. These fuel cells represent possible alternative energy source based on organic matter degradation. The purpose of our experiments was to construct a cost effective microbial fuel cell. To achieve this goal single chamber, membrane less microbial fuel cells were constructed to study the effects of the different inoculated bacteria and electrode materials. The performance of a MFC depends greatly on the metabolic activity of the bacteria, creating biofilm on the surface of the anode. The effects of different electrogene bacteria (*P. aeruginosa* 01, *P. aeruginosa* 785, *P. aeruginosa* 541, *Sh. putrefaciens*, *E. coli*, *O. anthropi*, iron reducer consortium) were studied in the mentioned fuel cells. We found that the initial inoculation had a significant effect in the case of *Sh. putrefaciens*, which increased the performance of the MFC compare to the other bacteria. However this was only a short-term effect, after 25 days there were no obvious differences in the performances of the fuel cells. The applicability of different commercially available electrode materials was also tested. Carbon based electrodes are used widely because of their stability, biocompatibility and relatively good conductivity. Therefore one of the materials used in our tests was carbon textile, however, the effects on fuel cell performance was also studied of aluminum foil, stainless steel, iron gel coated and artificial biofilm coated electrodes. The greatest performance was achieved with the combination of the carbon textile with stainless steel.



A bél baktériumflórájának bélszakasz-specifikus változása streptozotocinnal indukált diabéteszes patkányokban

Bódi Nikolett, Wirth Roland, Maróti Gergely, Talapka Petra,
Giricz Zsófia, Fekete Éva, Kovács L. Kornél

Élettani, Szervezetani és Idegtudományi Tanszék, Szegedi Tudományegyetem

Egy korábbi munkánkban bizonyítottuk, hogy a diabéteszrel összefüggő myentericus neuropátia kialakulásában meghatározó szerepe van a neuronok mikrokozonyzatának. A lehetséges mikrokozonyzeti tényezők közül az utóbbi időben a bél mikroflórája került a kutatások középpontjába. Ezért kísérleteink elsődleges célja az volt, hogy megvizsgáljuk, hogyan változik a bél baktériumflórájának összetétele diabéteszes patkányok bélsatorájában. Egészséges, streptozotocinnal indukált diabéteszes és inzulin-kezelt diabéteszes patkányok duodenumából, ileumból és colonjából nyert béltartalomból bakteriális DNS-t izoláltunk, majd új-generációs DNS szekvenálással törzs és nemzetség szinten meghatároztuk a bélfóra összetételét. Míg a duodenumból származó mintákban nem találtunk szignifikáns eltérést a mikrobiota összetételében az egyes kísérleti csoportok között, addig az ileumban és a colonban nagyon határozott változásokat figyeltünk meg attól függően, hogy melyik állatcsoportból származó mintát vizsgáltuk. A legkifejezettebb eltéréseket az ileális mintákban láttuk. Diabéteszben a Proteobaktériumok összetétele változott a leglátványosabban, míg a bélben egyébként domináns baktériumtörzsek, a Firmicutes és Bacteroidetes jóval kisebb mértékben változtak. Az inzulin-kezelés a baktériumflóra összetételében és diverzitásában jellegzetes változásokat eredményezett, de a bél egészséges mikroflóráját nem állította helyre. Vizsgálataink egyértelműen igazolják, hogy a diabétesz és az inzulin-kezelés szigorúan bélszakasz-specifikus módon befolyásolja a bél mikroflórájának összetételét, valamint azt, hogy diagnosztikai célokra az ileumból származó béltartalom analízise lehet a legalkalmasabb. A kutatás a TÁMOP 4.2.4.A/2-11-1-2012-0001 Nemzeti Kiválóság Program című kiemelt projekt keretében zajlott. A projekt az Európai Unió támogatásával, az Európai Szociális Alap társfinanszírozásával valósul meg.

Gut region-specific alterations in the composition of the intestinal microbiota in streptozotocin-induced diabetic rats

The aim of this study was to map the alterations of the composition of microbiota along the gut in diabetic rats. Therefore, luminal samples of streptozotocin-induced diabetic and insulin-treated diabetic rats were compared with healthy controls. Segments of duodenum, ileum and colon were dissected and microbiomes of the luminal contents were analyzed by next generation DNA sequencing from phylum to genus level. No significant differences in the bacterial composition were observed in luminal contents derived from the duodenum of different experimental groups. However, distinct patterns of microbiomes were recognized in the ileum and colon, depending on the history of the luminal samples. Ileal samples from diabetics exhibited particularly striking alterations while the richness and diversity obscured some of these in the colon. Proteobacteria displayed most pronounced shifts, while the dominating phyla (Firmicutes and Bacteroidetes) apparently were modified to smaller degree. Characteristic rearrangements and diversity in the microbiome were detected after insulin replacement, although the normal gut flora was not restored. Diabetes and also insulin treatment affect the composition of the intestinal microbiota on a different but strictly gut region-specific way. The luminal samples from the ileum appear more suitable for diagnostic purposes than the colon/faeces. Proteobacteria should be in the center of diagnosis and potential therapy. Supported by the European Union and the State of Hungary, co-financed by the European Social Fund in the framework of TÁMOP 4.2.4.A/2-11-1-2012-0001 'National Excellence Program'.

**Sertés eredetű *Bordetella bronchiseptica* törzsek antibiotikum rezisztencia vizsgálata**

Domokos Judit, Khayer Bernadett

*Eötvös Loránd Tudományegyetem, Mikrobiológiai Tanszék;
MTA ATK Állatorvos-tudományi Intézet, Budapest*

A *Bordetella bronchiseptica* széles körben elterjedt fakultatív patogén baktérium, amely változatos felső légúti betegségeket idéz elő különböző emlősfajokban, mint például a kutyák kennel köhögése, a nyulak náthája vagy a tüdőgyulladás macskákban és laboratóriumi állatokban. Az általa okozott kórképek közül állategészségügyi és gazdasági szempontból a sertések torzító orrgyulladásása a legjelentősebb. A bakteriális fertőzések ellen továbbra is az antibiotikumos terápia a leghatékonyabb eszköz, viszont a magyarországi *B. bronchiseptica* törzsek antibiotikum rezisztenciájáról kevés adat áll rendelkezésünkre. Hiánypótló, retrospektív kutatásunk célja a sertés eredetű *B. bronchiseptica* törzsek antibiotikum rezisztenciájának vizsgálata volt. Munkánkhoz 15, időben és térben eltérő izolálású, sertés eredetű törzset választottunk az MTA ATK ÁOTI törzsgyűjteményéből, amelyeket hagyományos biokémiai próbákkal és fajspecifikus polimeráz láncreakcióval azonosítottunk. A törzsek antibiotikum rezisztencia meghatározását Kirby-Bauer korongdiffúziós módszerrel végeztük Müller-Hinton lemezen, a vizsgálathoz 18 különböző antibiotikumot használtunk fel. A biokémiai és molekuláris azonosítás során a törzsek (egyetlen nitrát-negatív törzs kivételével) egységes, a fajra jellemző eredményt adtak. Az antibiotikum rezisztencia vizsgálatsorán az összes törzs érzékeny volt a kolisztinra, a klóramfenikolra és a florfenikolra, viszont mindegyik rezisztenciát mutatott a penicillinnel, a vankomicinnel, a ceftuofurral és a linkomicinnel szemben. A vizsgálatban felhasznált további antibiotikumra a törzsek eltérő módon reagáltak.

Antibiotic susceptibility of *Bordetella bronchiseptica* strains from pigs

Bordetella bronchiseptica is a widespread facultative pathogen bacterium which causes various respiratory illnesses in a variety of mammals. It is involved in the aetiology of kennel cough in dogs, snuffles in rabbits, bronchopneumonia in cats and laboratory animals. In economic and veterinary respect the most important disease is the atrophic rhinitis of pigs. Antibiotic treatment is still considered to be the most effective tool against bacterial infections, nevertheless little is known about the antibiotic resistance of the Hungarian *B. bronchiseptica* strains. Our aim was to examine the antibiotic susceptibility of *B. bronchiseptica* strains originated from pigs in a retrospective work to try to fill this gap. 15 representative strains were selected with various geographical and temporal origins from the strain collection of MTA ATK ÁOTI, and were identified by traditional biochemical tests and species-specific polymerase chain-reaction. The antibiotic resistance of the strains was determined by using the Kirby-Bauer disc diffusion method with 18 different antibiotics on Müller-Hinton agar. In the course of biochemical and molecular identification all strains showed the same result, except one nitrate-negative *B. bronchiseptica*. In the antibiotic susceptibility testing all strains were susceptible to colistin, chloramfenicol and florfenicol, but every strain showed resistance against penicillin, ceftiofur, vancomycin and lincomycin. The results of the other used antibiotics showed differences between *B. bronchiseptica* strains.



Újgenerációs szekvenáláson alapuló mikrobiális összetétel meghatározásának kihívásai

Gálík Bence, Gyula Péter, Pach Péter, Szabó Zsolt, Bató Emese, Bihari Zoltán

Infokommunikációs Technológiai Intézet,

Bay Zoltán Alkalmazott Kutatási Közhasznú Nonprofit Kft, Szeged,

Az újgenerációs szekvenálási eljárások lehetővé teszik, hogy mikrobiális közösségek összetételét nagy mélységben jellemezzük a mintából kivont metagenom egy részének (16S rDNS) célzott szekvenálásával. A taxonómiai besorolás annál jobb, minél hosszabb szakaszt olvasunk le a rDNS variábilis régióiból. Erre több ma használt platform is képes (Roche 454, Ion Torrent), azonban egyik sem tudja kiküszöbölni a minta előkészítése során fellépő esetleges hibákat. Ismeretes, hogy szélsőséges GC-tartalmú minták amplifikálása nehezebb, ami eltorzíthatja a mintában található mikróbak arányát. Ezért célunk a minta-előkészítés körülményeinek és az adatok kiértékelésének optimalizálása volt, hogy a vizsgálat eredménye legjobban tükrözze egy minta mikrobiális összetételét. Modellként nyolc ismert baktériumból tisztított, meghatározott arányban kevert rDNS-eket használtunk. A minták amplifikálásához GC-tartalomra kevésbé érzékeny, hibajavító, hot start polimerázokat alkalmaztunk. Ezek a KOD, Phusion, Q5 enzimek és a hozzájuk tartozó HF ill. GC pufferek. Emellett megvizsgáltuk a DMSO adalékanyag hatását is. A különböző körülményeket és a polimerázok teljesítőképességét először valós mintán vizsgáltuk PCR-DGGE technikával. Ezek után a modell keverékeket Ion Torrent újgenerációs genomszekvenáló platformon analizáltuk. Ezt követően az adatok feldolgozásához az MG-RAST szervert és saját számítógépünkön a QIIME programot használtuk. A minták összehasonlításához alfa és béta diverzitás tesztet készítettünk. Az elvégzett kísérletek alapján elmondhatjuk, hogy a vizsgált enzimek és reakciókörülmények nem okoztak akkora eltérést a minta összetételében, mint amelyet az előzetes PCR-DGGE kísérletben megfigyeltünk. A megszekvenált PCR-termékek előállítás körülményei kis mértékben befolyásolták a minta összetételét. Az eredményekre legnagyobb hatással a szekvenciák bioinformatikai feldolgozása során alkalmazott paraméterek voltak. A bemutatott munka a TÉT_10-1-2011-0373 azonosítójú MiOxyFun projekt keretében készült.

Challenges of NGS-based microbial diversity analysis

The NGS technologies provide reliable analysis of the microbial diversity based on target sequencing of 16S rDNA from isolated metagenome. The taxonomic classification is more confident if it based a longer 16S rDNA hypervariable region sequencing. Although available platforms (Roche 454, Ion Torrent) fill this criteria, the errors of sample preparing have not been solved. It is well-known that the amplification of sample with high GC-content is difficult and it results unbiased microbial composition. The aim of our study was to optimize the sample preparing and the analysis in order to modelling real composition of microbiom. Our model includes predefined mix of rDNA was isolated from 8 different bacterial strain. We used hot start polymerases (KOD, Phusion, Q5 enzymes in HF and GC buffers) with repair mechanisms and they were less sensitive to GC-content. Furthermore the impact of DMSO as an additive was examined. First the different conditions and enzyme-efficiency were analysed on real sample with PCR-DGGE. Next step the predefined mixes were sequenced on Ion Torrent NGS-platform. The data was analysed by MG-RAST server and QIIME software. Finally an alpha and beta diversity test was executed to compare the samples. In conclusion, the analysed conditions and enzymes did not generate as many variation in the sample composition as it observed in PCR-DGGE prestudy. The preparing of our sample has less effect on variation. The highest variance was caused by the bioinformatic analysis of the reads. This research was supported by MiOxyFun project (TÉT_10-1-2011-0373).



Troglobiont álskorpiók Erdélyben

Novák János

Eötvös Loránd Tudományegyetem, Állatrendszertani és Ökológiai Tanszék

Az álskorpiók közé tartozó *Neobisium (Blothrus)* Schiödte, 1847 subgenus világszerte 93 fajt számlál, továbbá jellemző a taxonra hogy fajai barlangi életkörülményekhez alkalmazkodtak. Túlnyomó többségük a Mediterrán régióban található, de vannak fajaik az Alpokban, a kaukázusban és a Kárpát-medencében is. Erdélyből összesen 6 fajtát ismerjük. Frivaldszky János 1865-ben írta le a *Neobisium (Blothrus) brevipes* (Frivaldszky, 1865) fajt, a *Neobisium (Blothrus) minutum* (Tömösváry, 1882) fajt pedig Tömösváry Ödön közölte 1882-ben. Mindkét faj leírása a Déli-Kárpátokból történt. Később, 1939-ben Max Beier a *N. (B.) brevipes* számos új adatát közölte az Erdélyi-szigethegység területéről, ahonnan egyúttal leírta a *Neobisium (Blothrus) leruthi* Beier, 1939 és a *Neobisium (Blothrus) brevipes montanum* Beier, 1939 taxonokat is. A *Neobisium (Blothrus) closanicum* Dumitresco & Orghidan, 1970 és *Neobisium (Blothrus) maxbeieri* Dumitresco & Orghidan, 1972 fajokat Margareta Dumitresco és Traian Orghidan közölték a Déli-Kárpátokból. A Kárpát-medencéből a subgenus további négy fajtát ismerjük még. A *Neobisium (Blothrus) slovacum* Gulička, 1977 fajnak Szlovákiából és Magyarországról vannak adatai, a *Neobisium (Blothrus) insulare* Beier, 1938, *Neobisium (Blothrus) spelaeum* (Schiödte, 1847) és *Neobisium (Blothrus) stygium* Beier, 1931 fajok pedig Horvátország északi részéről kerültek elő. Vizsgálataim során két erdélyi faj, a *N. (B.) brevipes* és a *N. (B.) minutum* új előfordulási adatai váltak ismertté, és elkészítettem a két faj modern redeszkrípcióját, valamint a *N. (B.) brevipes montanum* taxont faji szintre emeltem, továbbá kidolgoztam a subgenus Kárpát-medencéből kimutatott fajainak a határozókulcsát.

Troglobiont pseudoscorpions in Transylvania

The pseudoscorpion subgenus *Neobisium (Blothrus)* Schiödte, 1847 includes 93 species, and they are adapted to cavernicolous habitats. They occur mainly in the Mediterranean region, but some are also reported from the Alps, the Caucasus and from the Carpathian Basin. Altogether 6 species is known from Transylvania of the subgenus. *Neobisium (Blothrus) brevipes* (Frivaldszky, 1865) was described by János Frivaldszky in 1865, and *Neobisium (Blothrus) minutum* (Tömösváry, 1882) by Ödön Tömösváry in 1882. Both species was reported from the Southern Carpathians. Later, in 1939 Max Beier reported numerous new data of *N. (B.) brevipes* from the Apuseni Mts, and also gave the description of *Neobisium (Blothrus) leruthi* Beier, 1939 and *Neobisium (Blothrus) brevipes montanum* Beier, 1939 from the same region. *Neobisium (Blothrus) closanicum* Dumitresco & Orghidan, 1970 and *Neobisium (Blothrus) maxbeieri* Dumitresco & Orghidan, 1972 was described from the Southern Carpathians by Margareta Dumitresco and Traian Orghidan. From the Carpathian Basin four further species of the subgenus were reported. *Neobisium (Blothrus) slovacum* Gulička, 1977 has data from Slovakia and Hungary, *Neobisium (Blothrus) insulare* Beier, 1938, *Neobisium (Blothrus) spelaeum* (Schiödte, 1847) and *Neobisium (Blothrus) stygium* Beier, 1931 from the northern part of Croatia. On the course of my investigations I found new occurrences and provided the redescription of *N. (B.) brevipes* and a *N. (B.) minutum*, furthermore *N. (B.) brevipes montanum* was elevated to full species rank. In addition, a key to the species of the subgenus occurring in the Carpathian Basin is also elaborated.



Kétszárnyúak szárnyerezet-terminológiájának kritikai áttekintése

Lengyel Gábor Dániel, Lazányi Eszter, Soltész Zoltán, Papp László

MTA-ATK, NÖVI, Budapest

A kétszárnyú rovarok (szúnyogok, legyek - Diptera) rendje nemcsak ökológiai, hanem humán szempontból is az egyik legjelentősebb csoport a rovarok között. Rendszerezésük a szárnyerezet alapján történik, amely családonként jellegzetes mintázatot mutat. Jelenleg számos, egymástól eltérő terminológia van használatban világszerte, így ugyanazon szárnyerek megnevezése nem egységes, sokszor egy szűkebb csoporton belül sem. Ez a helyzet egy ilyen fontos, ráadásul bizonyítottan közös őstől származó (monofiletikus) csoport esetén nagyban hátráltatja, olykor meg is akadályozza a különböző tudományterületeken (taxonómia, genetika, paleontológia stb.) született eredmények összevetését és ezzel a nélkülözhetetlen információáramlást is. Napjainkra három jelentősebb terminológia alakult ki Comstock, Tillyard és Wootton-Saigusa munkái nyomán. Az egyik legfontosabb dipterológiai folyóiratban (*Studia Dipterologica*) megjelent munkákat összevetve azt tapasztalhatjuk, hogy míg az ún. Brachycera valamint a recens kétszárnyú családokat feldolgozó művek többsége a Comstock rendszert használja, addig a Nematocera családokkal illetve a fosszilis csoportokkal foglalkozó kutatások a Tillyard-terminológiát alkalmazzák inkább. A Wootton-Saigusa-féle terminológia csak néhány cikkben jelenik meg, azonban egyre több kutató ismeri el ennek érvényességét. Irodalmi adatok alapján egy kritikai áttekintést készítettünk a csoportban eddig alkalmazott terminológiákról. Az egyes interpretációk között a legfőbb különbség a közép- és a könyökerek régiójának tárgyalásában van. Comstock rendszere három közép- és három könyökert jelöl, míg Tillyard négy közép- és két könyökert különböztet meg. Wootton-Saigusa – Tillyarddal egyezően – négy középeret jelöl, azonban a két könyökert másként azonosítja, ennek következtében a végerek is más számozást kapnak. Vizsgálataink és más szerzők adatai alapján Wootton-Saigusa interpretációját tartjuk leginkább alátámasztottnak, így az új terminológiát munkájuk nyomán dolgoztuk ki minden fontosabb családsorozatra.

Wing venation in Diptera: review of alternative interpretations and proposal of a uniform terminology

Diptera (flies, gnats, midges, mosquitoes) is one of the most important insect orders not only from ecological but also from human point of view. Their classification is based on the wing venation, and most families are characterized by a distinctive venation pattern. A number of different terminologies are in use worldwide which frequently contradict each other even in closely related taxa. This situation highly hampers, sometimes blocks the comparison of the results obtained in different fields of dipterology (e.g. taxonomy, genetics, paleontology etc.). Based on literature data complemented with our own observations, we made a critical review of the wing venation terminologies. Up to now three major terminologies have been developed based on Comstock's, Tillyard's and Wootton and Saigusa's works. The most remarkable differences among the major interpretations are the naming of medial and cubital, and consequently the anal veins. Comstock's system recognizes three medial and two cubital veins, Tillyard named four medial and two cubital, while Wootton-Saigusa interpreted the medial veins the same way as Tillyard did, but they identified the cubital and anal veins in a different way: they treated the vein parallel to the first cubital vein as a pseudovein. We tested the arguments of Wootton-Saigusa's system and compared with other terminologies. We concluded that it is a consistent and morphologically sound interpretation, therefore we propose to use Wootton-Saigusa's system to all the Diptera with little modifications.



Hogyan fogjunk kétszárnyúakat madárodúban babaolajjal?

Soltész Zoltán, Lazányi Eszter

Magyar Természettudományi Múzeum, Kétszárnyúak gyűjteménye

Madarak vektorok által terjesztett betegségeinek vizsgálata intenzíven kutatott téma, ennek ellenére a vektorok különös képpen a vérszívó kétszárnyúak (Diptera) - madarak kapcsolatáról igen kevés faj szintű adat keletkezett. Ennek egy egyszerű vizsgálati módszere, ha a madár fészkebe valamilyen ragadós lapot helyezünk ki, amibe az ott előforduló vektorok bele ragadnak. Ilyen ragacos lap készítéséhez alkalmas a babaolaj gélesített változata, mert szemben az általánosan használt nem száradó ragasztóval, az így megfogott legyek a ragacs letisztítása után is identifikálható állapotúak maradnak. Mintavételi területnek Kardoskút melletti kék vércse (*Falco vespertinus* Linnaeus, 1766) kolóniát választottuk, ahol 2010 és 2012 között közvetlenül a fészekodúkból mintavételeztük a kétszárnyúakat. Mintavételhez egy 10×15 cm-es, áttetsző műanyag lap egyik oldalát gélesített babaolajjal kentük be. A gélcspadákat a fészekodú tetejének belső részéhez rögzítettük és a költés alatt 3 időszakban (tojásos, fiatal fiókák, idős fiókák) 24 órára hagytuk bent. A rovarokat benzinnel oldottuk ki a gélből, és 70%-os etil-alkoholban tároltuk. A gélcspadás mintavétellel négy Magyarország faunájára új fajt sikerült kimutatni (*Culicoides duddingstoni* Kettle & Lawson 1955; *Culicoides alazanicus* Dzshafarov, 1961; *Culicoides manchuriensis* (Tokunaga, 1941); *Leptoconops bidentatus* Gutsevich, 1960). Meglepően sok csípőszúnyog (Culicidae) támadja a költési időszakban e madarakat, hiszen a megfogott kétszárnyúak több, mint 90%-a csípőszúnyog volt. Szignifikánsan pozitív összefüggést találtunk a szúnyogok száma és a fiókák száma között; a vérrel telt potrohú szúnyogok aránya nagyobb volt a fiatal fiókák esetében, mint az időseknél. *Cx. pipiens* fajból sikerült a Nyugat-Nílusú vírus (lineage 2) jelenlétét kimutatni.

How to catch dipterans in nest-boxes with baby oil?

The vector-spread diseases of birds is a popular field of studies but the vector-bird connections at species level are rather poorly known, especially in case of the blood-sucking flies (Diptera). An appropriate and simple method for collecting these flies is the use of stinky plates in the bird nests which collect the specimens occurring actually in the nest. The great advantage of the baby oil gel for this purpose is the easy removal from the flies, despite the not drying glues which is inevitable for the subsequent identification process. The target bird species and the sampling site of our studies was the red-footed falcon (*Falco vespertinus* Linnaeus, 1766) colony at Kardoskút. The sampling of the dipteran vector species was carried out in the nest boxes, in a three-year long period between 2010 and 2012. Transparent plastic plates of 10×15 cm size were oiled on one side with baby oil gel and fixed to the inner side of the roof of the nest boxes for 24 hours in three different parts of the incubation period (eggs in the nest, young and old nestlings). The gel plates were washed down with clean petrol and stored in 70% ethyl-alcohol. The study produced remarkable faunistic results. Four dipteran species, *Culicoides duddingstoni* Kettle & Lawson 1955; *Culicoides alazanicus* Dzshafarov, 1961; *Culicoides manchuriensis* (Tokunaga, 1941); and *Leptoconops bidentatus* Gutsevich, 1960, have been firstly found in the fauna of Hungary with this baby oil trapping method. Interestingly, the overwhelming majority of the collected blood-sucking flies were mosquitoes (Culicidae) with the representation over 90% in the samples. A significant correlation was found between the numbers of the mosquitoes and the nestlings; the rate of the blood-fed flies was larger in case of the young nestlings than in the old(er) ones. Last but not least, an important finding was the presence of the West-Nile virus (lineage 2) in *Culex pipiens* in the sampling area.



***Vertigo angustior* (JEFFREYS, 1830), *Vertigo moulinsiana* (DUPUY, 1849) fajok és kísérőfajaik azonosítása az Alcsíki-Medencében**

Sárkány-Kiss Endre, Demeter László

Apáthy István Egyesület; Sapientia Egyetem Csíkszereda

A tanulmány az 2012-2013-ban az Alcsíki-Medence nedves területein végzett malakológiai kutatás eredményeit mutatja be. A vizsgálat fő célkitűzése a *V. angustior* és a *V. moulinsiana* Natura 2000-es fajok azonosítása valamint a számukra alkalmas élőhelyek körülhatárolása volt. A 96 terepen begyűjtött 25 x 25 cm-es, 3 cm mélységben vett mintát laboratóriumban sztereomikroszkóp alatt dolgoztuk fel. A *V. angustior* fajt 15 mintában azonosítottuk, 8 élőhelyen, 69.24 ha összterületen. A *V. moulinsiana* fajt 12 mintában azonosítottuk a faj számára kedvező 8 élőhelyen, 85.69 ha összterületen. A két védett faj azonosítása a kutatott területen, új és jelentős faunisztikai adatok, különösen a *V. moulinsiana* esetében, amelynek egyetlen előfordulási adatát ismertük az ország területéről, a Tordai-Hasadékból de a *V. angustior* is csak néhány helyről ismeretes. Ezeknek a fajoknak az Alcsíki-Medencében található élőhelyei hagyományosan művelt nedves kaszálók, amelyeknek fenntartása a fajok fennmaradásának záloga. A tanulmány javaslatokat is megfogalmaz a védett fajok élőhelyeinek kedvező állapotban való fenntartására.

The identification of *Vertigo angustior* (Jeffreys, 1830), *Vertigo moulinsiana* (DUPUY, 1849) and accompanying species in the Lower Ciuc Basin

This paper presents the results of research conducted in 2012-2013 in the wetlands of Lower Ciuc Basin Natura 2000 site to identify species *Vertigo angustior* and *Vertigo moulinsiana* by taking soil samples of 25 x 25 cm, which were sorted in the laboratory. *V. angustior* was found in 15 samples, 8 habitats, with a total area of 69.24 ha. *V. moulinsiana* was found in 12 samples, respectively 7 habitats totaling an area of 85.69 ha. The presence of these two protected species (Natura 2000) in the studied site represents very important new faunistic data, as *V. moulinsiana* was known only in Cheile Turzii (Gorge of Turda, Western Transylvania), this being the second distribution location known in the country, while *V. angustior* is known only in a few localities in Romania. The paper also presents a list of other gastropod species identified from the samples. The habitats of these protected species in the Lower Ciuc Basin are traditionally managed wet hay meadows. The paper also presents recommendations aimed at the conservation of habitats in favorable condition.



A kromatinszerkezet hatása a génkifejeződésre

Boros Imre Miklós

Szegedi Tudományegyetem

Eukarióta sejtekben minden genomi folyamat a nukleoszómból felépülő kromatinszerkezeten zajlik. Egy-egy nukleoszómat egy hiszton nyolcasból álló fehérje központ és a köré tekeredett 147bp DNS alkot. Ezeknek az egységeknek a hierarchikus szerveződésével alakul ki a kromatinszerkezet, ami biztosítja ugyan, hogy a sok DNS elfér a sejtmagban, de egyúttal gátolja a génműködést. Ahhoz, hogy génátírás történhessen nukleoszóma átrendező és módosító faktorok működése szükséges. A létrejövő kromatinszerkezeti változások egy része időszakos, más részük átadásra kerül a sejtek osztódásai során, sőt az utódnemzedékben is megjelenik. Ez jelenti az öröklődés epigenetikai részét, ami tehát nem a DNS nukleotidsorrend által rögzített. Az SZBK Biokémiai Intézetben és SZTE Biokémiai és Molekuláris Biológiai Tanszéken dolgozó munkacsoportunk nukleoszóma hisztonokat módosító fehérje komplexeket vizsgál. Célunk a SAGA és ATAC hiszton acetyltransferáz (HAT) komplexek ADA alegységei szerepének kiderítése. Korábbi munkánkkal kimutattuk, hogy *Drosophilában* ez a két HAT komplex, bár azonos acetyltransferáz enzimet tartalmaznak (GCN5) eltérő H3 és H4 hiszton végeket módosít. Az utóbbi időszakban az eltérő hiszton-specifitást okozó fehérje kölcsönhatások feltárására végeztünk kísérleteket. Ezeknek a kölcsönhatásoknak a kiderítése azért fontos, mert ismeretük lehetőséget teremthet beavatkozásra a HAT komplexek működésébe, ami kívánatos lehet pl. gyógyító hatású génműködésváltozás elérésére. Az előadásban összegezem ezeket a kísérleteknek az eredményét és példákat mutatok majd a sokféle lehetőségre, amelyekkel a kromatinszerkezet hatással lehet a génműködésre. A kutatást támogatja a TÁMOP-4.2.4.A/2-11/1-2012-0001 Nemzeti Kiválóság Program.

Mechanisms by which chromatin structure regulates gene expression

In eukaryotes every process on the genome must take place in the context of chromatin organized in hierarchical orders of nucleosomes, each consisting of an octamer of core histones and 147bp DNA wrapped around it. Chromatin structure ensures packaging of huge amount of DNA into the nucleus but it is refractive to transcription. Therefore chromatin modifying and remodeling factors are required to open ways to gene transcription. Some of the chromatin structure alterations are temporal, others persist through cell divisions and are transmitted to the offspring contributing to the epigenetic inheritance. Our research groups at the BRC and at SZU, study protein complexes which acetylate lysine residues of nucleosomal histones. Our interest is to determine the role of ADA adaptor subunits of *Drosophila* histone acetyltransferase (HAT) complexes, SAGA and ATAC. Earlier we have shown that despite these complexes use identical GCN5 acetyltransferase subunit, they modify different histone tails of H3 and H4, respectively. Recently, we performed experiments to uncover what types of interactions within and between these chromatin modifying complexes play roles in determining histone specificity. Revealing those protein-protein interactions might provide means to interfere with them under conditions when chromatin modifications open ways to deleterious changes in gene expression. In the presentation I will summarize some of the results of our studies and will show examples of the diverse mechanisms by which histone modifications can contribute to changes in chromatin structure and gene expression. Supported by TÁMOP-4.2.4.A/ 2-11/1-2012-0001 'National Excellence Program'.



Egy *Drosophila* dezubikvitiláló enzim szerepe az ubikvitin stressz szabályozásában

Kovács Levente, Nagy Olga, Pál Margit, Octavian Popescu, Deák Péter

Szegedi Tudományegyetem, Természettudományi és Informatikai Kar, Genetikai Tanszék
Magyar Tudományos Akadémia Szegedi Biológiai Kutatóközpont, Biokémia Intézet
Babes-Bolyai Tudományegyetem, Bio-Nano Tudományok Interdiszciplináris Kutatóközpontja, Molekuláris
Biológiai Intézet

Az ubikvitin molekuláknak a célfehérjéről történő eltávolítását a ún. dezubikvitiláló enzimek (DUB-ok) végzik. Ezen enzimosztály tagjai a célfehérje és az ubikvitin, illetve a poliubikvitin lánc egyes ubikvitinjei közti izopeptid kötés hasítását katalizálják. Habár a DUB-ok vizsgálata felfokozódott az utóbbi években, konkrét biológiai funkciójuk kevésbé ismert. E fehérjéket kódoló gének elemzése egy genetikailag jól jellemzett modell organizmusban, a *Drosophila melanogaster*-ben mélyebb betekintést enged az enzimek szerepébe. Kutatócsoportunk célja a dezubikvitiláló enzimek azonosítása és szerepük tisztázása a *Drosophila melanogaster*-ben. Ezeket az evolúciósan konzervált szerkezetű enzimeket bioinformatikai módszerekkel azonosítottuk. A homológia szűrés alapján megállapítottuk, hogy 46 *Drosophila* fehérje nagymértékű szekvencia homológiát mutat ismert élesztő és humán DUB-okkal. P elem inserciós és transzgenikus RNS interferencia vonalak fenotípusának elemzése alapján 23 DUB nélkülözhetetlenek bizonyult a *Drosophila* egyedfejlődéséhez. Ezek az eredmények a potenciális DUB gének további funkcionális vizsgálatát ösztönözhetik. A CG12082 *Drosophila* DUB gén nagymértékű szekvencia homológiát mutat a humán Usp5-el és az élesztő Ubp14-el. E gén indukált transzgenikus RNSi és null mutáns alléljai lárva letalitást mutatnak, felhalmozódnak bennük a poliubikvitin láncok, erős az apoptotikus fenotípusuk és az agyukban megemelkedik a p53, reaper és a hid apoptotikus marker gének expressziója. Egyes proteaszóma alegységek expressziójának megemelkedése a mutánsokban fellépő ubikvitin stresszre utal. Az élesztő UBP14 és a *Drosophila* USP5 fehérje közötti funkcionális homológiát heterológ komplementációs kísérlettel igazoltuk. Kísérleteink alapján az Usp5 gén szerepet játszik az ubikvitin homeosztázis fenntartásában.

Role of a *Drosophila* deubiquitylation enzyme in ubiquitin stress regulation

Removal of ubiquitin from poly-ubiquitylated proteins is performed by deubiquitylating enzymes (DUBs) that catalyze the cleavage of isopeptide bonds between target proteins and ubiquitin or between ubiquitins in a polyubiquitin chain. Although the study of DUBs intensified in the last few years, understanding of their functions remains considerably limited. Genetic analysis of mutant phenotypes in the well-characterized model organism, *Drosophila melanogaster* provides important information to elucidate the function of DUBs. From a genome-wide search using bioinformatics techniques, we identified 46 *Drosophila* genes sharing high sequence homology with known human and yeast DUBs. Analyses of P element insertion mutants and/or transgenic RNA interference (RNAi) knockdown lines suggest that the function of 23 of them is essential in the development of *Drosophila*. These results can stimulate further functional studies of potential DUB genes in this model organism. One of the identified *Drosophila* DUB genes, CG12082 encodes the ortholog of human USP5 and yeast UBP14 deubiquitylating enzymes. The RNAi knockdown and null alleles of this gene cause larval lethality, accumulation of poly-ubiquitin chains and show a high number of apoptotic cells. The apoptotic phenotype is accompanied by an increased p53, reaper and hid pro-apoptotic gene expression. The elevated expression of certain proteasome genes indicates a severe ubiquitin stress response in CG12082 mutants. A heterologous complementation assay supports the functional homology between *Drosophila* USP5 and yeast UBP14. Based on these results we conclude that *Drosophila* USP5 is involved in regulation of ubiquitin homeostasis regulation.



Szulfid- és arzén indukált gének a *Synechocystis* 6803-ban ősi, anaerob anyagcseréjük maradványai

Nagy Csaba István, Vass Imre, Rákhely Gábor,
Vass István Zoltán, Tóth András, Dúzs Ágnes, Kós B. Péter

*Növénybiológiai Intézet, Szegedi Biológiai Kutatóközpont, Magyar Tudományos Akadémia
Biotechnológiai Tanszék, Természettudományi és Informatikai Kar, Szegedi Tudományegyetem
Biofizikai Intézet, Szegedi Biológiai Kutatóközpont, Magyar Tudományos Akadémia*

Élő szervezetek Földön való megjelenésekor valamint a cianobaktériumok elterjedése és a víz bontásán alapuló fotoszintézis kialakulása előtt a bolygó élettereiben a redukált kénvegyületek igen nagy koncentrációban voltak jelen. Ezek a vegyületek szolgálták számos kemo- és fotoautotróf mikroorganizmus számára energiaforrásként. A cianobaktériumok oxigéntermelő fotoszintézis útján nyerik az életfolyamataikhoz szükséges ATP-t de a vízi környezetben gyakran magas koncentrációjú szulfid a PSII fotokémiai rendszert gátolja. Egyes cianobaktériumok azonban szulfid jelenlétében képesek áttérni egy olyan alternatív fotoszintézisre, amelyben a H₂O helyett a H₂S szolgáltatja az elektronokat a reakcióhoz és a PSII helyét egy szulfid-kinon oxidoreduktáz (SQR) enzim veszi át. Kimutattuk, hogy a *Synechocystis*-ben specifikus gének aktiválódnak szulfid vagy arzén jelenlétében, amelyekkel a cianobaktérium képes kihasználni ezeknek a toxikus vegyületeknek az energetikai potenciálját vagy csökkenteni tudja káros hatásukat. Ezek a gének egy közös operon részei, amelyet suoRSCT-nek neveztünk el és egy mobilis genetikai elem részét alkotják. A suoS gén egy SQR-t kódol, amiről kimutattuk, hogy működése fény jelenlétéhez kötött. Az enzim oxidatív funkcióját gázkromatográfiával bizonyítottuk, míg a redukzív tulajdonságát anaerob spektrofotometriával. A suoS melletti suoR gén egy regulátor fehérjét kódol, ami az arzén-rezisztencia géneket szabályozó ArsR-családba tartozik. Elektroforetikus mobilitás-eltolódás vizsgálattal kimutattuk, hogy a suo géneket a SuoR regulátor szabályozza. Továbbá, qRT-PCR kísérletekkel bizonyítottuk a represszor szulfid iránti affinitását is. A suoT-hiányos mutáns fokozott arzén-érzékenysége egyes extrémofil cianobaktériumokhoz hasonló arzén-metabolizmusban betöltött szerepére engedett következtetnünk. Eredményeink arra engednek következtetni, hogy a suoRSCT operon feltehetőleg szelekciós előnyt biztosított a cianobaktériumnak az 1-2 milliárd évvel ezelőtti ősi környezetben.

Co-regulated sulfide- and arsenic responsive genes represent relics of an ancient anaerobic metabolism in *Synechocystis* sp. PCC6803

Sulfidic environments persist since the early beginnings of evolution of life on Earth. Cyanobacteria gain ATP via oxygenic photosynthesis but the PSII reaction center is inhibited in the presence of sulfide. Nonetheless, besides several archaea some cyanobacteria also contain sulfide:quinone oxidoreductase (SQR) enzymes by which they can facultatively shift to anoxygenic photosynthesis with sulfide as electron donor in a Photosystem I-dependent reaction. We discovered that in *Synechocystis* 6803 co-regulated genes are activated in the presence of sulfide or arsenite to exploit the energy potential of these chemicals or to reduce their toxic effects. The genes responsible for this feature are encoded on an operon that we termed suoRSCT. SuoS encodes an active SQR that is exclusively light dependent. The oxidative half-reaction of the enzyme was confirmed by gas chromatography and the reductive part of the reaction was demonstrated by anaerobic spectroscopic assay. The suoR gene downstream of suoS encodes a regulatory protein that belongs to the ArsR-type repressors normally involved in arsenic resistance. We could demonstrate the arsenic dependent regulation of these genes by electrophoretic mobility shift assay and provide proofs for the dual specificity of the repressor by its affinity to sulfide. The elevated As(III)-sensitivity of the suoT-deficient mutant suggests the involvement of this gene in arsenic dependent metabolism reported in extremophile cyanobacteria. SuoRSCT operon might have played role in the survival of the cyanobacterium under possibly ancient growth conditions that were common on the primordial Earth 1-2 billion years ago.



Rákos sejtek multidrog rezisztenciájának molekuláris háttere

Sike Ádám, Boros Imre Miklós

SZTE TTIK Biokémiai és Molekuláris Biológiai tanszék, Szeged

A multidrog rezisztencia (MDR), mely segítségével a rákos sejtek ellenállóvá válnak számos, szerkezetükben és hatásmechanizmusukban különböző gyógyszerrel szemben, az egyik legfontosabb faktor a különböző rákos megbetegedések kemoterápiás kezelésének sikertelenségében. A daganatok MDR fenotípusának kialakításában számos mechanizmus ismert, melyeket két fő csoportra oszthatunk. Az első típus az úgynevezett természetes drog-rezisztencia. Azok a tumorok, melyek ezt a fenotípust mutatják, egy elsődleges rezisztenciával rendelkeznek, és a kemoterápiás kezelésre a kezdetektől nem reagálnak. A második csoportba azok a daganatok tartoznak, melyek a kemoterápia kezdetén érzékenységet mutatnak és jól reagálnak a gyógyszerekre, azonban később a kezelés alatt rezisztenciát alakítanak ki számos másik, egyébként hatékony kemoterápiás szerrel szemben. Ezt a jelenséget szerzett multidrog rezisztenciának nevezzük. A MDR, akár természetes, akár szerzett, 90%-ban felelős az áttétes daganattal küzdő páciensek kemoterápiás kezelésének kudarcáért. Ezen adatok alapján, amennyiben a drog rezisztenciát sikerülne megoldani, a páciensek túlélési esélyei jelentősen javulnának. Ennek érdekében tudósok ezrei dolgoznak a drog-rezisztencia kialakulásában szerepet játszó mechanizmusok jobb megértésében. A kutatás a TÁMOP 4.2.4.A/2-11-1-2012-0001 Nemzeti Kiválóság Program című kiemelt projekt keretében zajlott. A projekt az Európai Unió támogatásával, az Európai Szociális Alap társfinanszírozásával valósul meg.

Molecular background of multidrug resistance in cancer

Multidrug resistance (MDR), a major mechanism by which cancer cells develop protection against numerous drugs differing in chemical structure and function, is one of the most important factor in the failure of chemotherapy, and it affects patients with a variety of blood cancers and solid tumors as well. A number of mechanisms have been described to explain the phenomenon of tumors MDR. These have been classified into two major groups. The first type is the so called natural drug resistance. Tumors showing this phenotype have an inherent resistance pattern, in which they do not respond to standard chemotherapy drugs from the beginning. In the second group belong those tumors which are show sensitivity at the beginning of chemotherapy and respond well to drugs but developed resistance during the course of the treatment against a number of otherwise highly efficient chemotherapeutic compounds. This is called acquired multidrug resistance. MDR, whether natural or acquired, is believed to cause chemotherapy treatment failure in over 90% of patients with metastatic cancer. According to this data, if drug resistance could be overcome, the impact on survival would be highly significant. For this reason, scientists in all over the world make efforts to a better understanding of the underlying mechanisms by which drug resistance being formed. This research was supported by the European Union and the State of Hungary, co-financed by the European Social Fund in the framework of TÁMOP 4.2.4. A/2-11-1-2012-0001 'National Excellence Program'.



A tollbontó baktériumok gyakoriságát befolyásoló tényezők vizsgálata költő füstű fecskéken (*Hirundo rustica*)

Nagy László Jácint, Vágási István Csongor, Fülöp Attila, Pap Péter László

Babeş-Bolyai Tudományegyetem, Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet

A tollbontó baktériumok egy széles körben elterjedt mikroorganizmus csoportot képviselnek, melyek jelentős szelektív nyomást gyakorolnak a gazdaszervezetre azáltal, hogy a tollak szerkezetét roncsolják. A madarak faroktömírigyük váladékával védekezhetnek a tollbontó baktériumokkal szemben, melyet a tollászkodás alatt kennek fel tollazatukra. Kutatásunkban a tollroncsoló baktériumok gyakorisága, az ezek elleni védekezés, a fertőzést befolyásoló tényezők (mint pl. a fészkekkel való kontaktus gyakorisága) és a szaporodási jellemzők közötti kapcsolatot vizsgáltuk egy szabadon élő füstű fecske populációban. Eredményeink alapján a tojó madarak fertőzöttebbek voltak a hímeknél. A korán költő tojók magasabb fertőzöttséget mutattak a késői költőkhöz viszonyítva, valamint a hímeknél a fertőzés intenzitása pozitív összefüggést mutatott az etetési tevékenységgel. A faroktömírigy mérete nem mutatott összefüggést a tollbontó baktériumok gyakoriságával egyik nem esetében sem, ami a füstű fecske esetében nem támogatja a faroktömírigy váladékának baktériumölő kapacitását. A fertőzöttség ivari különbségét a nemek között meglévő szaporodásbeli munkamegosztás befolyásolhatja. Eredményeink alátámaszthatják a szaporodási erőfeszítés és a fertőzöttség között fennálló kapcsolatot. Feltételezhető, hogy a korai érkezők intenzívebben vonulnak, hamarabb kezdik el a költési tevékenységet és kevesebb energiát fordítanak tollászkodásra.

Factors influencing the abundance of feather-degrading bacteria of breeding barn swallows (*Hirundo rustica*)

The feather-degrading bacteria represent a widespread group of microorganisms, which impose a strong selection pressure on their hosts by degrading the structure of their feathers. Birds defend themselves against these bacteria by spreading their preen gland oil on the feathers during preening. We studied the correlation between defense against feather-degrading bacteria, the abundance of these bacteria and breeding characteristics in a barn swallow population. The infection was higher in females than in males. There was a positive correlation between the load of infection and the feeding activity of males. Females who started breeding earlier were significantly more infested than late breeders. The size of the preen gland was unrelated to the abundance of feather-degrading bacteria in both sexes, suggesting that the preen gland does not have antibacterial effect, at least in the case of the studied barn swallow population. Our results suggest that the differences in breeding activities between sexes might explain the difference in the intensity of infection. This assumption seems to be supported also by the negative relation between breeding time and the intensity of infection. Probably those individuals which started breeding earlier invest less energy and time to preening.



A szárazság és sótűrés szabályozása a növényekben

MTA Szegei Biológiai Központ

A víz az egyik legfontosabb környezeti tényező, ami a növények földrajzi elterjedését meghatározza. Vízhány a csapadék hiánya vagy a talaj magas sótartalma miatt lép fel. A vízvesztés során fellépő ozmotikus stressz illetve a reaktív oxigén fajták felhalmozódásának eredményeképpen jelentkező oxidatív stressz jelentősen csökkenti a növények növekedését, életképességét. Az ilyen extrém környezethez való alkalmazkodást egy flexibilis, több komponensű szabályozási rendszer ellenőrzi, ami a külső hatások érzékelését, a jelek továbbítását, módosítását, a génextpressziós változások koordinálását, az enzimátikus aktivitások, a sejtek, szövetek közötti transzport vagy metabolikus folyamatok megfelelő kiigazítását koordinálja. Habár az utóbbi évtizedben az új molekuláris és genomikai módszerek segítségével sikerült felfedezni a stresszválasz szabályozásának sok fontos elemét, ismereteink ezen a területen még mindig hiányosak. Kutató csoportunkban több olyan *Arabidopsis* gént azonosítottunk és jellemeztünk, amelyek a szárazság vagy sótűrés szabályozásában vesznek részt. A prolin bioszintézist ellenőrző P5CS gének szabályozzák az ozmotikus stressz során felhalmozódó, fontos ozmoprotektáns funkcióval rendelkező prolin mennyiségét. A mitokondriális PPR40 fehérjét kódoló gén mutációja stressz érzékenységet okoz, a fehérje túltermelése viszont javítja a toleranciát. A PPR40 fehérje a mitokondriális elektron transzport ellenőrzésén keresztül befolyásolja a reaktív oxigének képződését és az oxidatív károsodást. A HSFA4A hőszokk transzkripció faktor a káros környezeti hatások következményeként jelentkező oxidatív stresszel szembeni toleranciát szabályozza. A MAP kinázok által foszforilált HSFA4A túltermelése javítja a só stresszel szembeni ellenállóképességet. Eredményeink megerősítik, hogy a káros környezeti hatásokkal szembeni ellenállóképességet több szabályozási mechanizmus, sok gén szabályozza. Támogatás: Magyar-Román Tét Együttműködés (TET_12_RO_1-2013-0010, Ro-Hu 2013-2014, No. 668/2013), OTKA projekt no. K-81765.

Regulation of drought and salt tolerance in plants

Water is one of the most important environmental factor which determines the geographical distribution of higher plants. Drought and high soil salinity can limit accession to water, which leads to osmotic stress and, due to the accumulation of reactive oxygen species, to oxidative damage. Adaptation to such extreme environmental conditions is coordinated by a multicomponent and flexible regulatory system, mediating the stress sensing, signal transmission, regulation of target gene expression, controlling metabolic and developmental responses. Although advances in plant molecular biology and genomics lead to the identification of numerous important player in stress responses, our knowledge in this field is still scarce. Our research group has identified and characterized several *Arabidopsis* genes which regulate responses to salt and drought stresses. P5CS genes control the stress-triggered accumulation of proline, an important osmoprotectant in numerous organisms. The PPR40 gene is needed to maintain mitochondrial electron transport and contain ROS accumulation during stress, as the mutation leads to stress sensitivity, while its overexpression result in salt tolerance. The transcription factor HSFA4A regulates tolerance to oxidative stress, derived from different abiotic stress by reducing damage caused by reactive oxygen species. Our results confirm, that tolerance to damaging environmental conditions is controlled by several mechanisms and by numerous regulatory genes. Support: Hungarian-Romanian Bilateral Tét project (TET_12_RO_1-2013-0010, Ro-Hu 2013-2014, No. 668/2013), OTKA project no. K-81765.





Regisztrált résztvevők

- Albert Ágnes-Júlia – Debreceni Egyetem – 4032 Debrecen, Egyetem tér 1. Ökológiai Tanszék,
albertagnesjulia@gmail.com
- Antal Péter – Bay Zoltán Nonprofit Kft. Biotechnológiai Intézet – H-6726 Szeged, Derkovits fasor 2., *peter.antal@bayzoltan.hu*
- Bartha László – Babeş-Bolyai Tudományegyetem – Institutul de Cercetări Interdisciplinare în Bio-Nano Ştiinţe, Universitatea Babeş-Bolyai, Str. August Treboniu Laurean, nr. 42, 400271, Cluj-Napoca, *barthal19@yahoo.com*
- Báthori Ferenc – Debreceni Egyetem – 4032 Debrecen, Egyetem tér 1., *ferenc.bathori@gmail.com*
- Benedek Veronika – ELTE Növényrendszertani, Ökológiai és Elméleti Biológiai Tanszék – 1117. Budapest, Pázmány P. stny 1/C, *benedekveronika@gmail.com*
- Benkő Zoltán – Román Madártani Egyesület / BirdLife Romania – Kolozsvár, 400378, Uzinei Electrice utca, 15. szám, 17. lakrész, Kolozs megye, Románia, *benkozoli@gmail.com*
- Bódi Nikolett – Szegedi Tudományegyetem, TTIK, Élettani, Szervezetani és Idegtudományi Tanszék – H-6726 Szeged, Közép fasor 52., *bodiniki85@gmail.com*
- Boros Gergely – MTA ÖK BLI – H-8237 Tihany, Klebelsberg K. u. 3, *boros.gergely@okologia.mta.hu*
- Boros Imre Miklós – Szegedi Tudományegyetem – 6726 Szeged, Középfasor 52., *borosi@bio.u-szeged.hu*
- Bücs Szilárd – Romániai Denevérvédelmi Egyesület – 440014 Szatmárnémeti, I. B. Deleanu utca, 2 szám, *szilard_bux@yahoo.com*
- Buczko Krisztina – Magyar Természettudományi Múzeum – 1088 Budapest Baross utca 13., *krisztina@buczko.eu*
- Csata Enikő – Babeş-Bolyai Tudományegyetem, Biológia és Geológia Kar, Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, 400006 Kolozsvár, Klinikák, 5-7, Románia, *csataeniko@yahoo.com*
- Csorba Tibor – NAIK-MBK Gödöllő – Szent-Györgyi A. u. 4, Gödöllő, HU, 2100, *csorbatibor@yahoo.com*
- Csősz Éva – Debreceni Egyetem – Biokémiai és Molekuláris Biológiai Intézet, Debreceni Egyetem, Nagyerdei krt. 98., 4032 Debrecen, *cseva@med.unideb.hu*
- Dénes Avar-Lehel – Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, Babeş-Bolyai Tudományegyetem – Clinicilor 5-7, Kolozsvár, Románia, *avar.lehel@gmail.com*
- Domokos Judit – Eötvös Loránd Tudományegyetem – 5000 Szolnok, Mártírok útja 15-17/ fsz.7, *djudit90@gmail.com*
- Domokos Péter – Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, Biológia és Geológia Kar, Babeş-Bolyai Tudományegyetem – 530211 Csíkszereda, Márton Áron u. 33. Hargita megye, Románia, *domszii@gmail.com*
- Fazakas Csilla – MTA SZBK Biofizikai Intézet – MTA SZBK Biofizikai Intézet, Szeged 6726 Temesvári Krt.62, *fazakas.csilla@brc.mta.hu*
- Fenesi Annamária – Debreceni Egyetem, Ökológia Tanszék – Debrecen, Egyetem tér 1, Magyarország, *fenesi.annamaria@gmail.com*
- Fodor Eszter – Szegedi Tudományegyetem – 6120 Kiskunmajsza Ágasegyháza dűlő 16., *fodor.eszter.85@gmail.com*
- Gálik Benc – Infokommunikációs Technológiai Intézet, Bay Zoltán Alkalmazott Kutatási Közhasznú Nonprofit Kft. – H-6724 Szeged, József Attila sgt. 71/A 4/14, *bence.galik.bay@gmail.com*
- Harmati Petra-Anikó – Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, Babeş-Bolyai Tudományegyetem – Semmelweis Egyetem, Általános Orvostudományi Kar Humánmorfológiai és Fejlődésbiológiai Intézet 1094 Budapest, Tüzoltó u. 58., *harmatipetra@yahoo.com*
- Haskó János – MTA SZBK Biofizikai Intézet – MTA SZBK Biofizikai Intézet, Szeged 6726 Temesvári Krt.62, *janos.hasko@gmail.com*
- Hegedüs Botond – Szegedi Tudományegyetem Biotechnológiai Tanszék – Magyarország, H-6726, Szeged, Közép fasor 52, *h.botond@gmail.com*
- Höhn Mária – Budapesti Corvinus Egyetem – 1118 Budapest, Ménesi út 44., *maria.hohn@uni-corvinus.hu*
- Jére Csaba – Romániai Denevérvédelmi Egyesület – 440014 Szatmárnémeti, I. B. Deleanu utca, 2 szám, *jerecsaba@yahoo.com*



- Katona Gergely – Debreceni Egyetem – Magyarország, 4161, Báránd Arany János út 31., *katona.gergely.lv-223@freemail.hu*
- Kelemen András – MTA–DE Biodiverzitás Kutatócsoport – 4010 Debrecen, Pf. 71., *kelemen.andras12@gmail.com*
- Keresztes Zsolt Gyula – MTA, Ökológiai Kutatóközpont, Balatoni Limnológiai Intézet – MTA, ÖK, BLI, Tihany, Klebelsberg Kuno, 3., *kereszteszsgy@gmail.com*
- Kiss Réka – Babeş–Bolyai Tudományegyetem, Biológia és Geológia Kar, Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, Kolozsvár, Republicii 42 – Covasna, Str. Brazilor nr. 35, Jud. Covasna, Romania, *csicsirekaa@yahoo.com*
- Kolcsár Levente–Péter – Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, Babeş–Bolyai Tudományegyetem, Kolozsvár – Clinicilor 5–7, Kolozsvár 400006, *kolcsar.peter@gmail.com*
- Kovács Levente – SZTE TTIK Genetikai Tanszék – SZTE TTIK Genetikai Tanszék6726 Szeged Középfasor 52., *levkov@gmail.com*
- Kovács M. Gábor – Növényanatómia Tanszék, Eötvös Loránd Tudományegyetem, H-1117 Budapest, Pázmány Péter sétány 1/C, Magyarország, *gmkovacs@ttk.elte.hu*
- Kozma Anita – BBTE, Biológia és Geológia Kar, Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet – Kolozsvár, Republicii 42, *anita_kozma@yahoo.com*
- Krajcs Nóra – MTA ÖK BLI – H–8237 Tihany, Klebelsberg Kuno u. 3, *krajcs.nora@okologia.mta.hu*
- Kröel-Dulay György – MTA Ökológiai Kutatóközpont, Vácrátót, *kröel-dulay.gyorgy@okologia.mta.hu*
- Kuhn Thomas – Babeş–Bolyai Tudományegyetem, Kolozsvár – *kuhnthomas89@yahoo.com*
- Laczkó Levente – DE TTK Növénytani Tanszék – Debrecen, Egyetem tér 1. 4032, Magyarország, *nagyonlevente@gmail.com*
- László Zoltán – Babeş–Bolyai Tudományegyetem, Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, 400006 Kolozsvár, Clinicilor 5-7, *laszlozoltan@gmail.com*
- Lengyel Gábor – MTA–ATK, NÖVI – H–1525 Budapest, P.O. Box 102, Hungary, *lengyel.gabor@agrar.mta.hu*
- Lukács Balázs András – MTA Ökológiai Kutatóközpont – 4026 Debrecen, Bem tér 18/C., *lukacs.balazs@okologia.mta.hu*
- Maák István Elek – Szegedi Tudományegyetem – 6726 Szeged, Közép fasor 52., *bikmakk@gmail.com*
- Mentes Anikó – Eötvös Loránd Tudományegyetem, Mikrobiológiai Tanszék – Hungary, 3533 Miskolc, Kokilla utca 7., *mentes.aniko@t-online.hu*
- Molnár Gyöngyvér – *gyongyos.vera@gmail.com*
- Mosolygó-Lukács Ágnes – Debreceni Egyetem TTK Növénytani Tanszék – 4032 Debrecen, Egyetem tér 1., *mosiagi86@gmail.com*
- Nagy András Attila – Milvus Csoport Madártani és Természetvédelmi Egyesület – Crinului utca 22, Marosvásárhely, *andrasattila.nagy@milvus.ro*
- Nagy Csaba István – Szegedi Biológiai Kutatóközpont – H–6726 Szeged, Temesvári krt. 62., *ncsaba@brc.hu*
- Nagy László Jácint – Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, Babeş–Bolyai Tudományegyetem, *nagyjacint91@gmail.com*
- Novák János – Eötvös Loránd Tudományegyetem, Állatrendszertani és Ökológiai Tanszék – 1116 Budapest, Dayka Gábor utca 4., *novakjanos01@gmail.com*
- Oborny Beáta – ELTE Növényrendszertani, Ökológiai és Elméleti Biológiai Tanszék – ELTE Növényrendszertani, Ökológiai és Elméleti Biológiai Tanszék, 1117 Budapest, Pázmány P. stny 1/C, *beata.oborny@ttk.elte.hu*
- Oláh Zita – Pszichiátriai Klinika – Szeged, 6725, József Attila sgt. 71/a, *olah.zita.87@gmail.com*
- Ónodi Gábor – Nyugat–Magyarországi Egyetem – Magyarország 5092 Tiszavárkony, Bajcsy-Zsilinszky út 20., *onodi.gabor@emk.nyme.hu*
- Palombi Barbara – Debreceni Egyetem, Hidrobiológiai Tanszék – 3909 Mád Batthyány u. 26, *barbirefi@gmail.com*
- Pap Péter László – BBTE Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, Kolozsvár, *peterlpap@gmail.com*
- Pop Călin Csaba – Állatorvosi és Mezőgazdasági Tudományegyetem Kolozsvár – 445300 Tasnád, Rozelor utca, 7 szám, Szatmár megye, Románia, *eurohupa@gmail.com*



- Prázmári Hunor – Babeş–Bolyai Tudományegyetem, Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, 400006 Kolozsvár, Clinicilor 5-7, prazsmarihunor@gmail.com
- Puskás Melinda – Állatorvosi és Mezőgazdasági Tudományegyetem Kolozsvár – 520008, Gábor Áron utca 22/2, Sepsiszentgyörgy, puskas.c.melinda@gmail.com
- Rádai Zoltán – Debreceni Egyetem – 2162 Órbottyán, Bartók Béla u. 145, radai.zoltan.dettk@gmail.com
- Rosa Márta Erzsébet – Debreceni Egyetem – Debreceni Egyetem, Evolúciós Állattani és Humánbiológiai Tanszék, Debrecen, 4032 Egyetem tér 1, rosam1990@gmail.com
- Sántha Petra – MTA Szegedi Biológiai Kutatóközpont, Biofizikai Intézet – 6726 Szeged, Temesvári krt. 62., santha.petra@gmail.com
- Sárkány–Kiss Endre – Apáthy István Egyesület, Marosvásárhely, esarkany@gmail.com
- Sike Ádám – SZTE TTK Biokémiai és Molekuláris Biológiai tanszék – Szeged, Közép fasor 52, H–6726, sike.adam@gmail.com
- Soltész Zoltán – Magyar Természettudományi Múzeum – H–1083 Budapest, Baross u. 13., soltesz@entomologia.hu
- Sramkó Gábor – MTA–ELTE–MTM Ökológiai Kutsop – DE TTK Növénytani Tanszék – Debrecen, Egyetem tér 1. 4032, Magyarország, sramko.gabor@science.unideb.hu
- Szabados László – MTA Szegedi Biológiai Központ, – 6726–Szeged, Temesvári krt. 62, Magyarország, szabados@brc.hu
- Szabó Ágota – Babeş–Bolyai Tudományegyetem, Biológia és Geológia Kar, Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, 400006 Kolozsvár, Klinikák, 5–7, Románia, szaboagotareka@gmail.com
- Szabó Enikő – MTA Szegedi Biológiai Kutatóközpont – 6726, Szeged, Temesvári krt. 62., epermarion@gmail.com
- Szakács Mónika – Babeş–Bolyai Tudományegyetem, Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet – Kolozsvár, str. Dorobantilor, nr. 93, ap. 88, szakacs.moka@yahoo.com
- Takács Péter – MTA Ökológiai Kutatóközpont Balatoni Limnológiai Intézet – H–8237, Tihany, Klebelsberg Kuno utca 3., takacs.peter@okologia.mta.hu
- Talapka Petra – Szegedi Tudományegyetem, Természettudományi és Informatikai Kar – 6726 Szeged, Közép fasor 52., talapka.petra@gmail.com
- Tamás Réka – Babeş–Bolyai Tudományegyetem, Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, tamasreka111@gmail.com
- Török Edina – Babeş–Bolyai Tudományegyetem, Biológia és Geológia Kar, Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet – Clinicilor 5–7, Kolozsvár, Románia, edinatorok7@gmail.com
- Török Péter – MTA–DE Biodiverzitás Kutatócsoport – 4032, Debrecen, Egyetem tér 1., molinia@gmail.com
- Tóth András – Szegedi Tudományegyetem Biotechnológiai Tanszék – H–6726, Szeged Közép fasor 52., totha@brc.hu
- Tóth Zsófia – Debreceni Egyetem, Evolúciós Állattani és Humánbiológiai Tanszék – 4032 Debrecen, Egyetem tér 1, hylidae91@gmail.com
- Vágási I. Csongor – Evolúciós Ökológia Csoport, Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, Babeş–Bolyai Tudományegyetem, Clinicilor 5–7., RO–400006 Kolozsvár, Románia, csvvasasi@gmail.com
- Vas Eszter – Kolozsvári Agrártudományi és Állatorvosi Egyetem, vas.eszter86@gmail.com
- Végh Attila Gergely – MTA SZBK Biofizikai Intézet – MTA SZBK Biofizikai Intézet, 6726 SZEGED, Temesvári Krt. 62., avegh@brc.hu
- Veres-Szászka Judit – Román Madártani Egyesület / Societatea Ornitologică Română / BirdLife Romania – Kolozsvár, Str. Uzinei Electricice, nr 15, ap 17, veresjudi@gmail.com
- Vítál Zoltán – MTA ÖK BLI – H–8237 Tihany, Klebelsberg K. u. 3, vital.zoltan@okologia.mta.hu



