

17. Kolozsvári Biológus Napok
17th Biology Days

Kivonatfüzet

Abstracts

Kolozsvár
Cluj-Napoca
2016
április 8-9.



17. KOLOZSVÁRI BIOLÓGUS NAPOK

Kivonatfüzet



Kolozsvár
2016
április 8-9.

Szervezők/Organizers:

Babes-Bolyai Tudományegyetem (BBTE)
Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet (MBÖI)

Apáthy István Egyesület
Kolozsvári Akadémiai Bizottság
Kolozsvári Magyar Egyetemi Intézet



Apáthy István
Egyesület



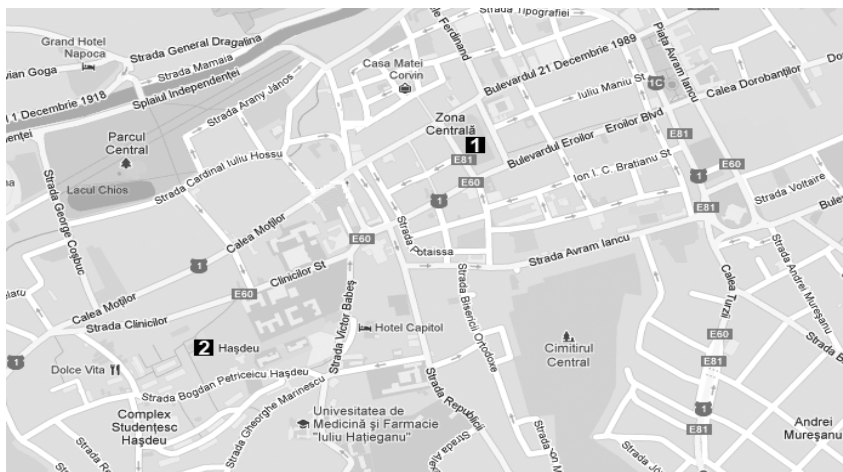
Támogatók/Supporters:



"A tevékenység a Nemzeti Tehetség Program NTP-HTTSZ-M-15-0003 pályázatának támogatásával zajlik. A pályázatot az Emberi Erőforrások Minisztériuma megbízásából az Emberi Erőforrás Támogatáskezelő hirdette meg."



Borítókép: Vágási I. Csongor



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

Szervezők:

Fenesi Annamária - BBTE - MBÖI

László Zoltán - BBTE - MBÖI

Markó Bálint - BBTE - MBÖI

Docsa Denissa - I. év, Biológia szak, BBTE

György Nándor - II. év, Biológia szak, BBTE

Kelemen Tünde-Ilona - III. év, Ökológia és természetvédelem szak, BBTE

Lubinski Ágnes-Anett - III. év, Biológia szak, BBTE

Márton Kamilla - II. év, Biológia szak, BBTE

Nagy Zsuzsa - II. év, Biológia szak, BBTE

Pándi Andrea - II. év, Biológia szak, BBTE

Salamon Zsuzsa - II. év, Biológia szak, BBTE

Sólyom Vivien - II. év, Biológia szak, BBTE





Tartalomjegyzék / Contents

A konferencia programja / Conference program	9
Kivonatok / Abstracts	15
Abu Imran Baba, András Norbert, Rigó Gábor, Szabados László, Cséplő Ágnes: A calcium-függő protein kináz (Cdkp)-jellegű CRK5 protein kináz szerepe a gravitropikus válasz szabályozásában magcsírázás során	15
Angi Evelyn, Balaji Arabela, Keresztes Kriszta Kincső, Csata Enikő, Markó Bálint: Mindenki egyenlő? Dominanciaviszonyok királynőknél a <i>Myrmica scabrinodis</i> fakultatív poligín hangyafajnál	16
András Norbert, Rigó Gábor, Cséplő Ágnes, Imma Pérez-Salamó, Szabados László: A MAP kinázok szerepe az <i>Arabidopsis</i> HSFA4A hősokk faktor intramolekuláris kölcsönhatásaiban	17
Annus Tamás, Varga Máté: A <i>tal1/scl</i> gén idegspecifikus enhanszereinek térképezése zebradánióban	18
Bakonyi Gábor: Nanotechnológiai kihívások az ökotoxikológiában	19
Bán Miklós, Bérces Sándor: Nyílt adatok és természetvédelem	20
Barta Zoltán: Szorít az idő: optimális kalendárium állatok számára	21
Bóni Imola, Kiss Péter János, Gallé Róbert: Nádasok szerepe a városi ízeltlábú fauna megőrzésében ...	22
Carsten Nowak, Márton Orsolya, Claudia Wittwer, Bernardino Cocchiararo, Martin Jansen, Bálint Miklós: Negyven békafaj két liter vízben	23
Czekes Zsolt, Zeffner Csilla, Bai Dóra, Vincze Judith, Hampel Boglárka, Pap Zsolt: Kereskedelmi és módosított TiO_2 fotokatalizátorok ökotoxikológiai tesztelése standard és nemkonvencionális tesztorganizmekkel	24
Czinege Nikolett, Faragó Tamás, Pongrácz Péter: Miért idegesítő a szomszéd kutya ugatása? – avagy a kommunikáció és zajszennyezés közös hullámhosszon	25
Daubner Timea Ingrid, Wekerle Beatrix, Osváth Gergely, Vincze Orsolya, Vágási István Csongor, Pap Péter László: A madarak testtoll szerkezetének fajok közötti változatossága tükrözi az élőhelyhez és a hideghez való alkalmazkodásukat	26
Dávid D. Nagy, Tibor Magura, Roland Horváth, Zsuzsanna Debnár, Béla Tóthmérész: Homoki tölgyesek tarvágását követően telepített monokultúrás faültetvények hatása holyvaegyüttesekre (<i>Coleoptera: Staphylinidae</i>)	27
Deák Péter: Mi a gén?	28
Edina Török, Hanna Jöst, Horváth Cintia, Alexandru Tomazatos, Daniel Cadar, Renke Lühken, Norbert Becker, Achim Kaiser, Octavian Popescu, Jonas Schmidt-Chanasit, Lujza Keresztes: A Duna Delta csípőszúnyogjainak (<i>Culicidae, Diptera</i>) felmérése integratív módszerek alapján: előzetes eredmények	29
Erős Réka, Benkő Zoltán: A sárgahasú unka (<i>Bombina variegata</i>) elterjedését befolyásoló tényezők a kolozsvári Bükk-Malomvölgy Natura 2000-es területen	30
Ferincz Árpád, Müller Tamás, Takács Péter, Várkonyi Levente, Urbányi Béla, Staszny Ádám: Pikkely-morfometriai vizsálatok lápi pócon (<i>Umbra krameri</i> Walbaum, 1782)	31
Fülöp Attila, Németh Zoltán, Kocsis Bianka, Barta Zoltán: Szociális kapcsolatok szabadon élő mezei veréb (<i>Passer montanus</i>) csapatokban	32
Hartel Tibor: Természetvédelem, ökoszisztéma szolgáltatások, értékek: hogyan kapcsolódnak a fenntarthatósághoz?	33
Herczeg Dávid, Vörös Judit, Christiansen G. Ditte, Benovics Michal, Mikulíček Peter: Fajösszetétel és ploiditás vizsgálata a kelet-magyarországi zöld békákon (<i>Pelophylax</i>)	34



Jakab Melinda, Szabó Csilla, Fenesi Annamária, Ruprecht Eszter: Mennyi ideig életképesek a magvak a magbankban? Kísérletes tesztelés elérésével	35
Jére Csaba, Csősz István, Szodoray-Parádi Farkas, Barti Levente, Bartha Csaba, Jakab Endre, Bücs Szilárd: Denevérfelmérések eredményei és természetvédelmi vonatkozásai délnyugat-romániai karszterületeken	36
Juhász Orsolya, Tóth Eszter, Paolo Henrique, Torma Attila, Maák István: <i>Formica polyctena</i> (Hymenoptera, Formicidae) higiéniai viselkedési formái entomopatogén gombafertőzés esetében	37
Imecs István, Ujvári Krisztián-Robert, Demény Ferenc, Nagy András-Attila, Müller Tamás: Új fajmegőrzési módszer a hazai természetvédelemben: ritka halfajok mesterséges szaporítása	38
Karl Soop, Dima Bálint, Szarkándi János Gergő, Jerry Cooper, Papp Tamás, Vágvölgyi Csaba, László G. Nagy: <i>Psathyroma</i> , egy új, Új-Zélandról leírt nagygombanemzetség a <i>Hymenogastraceae</i> (Agaricales) családban	39
Kelemen Alpár: <i>Haris</i> (<i>Crex crex</i>) felmérés az Alcsíki-medence Natura 2000 területén: 2015	40
Kelemen András, Valkó Orsolya, Kröel-Dulay György, Deák Balázs, Török Péter, Tóth Katalin, Balogh Nóra, Kelbert Bernadett, Migléc Tamás, Tóthmérész Béla: Az invazív selyemkóró hatása homoki gyepek őshonos fajaira	41
Keresztes Kriszta Kincsó, Lunka Tekla Amália, Markó Bálint: Rokondiszkrimináció és szuperkolonialitás a tölgyszakállgyanál (<i>Liometopum microcephalum</i>)	42
Keresztes Lujza, Simon Vitecek, Johann Waringer, Wolfram Graf, Ana Previšić, Steffen Pauls, Mladen Kučinić, Miklós Bálint, Kolcsár Levente Péter, Török Edina: Zűrös ügyek: a lárvataxonómia lehetőségei és buktatói, a szűrőgetve ragadozó tegzesek (<i>Drusinae</i> , <i>Limnephilidae</i> , <i>Trichoptera</i>) és az aprító-mindenevő <i>Acutipula</i> lárvák (<i>Tipulidae</i> , <i>Diptera</i>) példáján	43
Kiss Lola Virág, Nagy Péter István, Hrács Krisztina, Seres Anikó: Többféle szemcseméretű cink-oxid és réz toxikus hatásainak vizsgálata szabadonélő fonálféreg testszervezetén	44
Kiss Péter János, Bóni Imola, Körmöczy László: Előtanulmány Szeged város flórájának természetességéről	45
Kolcsár Levente-Péter, Török Edina, Keresztes Lujza: Az Európai hőszűnyogok (<i>Chionea</i> , <i>Limoniidae</i> , <i>Diptera</i>) filogéniájának és biogeográfiájának újraértékelése	46
Korponai Kristóf, Szabó Attila, Somogyi Boglárka, Vörös Lajos, Vajna Balázs, Boros Emil, Felföldi Tamás: A planktonikus bakteriális közösségek szezonális alakulása különböző karakterű szikes tavakban	47
Laczko Levente, Polina A. Volkova, Tóth János Pál, Bereczki Judit, Ludwig Triest, Ivan A. Schanzer, Sramkó Gábor: A <i>Primula vulgaris</i> Huds. európai léptékű filogeográfiája, különös tekintettel a Kárpát-medencére	48
Lakatos K. Timea, László Zoltán, Tóthmérész Béla: Forrás-függés egy invazív növény gazdaváltó rovarközösségében	49
Lehoczi Fanni, Szamosvölgyi Suzsa, Miklósi Ádám, Faragó Tamás: Kutyakölykök vokalizációinak egyedfejlődése és méretcsoportok közötti diverzitása	50
Lózer Magdolna Beáta, Ruprecht Eszter, Sandra Saura-Mas, Fenesi Annamária: Klímaváltozás és tájhasználat-váltás: új kihívások az őshonos növényfajok magjai számára	51
Macalik Kunigunda: Emlékezzünk Nyárády Erazmus Gyulára!	52
Mangó Katalin, Malkócs Tamás, Kovács Levente, Deák Péter: A <i>Gcn1</i> és <i>Gcn2</i> gének genetikai vizsgálata <i>Drosophila melanogaster</i> ben	53
Márton Zsuzsanna, Laskay Krisztina, Bérczi Alajos, Tóth András, Rákhely Gábor, Zimányi László: Rekombinációs citokróom-b561 fehérjék előállítása és részleges spektrális jellemzése	54
Márton Zsuzsanna, Szabó Attila, Boros Emil, Vörös Lajos, Felföldi Tamás: Kazahsztáni sós tavak ismeretlen prokarióta közösségei	55



Máthé István, Márialigeti Károly, Felföldi Tamás: Élet peremvidéken: extrém vizes élőhelyek baktériumközösségei a Kárpát-medencében	56
Miklovics Nikolett, Nyilasi Andrea, Rákhely Gábor: Ecetsav hatása a <i>Thiocapsa roseopersicina</i> nitrogénáz enzimének hidrogén termelésére	57
Moldován Norbert, Boldogkői Zolt, Tombácz Dóra, Csabai Zsolt, Balázs Zsolt: A Transzkripció Interferencia Hálózatok a genetikai szabályozás új szintjét képviselik	58
Müller Tamás, Takács Péter, Ferincz Árpád, Várkonyi Levente, Szentes Katalin, Urbányi Béla, Staszny Ádám: A Bükki Nemzeti Park egyes patakjainak halközösség monitorozása	59
Nagy András Attila: Natura 2000-es területek kijelölése halak védelme érdekében Romániában: 3. felvonás	60
Nagy Ágota, Horváth Judit, Nagy Olga, Pál Margit, Kovács Levente, Deák Péter: A <i>Drosophila</i> APC/C egyedi sajátossága	61
Nagy Nikolett, Németh Zoltán, Kosztolányi András, Juhász Edit, Rácz Rita, Pólska Szilárd, Barta Zoltán: Az inotocin neurohormon szerepe nagyfejű csajkók (<i>Lethrus apterus</i>) utódgondozásában	62
Nagy Zsuzsánna, Czekes Zsolt, Maák István-Elek: TiO_2 alapú fotokatalizátorok hatása hangyák túlélésére és tetemfelismerő viselkedésére	63
Neller Alexandra, Pál Margit, Kovács Levente, Deák Péter: Egy diciszttronos gén komplementációs analízise <i>Drosophila melanogaster</i> -ben	64
Oláh Szilvia, Cservenák Melinda, Szabó Éva Rebeka, Gellén Barbara, Dobolyi Árpád: Neuronális és hormonális aktiváció egér anyák hypothalamusában	65
Osváth-Ferencz Márta, Onodi Henrietta, Molnár Gyöngyvér, Rákossy László, Piotr Nowicki, Kőrösi Ádám: Lepkeszámlálás Erdélyben: mi hír a nagyfoltú hangyaboglárkáról (<i>Lepidoptera: Lycaenidae</i>)?	66
Ottlik Dorottya, Tomisa Bernadett, Pál Margit, Deák Péter: A ciszplatin toxicitásának vizsgálata sejtciklus ellenőrzési és DNS-hibajavítási mutánsokon <i>Drosophila melanogaster</i> -ben	67
Pénzes Janka, Vágási I. Csongor, Fülöp Attila, Pap Péter László, Osváth Gergely, Benkő Zoltán, Lendvai Ádám Zoltán, Barta Zoltán: Felfedező készség, szociális környezet és fiziológiai állapot házi verebeknél (<i>Passer domesticus</i>)	68
Péter Áron, Ioana Matei, Angela M. Ionică, Benedek A. Mária, Sándor D. Attila: Kisemlősök kullancsai és az általuk terjesztett betegségek	69
Péter Emőke, Nagy H. Beáta, László Zoltán: Rovartanyák lakói és az eltérő típusú búvó- és fészkelő helyek kihasználtsága	70
Rádai Zoltán, Barta Zoltán: Fokozott fejlődési sebesség immunitás-költsége egy farkaspók faj esetében ..	71
Rés Katalin, Szabó Anna, Szabó Csilla, Fenesi Annamária: A tatógó kökőrcsin (<i>Pulsatilla patens</i>) populációdinamikai felmérése és ex-situ védelme a kolozsvári Bükk-erdőben	72
Rigó Gábor, Koczka Lilla, Cséplő Ágnes, Szabados László, Darula Zsuzsanna, Medzihradsky Katalin, Koncz Csaba: A CRK5 Arabidopsis thaliana protein kináz foszforilációs helyeinek meghatározása a PIN1, PIN2 és PIN3 hidrofíl hurok régióján	73
Sándor Diána, Molnár Kálmán, Székely Csaba, Majoros Gábor, Cech Gábor: Halak fekete pettyes betegségét okozó <i>Apophallus</i> fajok gazdaspecifititásának és diverzitásának vizsgálata morfológiai és molekuláris módszerekkel	74
Sebestyén Flóra, Pólska Szilárd, Rácz Rita, Bereczki Judit, Lénárt Kinga, Barta Zoltán, Lendvai Ádám Zoltán, Tökölyi Jácint: Táplálék elérhetőség és érzékelt denzitás hatása életmenet jellegekre és az inzulin jelátvitelre közönséges hidránál (<i>Hydra vulgaris</i> Pallas, 1766)	75
Sramkó Gábor, Laczkó Levente, Sallainé Kapocsi Judit, Lisztes-Szabó Zsuzsa, Molnár V. Attila: A bókóló zsálya hazai, periférikus állományainak populációgenetikai vizsgálata – tanulások a sztyeppe filogeográfiája szempontjából	76



Szabó Csilla, Rés Katalin, Fenesi Annamária, Ruprecht Eszter: <i>Herbivória versus égetés hatása gyepekben élő élő lágyszárú növények éves növekedésére és virágzására</i>	77
Szabó Csilla, Kiss Anna, Sándor Csanád, Fenesi Annamária, Ruprecht Eszter: <i>Az égetett gyepterületek feltérképezése Erdélyben egy online adatbázis és egy telefonos alkalmazás segítségével</i>	78
Szabó Emerencia, Bartha László, Macalik Kunigunda, Jovanović Filip, Zubov Dimitri, Banciu Horia L., Yüzbaşıoğlu Sirri, Keresztes Lujza: <i>A kikeleti hóvirág (Galanthus nivalis) Kárpát-medencére fokuszáló filogeográfiájának előzetes eredményei</i>	79
Szekeres Edina-Kriszta, Baricz Andreea-Ionela, Chiriac Maria Cecilia, Szőke-Nagy Tiberiu, Andrei Ștefan-Adrian, Dragoș Nicolae, Coman Cristian: <i>Antibiotikumok és antibiotikum rezisztens mikroorganizmusok: antropikus hatás a természetes környezetre</i>	80
Szemán Karola, Kristin Brabender, Végvári Zsolt: <i>Agresszivitás Przewalski ló (Equus ferus przewalskii) csődőreinél</i>	81
Szuróczi Sára, Korponai Kristóf, Tugyi Nóra, Somogyi Boglárka, Tóth Erika, Felföldi Tamás, Vörös Lajos, Márialigeti Károly: <i>A planktonikus baktériumközösségek mennyiségi és aktivitási viszonyai a Fertő különböző típusú élőhelyein</i>	82
Staszny Ádám, Müller Tamás, Paulovits Gábor, Urbányi Béla, Ferincz Árpád: <i>Pikkelyalak ontogenetikai fejlődésének vizsgálata ezüstkárászon (Carassius gibelio Bloch, 1782)</i>	83
Takács Péter, Vítal Zoltán, Ferincz Árpád, Staszny Ádám: <i>Morfometriai módszerek ismételhetőségének, reprodukálhatóságának és szubjektivitásának vizsgálata</i>	84
Tamás Réka, Hartel Tibor: <i>Románia legszebb fája: egy kutatási-nevelési projekt előzetes eredményei</i>	85
Tóth Zsófia, Lendvai Ádám Zoltán: <i>Akut stressz hatása az inzulin-szerű növekedési faktor 1 szintjére egy szabadon élő madárfajban</i>	86
Tölgyesi Csaba: <i>A vízállapot fluktuációja strukturális változásokat okoz sztyepp-láp mozaikok ökotonjaiban, de nincs hatással az ökotónok pozíciójára</i>	87
Turóczi Andrea, László Zoltán: <i>Vonzza-e a sérült vadrózsa a gubacsdrázs parazitoidját?</i>	88
Ürmösi Adél, Varga Júlia, Bodai László: <i>His4r deléciós mutáns létrehozása P-elem ugratás segítségével Drosophila melanogasterben</i>	89
Vargancsik Dorottya, Osváth Gergely, Pap Péter László: <i>A szárnytollak szerkezeti jellemzése a házi veréb (Passer domesticus) esetében</i>	90
Várkonyi Levente, Specziár András, Horváth László, Urbányi Béla, Müllerné Trenovszki Magdolna, Müller Tamás: <i>Hévízi törpenövésű vadponta indukált szaporítása az élőhelyén</i>	91
Veres Róbert, Oláh Tibor, Kolcsár Levente-Péter, Keresztes Lujza: <i>TransDiptera Online Adatbázis: egy digitális rendszer a faunisztikai adatok kezelésére</i>	92
Zsigmond Laura, Boros Bogáta, Valkai Ildikó, Varga Mónika, Koerber Nikkolas, Fiorani Fabio, Szabados László: <i>Környezeti stresszhatások szerepe a mitokondriális légzési folyamatok szabályozásában</i>	93
Regisztrált résztvevők címjegyzéke	94



17. Kolozsvári Biológus Napok - részletes program -

Április 8., péntek

Gerinctelen Állattani Előadó (SZN) (1. emelet)

08:50 Megnyitó

Plenáris előadások

09:00 Deák Péter: *Mi a gén?*

09:50 Keresztes Lujza, Simon Vitecek, Johann Waringer, Wolfram Graf, Ana Previsic, Steffen Pauls, Mladen Kucinic, Miklós Bálint, Kolcsár Levente Péter, Török Edina: *Zűrös ügyek: a lárvataxonómia lehetőségei és buktatói, a szűrőgetve ragadozó tegzesek (Drusinae, Limnephilidae, Trichoptera) és az aprító-mindenevő Acutipula lárvák (Tipulidae, Diptera) példáján*

Kávészünet (10.40 – 11.00)

Kiselőadások

1. szekció – Gerinctelen Állattani Előadó (SZN)

Ülésvezető: Osváth-Ferencz Márta

11:00 Lakatos K. Tímea, László Zoltán, Tóthmérész Béla: *Forrás-függés egy invazív növény gazdaváltó rovarközösségében*

11:15 Péter Áron, Ioana Matei, Angela M. Ionică, Benedek A. Mária, Sándor D. Attila: *Kisemlősök kullancsai és az általuk terjesztett betegségek*

11:30 Nagy D. Dávid, Magura Tibor, Horváth Roland, Debnár Zsuzsanna, Tóthmérész Béla: *Homoki tölgyesek tarvágását követően telepített monokultúrák faültetvények hatása holyvaegyüttesekre (Coleoptera: Staphylinidae)*

11:45 Péter Emőke, Nagy H. Beáta, László Zoltán: *Rovartanyák lakói és az eltérő típusú búvó- és fészkelő helyek kihasználtsága*

12:00 Erős Réka, Benkő Zoltán: *A sárgahasú unka (Bombina variegata) elterjedését befolyásoló tényezők a Kolozsvári Bükk-Malomvölgy Natura 2000-es területen*

2. szekció – B2 előadóterem (2. emelet)

Ülésvezető: Keresztes Lujza

11:00 Kolcsár Levente-Péter, Török Edina, Keresztes Lujza: *Az európai hószyonyogok (Chionea, Limoniidae, Diptera) filogéniájának és biogeográfiájának újraértékelése*

11:15 Laczkó Levente, Polina A. Volkova, Tóth János Pál, Bereczki Judit, Ludwig Triest, Ivan A. Schanzer, Sramkó Gábor: *A Primula vulgaris Huds. európai léptékű filogeográfiája, különös tekintettel a Kárpát-medencére*

11:30 Sramkó Gábor, Laczkó Levente, Sallainé Kapocsi Judit, Lisztes-Szabó Zsuzsa, Molnár V. Attila: *A bókóló zsálya hazai, periférikus állományainak populációgenetikai vizsgálata – tanulságok a sztyeppe filogeográfiája szempontjából*

11:45 Szabó Emerencia, Bartha László, Macalik Kunigunda, Jovanović Filip, Zubov Dimitri, Banciu L. Horia, Yüzbaşıoğlu Sirri, Keresztes Lujza: *A kikeleti hóvirág (Galanthus nivalis) Kárpát-medencére fókuszáló filogeográfiájának előzetes eredményei*

12:00 Rés Katalin, Szabó Anna, Szabó Csilla, Fenesi Annamária: *A tatógó kökörccsin (Pulsatilla patens) populációdinamikai felmérése és ex-situ védelme a kolozsvári Bükk-erdőben*

Kávészünet (12.15 – 12.30)



1. szekció – Gerinctelen Állattani Előadó (SZN)

Ülésvezető: Osváth Gergely

12:30 Kelemen Alpár: *Haris (Crex crex) felmérés az Alcsíki-medence Natura 2000 területén 2015*

12:45 Jére Csaba, Csősz István, Szodoray-Parádi Farkas, Barti Levente, Bartha Csaba, Jakab Endre, Bücs Szilárd: *Denevérfelmérések eredményei és természetvédelmi vonatkozásai délnyugat-romániai karszterületeken*

13:00 Takács Péter, Vitál Zoltán, Ferincz Árpád, Stasznyi Ádám: *Morfometriai módszerek ismételhetőségének, reprodukálhatóságának és szubjektivitásának vizsgálata*

13:15 Ferincz Árpád, Müller Tamás, Takács Péter, Várkonyi Levente, Urbányi Béla, Staszny Ádám: *Pikkely-morfometriai vizsálatok lápi pócon (Umbra krameri Walbaum, 1782)*

13:30 Staszny Ádám, Müller Tamás, Paulovits Gábor, Urbányi Béla, Ferincz Árpád: *Pikkelyalak ontogenetikai fejlődésének vizsgálata ezüstkárászon (Carassius gibelio Bloch, 1782)*

2. szekció – B2 előadóterem

Ülésvezető: Fülöp Attila

12:30 Herczeg Dávid, Vörös Judit, Christiansen G. Ditte, Benovics Michal, Mikulíček Peter: *Fajösszetétel és ploiditás vizsgálata a kelet-magyarországi zöld békákon (Pelophylax)*

12:45 Carsten Nowak, Márton Orsolya, Claudia Wittwer, Berardino Cocchiararo, Martin Jansen, Bálint Miklós: *Negyven békafaj két liter vízben*

13:00 Lehoczki Fanni, Szamosvölgyi Zsuzsa, Miklósi Ádám, Faragó Tamás: *Kutyakölykök vokalizációinak egyedfejlődése és méretcsoportok közti diverzitása*

13:15 Czinege Nikolett, Faragó Tamás, Pongrácz Péter: *Miért idegesítő a szomszéd kutya ugatása? – avagy a kommunikáció és zajszennyezés közös hullámhosszon*

13:30 Szemán Karola, Kristin Brabender, Végvári Zsolt: *Agresszivitás Przewalski ló (Equus ferus przewalskii) csődőreinél*

Ebédsszünet (13:45 – 15:00)

Gerinctelen Állattani Előadó (SZN) (1. emelet)

Plenáris előadás

15:00 Hartel Tibor: *Természetvédelem, ökoszisztéma szolgáltatások, értékek: hogyan kapcsolódnak a fenntarthatóságért?*

Kávészünet (15:50 – 16:05)

Kiselőadások

1. szekció – Gerinctelen Állattani Előadó (SZN)

Ülésvezető: Hartel Tibor

16:05 Nagy András Attila: *Natura 2000-es területek kijelölése halak védelme érdekében Romániában: 3. Felvonás*

16:20 Müller Tamás, Takács Péter, Ferincz Árpád, Várkonyi Levente, Szentés Katalin, Urbányi Béla, Staszny Ádám: *A Bükk Nemzeti Park egyes patakjainak halközösség monitorozása*

16:35 Imecs István, Ujvári Krisztián-Robert, Demény Ferenc, Nagy András-Attila, Müller Tamás: *Új fajmegőrzési módszer a hazai természetvédelemben: ritka halfajok mesterséges szaporítása*

16:50 Várkonyi Levente, Specziár András, Horváth László, Urbányi Béla, Müllerné Trenovszki Magdolna, Müller Tamás: *Hévízi törpenövésű vadpónt indukált szaporítása az élőhelyén*



2. szekció – B2 előadóterem

Ülésvezető: Fenesi Annamária

- 16:05 Tamás Réka, Hartel Tibor: *Románia legszebb fái: egy kutatási-nevelési projekt előzetes eredményei*
16:20 Bán Miklós, Bérces Sándor: *Nyílt adatok és természetvédelem*
16:35 Szabó Csilla, Kiss Anna, Sándor Csanád, Fenesi Annamária, Ruprecht Eszter: *Az égetett gyepterületek feltérképezése Erdélyben egy online adatbázis és egy telefonos alkalmazás segítségével*
16:50 Veres Róbert, Oláh Tibor, Kolcsár Levente-Péter, Keresztes Lujza: *TransDiptera Online Adatbázis: egy digitális rendszer a faunisztikai adatok kezelésére*

Kávészünet (17.05 – 17.20)

1. szekció – Gerinctelen Állattani Előadó (SZN)

Ülésvezető: Papp Judit

- 17:20 Sándor Diána, Molnár Kálmán, Székely Csaba, Majoros Gábor, Cech Gábor: *Halak fekete pettyes betegségét okozó Apophallus fajok gazdaspecifititásának és diverzitásának vizsgálata morfológiai és molekuláris módszerekkel*
17:35 Korponai Kristóf, Szabó Attila, Somogyi Boglárka, Vörös Lajos, Vajna Balázs, Boros Emil, Felföldi Tamás: *A planktonikus bakteriális közösségek szezonális alakulása különböző karakterű szikes tavakban*
17:50 Márton Zsuzsanna, Szabó Attila, Boros Emil, Vörös Lajos, Felföldi Tamás: *Kazahsztáni sós tavak ismeretlen prokarióta közösségei*
18:05 Szuróczi Sára, Korponai Kristóf, Tugyi Nóra, Somogyi Bogárka, Tóth Erika, Felföldi Tamás, Vörös Lajos, Márialigeti Károly: *A planktonikus baktériumközösségek mennyiségi és aktivitási viszonyai a Fertő különböző típusú élőhelyein*

2. szekció – B2 előadóterem

Ülésvezető: Csata Enikő

- 17:20 Turóczi Andrea, László Zoltán: *Vonzza-e a sebesült vadrózsa a gubacsdarázs parazitoidját?*
17:35 Osváth-Ferencz Márta, Onodi Henrietta, Molnár Gyöngyvér, Rákosi László, Piotr Nowicki, Körösi Ádám: *Lepkeszámlálás Erdélyben: mi hír a nagyfoltú hangyaboglárkáról (Lepidoptera: Lycaenidae)?*
17:50 Török Edina, Hanna Jöst, Horváth Cintia, Alexandru Tomazatos, Daniel Cadar, Renke Lühken, Norbert Becker, Achim Kaiser, Octavian Popescu, Jonas Schmidt-Chanasit, Keresztes Lujza: *A Duna Delta csípőszúnyogjainak (Culicidae, Diptera) felmérése integratív módszerek alapján: előzetes eredmények*
18:05 Bóni Imola, Kiss Péter János, Gallé Róbert: *Nádasok szerepe a városi izeltlábu fauna megőrzésében*

Gerinctelen Állattani Előadó (SZN)

- 18:30 Albert Ágnes Júlia: *Barangolás Latin-Amerika szívében* (Képes élménybeszámoló)

B2 előadóterem

- 19:15 Állófogadás a konferencia regisztrált résztvevőinek

20:30 kötetlen beszélgetés az Abbey Road kávéházban (Str. Moșilor / Mócok útja 8. szám, a volt Vidám Asztalok)



Április 9., szombat

Gerinctelen Állattani Előadó (SZN) (1. emelet)

Plenáris előadások

- 09:00 Máthé István, Máriafiget Károly, Felföldi Tamás: Élet a peremvidéken: extrém vizes élőhelyek baktériumközösségei a Kárpát-medencében
 09:50 Barta Zoltán: Szorít az idő: optimális kalendárium állatok számára

Kávészünet (10.40 – 11.00)

1. Szekció – Gerinctelen Állattani Előadó (SZN)

Ülésvezető: László Zoltán

- 11:00 Rádai Zoltán, Barta Zoltán: Fokozott fejlődési sebesség immunitás-költsége egy farkaspók faj esetében
 11:15 Juhász Orsolya, Tóth Eszter, Paolo Henrique, Torma Attila, Maák István: *Formica polyctena* (Hymenoptera, Formicidae) higiénias viselkedési formái entomopatogén gombafertőzés esetében
 11:30 Keresztes Kriszta Kincső, Lunka Tekla Amália, Markó Bálint: Rokondiszkrimináció és szuperkolonialitás a tölgyfahangyánál (*Liometopum microcephalum*)
 11:45 Angi Evelyn, Balaji Arabella, Keresztes Kriszta Kincső, Csata Enikő, Markó Bálint: Mindenki egyenlő? Dominanciaviszonyok királynőknél a *Myrmica scabrinodis* fakultatív poligin hangyafajnál
 12:00 Sebestyén Flóra, Pólska Szilárd, Rácz Rita, Bereczki Judit, Lénárt Kinga, Barta Zoltán, Lendvai Ádám Zoltán, Tököllyi Jácint: Táplálék elérhetőség és érzékelt denzitás hatása életmenet jelekre és az inzulin jelátvitelre közönséges hidránál (*Hydra vulgaris* Pallas, 1766)
 12:15 Nagy Nikolett, Németh Zoltán, Juhász Edit, Rácz Rita, Pólska Szilárd, Barta Zoltán: Az inotocin neurohormon szerepe nagyfejű csajkók (*Lethrus apterus*) utódgondozásában

2. szekció – B2 előadóterem

Ülésvezető: Székely Gyöngyi

- 11:00 Zsigmond Laura, Boros Bogáta, Valkai Ildikó, Varga Mónika, Koerber Nikkolas, Fiorani Fabio, Szabados László: Környezeti stresszhatások szerepe a mitokondriális légzési folyamatok szabályozásában
 11:15 Rigó Gábor, Koczka Lilla, Cséplő Ágnes, Szabados László, Darula Zsuzsanna, Medzihradsky Katalin, Koncz Csaba: A CRK5 *Arabidopsis thaliana* protein kináz foszforilációs helyeinek meghatározása a PIN1, PIN2 és PIN3 hidrofil hurok régióján
 11:30 Abu Imran Baba, András Norbert, Rigó Gábor, Szabados László, Cséplő Ágnes: A calcium-függő protein kináz (Cdpk)-jellegű CRK5 protein kináz szerepe a gravitropikus válasz szabályozásában magcsírázás során
 11:45 Annus Tamás, Varga Máté: A *tal1/scf* gén idegspecifikus enhanszereinek térképezése zebradánióban
 12:00 Mangó Katalin, Malkócs Tamás, Kovács Levente, Deák Péter: A *Gcn1* és *Gcn2* gének genetikai vizsgálata *Drosophila melanogaster*-ben
 12:15 Moldován Norbert, Boldogkői Zsolt, Tombácz Dóra, Csabai Zsolt, Balázs Zsolt: A Transzkripció Interferencia Hálózatok a genetikai szabályozás új szintjét képviselik

Kávészünet (12.30 – 12.45)

1. szekció – Gerinctelen Állattani Előadó (SZN)

Ülésvezető: Vágási I. Csongor

- 12:45 Daubner Timea Ingrid, Wekerle Beatrix, Osváth Gergely, Vincze Orsolya, Vágási István Csongor, Pap Péter László: A madarak testtoll szerkezetének fajok közötti változatossága tükrözi az élőhelyhez és a hideghez való alkalmazkodásukat

17. Kolozsvári Biológus Napok



- 13:00 Fülöp Attila, Németh Zoltán, Kocsis Bianka, Barta Zoltán: *Szociális kapcsolatok szabadon élő mezei veréb (Passer montanus) csapatokban*
- 13:15 Pénzes Janka, Vágási I. Csongor, Fülöp Attila, Pap Péter László, Osváth Gergely, Benkő Zoltán, Lendvai Ádám Zoltán, Barta Zoltán: *Felfedező készség, szociális környezet és fiziológiai állapot házi verebeknél (Passer domesticus)*
- 13:30 Tóth Zsófia, Lendvai Ádám Zoltán: *Akut stressz hatása az inzulin-szerű növekedési faktor 1 szintjére egy szabadon élő madárfajban*
- 13:45 Vargancsik Dorottya, Osváth Gergely, Pap Péter László: *A szárnytollak szerkezeti jellemzése a házi veréb (Passer domesticus) esetében*

2. szekció – B2 előadóterem

Ülésvezető: Székely Gyöngyi

- 12:45 Ürmösi Adél, Varga Júlia, Bodai László: *His4r deléciós mutáns létrehozása P-elem ugratás segítségével Drosophila melanogaster-ben*
- 13:00 Neller Alexandra, Pál Margit, Kovács Levente és Deák Péter: *Egy dicisztronos gén komplementációs analízise Drosophila melanogaster-ben*
- 13:15 Ottlik Dorottya, Tomisa Bernadett, Pál Margit, Deák Péter: *A ciszplatin toxicitásának vizsgálata sejtciklus ellenőrzési és DNS-hibajavítási mutánsokon Drosophila melanogaster-ben*
- 13:30 András Norbert, Rigó Gábor, Cséplő Ágnes, Imma Pérez-Salamó, Szabados László: *A MAP kinázok szerepe az Arabidopsis HSF4A hősokk factor intramolekuláris kölcsönhatásaiban*
- 13:45 Márton Zsuzsanna, Laskay Krisztina, Bérczi Alajos, Tóth András, Rákhely Gábor, Zimányi László: *Rekombináns citokróm-b561 fehérjék előállítása és részleges spektrális jellemzése*

Ebédészünet (14:00 – 15:15)

Gerinctelen Állattani Előadó (SZN)

Plenáris előadás

- 15:15 Bakonyi Gábor: *Nanotechnológiai kihívások az ökotoxikológiában*

Kávészünet (16.05 – 16.20)

Kiselőadások

1. szekció – Gerinctelen Állattani Előadó (SZN)

Ülésvezető: Szabó Anna

- 16:20 Macalik Kunigunda: *Emlékezzünk Nyárády Erazmus Gyulára!*
- 16:35 Kelemen András, Valkó Orsolya, Kröel-Dulay György, Deák Balázs, Török Péter, Tóth Katalin, Balogh Nóra, Kelbert Bernadett, Migléc Tamás, Tóthmérész Béla: *Az invazív selyemkóró hatása homoki gyepek őshonos fajaira*
- 16:50 Lózer Magdolna Beáta, Ruprecht Eszter, Sandra Saura-Mas, Fenesi Annamária: *Klímaváltozás és tájhasználat-váltás: új kihívások az őshonos növényfajok magjai számára*
- 17:05 Szabó Csilla, Rész Katalin, Fenesi Annamária, Ruprecht Eszter: *Herbivória versus égetés hatása gyepekben élő évelő lágyszárú növények éves növekedésére és virágzására*

2. szekció – B2 előadóterem

Ülésvezető: Dénes Avar Lehel

- 16:20 Miklovics Nikolett, Nyilasi Andrea, Rákhely Gábor: *Ecetsav hatása a Thiocapsa roseopersicina nitrogénáz enzimének hidrogén termelésére*



- 16:35 Nagy Ágota, Horváth Judit, Nagy Olga, Pál Margit, Kovács Levente, Deák Péter: *A Drosophila APC/C egyedi sajátossága*
- 16:50 Oláh Szilvia, Cservenák Melinda, Szabó Éva Rebeka, Gellén Barbara, Dobolyi Árpád: *Neuronális és hormonális aktiváció eger anyák hypothalamusában*
- 17:05 Szekeres Edina-Kriszta, Baricz Andreea-Ionela, Chiriac Maria Cecilia, Szőke-Nagy Tiberiu, Andrei Ștefan-Adrian, Dragoș Nicolae, Coman Cristian: *Antibiotikumok és antibiotikum rezisztens mikroorganizmusok: antropikus hatás a természetes környezetre*

Kávészünet (17:20 – 17:35)

1. szekció – Gerinctelen Állattani Előadó (SZN)

Ülésvezető: Szabó Anna

- 17:35 Jakab Melinda, Szabó Csilla, Fenesi Annamária, Ruprecht Eszter: *Mennyi ideig életképesek a magvak a magbankban? Kísérletes tesztelés elárással*
- 17:50 Tölgyesi Csaba: *A vízállapot fluktuációja strukturális változásokat okoz sztyepp-láp mozaikok ökotónjaiban, de nincs hatással az ökotónok pozíciójára*
- 18:05 Kiss Péter János, Bóni Imola, Körmöczy László: *Előtanulmány Szeged város flórájának természetességéről*
- 18:20 Karl Soop, Dima Bálint, Szarkándi János Gergő, Jerry Cooper, Papp Tamás, Vágvölgyi Csaba, László G. Nagy: *Psathyroma, egy új, Új-Zélandról leírt nagygombanemzetség a Hymenogastraceae (Agaricales) családban*

2. szekció – B2 előadóterem

Ülésvezető: Macalik Kunigunda

- 17:35 Czeker Zsolt, Zeffer Csilla, Bai Dóra, Vincze Judith, Hampel Boglárka, Pap Zsolt: *Kereskedelmi és módosított TiO₂ fotokatalizátorok ökotoxikológiai tesztelése standard és nemkonvencionális tesztszervezetekkel*
- 17:50 Kiss Lola Virág, Nagy Péter István, Hrács Krisztina, Seres Anikó: *Többféle szemcseméretű cink-oxid és réz toxikus hatásainak vizsgálata szabadonélő fonálféreg tesztszervezeten*
- 18:05 Nagy Zsuzsánna, Czeker Zsolt, Maák István-Elek: *TiO₂ alapú fotokatalizátorok hatása hangyák túlélésére és tetemfelismerő viselkedésére*

Gerinctelen Állattan Előadó (SZN)

- 18:45 **Apáthy díjak ünnepélyes átadása** (díjazottak: dr. Gallé László és Sárándi Annamária)

19:00 **Filmvetítés**: Erdei álmom (rendező: Gál László). A film 2015-ben a Nemzetközi Természetfilm Fesztiválon elnyerte a Pustaszer-különdíjat és a Médiatanács különdíját.

Konferenciazárás

20:30 **kötetlen beszélgetés az Bulgakov kávéház emeleti részén** (Str. Inocentiu Micu Klein / Virág utca 17. szám)



**A calcium-függő protein kináz (Cdpk)-jellegű CRK5 protein kináz szerepe
a gravitropikus válasz szabályozásában magcsírázás során**

Abu Imran Baba, András Norbert, Rigó Gábor,
Szabados László, Cséplő Ágnes

Növénybiológiai Intézet, SZBK, MTA, Szeged

Az *Arabidopsis thaliana* CRK5 protein kináz a Ca^{2+} /calmodulin függő CRK protein család egyik tagja. Kimutattuk, hogy a CRK5 kináz inaktíválása a *crk5-1* mutánsban a gyökér gravitropikus válaszában késéshez vezet. A CRK5 protein kináz az *Arabidopsis* gyökér gravitációs válaszában egyik fő szabályozója, mivel *in vitro* a CRK5 foszforilálja a fő auxin transzporter PIN2 fehérjét. Megfigyeléseink alapján a CRK5 protein kináz újabb szabályozó funkcióját fedeztük fel. Kétszikűekben a csírázó magok hipokotil kampójának épsége kritikus faktor a növények túlélése szempontjából. A hipokotil kampó két oldalán az aszimmetrikus auxin koncentráció fenntartása alapvetően fontos mind a gyökér gravitropikus válaszában, mind a csírázó mag hipokotil kampójának görbületének kialakításában. Az auxin grádiens kialakulását és fenntartását egyéb növényi hormonok is befolyásolhatják finomszabályozás révén. A *crk5-1* mutáns csírázás alatt megváltozott fenotípust mutatott a vad típusú csíranövényekhez képest az etilén prekursor ACC-vel (1-amino ciklopropán-1-karboxilsavval) történő kezelés alatt. Megvizsgáltuk lézer szkennings mikroszkóppal több poláris auxin transzport (PAT) fehérjének (PIN3, AUX1) lokalizációs mintázatát ACC nélkül és ACC jelenlétében, vad típusú (*Col-0*) és mutáns (*crk5-1*) háttérben. Eredményeink alapján elmondhatjuk, hogy a CRK5 protein kináz a sötétben csírázó *Arabidopsis* hipokotil kampó görbületének kialakításában is fontos szerepet tölt be. Köszönetnyilvánítás: A projekt végrehajtását az OTKA PD115502 (G.R.), valamint a Magyar-Német Kétoldalú Tudományos és Technológiai Együttműködés (TÉT_12_DE_1-2013-0015) az Európai Unió támogatásával, az Európai Regionális Fejlesztési Alap társfinanszírozásával teszi lehetővé (Á.Cs., G.R., L.Sz.).

**Involvement of the calcium-dependent protein kinase (CDPK)-related kinase CRK5
in regulation of gravitropic responses under de-etiolated conditions**

CRK5 is a member of the *Arabidopsis thaliana* Ca^{2+} /calmodulin-dependent kinase-related (CRK) protein family and it is localized to plasma membrane. We found that knock out mutant for this kinase (*crk5-1*) has a delayed gravitropic response in roots. CRK5 protein kinase phosphorylates the main auxin transporter PIN2 *in vitro* suggesting that it plays a role in regulation of PIN2 membrane recycling thus influencing gravitropic bending of *Arabidopsis* roots. In etiolated *Arabidopsis* seedlings we observed another possible regulatory function of CRK5 protein kinase. During germination of dicot seeds the intactness of the apical hook is essential for further survival of seedlings. Maintenance of the asymmetrical auxin concentration at both sides of the hook is basically required for formation of either gravitropic curvature in roots or bending of dark grown hypocotyl hook during seed germination. Formation of this auxin gradient is influenced by fine cross talk of different hormones. We observed that the *crk5-1* mutant indicated an altered hook phenotype in presence of ethylene precursor ACC (1-aminocyclopropane-1-carboxylic acid) during dark germination. We checked the localization patterns of some polar auxin transporter (PAT) proteins by laser scanning microscope in the presence and absence of ACC to compare the PAT protein abundance in wild type (*Col-0*) and mutant (*crk5-1*) *Arabidopsis* seedlings. These results revealed that CRK5 protein kinase has a concerned role in regulation of hypocotyl hook formation during dark germination in *Arabidopsis*. Acknowledgements: This work is supported by the European Union, co-financed by the European Social Found within the frame of Hungarian-German TÉT_12_DE_1-2013-0015 (Á.Cs., G.R., L.Sz.) and the OTKA PD115502 (G.R.).



Mindenki egyenlő? Dominanciaviszonyok királynőknél a *Myrmica scabrinodis* fakultatív poligin hangyafajnál

Angi Evelyn, Balaji Arabela, Keresztes Kriszta Kincső,
Csata Enikő, Markó Bálint

Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, BBTE, Kolozsvár

A hangyák szociális rendszerében vannak olyan génuszok, amelyek megőrizték az ősi egy királynős rendszert (monogínia), míg mások „újítottak” és áttértek a több királynős rendszerre (poligínia). Habár a poligínia előnyös, hiszen a kolónia gyorsabban nőhet, és nagyobb méretet érhet el, de a királynők között reproductív dominancia-konfliktus alakulhat ki. A dominancia-viszonyok jó fokjelzője a királynők peterakási teljesítménye, illetve a dolgozók viselkedése a királynőkkel. A *Myrmica scabrinodis* hangyafaj kolóniái lehetnek monogínek illetve poligínek is. A fajt ugyanakkor egy sajátos gombafaj a *Rickia wasmannii* Cavara 1899 (Ascomycetes: Laboulbeniales) parazitálja, ami lecsökkenti életidejét. Kutatásunk során monogin és poligin, gombával fertőzött és nem fertőzött *M. scabrinodis* fészkeket tanulmányoztunk. Vizsgálataink során arra voltunk kíváncsiak, hogy a fertőzés jelenléte ill. hiánya, valamint az egy vagy több királynő megléte hogyan befolyásolja a királynők peterakási eredményességét, a dolgozók királynőkkal való viselkedését, és a királynők túlélését. Eredményeink azt mutatják, hogy a gombás fertőzés nem befolyásolta a királynők petézési eredményességét, sem a túlélését. Ugyanakkor pozitív hatással volt a csápölások intenzitására és a tisztogatási gyakoriságokra. Az egy vagy több királynő megléte pozitívan befolyásolta nemcsak a királynők petézését, hanem a csápölás és a tisztogatás gyakoriságát is a királynőkkal szemben. Következtetésként elmondhatjuk, hogy a gombás fertőzés jelenléte és a szaporodási rendszer jellege meghatározó tényező lehet a *M. scabrinodis* hangyafaj királynőinek viselkedésére.”

All equal? The parameters of dominance hierarchies among queens in the facultative polygynous ant *Myrmica scabrinodis*

In the social system of ants, there are some genera which preserved monogyny as the ancestral social system, while some of them developed a novel social system during their evolution: polygyny. Although polygyny has many advantages, as it ensures faster growth and larger size of colonies, it could also lead to reproductive dominance conflicts among queens. The status of queens might be reflected by the amount of eggs laid and by the workers' behaviour towards queens. Colonies of the ant species *Myrmica scabrinodis* can be monogynous or polygynous, as well. This species is parasitized quite frequently by the ectoparasitic fungus *Rickia wasmannii* (Ascomycetes: Laboulbeniales), which lives obligatorily on different species of the ant genus *Myrmica*. In Romania the most frequent host species is *Myrmica scabrinodis*. During our study we were interested whether the fungal infection, and the presence of one or more of queen influence the egg laying strategies of the queens, the workers' behaviour towards queens, and the survival of queens under laboratory conditions. Our results suggest that fungal infection did not have any effect either on the egg laying success, or on the queen survival rate, but it had a significant positive effect on the antennation and grooming behaviour of workers towards queens. On the other hand, the type of the social system influenced all the measured variable. Our results emphasize that fungal infection and the breeding system are determining factors on the behavior of *M. scabrinodis*. This work was supported by a grant of the Romanian National Authority for Scientific Research and Innovation, CNCS – UEFISCDI, project number PN-II-RU-TE-2014-4-1930.



**A MAP kinázok szerepe az *Arabidopsis* HSFA4A hősokk faktor
intramolekuláris kölcsönhatásaiban**

Andrási Norbert, Rigó Gábor, Cséplő Ágnes,
Imma Pérez-Salamó, Szabados László

Növénybiológiai Intézet, SZBK, MTA, Szeged

A hősokk faktorok fontos szerepet töltenek be hő vagy más stressz körülményekre adott válaszok szabályozásában, hisz aktív formában olyan stressz indukálható gének működését szabályozzák, melyek a védekezésben játszanak szerepet. A kötődés, e gének promoterén található, jól konzervált, hősokk elemeken valósul meg. Az *Arabidopsis thaliana*-ban általunk azonosított HSFA4A hősokk faktor növényben túltermeltetve só és oxidatív stressz tűrést eredményez. Kutatásaink során kiderült, hogy a HSFA4A képes dimerizálódni növényi sejtekben, illetve foszforilációs szubsztrátja a MPK3 és MPK6 MAP kinázoknak. A Ser309-es helyen történő foszforiláció elengedhetetlen az aktív dimer forma kialakulásához. Kísérleteinkben egyértelműen kimutattuk, hogy az MPK3/6 képes foszforilálni a fehérjét, azonban az MPK4 nem, mely arra utal, hogy csak az MPK3/6 kaskád játszik szerepet a HSFA4A aktiválásában. Hely-specifikus mutagenézissel létrehoztuk a Ser309Ala és Ser309Asp mutánsokat, mellyel megszüntettük vagy utánoztuk a foszforilációt. A továbbiakban összehasonlítottuk a mutáns és vad típusú fehérjék dimerizációját növényi sejtekben, melyhez BiFC módszert használtunk. Eredményeink alapján elmondhatjuk, hogy a Ser309Asp mutáns hasonlóképpen dimerizálódik, mint a vad típusú, azonban a Ser309Ala mutáció esetében nem figyelhető meg homomer kölcsönhatás. Eredményeink arra utalnak, hogy a foszforiláció fontos szerepet tölt be a hősokk faktor aktív formájának kialakulásában. Előzetes adataink szerint a Ser309Asp mutáns fehérje *Arabidopsis* növényekben túltermelve jobb só tűrést biztosít, mint a vad típusú HSFA4A túltermelése. Ezen eredmények arra engednek következtetni, hogy a MAP kinázok általi foszforiláció esszenciális a HSFA4A fehérje intramolekuláris kölcsönhatásaiban, illetve ezáltal a stressz tűrésben. A kutatást az NN-110962 számú OTKA támogatta.

**The role of MAP kinase-mediated phosphorylation in intramolecular interactions
of the *Arabidopsis* heat shock factor A4A**

Heat shock factors (HSFs) mediate the activation of large set of stress-induced genes upon exposure to high temperature or other stress conditions by trimerization and subsequent binding to the conserved heat shock elements (HSE) of the promoter regions of the targets. Earlier we have identified the heat shock factor A4A (HSFA4A) of *Arabidopsis thaliana*, which confers salt and oxidative stress tolerance to overexpressing plants. HSFA4A was found to display dimerization in plant cells and is phosphorylated by mitogen-activated protein kinases MPK3 and MPK6 on Ser309, which is required for its activation. While phosphorylation of HSFA4A was clearly demonstrated by MPK3/6 kinases, MPK4 failed to phosphorylate this transcription factor, suggesting that only the MPK3/6 cascade is responsible for its activation. Site-specific mutagenesis was used to generate Ser309Ala and Ser309Asp mutants, to abolish or mimic phosphorylation of HSFA4A, respectively. Bimolecular Fluorescence Complementation (BiFC) assay was used to compare dimerization of mutated and wild type HSFA4A proteins in plant cells. While dimerization of the Ser309Asp mutant was comparable or stronger than wild type HSFA4A, Ser309Ala mutation abolished homomeric interactions, suggesting that phosphorylation is important for the active trimer formation of this heat shock factor. Preliminary results showed, that *Arabidopsis* plants overexpressing the Ser309Asp phosphomimic version of HSFA4A have superior salt tolerance when compared to transgenic lines overexpressing the wild type factors. These results suggest, that MAP kinase-mediated phosphorylation is essential for intramolecular interactions of HSFA4A and important for the defense-related function of this heat shock factor. Research was supported by OTKA Grant no. NN-110962.

**A tal1/scl gén idegspecifikus enhanszereinek térképezése zebraadánióban**

Annus Tamás, Varga Máté

Genetikai Tanszék, Természettudományi Kar, ELTE, Budapest

A bázikus hélix-hurok-hélix (bHLH) transzkripció faktor kódoló TAL1/SCL gén a vérképzésben, illetve a csont- és idegrendszeri fejlődésben is fontos szerepet játszó gén. Munkánk során a tal1 idegrendszeri expressziójáért felelős enhanszereinek térképezését kíséreltük meg zebraadánió (*Danio rerio*) embriókban. A keresés kiindulópontját képező régió a tal1/scl-től upstream 6 kilobázisra kezdődő és második exonjáig tartó genomi szakasz volt, melyről korábban leírták, hogy minden olyan enhanszert tartalmaz, mely a tal1/scl idegrendszerben történő expressziójáért felelős. A vizsgálat során a szakasz kisebb elemeit Tol2 plazmidba klónoztuk gata2 alappromóter és EGFP-t kódoló szekvenciák kombinációjától upstream, majd a plazmidot Tol2 transzpozáz mRNS-sel zebraadánió embriókba koinjektáltuk. Ezután az EGFP expresszióját vizsgáltuk két napos tranzienst transzgenikus embriókban, különös tekintettel a tectum opticum területére, melyet döntő többségben GABAergic és glutamerg neuronok alkotnak. Az eredmények alapján a tal1/scl tectum opticumban történő expressziójáért felelős régiók többsége a géntől 1,5 kilobázisra upstream kezdődő és az első exonjáig tartó szakaszon belül találhatóak. Ennek a szakasznak a további in vivo és in silico jellemzése során olyan konzervált transzkripció faktor kötőhelyekre lertünk, amelyeknek fontos szerepe lehet az idegrendszeri expresszió szabályozásában. A helyspecifikus mutagenézissel elmutált kötőhelyek vizsgálata az egyik kötőhely esetében ezt a feltételezést megerősíti. Emellett további in silico vizsgálatokat végeztünk annak feltárására, hogy milyen neurotransmitter-rendszer tagjai lehetnek a Tal1/Scl pozitív idegsejtek. Kezdeti eredményeink alapján megállapítható, hogy a GABAergic és kolinerg rendszer működésében fontos gének esetében számos esetben találhatunk potenciális Tal1/Scl kötőhelyeket azok promóter régióban.

Mapping of neurospecific enhancers of the tal1/scl gene in zebrafish

The basic helix-loop-helix (bHLH) transcription factor coding TAL1/SCL gene plays important roles in hematopoiesis, osteogenesis, and neurogenesis as well. Throughout our work we attempted to map the neural enhancers of the tal1/scl gene in zebrafish (*Danio rerio*) embryos. The starting point for our search was a genomic region starting at 6 kilobases upstream from tal1/scl and ending at its second exon, since it was previously discovered, that this region contains every enhancer required for the neural expression of tal1/scl. We cloned smaller sections of the aforementioned region into Tol2 plasmids, upstream expression of gata2 basal promoter and EGFP coding sequences. The plasmids were coinjected with Tol2 mRNA into zebrafish embryos, following which we proceeded to examine EGFP expression in two day old transiently transgenic embryos, our main focus being the region of the optic tectum, which predominantly consists of GABAergic and glutamatergic neurons. According to our results, most the regulatory segments responsible for tal1/scl expression in the optic tectum are within the region starting at 1.5 kilobases upstream from the gene and ending at its first exon. Through further in vivo and in silico examination of the region we have found conserved transcription factor binding sites, which may play important roles in neural expression regulation. This was confirmed through the analysis of sites mutated by site directed mutagenesis. We have also preformed further in silico studies to uncover if the Tal1/Scl positive neurons could belong to any specific neurotransmitter system. According to our preliminary findings, putative Tal1/Scl binding sites are enriched in the promoter regions of genes important for GABAergic and cholinergic signaling.



Nanotechnológiai kihívások az ökotoxikológiában

Bakonyi Gábor

Állattani és Állatökológiai Tanszék, SZIE, Gödöllő

Különböző nanoanyagok felhasználása és a nanotechnológiával előállított termékek száma erőteljesen ütemben növekszik. Európai Unió becslések szerint évente 11 millió tonna nanoanyagot állítanak elő a világon. Emiatt elengedhetetlen, hogy mielőbb felmérjük a nanoanyagok okozta környezetterhelés kockázatait. Az elmúlt években ugyan a különböző nano-szennyezők biológiai, ökológiai hatásait egyre intenzívebben kutatták, és megkezdődött ezen anyagok ökotoxikológiai tesztelése, a hiányok módszertani tekintetben és az általánosítható eredmények tekintetében is igen jelentősek. A nanoanyagok fizikai-kémiai tulajdonságai alapvetően eltérnek a hagyományos, nagyszemcsés forma hasonló tulajdonságaitól. Ezért ökotoxikológiai szempontból ezeket az anyagokat más módon kell kezelni. A nanotechnológiával előállított termékek egy része bizonyosan kijut az ökoszisztémákba is (tisztítószer, motorok adalékanyagai, a gyógyászatban, remediációban, mezőgazdaságban használt nano-fémek, fullerének és nanocsövek stb.). Arról azonban igen kevés az információ, hogy ha ezek az anyagok nagy mennyiségben kerülnek ki a környezetbe, hogyan és milyen mértékben változtatják meg az ökoszisztémák szerkezetét és működését. Pillanatnyilag három fő kérdés köré lehet a nanoökotoxikológiai problémákat csoportosítani: (1) a szintetikus úton előállított nano-anyagok fiziko-kémiai tulajdonságainak leírása, az anyagok kvantifikálása egy adott élettelen környezetben (talaj, víz, levegő), (2) a nanoanyagok viselkedésének meghatározása egy adott ökológiai rendszerben (felvétel, transzformáció, kiválasztás populációs szinten, mozgás a táplálékláncokban), (3) megfelelő teszt módszerek kidolgozása, hatósági szabályozás. Nanotechnológia alkalmazásával előállított tea, naptej, vagy fertőtlenítő folyadék olyan termék, amellyel bárki kapcsolatba kerülhet.

Challenges in nanoecotoxicology

Production of nanomaterials and nano products is exponentially enhancing. The yearly production of the word of these materials is estimated about 11 million tonne according to the European Union. That is why, assessing the environmental impact of nanomaterials is an urgent task. Although exploration and testing of the biological and ecological effects of nano-pollutants started in the last decade, suitable test methods and general principles are still lacking. Physico-chemical properties of the nano and bulk form of the materials are entirely different. Hence specific ecotoxicological handling is necessary in this case. Some kind of nanoproducts will surely be entered into the ecosystems (cleaning materials, vehicle adhesives, nanometals, fullerenes and nanotubes applied in the medicine, remediation and agriculture, etc.). Our knowledge about nanomaterial effects on ecosystem structure and function is insufficient. Currently, three main topics of the nanoecotoxicological problems can be outlined: (i) physico-chemical characterisation of synthetic nanomaterials and quantification of them in different media (soil, water, air), (ii) behaviour of the nanomaterials in a given ecological system (uptake, transformation, excretion in any population, flow in the food chains), and (iii) development of suitable test methods, regulation by the authorities. Everybody can get in contact with nanotea, sun cream with nanoparticles, or nanoengineered antibacterial liquid produced by using nanotechnology.



Nyílt adatok és természetvédelem

Bán Miklós¹, Bérces Sándor²

¹MTA-DE „Lendület” Viselkedésokológiai Kutatócsoport,
Evolúciós Állattani és Humánbiológiai Tanszék, DE, Debrecen;
²Duna-Ipoly Nemzeti Park Igazgatóság, Budapest

A nyílt adatok és a civil részvétel egyre jelentősebb a tudományban és a természetvédelemben. Ebben az előadásban néhány példát mutatunk arról, hogy a nyílt adatok hogyan járulhatnak hozzá a tudomány és természetvédelem kapcsolatához. Bemutatjuk, hogyan építettünk fel egy nyílt tudományos természetvédelmi adatbázis keretrendszerét és mi mindenre lehet használni.

Open data and Nature conservation

Open data and the civil involvement are more and more significant in science and nature conservation. In this talk we will show some examples of how the open data can contribute to the relationship of science and conservation. We will present, how we built an open scientific and conservational database framework system and for what purposes it may be used.



Szorít az idő: optimális kalendárium állatok számára

Barta Zoltán

*MTA-DE Lendület Viselkedésetkológiai Kutatócsoport,
Evolúciós Állattani Tanszék, DE, Debrecen*

A környezeti tényezők csillagászati okokra visszavezethető szezonális változása jól definiált éves ciklusokat eredményez szinte az egész világon. Az élőlények változatos életmenet stratégiákkal alkalmazkodnak ezekhez a ciklusokhoz. Ezen életmenet változatosság mögötti evolúciós tényezők azonban máig sem teljesen tisztázottak. Előadásomban felvillantok néhányat a változatos életmenet stratégiákból, vázoló az ezek elméleti tanulmányozását lehetővé tévő optimális éves rutinok technikáját, valamint bemutatok néhány esettanulmányt, amelyek illusztrálják hogyan segítheti ezen technika az éves viselkedés evolúciójának jobb megértését. Végezetül felhívom a figyelmet, hogy a gerinctelenek életmenetének tanulmányozása nagyban hozzájárulhat az optimális éves viselkedés modellek empirikus teszteléséhez.

Pressed for time: optimal calendar for animals

Seasonally alternating environmental conditions define annual cycles all over the world. Organisms adapt to these cycles by diverse set of life histories. The evolutionary drivers of this diversity, however, are not fully understood. Here I flash some of these life history variations, outline the modelling technique of optimal annual routines and show a few modelling case studies to illustrate the power of optimal annual routines to advance our understanding of annual behaviour. I propose that studying invertebrate life history can be a promising avenue to test optimal annual routine models.



Nádasok szerepe a városi ízeltlábú fauna megőrzésében

Bóni Imola, Kiss Péter János, Gallé Róbert

Ökológiai Tanszék, TTIK, SZTE, Szeged

Közép-Európában a nádasokat jelentősen eltérő kémiai jellemzőkkel rendelkező víztestek körül találjuk. Kiterjedésük Magyarország teljes felszínének ~0.5 %-a; 4000 ha. A nádasok ízeltlábú faunája kiegyenült, hozzávetőleg 40 faj monofág nád fogyasztó. A ragadozók elsősorban a nád struktúrájához kötődnek, így pókok esetén számos specialista faj számára hálórögzítési helyként szolgál. Az urbanizáció hatását az ízeltlábúakra számos korábbi kutatás során vizsgálták, melyeket elsősorban az erdő talajfelszínén mozgó fauna alapján végeztek és ízeltlábú csoportonként jelentősen eltérő hatás mutatható ki. Vizsgálatunk során az urbanizáció hatását tártuk fel a nádasokban telelő ízeltlábúak esetén. Szegeden és környékén, 16 mintavételi pontot jelöltünk ki. A csapdákat mind városon belül mind pedig a város környéki másodlagos élőhelyeken 4-4 kiterjedtebb nádasba illetve 4-4 csatornát határoló keskeny nádasba helyeztük. Minden kijelölt területre egymástól legalább 50 méterre 3x10 telelő csapdát helyeztünk el. Melyek 2015 november elejétől 2016 március elejéig működtek. A csapda kialakításának lényege, hogy egy nádat az egyik oldalról náduszai közvetlen közelében elmeteszünk, másik oldalról pedig a nádusz után kis ráhagyással (körülbelül 5 cm) vágunk el. Az így kialakult üreg felülről védett és alkalmas ízeltlábúak telelésére. A náddarabokat hurkapálcákra rögzítve helyeztük ki a mintavételi helyekre. Február elején a csapdákat kicseréltük, így a két időszakban összesen 960 csapdát helyeztünk ki, melyekből 795-öt sikerült visszagyűjteni. A csapdák elvesztésének legfőbb oka az emberi rongálás. Az elfoglalási adatokon végzett tesztek alapján a városon belül található csapdákat jelentősen nagyobb arányban foglalták el, mint a másodlagos élőhelyeken. Ennek alapján, a városon belüli nádasok ízeltlábú faunája nem szegényebb a városon kívülieknél.

The role of urban reed belts in invertebrate conservation

In Central Europe the reeds can be found around water bodies that have significantly different chemical attributes. Their extension is 0.5% in Hungary; ca. 4000 ha. The arthropod fauna of the reed belts is unique, it contains approximately 40 monophag reed consumer. The predators are bound to the structure of the reed, in the case of spiders it offer net weaving places for numerous specialist species. Numerous studies have demonstrated the effect of urbanization on invertebrates. These studies were based on ground dwelling arthropod fauna of urban and suburban forests, and they results are highly taxon specific. In our study we addressed the effect of urbanization on the overwintering arthropod fauna of reed belts. We established 16 sampling sites in Szeged and in the semi-natural habitats in the surrounding rural landscape. At both locations the traps were placed in 4 extensive reed belts and in 4 narrow reed belts around canals and dead arms of the river Tisza. At every sampling site 3x10 traps were placed, keeping 50 meters between the sampling plots. The traps were open between November 2015 and March 2016. The traps were made of reeds. We opened the upper part of short pieces (5 cm) reeds. This way a hollow was made which is protected from above and offers overwintering microhabitat for arthropods to. Reed pieces were fixed to bamboo skewers and were placed at the sampling points. In early February we exchanged the traps, thus in the two period we placed a total of 960 traps. From these we collected back 795. The main reason of the trap loss was the human activity. The results of the glm model showed the traps that were placed in the city have significantly higher occupation rate, than traps in surrounding rural landscape. According to this result the arthropod fauna of the city reed belts is not poorer than the reed belts of semi-natural habitats.



Negyven békafaj két liter vízben

Carsten Nowak, Márton Orsolya, Claudia Wittwer,
Berardino Cocchiararo, Martin Jansen, Bálint Miklós

*Senckenberg Kutatóintézet és Természettudományi Múzeum, Frankfurt;
Senckenberg Biodiverzitás és Klíma Kutatóközpont, Frankfurt*

A természetvédelemhez nélkülözhetetlenek a megbízható fajlisták, azonban ez az információ különösen ritka a leginkább fajgazdag trópusi régiókban. Így van ez azoknak a látványos és kutatott fajcsoportoknak az esetében is, mint például a békák és varangyok. Az átfogó faunisztikai kutatások különleges szakértelmet igényelnek és emiatt rendkívül idő- és pénzigényesek. A jelen kutatásban azt vizsgáltuk, hogy az élőlények által hátrahagyott környezeti DNS (eDNS) mennyire használható a trópusi békafajok gyors és hatékony felmérésére. DNSt vontunk ki kelet-bolíviai alföldi tavak vizéből, majd PCR-reakcióval sokszoroztunk két taxonómiaiag informatív génszakaszt. A génszakaszokat Illumina-szekvenáltuk és a kapott szekvenciákat összehasonlítottuk egy többéves faunisztikai felmérés eredményeivel. A helyi békaközösségek összetételét a környezeti DNS jórészt megbízhatóan visszaadta. Mindez olyan környezeti DNS-alapú felmérési módszereket vetít elő, amelyek gyorsan és hatékonyan képesek lesznek faunisztikai információt szolgáltatni a trópusi kétélűvek védelméhez.”

Fourty anuran species in two liters of water

Conservation of biodiversity relies on adequate information about species composition. However, biodiversity information is inherently rare in the most diverse tropical regions, even for prominent and well-studied species such as frogs and toads. Reliable surveys are time and resource-intensive as they need highly specialized expertise. Here we evaluate the potential of environmental DNA (eDNA) for the efficient and quick survey of tropical anuran species. We extracted DNA from pond water samples collected on the eastern lowlands of Bolivia, PCR-amplified taxonomically informative marker genes, and submitted the amplicons to high-throughput sequencing. The sequence results were compared with multiyear visual and sound surveys to evaluate biases in the molecular observations. The eDNA results were mostly sufficient to reconstruct the composition of the local anuran fauna. This promises new eDNA-based survey tools which can rapidly and efficiently supply information for the monitoring and conservation of the tropical amphibian diversity.



Kereskedelmi és módosított TiO₂ fotokatalizátorok ökotoxikológiai tesztelése standard és nemkonvencionális tesztorganizmusokkal

Czekes Zsolt^{1,2,3,4}, Zeffer Csilla¹, Bai Dóra¹, Vincze Judith¹,
Hampel Boglárka⁵, Pap Zsolt^{3,4}

¹Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, BBTE, Kolozsvár;

²Ökológiai Tanszék, SZTE, Szeged;

³Interdiszciplináris Bio-Nano Tudományok Intézete, BBTE, Kolozsvár;

⁴Fizika Kar, BBTE, Kolozsvár;

⁵Magyar Kémia és Vegyészmérnöki Intézet, BBTE, Kolozsvár

A nanokristályok egy olyan tág körben alkalmazott anyagcsoportot alkotnak, amelyek előállítása és használata napról-napra növekszik. Ezek a nanoanyagok a mindennapi életünkben résztvevő termékekben találhatók meg, ezért a környezetbe való kijutásuk elkerülhetetlen. Ennek köszönhetően várható ezen anyagok széleskörű hatása a környezetre. A TiO₂ egy félvezető, amelyet többek között pigmentekben és fotokatalizátorként (pl. öntisztuló felületek előállítására) használnak. A TiO₂ egyike azon nanoanyagoknak, amelyet ipari mennyiségben előállítanak, ezért a környezetre gyakorolt hatása rendkívül jelentős lehet. A TiO₂ környezeti hatása, bár a Nemzetközi Egészségügyi Szervezet (WHO) jelentései alapján potenciálisan rákkeltőnek számít, kevésbé tanulmányozott. A TiO₂ fotokatalizátorok ökotoxikológiai hatásáról meglehetősen kevés információ található a szakirodalomban, és ezek zöme vízi környezetre vonatkozik. Kutatásunk során nanoméretű kereskedelmi, és módosított TiO₂ fotokatalizátorok ökotoxikológiai hatását vizsgáltuk standard és nemkonvencionális módszerekkel/szervezetekkel. A toxikológiai tesztekben bevált kis békalencsét (*Lemna minor*) használó vizsgálatok segítségével összehasonlítottuk a kereskedelmi és a módosított katalizátorok hatását. Toxikológiai tesztekben ritkán alkalmazott, de tág elterjedésű, életmódjuk és komplex viselkedésük miatt ideálisnak tűnő tesztorganizmusok (hangyák) segítségével vizsgáltuk ezen anyagok szubletális hatását. A kereskedelmi TiO₂ általi kezelés a két területi hangyafaj (*Formica polyctena*, *F. pratensis*) felismerési viselkedését és az egymással szembeni agresszivitás mértékét jelentősen befolyásolta.

Ecotoxicological testing of commercial and modified TiO₂ photocatalysts using standard and nonconventional test organisms

Nanocrystals constitute a group of widely applied materials, the volume of production and use of which increases constantly. We can find these materials in products which we use on daily basis, therefore their release to the environment is inevitable, which can lead to a wide environmental effect. TiO₂ is a semiconductor, which is used in pigments or for photocatalysis between others. TiO₂ nanomaterials are produced on industrial scales, therefore its environmental effect is expected to be significant. There are few studies concerning the environmental effect of TiO₂, although according to reports of the World Health Organisation it is considered to be potentially cancerogenic. On the ecotoxicological effect of TiO₂ photocatalysts little information can be found, and these mainly concern aquatic organisms. In our studies, we tested the ecotoxicological effect of nano-sized commercial and modified TiO₂ photocatalysts, using standard and non-conventional test organisms. Using the common duckweed (*Lemna minor*) as a standard ecotoxicological test organism, we compared the effect of commercial and modified titania. Using ants as test organisms hardly used in ecotoxicological testing, but which due to their wide distribution, biology and complex behaviour seem to be a group of ideal test organisms, we tested the sub-lethal effect of these materials. The application of commercial TiO₂ on two territorial ant species (*Formica polyctena*, *F. pratensis*) had a significant effect on the level of their aggressive behaviour.



Miért idegesítő a szomszéd kutya ugatása? – avagy a kommunikáció és zajszennyezés közös hullámhosszon

Czinege Nikolett, Faragó Tamás, Pongrácz Péter

Etológia Tanszék, ELTE, Budapest

Bár a zavarónak tartott kutyaugatás képezi világszerte a városi zajszennyezés jelentős hányadát, a sokakat bosszantó hatás kialakulásának mikéntjét eddig még nem vizsgálták. Kutatásunk során a következő kérdésekre kerestük a válaszokat: van-e kapcsolat az ugatás bosszantó hatásának mértéke és az ugatás akusztikus jellemzői között; köthető-e ez a hatás a kutya valamely feltételezett érzelmi állapotához, illetve van-e különbség a kutyaugatás zavaró hatásának megítélésében a különböző országokból származó, illetve különböző nemű hallgatók között. Résztevőink Magyarországon (N=100) és Braziliában (N=60) élő egyetemi hallgatók voltak, akik felvétel-visszajátszásos teszt során értékelték a különböző akusztikai jellemzők alapján összeállított kutyaugatásos felvételeket. Minden felvett egyesével minősítettek az ugatás bosszantó hatásának mértéke és a kutyanak tulajdonított belső állapot alapján. Mindkét ország hallgatósága egyaránt a magas alaphérfekvenciájú hangokat találta leginkább bosszantónak, illetve azokat az alacsony alaphérfekvenciájú ugatásokat, melyek gyorsan lüktető, atonális hangok voltak. A férfiak egyöntetűen bosszantóbbnak találták az ugatásokat, mint a nők, mind a két ország esetében. A bosszantóság értékelése kapcsán pedig pozitív korrelációt találtunk a negatív érzelmi állapotokkal, míg a pozitív belső állapotokkal negatív korreláció volt kimutatható. Eredmények szerint az ember számára bosszantó ugatások a kutya olyan belső állapotaihoz, és közvetve szociális kontextusokhoz köthetők, melyekben a kutyanak evolúciós értelemben adaptív a fokozottan figyelemfelkeltő vokalizálás.

Communication or noise pollution? The role of the acoustic features of dog barking in the auditory nuisance

Excessive dog barking is among the leading sources of noise pollution world-wide; however, the biological causation of barking annoyance remained uninvestigated. Previous research proved that human listeners can predict the barking's context and the inner state of the dog based on the acoustic parameters of the dog bark. Our questions were: is the nuisance rating affected by the acoustic parameters of barks; does the attributed inner state of the dog and the nuisance caused by its barks correlate; does the gender and country of origin affect the subjects' sensitivity to barking. Participants from Hungary (N=100) and Brazil (N=60) were tested with sets of 27 artificial bark sequences. Subjects rated each bark according to the inner state of the dog and the nuisance caused by the particular bark. Subjects from both countries found high-pitched barks the most annoying but level of annoyance was also high in case of harsh, fast-pulsing, low-pitched barks. Men found the high-pitched barks more annoying than the women did. Nuisance ratings showed positive correlation with assumed negative inner states of the dog, positive emotional ratings showed negative correlation with the nuisance level. Using dog barks as a model, we concluded that vocalizations with emotionally intense, negative valence can annoy humans. Comparison of our results with previous studies show, that this nuisance effect can be connected to some of the social contexts and inner-states of the dog, where barking can be adaptive from the evolutionary aspect, by recruiting the attention of the owner.



A madarak testtoll szerkezetének fajok közötti változatossága tükrözi az élőhelyhez és a hideghez való alkalmazkodásukat

Daubner Timea Ingrid, Wekerle Beatrix, Osváth Gergely,
Vincze Orsolya, Vágási István Csongor, Pap Péter László

Magyar Biológia és Ökológia Intézet, BBTE, Kolozsvár

A madarak testtollai fontos szerepet töltenek be a hőháztartásban és a vízvisztartásban, azonban, a funkciókat ellátó tollszerkezetbeli jellemzőkről hiányosak az ismereteink. Mivel az egyes madárfajok között nagy különbség figyelhető meg a tollszerkezetbeli tulajdonságokat illetően azt feltételezzük, hogy az eltérésekért az egyes fajok életmódbeli és környezeti jellemzői felelősek. Vagyis, a vízi életmódnak és a környezeti hőmérsékletnek fontos szerepet tulajdonítunk a madárfajok között megfigyelhető tollstruktúrábeli különbségek kialakulásában. A jelenlegi kutatásunkban a következő kérdésekre kerestünk választ: Különbözik-e a madarak testtollainak struktúrája az élőhely függvényében? Hogyan hat a külső hőmérséklet a madarak testtoll szerkezetére, illetve a két tényező együttes hatása hogyan mutatkozik meg a vizsgált tollazati paramétereken? A jelenlegi vizsgálatunkban 194 fajhoz tartozó 1043 egyed testtollainak szerkezetét hasonlítottuk össze. A testtollakon következő paramétereket vizsgáltuk: teljes hossz, pihés illetve pihe nélküli rész hossza, ágak sűrűsége és ágacsók sűrűsége. Eredményeink azt mutatják, hogy a testtoll hossza rövidebb a vízi, mint a szárazföldi fajoknál, és a tollak szerkezete a legsűrűbb a vízi fajoknál. A külső minimum hőmérséklet mind a tollak hosszára mind pedig a sűrűségére hatással van. Eredményeink rámutatnak azon tollazati jellemzőkre, amelyek egyrészt a vízlepergetésben, másrészt a hőháztartásban játszanak szerepet, e kapcsolatok feltárása pedig segíthet megérteni a víztaszító és hőviszartartó struktúra kialakulását az állati textúrák esetében.

Interspecific variation in the structural properties of body feathers in birds reflects adaptation to habitat and cold

Contour feathers of birds play an important role in thermoregulation and water retention, albeit, our knowledge about morphological traits ensuring these functions are incomplete. Because large differences exists between species in feather traits, we assumed that the life-history and environmental characteristics of each species are responsible for these variances. In other words, the aquatic life and environmental temperature is supposed to play an important role in the observed differences in contour feather structural elements. In our research we were looking for answers for the following questions: Are the structural traits of body feathers different according to the habitat? How does the temperature affects the bird's body feather structure and how the combined effect of the these factors is reflected in the studied feather parameters? In the current study we compared the structural elements of body feather of 1043 individuals belonging to 194 species. Body feathers were examined by the following parameters: overall length, the length of the pennaceous and downy parts, the barb density at two sections and the pennaceous barbule density. Our results show that the length of body feathers is shorter and pennaceous barbule density is higher in aquatic species than of terrestrial birds. Birds characterized with low values of minimum wintering temperature have longer down and reduced plumulaceous barb density. Our results highlight the characteristics of body feathers which assure the waterproofing and the thermo-isolation of the coat, and gives an insights on the functional morphology of feather structure. These findings can help us in better understanding the evolution of water-repellent and heat-retaining structures of animal textures.



Homoki tölgyesek tarvágasát követően telepített monokultúras fáültetvények hatása holývaegyüttesekre (Coleoptera: Staphylinidae)

Dávid D. Nagy¹, Tibor Magura², Roland Horváth², Zsuzsanna Debnár¹, Béla Tóthmérész¹

¹MTA-DE Biodiverzitás Kutatócsopórt, Debrecen;

²Ökológiai Tanszék, DE, Debrecen

Az intenzív erdőgazdálkodás jelentősen átalakítja az erdei ökoszisztémák szerkezetét és funkcióját. Ezek a változások jelentős hatással vannak a talajfelszínén élő gerinctelen makrofaunára. Vizsgálatunkban monokultúras tájidegen és ősonos fáültetvényekben (*Robinia pseudoacacia*, *Pinus sylvestris*, *Quercus rubra*, *Quercus robur*), valamint 135 éves kocsányos tölgyes állományokban (*Convallario-Quercetum roboris*) vizsgáltuk a holývaegyütteseket. A holývákat avarrostás mintavételi módszerrel gyűjtöttük Debrecen térségében. Eredményeink azt mutatták, hogy a holývák faj- és egyedszáma jelentősen nagyobb volt a kocsányos tölgyes állományokban, mint a monokultúras fáültetvényekben. A nedvességkedvelő és bomló anyagokat kedvelő holývák faj- és egyedszáma jelentősen nagyobb volt az őshonos fáültetvényekben, mint a tájidegen fáültetvényekben. A nedvességkedvelők és a bomló anyagokat kedvelők faj- és egyedszáma a kocsányos tölgyesben volt a legnagyobb. A lágyszárúak és cserjék borítása, valamint a talaj pH-ja és hőmérséklete volt a legfontosabb környezeti tényező a holývák faj- és egyedszámának kialakításában. Nem találtunk szignifikáns összefüggést az avar, a talajnedvesség, a lombkorona borítás, valamint a holývák faj- és egyedszáma között. A többdimenziós skálázás (Bray-Curtis hasonlósági függvényt használva) azt mutatta, hogy az idősebb tölgyes állományok holývaegyüttesének összetétele különbözött az őshonos és tájidegen fáültetvényekétől. Eredményeink azt mondhatják, hogy a kocsányos tölgyes állományok tarvágasát követően telepített monokultúras fáültetvények jelentős hatással vannak a holývaegyüttesekre. Ugyanakkor, az őshonos fafajok telepítése kedvezőbb körülményeket biztosít a specialista fajok számára, elősegítve ezzel a holývaegyüttesek gyorsabb regenerációját.

Effects of monospecific tree plantations on rove beetles (Coleoptera: Staphylinidae) in a lowland oak forest

Timber-oriented forest management alters considerably the structure and function of forest ecosystems. Ground-dwelling arthropod assemblages respond sensitively to these changes. We investigated the rove beetle assemblages in monospecific plantations of non-native tree species (*Robinia pseudoacacia*, *Pinus sylvestris*, *Quercus rubra*), in native oak plantation (*Quercus robur*) and in mature oak forest (*Convallario-Quercetum roboris*) as control. We collected the rove beetles by litter sifter sampling in the northern part of Debrecen city (Eastern Hungary). Our findings showed that the number of rove beetle individuals and species were significantly higher in the mature oak forest than in the native and non-native plantations. The number of individuals and species of the hygrophilous and decaying material dependent rove beetles were significantly higher in the native oak plantation compared to the non-native ones; however, there were still significantly more in the mature oak forest. Multiple regression analysis showed that the cover of herbs and shrubs, the soil pH and soil temperature were the most important factors controlling the diversity of rove beetles. There was no significant correlation between the cover of decaying wood materials, litter and canopy, soil moisture and the abundance and species richness of rove beetles. Multidimensional scaling highlighted that the rove beetle assemblages of the mature oak forest were separated from the monospecific plantations. Our results suggest that establishment of monospecific plantations after the conventional clear-cutting of mature oak forest has harmful effects on rove beetle assemblages. However, native plantations can provide more suitable conditions for specialist species than non-native ones, contributing partially recovery of rove beetles.



Mi a gén?

Deák Péter

SZTE Genetikai Tanszék, Szeged

Genom alatt egy organizmus által kódolt gének összességét értjük. De valójában mi a gén? Annak ellenére, hogy a gén köz-ponti fogalom a XX. századi genetikában és molekuláris biológiában, meghatározása végig ellentmondásos volt, ezért folya-matosan felülvizsgálatra és módosításokra szorult. Az előadásban áttekintem a génfogalom evolúcióját a kezdetektől napjaink-ig. A genomszekvenálások egyik célja egy faj összes génjének leltárba vétele és funkciójának meghatározása. Ezernél is több teljes genom ismeretétől joggal remélhető, hogy segített tisztázni a gén fogalmát. De vajon így van-e?





A Duna Delta csípőszúnyogjainak (Culicidae, Diptera) felmérése integratív módszerek alapján: előzetes eredmények

Edina Török^{1,2,3*}, Hanna Jöst⁴, Horváth Cintia¹, Alexandru Tomazatos⁴, Daniel Cadar¹, Renke Lühken¹,
Norbert Becker⁵, Achim Kaiser⁵, Octavian Popescu^{2,3}, Jonas Schmidt-Chanasit⁴, Lujza Keresztes¹

¹Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, BBTE, Kolozsvár;

²Román Akadémia Biológia Intézet, București;

³Interdiszciplinális Bio-Nano-kutatóintézet BBTE, Kolozsvár;

⁴Bernhard Nocht Institute for Tropical Medicine, WHO Collaborating Centre for Arbovirus
and Haemorrhagic Fever Reference and Research National Reference
Centre for Tropical Infectious Diseases, Hamburg, Germany;

⁵German Mosquito Control Association (KABS e.V.), Speyer, Germany

A szúnyogok által terjesztett vírusok kutatása, egyre nagyobb jelentőséggel bír, párhuzamosan az éghajlat globális változásaival, melyek lehetővé teszik egyes vektor fajok elterjedését. Ennek következtében jelenhetnek meg eddig ismeretlen vagy egzotikus vírusok Európában. Korai felismerésük a betegségek kialakulását előzheti meg melynek első lépése a vírusokat hordozó csípőszúnyogok felmérése. Kutatásunk során két éven (2014-2015) keresztül áprilistól-szeptemberig csípőszúnyogokat gyűjtöttünk CO₂-os EVS csapdázási módszerrel a Duna-Delta négy különböző élőhelyén. Összesen 535 768 szúnyog egyedet azonosítottunk. A szúnyogokat morfológiailag és molekulárisan (mtCOI, 658 bp) is azonosítottuk. Ennek alapján a térségből 17 fajt sikerült kimutatnunk, valamint két faunára új fajt, az *Ochlerotatus hungaricus* (Mihályi, 1955) és *Anopheles algeriensis* Theobald, 1903. Az azonosított szúnyogok között 7 gyakori fajt nagy mennyiségben gyűjtöttünk: *Cq. richiardii* (~334999), *An. hyrcanus* (~106872), *An. maculipennis* (~25734), *Cx. pipiens* (~20654), *Cx. modestus* (~11187), *Oc. caspius* (~17873), *Ae. vexans* (~8265); a többi ritka faj. A felsorolt gyakori fajok potenciális vírus vektorok is, ugyanis Európában több vírust is terjesztenek, mint például a Nyugat-Nílusi-, Batai-, Tahyna-, Usutu vírusokat. Felmérésünk elsősorban a vírus-vektor fajok térképezését célozza, valamint a vírust hordozó populációk korai azonosítása járványok kialakulását előzhet meg. A kutatást a Nemzeti Oktatási Minisztérium, a CNCS – UEFISCDI PN-II-ID-2012-4-0595 pályázatán keresztül történik, anyagilag támogatja a német Szövetség Élelmészeti és Mezőgazdasági (BMEL) és Szövetségi Hivatal Mezőgazdasági és Élelmészeti (BLE) részlege 2819104315, valamint a EurNegVec által szervezett STSM program.

Preliminary results of the mosquito (Culicidae, Diptera) survey in Danube Delta, using integrative taxonomy tools

Human and animal diseases caused by mosquito-borne viruses are of growing importance in many countries of Europe. Early detection of such serious epidemics should regularly prevent by comprehensive mosquitoes samplings. Our research is a survey of mosquitoes in Danube Delta, conducted between 2014 and 2015, from April to September, analyzing mosquito community's composition. We used CO₂-baited EVS traps in four different sampling sites corresponding with four different types of ecosystems. A total number of 535 768 mosquito specimens were collected in the four ecosystems. All mosquitoes were identified using morphological characteristics. Species were confirmed by sequence analysis of the mitochondrial COI (658 bp) gene. Our integrative approach has the result a number of 17 different species, from which two species were identified for the first time for the Romanian fauna: *Ochlerotatus hungaricus* and *Anopheles algeriensis*. A number of 7 species were the most common species with highest number of specimens: *Cq. richiardii* (~334999), *An. hyrcanus* (~106872), *An. maculipennis* (~25734), *Cx. pipiens* (~20654), *Cx. modestus* (~11187), *Oc. caspius* (~17873), *Ae. vexans* (~8265). These common species are also potentially the most important vector-borne species for number of viruses, like West Nile Virus, Batai-, Tahyna-, and Usutu Viruses. Finally, this information can also help to implement vector control programs depending on the life cycle of some mosquito species and to adjust the timing of interventions. This research was supported by a grant of the Ministry of National Education, CNCS-UEFISCDI, project nr. PN-II-ID-2012-4-0595, furthermore, this work was financially supported by the German Federal Ministry of Food and Agriculture (BMEL) through the Federal Office for Agriculture and Food (BLE) with the grant nr. 2819104315 and STSM program by EurNegVec.



A sárgahasú unka (*Bombina variegata*) elterjedését befolyásoló tényezők a kolozsvári Bükk-Malomvölgy Natura 2000-es területen

Erős Réka¹, Benkő Zoltán^{2,3}

¹Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, BBTE, Kolozsvár

²Román Madártani Egyesület

³Evolutionary Ecology Group, Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, BBTE, Kolozsvár

A sárgahasú unka (*Bombina variegata*) Románia szerte domb- és hegyvidéken előforduló gyakori kétélű fajunk. Szaporodása szorosan kötött az időszakos tócsákhoz, így jelenlétének kedvez a mérsékelt emberi zavarás. Nyugat-Európában a hatékony, sokszor agresszív, területrendezés következtében élőhelye fragmentálódik, populációi folyamatosan visszaszorulnak. Ennek következtében az Élőhelyvédelmi Irányelv (92/43/EEC) védett fajként említi, továbbá szerepel a IUCN vörös listáján is, a „nem fenyegetett” kategóriában. Így nálunk is védett, közösség jelentőségű fajnak számít. A Bükk-Malomvölgy Natura 2000-es terület kezelési tervének megírásához szükséges 2014-ben végzett felmérések során egy jelentős sárgahasú unka populációt azonosítottunk. Az egyedek 89%-a a földutak mentén kialakuló időszakos tócsákban fordult elő, azonban a potenciálisnak tűnő időszakos tócsák foglaltsága szempontjából jelentős változatosságot észleltünk. A faj védelme szempontjából kiemelt fontossággal bírhat az annak elterjedését befolyásoló tényezők pontos ismerete. A 2015-ben e tényezők jobb megismerése érdekében 11 változó mentén igyekeztünk jellemezni a faj élőhely választási potenciálját a vizsgált területen. Összesen 113 tócsáról gyűjtöttünk adatokat, melyeket általános lineáris modellek segítségével elemeztünk. Eredményeink alapján a faj előnyben részesíti az út mentén kialakult, közepesen zavart, zárt, nagy felületű tócsákat, és elkerüli az árnyékolt és források által táplált élőhelyeket. A vizsgálatunk által sikerült jobb rálátást nyerni a faj lokális elterjedését befolyásoló tényezőkre, ami hozzájárulhat a faj hatékony védelméhez a Bükk-Malomvölgy Natura 2000-es területen.

The influence of habitat characteristics on the distribution of the yellow-bellied toad (*Bombina variegata*) in the “Făgetul Clujului - Valea Morii” Natura 2000 protected site, in Cluj county

The yellow-bellied toad is a relatively common species in the Romanian hills and mountainsides. The species is well adapted to mild environmental disturbance and unpredictable habitats, hence it prefers temporary ponds for breeding. In Western-Europe, because of the more efficient and aggressive landscape management, the species habitats are fragmented and its populations are declining. As a consequence, the species is listed on the Annex II of the Habitat Directive (92/43/EEC) and on IUCN in the least concerned category, because of this the yellow-bellied toad is a protected species in Romania. Our study was conducted on the “Făgetul Clujului - Valea Morii” Natura 2000 protected site. Previous studies have shown presence of a strong population, 89% of the individual preferred temporary ponds on forestry roads. However, we observed high variability in the occupancy of the identified temporary ponds. To better understand the breeding habitat selection preferences of the species, in 2015 113 ponds were recorded and characterized by 11 environmental variables. We used general linear models to analyze the collected data. Based on our results the yellow-bellied toad prefers closed ponds, with greater surface, created on forestry roads with mild disturbance, while avoids shaded habitats which are in contact with other water sources than rain. During our study we gained a better insight on the characteristics, which influences the species local distribution. These information may contribute to more efficient conservation actions for the species on the studied area.



Pikkely-morfometriai vizsátatok lápi pócon (*Umbra krameri* Walbaum, 1782)

Ferincz Árpád¹, Müller Tamás¹, Takács Péter², Várkonyi Levente¹,
Urbányi Béla¹, Staszny Ádám¹

¹Halgazdálkodási Tanszék, Akvakultúra és Környezetbiztonsági Intézet,
Mezőgazdaság- és Környezettudományi Kar, SZIE, Gödöllő;

²MTA Ökológiai Központ Balatoni Limnológiai Kutatóintézet, Tihany

A halbiológiai eszköztárban nívumnak számító, pikkelymorfometriai vizsátatok egyik legnagyobb előnye, hogy a vizsgált egyedek maradandó károsítása nélkül alkalmazható, így alkalmas a védett és veszélyeztetett fajok populációbiológiai vizsgálatára. Hatékonyágát más fajokon korábban már igazolták, így jelen tanulmányunk célja volt, hogy a Kárpát-medence endemikus faján is megvizsgáljuk a módszer alkalmazhatóságát. A mérésekhez a Balaton-vízgyűjtő három mintavételi helyén gyűjtött 30-30 lápi póc egyed pikkelyeit használtuk fel. A kanonikus variancia-analízis (CVA) elemzés alapján a három populáció egymástól szignifikánsan különbözik, azonban az elkülönülés mintázata nem korrelál a földrajzi távolsággal és nehezen hozható kapcsolatba a részben ismert genetikai háttérrel. Ezek alapján feltételezhető, hogy a pikkely alakjának kialakulására az adott élőhely környezeti tényezői oly mértékben képesek hatni, hogy azok maszkírozzák a genetikai háttér hatását. Következtetésként elmondható, hogy a módszertan alkalmasnak bizonyult a lápi póc populációinak elkülönítésére, azonban vizsgálatunk rávilágított arra is, hogy a pikkelyalak kialakulására ható tényezők további tanulmányozása fontos feladat. A munka a „Fenntartható természetvédelem magyarországi Natura 2000 területeken” című, SH/4/8 regisztrációs számú Svájci Hozzájárulási Program támogatásával valósult meg.

Scale-morphometric examinations on Mudminnow (*Umbra krameri* Walbaum, 1792) in the Balaton-catchment (Hungary)

The geometric morphometric studies on fish scales are considered to be new in the toolkit of fish biology. Their most important advantage is the harmless usage, therefore it may be useful in case of investigating protected or endangered species. The effectiveness of this method has been recently proved, therefore the aim of our study was to test the applicability on the strictly protected endemic species of the Carpathian-basin. Scales of 30-30 mudminnows, collected from three localities of the Balaton-catchment were analyzed. Significant discrimination of the three populations was observed based on the Canonical Variates analysis (CVA), however the pattern of discrimination was not correlated to the geographical distance and could be hardly connected to the genetic background of these populations. The most possible background of these findings that environmental factors of different habitats may have such powerful effects on the scale shape, which might be able to hide the effect of genetic background. Our results suggests that this methodology is able to discriminate the populations of mudminnow within a narrow geographical range, however this study pointed out the necessity of further research on the background factors, which may effect the scale formulation. This study was supported by the “Sustainable nature conservation in Hungarian Natura2000 sites” SH/4/8 (Swiss Contribution Programme).

**Szociális kapcsolatok szabadon élő mezei veréb (*Passer montanus*) csapatokban**

Fülöp Attila, Németh Zoltán, Kocsis Bianka, Barta Zoltán

MTA-DE „Lendület” Viselkedésetkológiai Kutatócsoport,
Evolúciós Állattani és Humánbiológiai Tanszék, DE, Debrecen

Számos állatfajra jellemző egy bizonyos fokú társas viselkedés. Mint ilyen, az állatok különböző szociális struktúrákat, csapatokat alkotnak, melyek különböznek méretük és/vagy összetételük tekintetében, valamint egy bizonyos szegregáltságot mutatnak térben és/vagy időben. Mivel a különböző csapatokat feltehetően nem random módon társult egyedek alkotják, várhatóan az egyedek közötti szociális kapcsolatok sem véletlenszerűen oszlanak el a csapaton belül. Holott az egyedek szociális kapcsolatai jelentősen befolyásolhatják fitnessüket, a szociális struktúrák ezen jellemzői természetes körülmények között élő állatcsapatokban kevésbé ismertek. Vizsgálatunkban szabadon élő mezei veréb csapatok térbeli- és szociális struktúráját tanulmányoztuk. 3 év alatt összesen 204 mezei verebet fogtunk be, amelyeket egyedi színesgyűrű kombinációkkal jelöltünk meg, majd összesen kb. 50 napnyi terepi megfigyelést végeztünk három különböző táplálkozó helyen, ami alatt rögzítettük a különböző csapatok méretét és azonosítottuk a színesgyűrűvel megjelölt egyedeket a csapatokon belül. A veréb csapatok szociális struktúráját a szociális hálózatuk segítségével jellemeztük, melyet a csoportokon belül azonosított egyedek közös előfordulása alapján építettünk meg. Vizsgálatunkban azt találtuk, hogy a mezei veréb csapatok szegregáltan oszlottak meg a térben, azaz a három etető hely között, mely szegregáltságot a három helyen rögzített átlagos csapat méret-, valamint a szociális hálózat struktúrája is alátámasztotta. A jelölt egyedek szociális hálózata, azonban, nem három, hanem két alcsoportot azonosított, amelyek egy pár központi egyed által voltak összekötve. Eredményeink rámutatnak az egyedek közötti szociális kapcsolatok fontosságára a csoport térbeli- és szociális szerkezetének a kialakításában természetes körülmények között. A kutatást az OTKA (K112527) és a Pro Regione Alapítvány támogatta.

Social relationships in free-living tree sparrow (*Passer montanus*) flocks

Animals across taxonomic groups can be characterized by varying degrees of sociality. As such, animals form and maintain social structures (i.e. groups) with varying size and/or composition, which are also segregated in time and/or space. Since groups are not formed by random group members, social bonds between individuals are also expected not to be randomly distributed. Although the social connections of group members may influence fitness, such characteristics of social structures under natural conditions are largely unexplored. We studied the spatial- and social structure of free-living tree sparrow flocks under natural conditions. During 3 years of study we marked 204 individuals with unique combinations of colour rings, then for approx. 50 days we made regular observations at three different feeding locations. We recorded the size of the flocks and identified all marked individuals within flocks. We characterized the social network structure of these flocks using the co-occurrence of the marked individuals within the same flock. We have found that tree sparrow flocks were not homogeneously distributed in space (i.e. between the three feeding locations), which was indicated also by flock size and social network structure. However, instead of three, the social network structure of marked individuals revealed two main subgroups, which were linked by a few central individuals with high degrees of connectedness. Our results highlight the importance of the within-group social relationships among group members in shaping social structures in nature. This study was funded by OTKA (K112527) and by the Pro Regione Foundation.



Természetvédelem, ökoszisztéma szolgáltatások, értékek: hogyan kapcsolódnak a fenntarthatósághoz?

Hartel Tibor

Sapientia EMTE, Kolozsvár

A természetvédelem népszerűsége a tudományos, civil társadalom vagy akár a politikai körökben egyre nagyobb. Ennek ellenére a biodiverzitás dramatikusan erodálódik és vele együtt az ökoszisztémák azon képessége, hogy az emberi társadalom szükségleteit és aspirációit kielégítse úgy, hogy közben biztonságos „működési teret” biztosítson az emberi társadalom számára. Egyre több evidencia arra mutat, hogy a természetvédelem hatékonysága valamint az emberi társadalom szintjén található értékek („érték tőke”) között potenciálisan szoros kapcsolat létezik. Az „érték mediálta”, térben és időben dinamikusan változó ember-természet kapcsolatokat az „ökoszisztéma szolgáltatások” fogalom operacionalizálja. A természethez kapcsolódó értékek gyakran kompetícióban vagy akár konfliktusban vannak egymással mind egyéni- és társadalmi szinteken vagy akár szakmai körökön (pl. a természetvédő biológus közösség) belül is. Továbbá számos érték lappangó (azaz nem tudatosult) állapotban van ami „ökoszisztéma szolgáltatás diszkrépanciához” („ecosystem service mismatch”) vezethet. Végül, de nem utolsósorban az ökoszisztémák komponenseihez valós vagy vélt károk illetve negatív érzelmek kapcsolódhatnak („ecosystem disservices”). A társadalom szinten uralkodó természet vagy annak komponensei iránti érték, rendszerek és percepciók fontos tőkét képeznek a politikai körök számára és ezáltal tehát befolyásolhatják a döntéshozást. A jelen előadás fő célja a természetvédelemmel kapcsolatos értékek rövid összefoglalása valamint a vélt vagy valós hiányosságai és az értéktípusok között fennálló konfliktus helyzetek kiemelése. Említésre kerülnek a természettel kapcsolatos használati és nem használati értékek és kiemelem azokat az értékeket, amelyekről keveset tudunk, de gyaníthatóan kritikus fontosságúak a természetvédelem illetve a szociális-ökológiai fenntarthatóság szempontjából (pl. biztosítási értékek, reziliencia értékek – ezeket az értékeket sem kicserélni, sem nélkülözni nem lehet). A fenti értékeket valamint a társadalmi szinten bekövetkező érték transzformációkat az erdélyi fás legelők és öreg fák példájával illusztrálom. Az előadás következtetése az, hogy az „ökoszisztéma szolgáltatások” koncepció erősége a különböző értékek összevetésének és a természetre gyakorolt beavatkozások kompromisszumainak és lehetőségeinek az összehasonlító megértése. Ugyanakkor, mint minden koncepció keret az ökoszisztéma szolgáltatás is (csak) egy (és nem az egyetlen) eszköz, ami csak annyiban lehet jó és hasznos, amennyiben a használója képes felismerni a megfelelő szociális-ökológiai kontextust, amelyben alkalmazhatja.

Nature conservation, ecosystem services and values: how they link for sustainability?

Nature conservation is increasingly popular in the civil society, scientific and political environments. Despite this, the biodiversity is sharply eroding and with this also does the capacity of the biosphere to provide a safe operating space for the human societies. An increasing amount of evidences suggest that there is a link between the effectiveness of nature conservation and the value capitals at the level of society related to natural systems. The links between the social and ecological systems *via* values are typically operationalized through the concept 'ecosystem services'. The values related to nature at the level of the society are typically diverse, often in competition and conflict with each other. These are obvious at the individual as well as at society levels and includes even academic disciplines (see e.g. the community of conservation biologists). Several values are latent (not conscious) which results in various forms of 'ecosystem service mismatches'. Nevertheless some ecosystem elements may be perceived as damaging, these being commonly referred as 'ecosystem disservices'. The value systems at the level of the society may represent an important component on the political agendas and discourses, therefore these values may influence policies and decision making. The main goal of this presentation is to summarize and contextualize the value types related to nature conservation. Use- and non-use values will be mentioned including those values which are less known but may be critically important for nature conservation and sustainability of the social-ecological systems (e.g. insurance values, supporting ecosystem services). These values and the social transformations of values related to natural systems will be exemplified using woad-pastures and old trees from Transylvania. The conclusion of this talk is that the conceptual power of the ecosystem services framework is that it allows the simultaneous understanding of multiple and different values related to the same ecosystem (or its component), and it allows understanding the synergies and trade-offs of various human interventions on these systems. As every framework, the ecosystem service concept is a tool with its strengths and weaknesses and therefore its efficiency will depend on the ability of its user to identify the right social-ecological context and problem to be addressed under this framework.



Fajösszetétel és ploiditás vizsgálata a kelet-magyarországi zöld békákon (*Pelophylax*)

Herczeg Dávid, Vörös Judit, Christiansen G. Ditte,
Benovics Michal, Mikulíček Peter

MTA-DE „Lendület” Viselkedéskökológiai Kutatócsoport,
Evolúciós Állattani és Humánbiológiai Tanszék, DE;
Magyar Természettudományi Múzeum, Budapest;

University of Zurich, Institute of Evolutionary Biology and Environmental Studies, Zürich, Svájc;
Masaryk University, Department of Botany and Zoology, Brno, Csehország;
Comenius University, Department of Zoology, Bratislava, Szlovákia

A *Pelophylax* génuszba tartozó és Nyugat-palearktisi elterjedéssel bíró zöldbékák közé jelenleg 12 fajt sorolunk, amelyek egy részénél megfigyelhető hibridogenetikus fajkomplexek jelenléte. Vizsgálatunkban a Magyarországon is előforduló kecskebéka fajkomplexe (*Pelophylax esculentus* komplex) irányítottuk figyelmünket. Ennek a komplexnek a tagjai a tavi béka (*Pelophylax ridibundus*, genotípus RR) a kis tavi béka (*Pelophylax lessonae*, genotípus LL) illetve ezen két szülői faj hibridizációjából létrejövő kecskebéka (*Pelophylax esculentus*, genotípus LR). A hibrid egyedek a szülői fajoktól morfológiai jellegeik alapján nehezen elkülöníthetők, ezért molekuláris taxonómiai megközelítést (polimorfia detektálása a szérum-albumin intron 1 génben) használtunk arra, hogy az egyes élőhelyeken a fajösszetételt meghatározzuk, továbbá a hibrid egyedek genotípusát mikroszatellita vizsgálattal feltárjuk, majd populáció genetikai indexek számításával következtessünk a szaporodási rendszerükre. A három éves mintagyűjtés során 164 zöld békától vettünk DNS mintát a Hortobágyi Nemzeti Park (HNP) három különböző élőhelyi paraméterekkel rendelkező vizes élőhelyén. A komplex mind a három tagjának jelenlétét észleltük a mintavételi területen. Egyik vizes élőhelyen mindhárom taxon együtt fordult elő, míg a másik két élőhelyen a tavi béka és a kecskebéka együttes előfordulását detektáltuk. A ploiditás vizsgálat során 63 hibrid kecskebéka genotípusát analizáltuk és azt találtuk, hogy az egyedek diploid (LR) genotípussal rendelkeztek. Triploid genotípusú (LLR és LRR) békákat nem találtunk. Az eredményeink azt indikálják, hogy a három élőhelyből legalább kettőben LE (*lessonae-esculenta*) szaporodási rendszert figyelhetünk meg, ahol a hibrdek a *ridibundus* (R) genomjaikat klonális módon adják tovább a következő hibrid generációnak és csak a kis tavi békával visszakeresztződve képesek sikeresen szaporodni.

Taxonomic composition and ploidy level among European water frogs (*Pelophylax*) in eastern Hungary

The western Palaearctic water frogs in the genus *Pelophylax* comprise several distinct biological species and three hybridogenetic hybrid forms. In this study, we focus on the *Pelophylax esculentus* complex, which consists of two sexual species, *Pelophylax ridibundus* and *Pelophylax lessonae* and their hybridogenetic hybrid, *Pelophylax esculentus*. We used variation in serum albumin intron 1 (SAI-1) and 15 microsatellite loci for taxonomic and ploidy level identification of 164 individuals collected from three different types of wetland habitats in eastern Hungary at Hortobágy National Park (HNP). We detected the presence of all members of the *P. esculentus* complex in the studied localities. In one locality all three water frog taxa occurred syntopically, while in other localities *P. ridibundus* and *P. esculentus* dominated. The genomic composition of the 63 examined hybrid specimens analysed with microsatellite loci showed that only the diploid genotypes were presented in the studied populations. We used population genetics (allelic richness, gene diversity, multilocus genotypes and multilocus disequilibrium) to infer the breeding system of water frogs at HNP. Our data indicates that at least in two populations hybrids form gametes with clonally transmitted *P. ridibundus* genome and can only make new hybrid generation by mating with *P. lessonae*.



Mennyi ideig életképesek a magvak a magbankban? Kísérletes tesztelés elásással

Jakab Melinda, Szabó Csilla, Fenesi Annamária, Ruprecht Eszter

Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, BBTE, Kolozsvár

Egy terület vegetációjának összetételét nem csak a földfelszínen levő növényközösségek alkotják, hanem a talajban található magbank is. A magbank igen fontos információt szolgáltat az ökológiai restauráció számára és olyan kérdések megválaszolásában, mint például hogy hogyan védjünk egyes fajokat és közösségeket. Az egyes növényfajok magjai különböző ideig életképesek a talajban, magbank-típusuk a tranziensről a hosszú-távú perzisztensig változik. A vizsgálatunk célja az volt, hogy meghatározzuk négy családba tartozó 16 növényfaj esetében, hogy magvaik meddig és milyen arányban őrzik meg életképességüket a talajban két és fél éven keresztül. A begyűjtött és megtisztított magokat külön negyvenesével csomagolt tüllzacskókba csomagolva, öt ismétlésben, blokkosítva ástuk el 10 cm-es talajmélységbe a Kolozsvári Botanikus Kertben, majd félévente újabb és újabb csoportokat ástunk ki. A kiasott magokat klímakamrában csíráztattuk, majd életképességet vizsgáltunk TTC teszttel. Az elásás előtti csíráztatási és életképességi eredményeket tekintettük kontrollnak, s a későbbiekben is ezekhez az értékekhez viszonyítottuk a kiasott magok csírázási és életképességi értékeit. Az eredményeink azt igazolták, hogy a pillangósvirágúak (Fabaceae) és a keresztesvirágúak (Brassicaceae) családjába tartozó fajaink perzisztensnek mutatkoztak, míg a fészekvirágzatúak (Asteraceae) családjába tartozó fajoknál különböző mértékű életképesség-csökkenést találtunk a vizsgált két év alatt, tehát ezek besorolása a tranziens és perzisztens magbank-típus közötti. A pázsitfűfélék (Poaceae) családjába tartozó fajok között vannak egyértelműen tranziens magbankkal rendelkezők, de perzisztensek is. Bár szakirodalmi adatok azt mutatják, hogy a kisméretű és gömbölyű magvak tartósabb magbankot képeznek, mi ezt nem sikerült bizonyítsuk a vizsgált 16 faj alapján.

Viability of seeds in the seed bank. Experimental testing with burial

The composition of the vegetation in does not consist only about the plant communities on the earth's surface but also by the seed bank which is on the ground. The seed banks give important information's about the ecological restorations, and can also ensure some answers for questions such as how to defend some species and communities? Our research purpose was about how to specify about 16 plant species case that how long and what are the population value of the viability in the ground two and half years. The collected and cleaned seeds we separate into a groups of forty small bags and we buried them compartmented. After a half year we dig out newer groups. These seed (which we dig out) we germination in germ chambers, after that we analyzed the viability with the TTC test. Before burying them we considered to be control the results of the germinate and viability test in the future the results we compares to these value. Our results proved that in the Fabaceae's and in the Brassicaceae's family species are persistent so they keep their viability for a long time, but in the Asteraceae's family species from species we found in varying degrees of viability decline, over the two and a half years, so it is not clear they are classified. In the Poaceae's family species among those clearly transient seed bank, but also persistent. Although the results of previous studies have shown that small and spherical seeds to form durable seed bank, we did not prove successful on the basis of the chosen 16 species.



Denevérfelmérések eredményei és természetvédelmi vonatkozásai délnyugat-romániai karszterületeken

Jére Csaba¹, Csősz István¹, Szodoray-Parádi Farkas¹, Barti Levente¹,
Bartha Csaba¹, Jakab Endre^{1,2}, Bücs Szilárd¹

¹Romániai Denevérvédelmi Egyesület, Szatmárnémeti;

²Magyar Biológia és Ökológia Intézet és Interdiszciplináris Bio-Nano Kutatóintézet,
Molekuláris Biológia Központ, BBTE, Kolozsvár

A délnyugat-romániai karszterületek barlangjai, változatos élőhelyei jelentős denevéralományok védelmében játszanak kulcsfontosságú szerepet. A 2013-2016 közötti időszakban 43, többnyire földalatti szálláshelyet ellenőriztünk a régióban. Ezek közt 23 olyan helyszínt azonosítottunk, amelyek nagyméretű kolóniáiknak vagy magas fajdiverzitásuknak köszönhetően kiemelt figyelmet érdemelnek. A Románia területén előforduló 31 denevérfajból a felmérés során 23-at figyeltünk meg. Vizsgálataink igazolták a Méhely-patkósdenevér (*Rhinolophus mehelyi*) bántási előfordulását, és ártértékeltek számos közepméretű patkósdenevér kolónia fajösszetételét is, megállapítva, hogy a Blasius-patkósdenevér (*R. blasii*) lényegesen gyakoribb, mint ahogy a korábbi adatok sugallták. A vizsgált terület egyik jelentős barlangja a Csernabesenyői Magyar barlang, amely az egyik legváltozatosabb fajösszetételű szálláshely Romániában, ahol 16 denevérfaj jelenlétét sikerült kimutatni, beleértve mind az öt hazai patkósdenevér fajt is. A Buhui és Muierii barlangok jelentős nagy patkósdenevér (*R. ferrumequinum*) hibernáló állományukkal tűnnek ki, mindkét barlangban a faj több mint 1.500 példánya tel. Európai szinten is kiemelkedő jelentőségű a Topolnița barlang közepméretű patkósdenevér kolóniája, amely több mint 7.400 egyedből áll. Egy százszabányai romos épület konzervációs célú felújítása által sikerült megőrizni Románia egyik legnagyobb ismert épületlakó nagy patkósdenevér kolóniáját (350 egyed), amely mintegy 200 közepméretű patkósdenevérről és 200 csonkafülű denevérről (*M. emarginatus*) együtt használja az említett szálláshelyet. A kulcsfontosságú területek és szálláshelyek megfelelő védelmet igényelnek, mely egyaránt kiterjed a barlanglátogatásokra, valamint a környező élőhelyek használatára.

Results of bat surveys, and conservation aspects in South-Western Romanian karst areas

The caves and diverse habitats of South-Western Romanian karst areas play a key role in the conservation of important bat populations. In the period of 2013-2016 we carried out periodic bat surveys in 43, mostly underground roosts of the region. Among these, 23 sites deserve special attention due to large colonies or high species diversity. During the survey 23 bat species were observed, from a total of 31 species present in Romania. Our investigations proved the occurrence of Mehely's horseshoe bat (*Rhinolophus mehelyi*) in the Banat area, and provided the possibility to re-evaluate species composition of medium-sized horseshoe bat colonies, demonstrating that the Blasius's horseshoe bat (*R. blasii*) is significantly more common than previously suggested. One of the most important sites of the study area is the Ungurului de la Pecinișca cave, which provides roost for a diverse bat fauna of at least 16 species, including all five horseshoe bat species. The Buhui and Muierii caves have special importance for greater horseshoe bat (*R. ferrumequinum*) hibernating colonies, with more than 1.500 specimens in both roosts. The medium-sized horseshoe bat colony from Topolnița cave, with more than 7.400 specimens, represents a remarkable conservation value, even at the continental level. The conservation and renovation of an abandoned building in Sasca Montană locality ensured the long term survival for one of the largest known Romanian building-dwelling colonies of the greater horseshoe bat (350 specimens), which shares the mentioned roost with 200 medium-sized horseshoe bats and 200 Geoffroy's bats (*M. emarginatus*). Key areas and roosts require adequate protection measures, concerning both the cave visits and the use of surrounding habitats.



***Formica polycтена* (Hymenoptera, Formicidae) higiéniai viselkedési formái
entomopatogén gombafertőzés esetében**

Juhász Orsolya, Tóth Eszter, Paolo Henrique, Torma Attila, Maák István

Ökológiai Tanszék, TTIK, SZTE, Szeged

A hangyák euszociális életmódjuknak köszönhetően sok előnyt élveznek a magányos életmódot folytató rovarokhoz képest, de ez az életforma kedvező feltételeket teremt a paraziták számára is. A nagy egyedszám, az intenzív kapcsolatok, és a kedvező fészekbeli kondíciók ellenére meglehetősen alacsony a fertőzési prevalencia. Ennek hátterében a nagyon hatékony védekezési mechanizmusok állhatnak. Vizsgálataink során laboratóriumi körülmények között 6 *Formica polycтена* kolónia esetében figyeltük meg azok védekezési mechanizmusait különböző fejlődési stádiumban levő *Beauveria bassiana* entomopatogén gombával fertőzött tetemekkel szemben. A fagyasztással elpusztított dolgozókat spórákkal fertőztük, majd megfelelő inkubációs körülmények között tartva lehetővé tettük a hifák, és a konídiumok kifejlődését is, majd mind a három tetemtípus, valamint minden esetben fertőzésmentes kontroll tetemek esetében is elvégeztük megfigyeléseinket. Eredményeink alapján a hifás és konídiumos tetemek körül szignifikánsan több egyed jelent meg, mint a kontrollokon, és gyorsabban is szállították el őket. A hifás tetemek szignifikánsan gyorsabb reakciót váltottak ki, mint a kontrollok. A fertőzött tetemekkel szemben agresszívabb reakciót figyeltünk meg, a kontrollokhoz képest. A fertőzött tetemeket gyakran tisztogatták hangyasavval, esetenként feldarabolták őket. A tisztítás után a tetemek nagy részét a fészekbe szállították. A legintenzívebb reakciókat gombafonális illetve a spóratartó képletekkel teli tetemek váltották ki, valószínűleg azért, mert a spórákkal ellentétben nem távolíthatóak el könnyen a kutikuláról, és fertőző képességük is nagyobb. Ugyanez lehetett az oka a hangyasavas tisztogatásnak, és a feldarabolásnak is. Az, hogy a fészekbe szállították a tetemet jelzi a védekezési mechanizmusok hatékonyságát, ugyanis a fertőzőforrás a kolóniába bekerülve sem okozhat fertőzést.

**Hygienic behaviour of *Formica polycтена* (Hymenoptera, Formicidae)
during different stages of a fungal infection**

Contrary to solitary lifestyle eusociality has many benefits, but also hides dangers. The high number of individuals, the intensive contacts among them and the stable environmental parameters in their nests are favourable for the parasites, but notwithstanding the prevalence is low. The reason behind this contradiction could be the effective hygienic behaviours of ants. During our research we investigated on 6 *Formica polycтена* colonies kept under laboratory conditions the behavioural response against corpses infected with *Beauveria bassiana* entomopathogen fungi in different stages. We infected freeze killed corpses with spores and under proper incubation conditions we let the development of hyphae and conidia. During our work 10 corpses of each infections stage, and corpses handled in the same manner, but without infection were used as controls. Our result showed that around the corpses with hyphae and conidia appeared significantly more workers than around the controls, and even their removal was faster. We found a significantly faster reaction against hyphae covered corpses. We found a significantly more aggressive behaviour against the three types of treatment corpses. Furthermore, the workers cleaned the infected corpses with formic acid, and sometimes even chopped them to pieces. After this intensive and drastic cleaning some of the corpses were carried to the nest. On the basis of our results we can tell, that we found more intensive reactions against the hyphae, and conidia covered corpses, possibly because these are more dangerous than those covered with spores. The use of formic acid and the taking apart of the corpses can be important defence mechanisms too. The carrying of the corpses into the nest means that the hygienic behaviours are effective enough to protect the ant colony from the fungal infection.



Új fajmegőrzési módszer a hazai természetvédelemben: ritka halfajok mesterséges szaporítása

Imecs István, Ujvári Krisztián-Robert¹, Demény Ferenc²,
Nagy András-Attila³, Müller Tamás²

¹Hargita Megyei Állategészségügyi és Élelmiszerbiztonsági Igazgatóság, Csíkszereda;

²Környezet- és Tájgazdálkodási Intézet, Halgazdálkodási Tanszék,
Mezőgazdaság- és Környezettudományi Kar, SZIE, Gödöllő;

³"Milvus Csoport" Madártani és Természetvédelmi Egyesület, Marosvásárhely

Romániában a természetvédelmi területek kezelési tervei folyamatosan készülnek és előreláthatóan tavasz végéig több mint 200 kezelési terv lesz elfogadva országos szinten. Ez be fogja indítani a következő ciklust, mely során az elfogadott kezelési terveket pályázati forrásokból gyakorlatba lehet fektetni. Nagyon fontos szempont lesz majd a különböző fajvédelmi és megőrzési programok kvantifikálhatósága, melyek indirekt módszerek alkalmazásával csak hosszú évek monitorizálásainak eredményeként valósulhat meg. Erre adhat hatékony megoldást a védett és ritka halfajok mesterséges szaporítása és visszatelepítése, mely költség- és időhatékony, kontrollált és prediktálható adatokat eredményez. Az Alcsíki-medence Natura 2000 terület ROSCI0007 gondnoksága keretén belül második éve próbálkoztunk réti csík (*Misgurnus fossilis*) mesterséges szaporításával, mely sikeres intézkedésnek bizonyult. A kikelt lárvákat, illetve későbbiekben az ivadékokat akváriumi körülmények között neveltük, majd kitelepítettük az ismert réti csíkos élőhelyekre. Nagyobb sikert jelent, ha a nevelést hosszabb ideig folytatjuk, viszont fajmegőrzés szempontjából nagy eredménynek számít már a lárvák nagyszámú kikelése is, hisz a természetes állapothoz képest jelentős mértékben meg lehet növelni a kelési sikert. Úgy gondoljuk, hogy meghatározó szerepet tölthet be a védett halfajok kezelési intézkedéseinek gyakorlatba fektetése során a mesterséges szaporítás, nevelés és kitelepítés.

New conservation methods of the domestic nature conservation: artificial propagation of rare fish species

In Romania management plans are being continuously elaborated, and foreseeably more than 200 management plans will be approved at national level until the end of the spring. It will launch next cycle, during which the approved management plans could be put on practice thanks to tender sources. The quantification of different species protection and conservation programs will be a very important aspect, which is only possible through monitoring for many years as a result of using indirect methods. The artificial propagation and introduction can give an effective solution for that problem, which is time and cost efficient and results predictable and controlled data. Through the custody of the Lower Ciuc Basin Natura 2000 site we tried for the second year the artificial propagation of the weatherfish (*Misgurnus fossilis*) which has been a successful measure. The hatched larvae, and later the juvenile fish were reared in aquariums and then they were introduced into known habitats of the weatherfish. A greater success can be achieved if the rearing is continued for a longer period of time, but in terms of species conservation a major result is already the emergence of a large number of larvae, since it is possible to increase the hatching success significantly compared with the natural state. We think that the artificial propagation, the rearing and introduction of protected fish species can play a key role during the implementation of management measures in the future.



***Psathylooma*, egy új, Új-Zélandról leírt nagygombanemzetség
a Hymenogastraceae (Agaricales) családban**

Karl Soop, Dima Bálint, Szarkándi János Gergő, Jerry Cooper,
Papp Tamás, Vágvölgyi Csaba, László G. Nagy

Swedish Museum of Natural History, Department of Cryptogamic Botany, Stockholm, Sweden;

Növénysszervezettani Tanszék, ELTE, Budapest;

Mikrobiológiai Tanszék, SZTE, Szeged;

Department of Biosciences, Plant Biology, University of Helsinki, Finland;

Landcare Research, Lincoln, New Zealand;

Gomba Genomika és Evolúció Csoport, MTA SZBK, Szeged

Munkánkban egy új, az Agaricales rendbe tartozó nagygombanemzetséget, a *Psathylooma*-t írjuk le új-zélandi anyagok alapján. A nemzetségen belül két új fajt, a *Ps. leucocarpum*-ot és a *Ps. catervatim*-ot írjuk le. Mindkét leírt gombafaj hosszú ideje ismert volt, viszont formális leírásuk eddig nem történt meg. A morfológiai jellegek és a filogenetikai analízisek megmutatják, hogy a *Psathylooma* a *Hebeloma*, *Naucoria* és a *Hymenogaster* nemzetségek erős támogatottságot mutató testvércsoportja. Alaktanilag a *Psathylooma* a *Hebeloma* nemzetség képviselőihez hasonlít, melyektől főleg sima felszínű, csírapórussal bíró bazidiosporái különböztetik meg. A nemzetség földrajzi elterjedése a déli félteke több régiójára is kiterjed. A publikált környezeti eredetű szekvenciák alapján valószínűleg a *Psathylooma* nemzetségbe tartozó (*Psathylooma* spp.) gombafajokat izolálták Taszániából, illetve Argentínából származó gyökércsúcsokból, ami a délibükkal való ektomikorrhízis kapcsolatra utal.

***Psathylooma*, a new genus of gilled mushrooms
in Hymenogastraceae (Agaricales) described from New Zealand**

A new genus *Psathylooma* is described based on collections of agarics from New Zealand. We describe two new species in the genus, *Ps. leucocarpum* and *Ps. catervatim*, both of which have been known and tentatively named for a long time awaiting a formal description. Morphological traits and phylogenetic analyses show that *Psathylooma* forms a strongly supported sister clade to *Hebeloma*, *Naucoria*, and *Hymenogaster*. Morphologically, *Psathylooma* resembles *Hebeloma* from which it differs mainly by producing smooth basidiospores with a germ pore. The geographical range of the genus is shown to include several regions in the southern hemisphere. A survey of published environmental sequences shows that *Psathylooma* spp. were isolated from ectomycorrhizal root tips from Tasmania and Argentina, indicating an ectomycorrhizal association with southern-beech.

**Haris (*Crex crex*) felmérés az Alcsíki-medence Natura 2000 területen: 2015**

Kelemen Alpár

ACCENT GeoÖkológiai Szervezet, Tusnádfürdő

A haris (*Crex crex* Linnaeus, 1758) nedves kaszálók, üde láprétek, magas kórósok rejtett életmódot élő madara, amely magas fű között él. A haris egy közepes méretű, 27-30 cm testhosszú, 42-53 cm szárny fesztávolságú madár. A célom az volt, mint természetvédelmi őr, hogy az Alcsíki-medence Natura 2000 területen ROSCI0007 újra felmérjük a haris állomány nagyságát, gazdákkal kint a terepen ismerkedjünk a madár alapvető viselkedési formáival, védelmi módszerekkel és a helyi iskolák V-VIII osztályos diákjai ismerkedjenek ezzel a természeti értékkel. A területen az első felmérést Demeter L. és Szabó D. Zoltán végezte, 2001-2004 között. Demeterrel 2008-2010-ben közösen végeztük a haris felmérést. Az adott területen a haris állomány felmérését legegyszerűbben az éneklő hímek számolásával kapjuk meg. A felmért szakaszon 600 és 700 méter között légvonalban vettem fel pontokat, ahol öt percig hallgatóztam. A számolást este 23:00-kor kezdtük meg és 03:00-kor fejeztük be, július hónap folyamán (2015). Csíkszentkirálytól délre haladtunk az Olt folyását követve Tusná felé. A gazdákkal való találkozások során azt a következtetést vontam le, hogy nem értékelik, és nem értik miért is kell védeni az állatvilág kisebb képviselőit. Nehézkesen akarták használni a vadriasztó láncot. Gyerekeknek hasznos volt a foglalkozás megismerkedek a haris mellett más könnyen felismerhető élőlényekkel, sátorállítással és a leshelyek kialakításával. A vizsgált területen 51 hím madarat számoltunk. Az előző években számoltakhoz képest nincs jelentős változás az állomány nagyságát tekintve. Csíkszentsimon és Tusná között nagyobb a populáció, itt 45 hímest számoltam. Az élőhely itt megfelelőbb a harisok számára. Költési időben ezen a területen kell figyelmet fordítani a kaszálások lezajlására, mivel itt vannak nagyobb parcellák. A kérdéses területre hatékony módszereket kell kidolgozni a kaszálási csúcs időszakában.

Corncrake (*Crex crex*) survey of the Lower Ciuc Basin Natura 2000 area in 2015

The corncrake (*Crex crex* Linnaeus, 1758) likes in wet meadows, large fens and in the tall grass. The species is a medium-sized bird, 27-30 cm long, with a wingspan of 42-53 cm. I am a ranger in the Lower Ciuc Basin Natura 2000 site ROSCI0007, and my aim was to surveys corncrake population in the area, talk to the farmers about the behavior of the corncrake and "corncrake-friendly" farming techniques. Another objective was to help the local schoolchildren from V-VIII classes to familiarize themselves with this nature value. In this area the first surveys was made by Demeter L. and Szabó D. Zoltán in 2001-2004. In 2008-2010 I conducted a corncrake survey with Demeter. The easiest way to survey the corncrake population, is to count the singing male birds. In the surveyed area I choose to stop at each 600-700 m and every time I listen five minutes. The count started 23:00at evening and finished 03:00at down, during the month of June (2015). From Csíkszentkirály we walked towards south, following the Olt River until Tusná village. During the meeting whit farmers, I experienced that, they are not interested and do not understand why we should protect the surveyed bird. They don't really want to use the alarm chains either. The meeting with the children was useful; they learned about the corncrake and other easily recognizable species, the learned how to set up a tent or how to establish the monitoring locations. We counted a total of 51 male birds, and we found no significant change compared to previous years. We counted most of the males between Csíkszentsimon and Tusná, 45 individuals. This area is best habitat for the corncrake in site. During the breeding season of the species more attention should be paid to the mowing activities, because in this area are the most hayfield from the region. Effective methods should be developed for the peak periods of the mowing season.



Az invazív selyemkóró hatása homoki gyepek őshonos fajaira

Kelemen András, Valkó Orsolya, Kröel-Dulay György, Deák Balázs,
Török Péter, Tóth Katalin, Balogh Nóra, Kelbert Bernadett,
Miglécz Tamás, Tóthmérész Béla

Ökológiai Tanszék, DE, Debrecen;
MTA ÖK Ökológiai és Botanikai Intézet, Vácrátót;
MTA-DE Biodiverzitás Kutatócsoport, Debrecen

A selyemkóró (*Asclepias syriaca*) egy nagy termetű, jó terjedő képességgel rendelkező, kompetitor faj, amely Európa-szerte nagy területeket özönlött el és Magyarország homokterületein a legveszélyesebb invazív fajok közé tartozik. Ennek ellenére eddig még nem jelent meg olyan publikáció, amely a selyemkóró homoki vegetációra gyakorolt hatásának vizsgálatát tűzte ki célul. Az a néhány publikáció, amely érintőlegesen foglalkozott a selyemkóró hatásával nem mutatott ki negatív hatást, ami igen meglepő egy ilyen nagy területen invazívvá vált kompetitor faj esetében. Kutatásunkban arra kerestük a választ, hogy milyen hatással van a selyemkóró az őshonos homoki flórára és milyen tulajdonságokkal rendelkező fajok érzékenyek erre a hatásra. Mivel a selyemkóró ritkán jelenik meg természetes gyepekben, így vizsgálatainkat idős, selyemkóróval fertőzött parlagokon végeztük, ahol a természetes homoki flóra fajtái már nagy borítással voltak jelen. Minden parlagon különböző selyemkóró borítással rendelkező, illetve selyemkóró nélküli foltokban készítettünk vegetáció felvételeket, továbbá vizsgáltuk a vegetációt alkotó fajok négy jellegét (fajlagos levélfelület, magasság, magtömeg, vegetatív terjedőképesség). A korábbi vizsgálatokhoz hasonlóan azt találtuk, hogy a selyemkórónak nincs hatása a homoki gyepek őshonos fajainak számára. Tömegességük viszont a selyemkóró borításának növekedésével szignifikánsan csökkent. Ez a negatív hatás a kis fajlagos levélfelülettel, a kis magtömeggel és az alacsony vegetatív terjedő képességgel rendelkező fajok esetében volt nagyobb. Eredményeink alapján elmondhatjuk, hogy a selyemkóró jelenléte veszélyezteti a homoki vegetáció őshonos növényeit, így veszélyes invazív fajnak tekinthető annak ellenére, hogy főleg bolygatott élőhelyeken fordul elő. Jelenléte gátolja a parlagok és egyéb zavarásnak kitett élőhelyek regenerációját, ezért visszaszorítása kiemelt természetvédelmi feladat.

Is the invasion of common milkweed (*Asclepias syriaca*) a threat to the native sandy flora?

Common milkweed (*Asclepias syriaca*) is an invasive species with an extensive non-native area in Europe which usually persists in disturbed habitats. The few former studies just partly dealing with the effects of common milkweed reported no effects of this invader on the natural flora. These findings may suggest that the invasion of milkweed does not threaten the native sandy flora. However, milkweed is a fast-growing competitor with effective clonal spreading and seed dispersal ability, broad leaves and effective chemical defence against herbivory. These traits are characteristic of a 'super species' that presume a high risk of invasion which can be associated with a decrease in the diversity of native plants. This contradiction suggests that there is a need to test the effects of milkweed on native sandy flora and re-consider the former findings. To explore the effect of milkweed on the species of native flora, we studied the vegetation of late-successional sandy old-fields invaded by milkweed, and to identify the most sensitive species groups we performed trait-based analyses. We detected no effect of milkweed on total species richness; however we revealed its negative effect on the cover of native grassland species. The negative effect of milkweed was most pronounced in case of the cover of species with low competitive ability (low specific leaf area, low seed mass and low clonal spreading ability). Our results suggest that late-successional sandy grasslands invaded by milkweed form undesirable ecosystems and the invasion of milkweed can delay the colonisation of native grassland species and arrest the succession in an unwanted stage. For the protection of sandy flora, eradication of milkweed is essential to ensure the persistence of native species in these landscapes.



Rokondiszkrimináció és szuperkolonialitás a tölgyfahangyánál (*Liometopum microcephalum*)

Keresztes Kriszta Kincsó, Lunka Tekla Amália, Markó Bálint

Magyar Biológia és Ökológia Intézet, BBTE, Kolozsvár

A szociális rovarok körében nagyon jól fejlett egyedfelismerési mechanizmusok alakultak ki, amelyek lehetővé teszik a fészektársak pontos elkülönítését az idegen egyedektől. Így megvalósulhat a rokonokkal szembeni altruisztikus viselkedés, míg a más kolóniákhoz tartozó dolgozókkal szemben elutasítás és agresszió észlelhető. Olyan többfészkes rendszerek, ún. szuperkolóniák esetében, ahol állandó fészkek közötti dolgozó- és információcsere zajlik, az egyes fészkekből származó dolgozók kutikuláris szénhidrogén (CHC) profilja meglehetősen hasonlóvá válik, amely azt eredményezheti, hogy a dolgozók nem idegenként kezelik a más fészkekből származó egyedeket, hanem fészektársként viszonyulnak hozzájuk. Egy egykoron egységes, de mára a megváltozott tájhasználat miatt már egymástól fizikailag elkülönülő két tölgyfás legelőn található tölgyfahangya (*Liometopum microcephalum*) többfészkes rendszert tanulmányoztunk vizsgálataink során Szilágynagyfalu közelében. Nullhipotézisünk szerint a fás legelő egykori egységes volta tükröződhet a hangyák viselkedésében, azaz egyetlen szuperkolónia egyedeiként kellene viselkedniük rokonként felismerve egymást. Agresszivitástesztekkel vizsgáltuk a különböző távolságokra található fészkekből származó egyedek közötti interakciók jellegét, míg a kontrollt a fészken belüli interakciók jelentették. Eredményeink alapján az agresszivitás növekvő tendenciát mutatott a távolság függvényében, ami arra utal, hogy a két kolónia-komplexum nem működik egyetlen igazi szuperkolóniaként, de, feltehetően a komplexumokon belül is kisebb, néhány fészkekből álló klaszterek alakultak ki.

Nestmate recognition and supercolonyality in the velvety tree ant *Liometopum microcephalum*

Precise nestmate recognition is a key feature in social insects – such as ants –, as it allows workers to discriminate between nestmates and non-nestmates, and also between con- and allospecifics. Thus, it is possible for workers to behave altruistically with their nestmates, but to deter other individuals. This discrimination is based on several recognition cues, mostly implying cuticular hydrocarbons (CHC profile). In case of complex supercolonies which contain several socially connected, but spatially separated nests – so called polydomous systems – there is a frequent exchange of individuals and information among different nests, consequently the CHC profiles of non-nestmate individuals can become relatively similar which may hinder workers from discriminating between nestmates and non-nestmates. Our studies were carried out on two exceptionally large multinest systems of velvety tree ants (*Liometopum microcephalum*) found on two oak pastures which, several decades ago – before the land management techniques changed –, constituted a continuous stretch. According to our null hypothesis the fact that these two pastures were connected a while ago may be reflected in the behavior of the ants, which means that they are likely to treat every individual as almost nestmates. We analyzed the behaviour of workers by confronting them with their nestmates (control), and also with workers from nests located at different distance categories from their nest. We recorded the number and the duration of each type of interaction. Our results showed that the level of aggressiveness increased with distance, which means that the two colony-complexes do not function as a real supercolony. Most probably even within these complexes there are smaller, separate nest clusters made up of only a few nests.



Zűrös ügyek: a lárvataxonómia lehetőségei és buktatói, a szűrőgetve ragadozó tegzesek (Drusinae, Limnephilidae, Trichoptera) és az aprító-mindenévő *Acutipula* lárvák (Tipulidae, Diptera) példáján

Keresztes Lujza¹, Simon Vitecek², Johann Waringer², Wolfram Graf², Ana Previšić⁴, Steffen Pauls⁵, Mladen Kućinić⁴, Miklós Bálint⁵, Kolcsár Levente Péter¹, Török Edina¹

¹Magyar Biológia és Ökológia Intézet, BBTE, Kolozsvár;

²Department of Limnology and Bio-Oceanography, Faculty of Life Sciences, University of Vienna, Austria;

³Institute of Hydrobiology and Aquatic Ecology Management, University of Natural Resources and Life Sciences, Austria;

⁴Department of Biology, Faculty of Science, University of Zagreb, Croatia;

⁵Biodiversity and Climate Research Centre, Senckenberg Gesellschaft für Naturforschung, Germany;

A molekuláris technikák gyors fejlődése átértékelte az édesvizek biológiai minősítését makrogerinctelen együtteseik alapján, hisz ezek a módszerek ma egyre szélesebb körben elérhetőek és módszertana is könnyen elsajátítható. A macrogerinctelen együttesek sajátos jellemzője, hogy a mintában igen nagy számban lárvá stádium, tisztázatlan taxonú vagy kriptikus fajok fordulnak elő. Így a faji szintű határozásuk, mely egy érzékeny vízminősítési rendszerek elengedhetetlen feltétele, csupán egy integratív (morfológiai és molekuláris adatok kombinálása) megközelítéssel lehetséges. Jelen bemutatás a lárvataxonómiai kutatások lehetőségeit összegzi, egy tegzes csoport, a *Drusinae* (Limnephilidae, Trichoptera) alapján, melynek lárvái egy sajátos evolúciós-ökológiai átalakulással egy speciális táplálkozási funkcionális egységet, a szűrőgetve ragadozó lárvákat hozták létre, jelentős molekuláris és morfológiai strukturalódással. Ezzel ellentétben a kevésbé differenciált törmelékfogyasztó *Acutipula* diptera lárvák (Tipulidae, Diptera) taxonómiája, melyek morfológiailag kriptikusak és faji szintű határozásuk a 'klasszikus' taxonómiai módszerekkel nehézkes. A fent említett csoportnál a molekuláris módszerek adnak jobb felbontást és ezáltal nagymértékben hozzájárulnak az egyes fajok ökológiai sajátosságainak tisztázásához is. Kutatásunk során jelentős támogatást kaptunk a Romániai Oktatásiügyi Minisztériumtól, a CNCS-UEFISCDI-nr. PN-II-ID-PCE-2012-4-0595 pályázaton keresztül. Egyéb támogatás az Osztrák Kutatási Alapból (FWF) származott (project kód: P 23687-B17, pályázat vezető: J. Waringer Az adatok kiértékelése során Dénes AL és Kolcsár LP jelentős anyagi támogatást kapott a magyarországi Collegium Talentum, alaptól.

Messy affairs: perspectives and pitfalls in larvae taxonomy, examples on filtering carnivores *Drusinae* (Limnephilidae, Trichoptera) and shredders detritivorous *Acutipula* (Tipulidae, Diptera)

Biological assessment of freshwaters based on macroinvertebrate monitoring really benefit from rapidly developing molecular tools, as they are now largely available and easy to apply. Unfortunately large majority of aquatic macroinvertebrates samples consists on larval individuals with largely neglected taxonomy or cryptic morphology. Thus their species level identifications based on integrative data (molecular + morphology) should increase the resolution of freshwater assessment protocols. Our presentation point out on the major progress made in larvae taxonomy, using the example of *Drusinae* (Limnephilidae, Trichoptera), with their major evolutionary ecology processes leading finally to a highly specialized feeding group (filtering carnivores) with important morphological and molecular structuring. However major pitfalls were detect in the case of analyzed aquatic dipterans. The weakly specialized detritivorous larvae (*Acutipula*, Tipulidae, Diptera) remain highly cryptic and hardly identifiable using 'classic' morphology tools. Molecular tools are required to detect cryptic diversity of dipteran diversity in freshwaters which will increase considerably our knowledge on basic biology for individual species, rather on applying to a low resolution monitoring of genus or family based approaches. The present work received important financial support from the project: This study was financially supported partly by a grant of the Romanian Ministry of National Education, CNCS-UEFISCDI-nr. PN-II-ID-PCE-2012-4-0595. Additional funding comes from the research project number P 23687-B17, Pl: J. Waringer founded by the Austrian Science Found (FWF). During data analyses AL Dénes and LP Kolcsár received financial support with scholarships from the Collegium Talentum, Hungary.



Többféle szemcseméretű cink-oxid és réz toxikus hatásainak vizsgálata szabadonélő fonálféreg tesztrendszeren

Kiss Lola Virág, Nagy Péter István, Hrács Krisztina, Seres Anikó

Állattani és Állatökológiai Tanszék, SZIE, Gödöllő

A nanoanyagok közé tartoznak azok az anyagok, amelyek legalább egy dimenzióban az 1–100 nm-es mérettartományba esnek. A szemcseméret csökkenésével az anyagok tulajdonságai megváltozhatnak és így megnövekedhet a környezeti és egészségügyi kockázatuk. Kísérleteinkben négy különböző szemcseméretű ZnO (Sigma-Aldrich <50 nm és nagyszemcsés, US Research Nanomaterials, Inc 15 nm és 140 nm) és két eltérő szemcseméretű Cu (US Research Nanomaterials, Inc 40 nm és 800 nm) hatását teszteltük a *Panagrellus redivivus* fonálféregfaj kifejlett nőtényeire. A tesztek során az állatok mortalitását vizsgáltuk 24 órás kitettség után. A *P. redivivus* fonálféregfaj esetén a kísérletek során a következő koncentráció tartományban teszteltük a különböző anyagokat: 0,39; 0,78; 1,56; 3,12; 6,25; 12,5; 25 és 50 mg/l. Minden egyes anyagra meghatároztuk a *P. redivivus* fajra vonatkozó LC50 értéket, ezek alapján a következő toxicitási sorrendet állítottuk fel: ZnO 140 nm: 0,60; ZnO 15 nm: 1,00; Cu 40 nm: 1,09; Cu 800 nm: 1,57; ZnO <50 nm: 4,44; ZnO nagyszemcsés: 5,79. A legerősebb toxikus hatást a 140 nm-es ZnO fejtette ki ($F = 7,632$; $p < 0,001$). Viszont magasabb koncentrációkban (3,125–12,5 mg/l) a 40 nm Cu minden egyed elhullását okozta. Elmondhatjuk, hogy mind a hat anyag szignifikánsan csökkentette a *P. redivivus* túlélését a kontroll csoporthoz képest. A továbbiakban szükséges lenne környezeti szempontból relevánsabb módon, talaj vagy talajoldat közegben tesztelni ezeket az anyagokat. A vizsgálataink alapján mindegyik tesztelt anyag – függetlenül a szemcsemérettől – toxikus hatást fejtethet ki a lebontó folyamatokban fontos szerepet betöltő *Panagrellus redivivus* fajra. A környezetbe nagy mennyiségben kijuttatott anyag tehát hosszútávon megváltoztathatja a talaj életközösségeinek a szerkezetét, és negatívan befolyásolhatja a talajban zajló ökológiai folyamatokat.

Toxic effects of different particle sized zinc oxide and copper on free living nematode test organisms

Nanomaterials can be classified as materials with particles being in the size range of 1-100 nm at least in one dimension. These substances have new „nano-relevant” characteristics, so they pose other risks than their bulk equivalents. The toxicity caused by four different particle sized zinc-oxid forms (< 50 nm and bulk obtained from Sigma-Aldrich, 15 nm and 140 nm obtained from US Research Nanomaterials, Inc.) and by two different particle sized copper forms (40 nm and 800 nm obtained from US Research Nanomaterials, Inc) was studied on the adult females of the free living, r-strategist bacterivorous nematode species, *Panagrellus redivivus* in mortality tests with an exposure time of 24 hours. In our tests, the following concentrations were used: 0.39; 0.78; 1.56; 3.12; 6.25; 12.5; 25 and 50 mg/l. We calculate LC50 values for each substance than we set up this order of toxicity: ZnO 140 nm: 0.60; ZnO 15 nm: 1.00; Cu 40 nm: 1.09; Cu 800 nm: 1.57; ZnO <50 nm: 4.44; ZnO bulk: 5.79. All the six materials significantly reduced the survival of *P. redivivus* females as compared to the control group. The 140 nm particle sized ZnO had the most toxic effect on the test specimens ($F = 7.632$; $p < 0.001$). However in higher concentration (3.125-12.5 mg/l) the 40 nm particle sized Cu had 100 % lethal effect. In the future, it would be necessary to test *P. redivivus* in more environmentally relevant medium such as soil solution or soil matrix. Based on our experimental results, all the tested compounds were toxic to *P. redivivus* similarly to other nematode species. Therefore, it can be concluded that the presence of nanomaterials may considerably change the structure of terrestrial communities and negatively affect the ecological processes in the soil.



Előtanulmány Szeged város flórájának természetességéről

Kiss Péter János, Bóni Imola, Körmöczy László

Ökológiai Tanszék, SZTE, Szeged

Az emberi populáció növekedésével világszerte egyre jobban nő az urbanizáció mértéke. Mára már jelentős mennyiségű urbánus élőhely alakult ki ennek következtében világszerte, ám a városok élővilágának felépítése, struktúrája és az élőhelyen megfigyelhető tendenciák még mindig kevésbé tanulmányozottak a természetes élőhelyekéhez képest. Egy nagyváros flórája betelepített és spontán betelepült növényzetből épül fel. Vizsgálatunkban egy dél-magyarországi nagyváros, Szeged sugárútjai spontán betelepülő növényzetének strukturális vizsgálatát tűztük ki célul. Szeged esetén a sugárút mentén található növényzet tanulmányozása azért fontos, mivel a város 5 sugárútja melletti zöld területek jelentős szerepet játszhattak Szeged spontán flórájának fenntartásában és terjedésében. A felvételezéseket tavaszi és őszi időszakban is elvégeztük. A sugárutak mentén felvételezett fajokat összehasonlítottuk sugárutanként, évszakonként, hogy lássuk, mennyiben hasonlít, illetve különbözik az egyes sugárutak flórája egymástól az egyes évszakokban. Az elemzéseket sokváltozós hasonlósági indexekkel és diverzitás elemzéssel végeztük. A sugárutak együttes flóráját összehasonlítottuk a szegedi parkok és zöld területek flórájával, hogy képet kaphassunk arról is, hogy van-e szerepe a sugárutak növényzetének a városi diverzitás fenntartásában. Összehasonlítottuk a sugárutak flóráját a környező természet közeli területek flórájával is, hogy választ kapjunk arra is, hogy mennyiben hasonlít egy ilyen erős antropogén hatás alatt álló élőhely flórája egy természetközeli élőhelyéhez. A strukturális vizsgálat esetén arra voltunk kíváncsiak, hogy a sugárutak mellett megtalálható növényzet összetétele hogyan változik a város külső és belső része között. Ezen vizsgálatnál mind a tavaszi, mind az őszi felvételeket külön-külön értékeltük a Borhidi-féle szociális magatartás típus értékeivel.

On the naturalness of the flora of Szeged

With the worldwide growth of the human population, the urbanization rate is steadily growing. By now a huge amount of urban habitats was formed worldwide, but in spite of this the structure, composition and the tendencies that can be found in these habitats are lesser investigated than in the natural habitats. The flora of a city is made up from planted flora elements and spontaneously colonising flora elements. Our aim was to investigate the structure and the composition of the settling flora of Szeged, South Hungary. In case of Szeged, the investigation of the vegetation of the avenues is important because the green areas along the five avenues may have remarkable role in the maintenance and the spreading of the spontaneous settling flora. The field survey was done in spring and autumn. The investigation of the vegetation composition of the avenues was made by comparing the avenues' species, in the two seasons to reveal how much similarities or differences are among the avenues in the different vegetation periods. These analyzes were made by multivariate similarity indices and diversity analysis. The combined flora of the avenues was compared with the flora of the green areas and parks of Szeged to reveal if there is any role of the vegetation of the avenues in the maintenance of the urban diversity. We also compared this combined flora with the flora of the Southern Great Plain to investigate the possible relationships between semi-natural habitats and urban habitats strongly affected by anthropogenic disturbance. Further analyses showed a characteristic change in the structure and naturalness of the vegetation of the avenues from the outer regions of the city to the city center. The change of naturalness was indicated with the average values of social behaviour types of Borhidi.



Az Európai hószyunyogok (*Chionea*, Limoniidae, Diptera) filogéniájának és biogeográfiájának újraértékelése

Kolcsár Levente-Péter, Török Edina, Keresztes Lujza

Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, BBTE, Kolozsvár;
Román Akadémia Biológia Intézet, București

A holartikus elterjedésű hószyunyogok (*Chionea*) jellegzetes képviselői a mérsékelt égöv télen aktív rovarainak. Korábbi filogéniai és biogeográfiai vizsgálatok rávilágítottak arra, hogy a csoport a Késő Krétakorban (70-100 ME) alakulhatott ki a Kelet Paleartikus és/vagy Nyugat Neartikum térségem. Majd ezt követően népesítette be Euráziát és Észak-Amerikát. Európába két kolonizációs útvonalon és feltehetően több hullámba érkeztek *Chionea* fajok. Míg a *Chionea* algénusz fajai Ázsia irányából, addig a *Sphaeconophilus* algénusz fajai Észak-Amerikából jutottak Európába az Eocén (55.8-33.9 ME) folyamán többször is kialakult földhidakon keresztül. Hasonló mintázatot találunk a holartikumban diszjunkt elterjedést mutató egyéb hidegkedvelő fajok esetében is. A hószyunyogszerűekhez tartozó fajok esetében a Kárpátok térsége fontos 'ugródeszka' vagy végállomás lehetett. Kutatásaink során három tudományra új hószyunyog fajt sikerült azonosítani a Kárpátok térségéből, mely új megvilágításba helyezi a csoport filogéniájával és biogeográfiájával kapcsolatos ismereteinket. Továbbá klimatikus változók felhasználásával modelleztük a különböző fajcsoportok európai elterjedését. Eredményeink azt mutatják, hogy a *Chionea* araneoides faj-komplex esetében a Kárpátok térsége jelenti a fő fajdiverzitási központot. Eredményeink tovább erősítik a Kárpátok kumulatív refúgium és fajképződési centrum szerepét a hidegkedvelő fajok esetében.

Revisiting phylogeny and biogeography of the snow fly genus *Chionea* (Diptera: Limoniidae) in Europe

The Holarctic snow-flies genus *Chionea* is a typical member of winter active insects. Former phylogeny and biogeography studies suggest, that the group has origin in the Eastern Palaearctic and/or the Nearctic and could be dated back to Late Cretaceous (70-100 mya). Thus, their presence in Eurasia or North America should be explained by a later colonization event in two different way and probably in more waves. Members of the *Chionea* subgenus came from Asia to Europe. Contrary species belongs to the *Sphaeconophilus* subgenus colonized Europe from North-America on land bridges formed during the Eocene (55.8-33.9 mya). Similar pattern were already demonstrated in the case of some disjunct distributed cold adapted species. In the present study we investigate the role of Carpathians as 'springboards' or final destination for these cold adapted species. Identifying three new species of snow flies belongs to *Chionea* in the Carpathians, which put in a new light the formerly adopted phylogeny and biogeography of the group. We modeled the potential distribution of the European *Chionea* species using climatic variables. Our results demonstrated that the Carpathians was an important biodiversity center in the case of *Chionea* araneoides species complex. Our results further strengthen on the importance of the Carpathians as an important cumulative refugia and also an important speciation centrum in the case of some cold adapted species. This research was supported by a grant of the Ministry of National Education, CNCS - UEFISCDI, project number PN-II-ID-2012-4-0595.



A planktonikus bakteriális közösségek szezonális alakulása különböző karakterű szikes tavakban

Korponai Kristóf, Szabó Attila, Somogyi Boglárka, Vörös Lajos,
Vajna Balázs, Boros Emil, Felföldi Tamás

ELTE Mikrobiológiai Tanszék, Budapest;
MTA Ökológiai Kutatóközpont, Balatoni Limnológiai Intézet, Tihany

2013 márciusa és 2014 júliusa között, havonkénti mintavételeket végeztünk két különböző karakterű kiskunsági szikes tóban. A két típus fizikai és kémiai jellemzői hasonlóak, azonban színben és turbiditásban egymástól egyaránt jelentősen eltér a zavaros (fehér) Zab-szék és a színes (fekete) típusba tartozó Sós-ér. Mindkét tó asztatikus, így életközösségeikben a kiszáradásra kevésbé érzékeny szervezetek a meghatározóak (ágascspájú rákok, kerekesszékfűgék, algák és baktériumok). Kutatásunkban közösségi DNS alapján vizsgáltuk a 16S rRNS gén variábilis V3-V4 régióját nagy áteresztőképességű pirosekvenálással, amivel nemzetségi szinten tudtuk azonosítani a bakteriális közösségek alkotóit. Mindkét tóban diverz bakteriális közösséget tártunk fel, jelentős mennyiségű tenyésztésbe nem vont taxonnal. Eredményeink szerint a két tó mikrobiótája egymástól nagymértékben különbözött a vizsgált időtartamban, a Sós-érre a *Fluviicola*, a *Limnohabitans* és az *Algoriphagus*, míg a Zab-székre a *Jannaschia*, és a *Synechococcus* nemzetségek voltak jellemzőek, ugyanakkor számos taxon mindkét tóban előfordult, pl. a *Belliella* és a *Hydrogenophaga*. Statisztikai elemzésekkel kimutattuk, hogy a bakteriális közösség összetételét alapvetően a tavak szezonális változásai (algavirágzások, kiszáradás és feltöltődés) határozták meg.

Seasonal dynamics of the planktonic bacterial community in two distinct types of soda pans

Between March 2013 and July 2014 two soda pans in the Kiskunság area were sampled monthly. The studied pans belong to two distinct types: though several physico-chemical characteristics are similar, turbidity and water colour differ markedly. Zab-szék pan was chosen as a typical representative of the 'turbid' type, while Sós-ér pan represents the 'coloured' type. Both lakes are astatic, so they harbour a reduced food web compared to other lakes in the temperate zone. Organisms less affected by desiccation inhabit these water bodies: cladocerans, rotifers, algae and bacteria. In our study, the V3-V4 region of the 16S rRNA gene was used to identify the planktonic bacterial community members with high-throughput pyrosequencing on the genus-level. Highly diverse bacterial communities were revealed with many yet-uncultured taxa. According to our results, the two lakes highly differed from each other during the sampling period. Characteristic genera for Sós-ér soda pan were *Fluviicola*, *Limnohabitans* and *Algoriphagus*, while for Zab-szék genera *Jannaschia* and *Synechococcus* were typical, though shared taxa were also found, such as *Belliella* or *Hydrogenophaga*. Statistical analysis revealed that the bacterial community composition was significantly affected by the seasonal changes in the lakes (for instance algal blooms, desiccation and refilling).



**A *Primula vulgaris* Huds. európai léptékű filogeográfiája,
különös tekintettel a Kárpát-medencére**

Laczko Levente, Polina A. Volkova, Tóth János Pál, Bereczki Judit,
Ludwig Triest, Ivan A. Schanzer, Sramkó Gábor

Moscow South-West High School, Moszkva;
MTA-DE Lendület Viselkedésközpont Kutatócsoport, DE, Debrecen;
Evolúciós Allattani és Humánbiológiai Tanszék, TTK, DE, Debrecen;
Department of Biology, Vrije Universiteit Brussel, Brüsszel;
Main Botanical Garden of Russian Academy of Sciences, Moszkva;
MTA-ELTE-MTM Ökológiai Kutatócsoport, Budapest

A *Primula vulgaris* Huds. kistermetű, mezofil igényű, rizómával rendelkező növény, melyre jellemző a rovarmegporzás. Európai elterjedési területe a Kaukázustól a Brit-szigetekig, Norvégiától Észak-Afrikaig terjed. A kutatás során ezen atlanti-szubmediterrán áréájú faj posztglaciális kolonizációs mintázatának kialakulását vizsgáltuk filogeográfiai szempontból, különös figyelmet fordítva a Kárpát-medencére. A Kárpát-medencei elterjedést többben az illír-dácikus harapófogó elmélete segítségével értelmezték, amelynek értelmében a terület kolonizációja két, egymástól független, egy keleti dácikus és egy nyugati illír-norikus ág mentén mehetett végbe. A hipotézis helyességét – amely csak akkor lehet igaz, ha a faj a glaciálisokat a nagy dél-európai félszigetek refúgiumaiban vészeltte át – molekuláris filogenetikai módszerekkel vizsgáltuk. Felhasználtunk nem kódoló és populáción belül nem variábilis nrITS sejtmagi, valamint trnL-trnF és rpl32-trnL plazmidális DNS-szekvenciákat, ezek alapján alkottuk meg a populációk ribo-, illetve haplotípushálózatait. A Kárpát-medencei populációk elemzésénél kiegészítettük ezt mikroszatellit elemzéssel, így 14 lókuszt alapján genotipizálást végeztünk, valamint Hangle-Fourier morfometriai analízissel. Adatsoraink alapján megállapítottuk a valószínűsíthető migrációs útvonalakat, amelyek európai léptékben kelet-nyugati irányultságot mutatnak. Meglepő eredményünk, hogy a Kárpát-medencében régóta jelen lévő, ősi ribotípusokat hordozó populációkat mutattunk ki, ami régióink Európa kolonizációjában betöltött központi szerepére világít rá. Az illír-dácikus harapófogó elméletére nem találtunk megfelelő bizonyítékot, sem a szekvenciákon, sem a mikroszatelliteken, sem a morfometriai adatsoron alapuló adatsorunk nem támogatja azt, hiszen eredményeink szerint a faj posztglaciális kolonizációja nem a dél-európai refúgiumokból történt.

**Phylogeography of *Primula acaulis* Huds. in Europe
paying special attention to the Carpathian Basin**

Primula vulgaris Huds. is a mesophilous rhizomatic perennial herb which is pollinated mostly by insects. Its European distribution ranges from the Caucasus to the British Isles and from Norway to North Africa. We investigated the postglacial colonisation routes of this Atlantic species using a phylogeographical approach, and paying special attention to the Carpathian Basin. The distribution pattern in the Carpathian Basin was previously interpreted based on the hypothesis of 'pincer migration', i.e. the postglacial colonisation occurred along a western, the 'Illiric-Noric', and an eastern, 'Dacian', migration routes. To test the hypothesis – which implies the survival of the species on the southern European peninsulas during the last glacial – we used a molecular phylogenetic approach. We sequenced non coding nuclear (nrITS) and plastid (trnL-trnF, rpl32-trnL) IGS regions. Based on these sequences we reconstructed the ribo- and haplotype networks of the populations. In case of the populations from the Carpathian Basin we supplemented the previous dataset with microsatellite analysis and we conducted Hangle-Fourier morphometric outline analysis. Genotyping at the population level were based on 14 SSR loci to analyse the genetic distance between populations. Based on our data the migration routes in the European range show an east-to-west migration. Surprisingly, the Black Sea Coastal region and the Carpathian Basin held the most ancient ribotype, which highlights the central role of our region in the colonisation of Europe. The local dataset did not bring any evidence of the existence of the Illiric-Noric and Dacian migration routes in case of *P. acaulis* — none of the dataset supports this hypothesis. The postglacial colonization of the species did not take place from refugia on the main Southern peninsulas.



Forrás-függés egy invazív növény gazdaváltó rovarközösségében

Lakatos K. Tímea¹, László Zoltán², Tóthmérész Béla³¹DE, Ökológiai Tanszék, Debrecen;²Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, BBTE, Kolozsvár;³MTA-DE Biodiverzitás Kutatócsoport, Debrecen

A fehér akác (*Robinia pseudoacacia*) a leggyakoribb invazív növényfajok egyike Európában, és mint ilyen jelentős hatást gyakorol megszállott területeinek élőhelyeire és közösségeire. Ennek egyik módja az új terület őshonos herbivórainak gazdanövény váltása. Egy herbivór rovarfaj áttérhet az invazív növény fogyasztására, amennyiben felismeri azt, mint számára potenciális gazdanövény. Az akácmagdarázs *Bruchophagus robiniae* (Hymenoptera: Eurytomidae) az akác jelentős magfogyasztója Közép-Kelet-Európában, mely előző, mindeddig ismeretlen gazdanövényéről térthetett át az akác magvainak fogyasztására. Vizsgálatunk során a gazdanövény abundanciájának az akácmagdarázssra és parazitoidjaira kifejtett hatását tanulmányoztuk. Eredményeink szerint a gazdanövény abundanciája eltérő módon befolyásolta a magfogyasztót és két parazitoidját: a magpredátor *B. robiniae* nagyobb egyedsűrűségben volt jelen nagyobb gazdanövény abundancia mellett. Ezzel szemben a specialista parazitoid *Mesopolobus* sp. nagyobb egyedsűrűséggel a kisebb, míg a generalista parazitoid *Eupelmus urozonos* alacsony sűrűséggel volt jelen úgy a kisebb, mint a nagyobb abundancia esetében. Eredményeink szerint az invazív gazdanövény a herbivórok mellett a magasabb trófikus szinteket is befolyásolja, hiszen abundanciája hatással volt a vizsgált parazitoid fajokra is.

Resource dependence in a new system: an invasive host plant and its colonizing community

Black locust (*Robinia pseudoacacia*) is one of the most widely distributed invasive plant species in Europe. Introduced, invasive plants such as black locust often affect habitats and ecosystems of their new areas. When native herbivores of an area recognize the new plant as a potential host plant, they can adapt and shift to the consumption of the novel host plant. *Bruchophagus robiniae* (Hymenoptera: Eurytomidae) is an important seed predator of black locust in Eastern-Central Europe, and presumably shifted from its former host species to the consumption of black locust seeds. We investigated the effect of host plant abundance on the seed predator-parasitoid community. Our findings suggest that the seed predator and its two parasitoid species are responding differently to the host plant abundance: the density of the seed predator *B. robiniae* was higher at large than at small abundances of black locust; the density of the specialist parasitoid *Mesopolobus* sp. was lower at large than at small black locust abundances, while the density of the generalist parasitoid *Eupelmus urozonos* was evenly low at both large and small abundances of black locust. Our findings suggest that invasive host plants are influencing not only their herbivores but also the higher trophic levels, as the parasitoid species of this system were also affected by the abundance of the host plant.

**Kutyakölykök vokalizációinak egyedfejlődése és méretcsoportok közti diverzitása**

Lehoczki Fanni, Szamosvölgyi Zsuzsa, Miklósi Ádám, Faragó Tamás

Etológia Tanszék, ELTE, Budapest

Egy faj által vokális kommunikáció során használt hangjelzések összessége a vokális repertoár, melynek mérete, főemlősökön végzett vizsgálatok alapján pozitívan korrelál a faj szociális komplexitásával. Ez a kutyafélék kommunikációjára is igaz lehet, mely csoportból a kutya különösen érdekes, mivel elsődleges szociális közege az emberi környezet, így repertoárjának változásai betekintést adhatnak a vokális kommunikáció evolúciójába. A kutya vokális egyedfejlődéséről keveset tudunk, ráadásul e korai vizsgálatokban kezdetleges, szubjektív hangtípus kategorizálást alkalmaztak. Kutatásunk célja, hogy modern, akusztikai alapú klasszifikáció segítségével felmérjük a hangtípusok osztályozhatóságát, a kategóriák megjelenését az egyedfejlődés során, és a fajták közti méretkülönbség hatását. A vizsgálat során a kistermetű papillontól és a közepes border collie-től származó kölykökhangokat elemeztünk, melyek egy 2 perces elkülönítés során lettek rögzítve 4 és 11 napos korban. E hangfelvételekből leválogatott vokalizációkban számos akusztikai paramétert mértünk, melyek az alapfrekvenciával, zajossággal és spektrális jellemzőkkel kapcsolatosak. A klaszteranalízis eredményei alapján elkülöníthetők ugyan bizonyos hangtípusok, azonban jelentős akusztikai átfedések figyelhetők meg közöttük, feltehetően gradált vokalizációs rendszert alkotnak. Mindemellett egyes paraméterekre hatással volt a kölykök kora, fajtája és belső állapota (stressz) is. Az osztályozási eredményeink felvetik a kérdést, hogy a korábbi, a vokális egyedfejlődést leíró munkák mennyire közölnek megbízható információkat. Kutatásunk folytatásaként a fuzzy klaszterezési módszer kerül alkalmazásra, amely képes egy folytonosan változó hangkategóriákból álló rendszer elemeinek osztályozására.

Ontogeny of vocalizations of infant dogs (*Canis familiaris*) and their diversity between different sized dog breeds

The sum of the call types used by certain species during communication is referred as the vocal repertoire. Based on primate studies, the size and complexity of this repertoire correlates with the social diversity of the given species. This theory can be true in the Canidae family in which dog (*Canis familiaris*) is an unusual member, because its natural niche is the human social environment. Hence changes in dogs' vocal repertoire may give us insight into the evolution of the vocal communication. Our knowledge about vocal ontogeny of dogs is quite limited so far, methods used in early studies are outdated. Our study aims to categorize calls into objective types, explore their appearances during ontogeny and the effect of the body size difference between breeds, using modern, acoustic-based classification. We collected sounds from papillon (little sized group) and border collie (medium sized group) puppies in 2-minutes long separations at the age of 4 and 11 days. In these vocalizations we measured a number of acoustic parameters related to fundamental frequency, noisiness and spectral features. Results of the clustering showed that although some of the call types can be classified, these clusters were highly overlapping, forming a graded vocal repertoire. Nevertheless, age, stress and breed of the puppy also affected certain acoustical parameters. These data raise the question of the reliability of the information revealed in former studies about the ontogeny canid vocal repertoire. As a next step, we plan to use fuzzy clustering method to group similar calls into categories, which might be able to classify the elements of an ever-changing graded vocal repertoire.



Klímaváltozás és tájhasználat-váltás: új kihívások az őshonos növényfajok magjai számára

Lózer Magdolna Beáta, Ruprecht Eszter, Sandra Saura-Mas, Fenesi Annamária

Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, BBTE, Kolozsvár

Az újfajta zavarási tényezők, pl. klímaváltozás és megváltozott tájhasználat (tűzek használata, kezelések felhagyása, intenzív használat) eddig nem tapasztalt stressz-helyzetet idéznek elő az őshonos növényfajok számára. Jelenleg még nem tudhatjuk, hogy fajaink hogyan reagálnak ezekre az új zavarási tényezőkre. Ezért vizsgálatunkban a következő kérdésekre kerestük a választ: (1) hogyan reagálnak az őshonos fajok magjai a számukra szokatlan környezeti tényezőkre, mint a tartósan magas hőmérséklet, hosszú száraz periódus vagy égetés? (2) általános válaszreakciókat találunk a három stressztényező esetén vagy vannak specifikus tűz-válaszok, ahogy azt a tűzfüggő ökoszisztémákban feltételezik? Vizsgálatunkba öt gyepi faj romániai (mérsékelt égövi) és spanyolországi (mediterrán égövi) populációit vontuk be. A spanyol populációk, szemben a romániaiakkal, adaptálódhattak a vizsgált stressz-helyzetekhez, mert azok természetes zavarási tényezők abban a térségben (természetes tűzek vannak, melegebb és szárazabb a klíma). A magokat hősokk kezelésnek, egy és három hónapos szárazságkezelésnek és tartósan magas hőmérsékletnek vetettük alá és vizsgáltuk a kezelés utáni csírázási arányukat. A vizsgált fajok romániai és spanyol populációi nagyon különbözőképpen reagáltak a kezelésekre. A hősokk negatívan befolyásolta két faj romániai populációját, míg a száraz kezelés két esetben pozitívan hatott. A spanyol magvakat a tartósan magas hőmérséklet befolyásolta negatívan a fajok zöménél. Összegzésképpen elmondható, hogy míg a tűz negatívan befolyásolhatja egyes őshonos fajok csírázási választát, a klímaváltozással járó hosszú szárazság és magas nyári hőmérsékletek nem befolyásolják a növények magjainak csírázását.

Climate change and altered land use: new challenges to the seeds of native species

Disturbances such as climate change and altered land techniques (use of fire, intensive land use or abandonment) are new stress situations for our native plant species. We don't know yet how our native species react to these new stress factors. Therefore, we asked the following specific questions: (1) How does the seeds of native species react to unprecedented stress situations such as high temperatures or drought for a long period, or fire? (2) Are there general reactions in face of these stress factors or will the plants show specific fire related reactions as predicted in fire-prone ecosystems? To answer these questions, we used Romanian (temperate climate) and Spanish (Mediterranean climate) populations of five perennial plant species. As the proposed stress factors are natural disturbance types in Spain (natural fires, dryer and hotter climate), the Spanish populations might have developed adaptations to these conditions. Seeds collected from both countries were subjected to heat shock (simulating fire), a one- and three-month drought treatment, and persistently high temperatures (simulating an extremely warm summer). Treated and control seeds were put to germinate in climate chambers, and germination rate was recorded. The seeds of Romanian and Spanish populations reacted differently to the treatments. The heat shock had a negative effect, while the drought treatment had positive effect on the Romanian populations of two species. The persistently high temperatures had great negative impact on the germination of species from Spain. In summary, while fire might reduce the germination rate of some native species, the long dry periods and the persistently high summer temperatures caused no significant effect on the germination of seeds.



Emlékezzünk Nyárády Erazmus Gyulára!

Macalik Kunigunda

Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, BBTE, Kolozsvár

Idén emlékezzünk a közép-európai botanikusok egyik kimagasló tudományos személyisége, Nyárády Erazmus Gyula (1881–1966) születésének 135., valamint halálának 50. évfordulójára. Életrajzírói (Váczy K., Bartha S., 1988) tudományos munkásságát három részre osztják: az alapozás évei (1903–1921), a kiteljesedés évei (1922–1948), valamint legtermékenyebb évei és akadémiai pályafutása (1948–1966). Kolozsvárhoz kötődik munkásságának második és harmadik periódusa, mikor a kolozsvári botanikus kert múzeumőre volt, illetve akadémikusként a Románia flóráját feldolgozó munkaközösség irányítója. Tudományos munkásságának értéke minőségében és maradandóságában rejlik. Könyvei, tankönyvei, monografikus jellegű munkái, nagyobb feldolgozásai, illetve tudományos folyóiratokban cikkei jelentek meg, (összesen 180), ő szervezte, irányította és ellenőrizte a Románia edényes flóráját feldolgozó munkaközösség tevékenységét. Mindezek mellett herbáriumi hagyatéka, annak mennyisége és minősége nagy kincset rejt a jelen botanikusai számára.

In memoriam Gyula Erasmus Nyárády (1881–1966)

This year we commemorate the 135th anniversary of the birth and the 50th anniversary of death of Gyula Erazmus Nyárády (1881–1966), an outstanding botanist of Central Europe. According to his biography (Váczy K., Bartha S., 1988), his scientific work is divided into three periods: the foundation-laying years (1903–1921), the years of fulfillment (1922–1948) and the most productive and academic career years (1948–1966). The scientific value of his work lies in quality and endurance: books, textbooks, monographies, journal articles, (a total number of 180), he has coordinated the activities of the working group of vascular flora of Romania. In addition, his herbarium legacy, its quantity and quality represent a great hidden treasure for botanists.

**A Gcn1 és Gcn2 gének genetikai vizsgálata *Drosophila melanogaster*ben**

Mangó Katalin, Malkócs Tamás, Kovács Levente, Deák Péter

Genetika Tanszék, SZTE, Szeged

Az eukarióta sejtciklus fázisainak sorrendjét ellenőrzési pontok szabályozzák. Egy norvég kutatócsoport beszámolt egy új G1/S ellenőrzési pontról élesztőben, melyben a transzlációt szabályozó funkciójáról ismert Gcn1 és Gcn2 fehérjéknek van kulcsszerepe. Ezen fehérjék ortológjai jelen vannak többsejtű eukariótákban is, de G1/S ellenőrzési pontban betöltött funkciójukat még nem vizsgálták. Ebben a munkában a Gcn1 és Gcn2 fehérjék *Drosophila* ortológjainak szerepét vizsgáltuk a G1/S ellenőrzési pontban. Kísérleti modellként *Drosophila* lárvák szemkezdeménye és annak morfológiai jellegzetessége, a morfogenetikus árok szolgált. A morfogenetikus árok a szemkezdemény sejtek differenciálódása során jön létre a sejtek G1 fázisban történő szinkronizálódásával, amit a G1/S ellenőrzési pont szabályoz. Fázis-specifikus, fluoreszcens markerfehérjék segítségével a morfogenetikus árok citológiai megjeleníthető és vizsgálható. A Gcn1 és Gcn2 gének működését a génekre specifikus RNS interferenciával gátoltuk és vizsgáltuk az egyes génfunkciók kiesésének hatását a morfogenetikai árok citológiai megjelenésében. Azt tapasztaltuk, hogy a Gcn1 csendesítése nem okozott eltérést a morfogenetikus árok megjelenésében a vad típushoz képest. Ezzel szemben, a Gcn2 funkciójának kiesése szignifikáns csökkenést okozott a morfogenetikus árok és a vele párhuzamosan futó második mitotikus hullám szélességében. Ezekkel az eredményekkel összhangban, a Gcn1-Gcn2 kettősen csendesített egyedekben tapasztalt fenotípus a Gcn2 hiányában megfigyelt fenotípushoz volt hasonló. Az itt ismertetetthez hasonló fenotípust figyeltek meg és írtak le olyan *Drosophila* mutánsokban, melyekben az érintett gének szerepe már ismert a G1/S ellenőrzési pontban. Ezek alapján eredményeink arra utalnak, hogy a Gcn2 fehérje szerepet játszhat a G1/S fázisátmenet szabályozásában *Drosophila melanogaster*ben és a Gcn2-nek ez a funkciója független a Gcn1-től.

Genetic analysis of the Gcn1 and Gcn2 genes in *Drosophila melanogaster*

The order of cell cycle phases are regulated by checkpoint mechanisms. Norwegian researchers have reported a new G1/S checkpoint in yeast, which depends on the well-known translation regulatory proteins, the Gcn1 and Gcn2. Orthologs of these proteins are also present in multicellular eukaryotes, but their function in the G1/S checkpoint has not been studied yet. In this work, we analyzed the role of the *Drosophila* orthologs of Gcn1 and Gcn2 in the G1/S checkpoint mechanism. The eye discs of *Drosophila* larvae and their morphological characteristics, the morphogenetic furrow served as our experimental model. The morphogenetic furrow forms during the differentiation of primordial eye cells following the synchronization of these cells in G1 phase that is regulated by the G1/S checkpoint. By using phase specific fluorescent marker proteins, the morphogenetic furrow can be visualized and monitored cytologically. In our approach, the function of the Gcn1 and Gcn2 genes was blocked by gene specific RNA interference, then the effect of this inhibition was determined in the cytological appearance of the morphogenetic furrow. We found that Gcn1 silencing did not change the phenotype of the morphogenetic furrow compared to the wild type. However, the elimination of Gcn2 function caused a significant decrease in the width of the morphogenetic furrow and the second mitotic wave that runs parallel with the morphogenetic furrow. In good agreement with these results, the phenotype of the morphogenetic furrow in the Gcn1-Gcn2 double silenced larvae was similar to the phenotype of the Gcn2 silenced larvae. Similar phenotype has been observed and described in *Drosophila* mutants in which the role of the affected genes in the G1/S checkpoint have been established. Our results indicate that Gcn2 may regulate the G1/S checkpoint in *Drosophila melanogaster* and this regulatory function of Gcn2 does not depend on Gcn1.

**Rekombináns citokróm-b561 fehérjék előállítása és részleges spektrális jellemzése**

Márton Zsuzsanna, Laskay Krisztina, Bérczi Alajos,
Tóth András, Rákhely Gábor, Zimányi László

Biofizikai Intézet, SZBK, Szeged

A citokróm-b561 (CYB561) membránfehérjék aszkorbáttal redukálható, 6 transz-membrán α -hélixből álló, két b-típusú hemet tartalmazó transz-membrán elektrontranszporterek. A hem csoportokat a központi négy hélix koordinálja a membrán két oldalán. CYB561 fehérjék számos állati és növényi sejt különböző sejtjeitípusaiban fordulnak elő. Részt vesznek többek között a növények apoplasztikus védekezésében, vas-felvételben, aszkorbát regenerálásban a neuroendokrin szövetekben és tumor növekedés gátlásában. Termelődési szintjük a különböző organizmusokban nagyon alacsony, emiatt termelésükhöz expressziós rendszer használata szükséges. *Saccharomyces cerevisiae* élesztőtörzseket állítottunk elő, melyek alkalmasak a *Mus musculus*, feltételezeten tumor szupresszor hatású fehérje vad típusú és olyan mutáns változatának termelésére, mely a citoplazmatikus oldalon lévő, hemet kötő, két His aminosav helyén Ala aminosavat tartalmaz. A fehérjék C-terminális végére, illetve a vad típus esetén két nem-citoplazmatikus interloop szegmensbe His6 taget helyeztünk. Membrán preparálást és szolubilizálást követően a fehérjéket Ni²⁺-NTA-t tartalmazó oszlopon tisztítottuk. Megmértük a tisztított fehérjék UV-Vis-spektrumát, vizsgáltuk az aszkorbát redukciót koncentráció függvényében. Összehasonlítva a tumor szupresszor hatású fehérjét az *Arabidopsis thaliana*, tonoplaszt dupla Ala mutáns, C-terminálison Strep-II taget és thrombin hasító helyet tartalmazó CYB561 fehérjével azt találtuk, hogy a nem-citoplazmatikus oldalon található b-típusú hem kötése valószínűleg eltérő módon történik a tumor szupresszor és a tonoplaszt fehérjék esetében. Munkánkat az OTKA a K-108697 sz. pályázat keretében támogatta.

Expression and partial spectral analysis of recombinant cytochrome- b561 proteins

Cytochrome b561 (CYB561) proteins are ubiquitous, ascorbate reducible, 6 trans-membrane α -helix electron transporters, containing two b-type heme centers. The two hemes are liganded by the 4 consecutive core helices 2-5 via two pairs of conserved histidine residues. CYB561 proteins are present in various cell types including vertebrates, invertebrates and plants. Among others, they play a role in plant apoplastic protection, in iron uptake, in ascorbate regeneration in neuroendocrine tissues and in tumor suppression. Because of the low in vivo expression level of CYTB561s, their study necessitates the use of a heterologous expression system. Wild type and mutant *Mus musculus*, putative tumor suppressor proteins were expressed in *Saccharomyces cerevisiae* strains. In the mutant the two His heme ligands on the cytoplasmic side were replaced by Ala. His6 tags were engineered on the C-termini of the proteins and, for wild type, also alternatively in two non-cytoplasmic interhelical loops. Following membrane preparation and solubilization, the proteins were purified on Ni²⁺-NTA chromatography column. We have measured the UV-Vis spectra of the purified proteins and studied their concentration-dependent ascorbate reduction. Comparing the tumor suppressor protein with the *Arabidopsis thaliana* tonoplast, double Ala mutant CYB561 protein with a Strep-II tag and thrombin cleavage site on the C-terminus, it was found that the character of the binding of the heme on the non-cytoplasmic side is probably different in the case of the tonoplast and the tumor suppressor proteins. This work was supported by the Hungarian Scientific Research Fund (OTKA K108697).



Kazahsztáni sós tavak ismeretlen prokarióta közösségei

Márton Zsuzsanna¹, Szabó Attila¹, Boros Emil², Vörös Lajos², Felföldi Tamás¹

¹Mikrobiológiai Tanszék, ELTE, Budapest;

²Balatoni Limnológiai Intézet, Ökológiai Kutatóközpont, MTA, Tihany

A nagy szalinitású tavak kémiai összetétel szerint két típusba sorolhatók: szikes és konyhasós tavak lehetnek. A szikes tavak jellegzetes vizes élőhelyei a Kárpát-medencének, ezekre a tavakra jellemző a lúgos pH, a nátrium, a hidrogén-karbonát és karbonát ion dominancia, a nagy napi hőingás és a szalinitás. Irodalmi adatok alapján hasonló tavak szórványosan máshol is előfordulnak Földünkön, azonban ezek jellege több tényező tekintetében eltérő. Kutatásunk célja volt az észak kazahsztáni sztyeppék területén található időszakos sekély sóstavak ismeretlen mikrobaközösségeinek feltárása és ezek összehasonlítása a magyarországi szikesek prokarióta közösségeivel. Az itt élő prokarióták taxonómiai azonosítása a 16S rRNS molekuláris markergén alapján történt újgenerációs DNS-szekvenálás alkalmazásával Roche GS Junior platformon. Két különböző karakterű tóból származó minták részletes vizsgálata alapján megállapítottuk, hogy a tavak mikrobaközösségei nagyban eltértek egymástól. Mindkét tó esetében a legdominánsabb csoportok a Proteobacteria és a Bacteroidetes törzsek voltak. Nagy számban fordultak elő a *Halomonas*, *Spiribacter*, *Saccharospirillum*, *Roseovarius* és *Psychroflexus* nemzetségek képviselői. Jelenlegi eredményeink alapján az észak-kazahsztáni sekély sós tavak mikrobaközösségei markánsan különböznek a hazai szikes tavakétól, inkább az óceánok vagy az erdélyi sós tavak mikrobiótájához hasonlítanak. Ezek az eredmények egybevágóak a tavak vizének kémiai elemzésével, ami alapján a vizsgált vizek domináns ionjai a nátrium, klorid és szulfát.”

The unknown prokaryotic communities of saline lakes in Kazakhstan

Based on their chemical composition, high salinity lakes can be divided into two types: soda ponds and salt lakes. Soda ponds are typical wetlands of the Carpathian Basin, the alkaline pH, sodium, bicarbonate and carbonate ion dominance, large daily temperature fluctuation and high salinity are characteristic for these sites. According to the literature, similar lakes sporadically occur elsewhere on Earth, but those differ regarding many features. The aim of our research was to explore the unknown microbial communities of the astatic shallow saline lakes in the North Kazakhstan steppe region and compare them with the prokaryotic communities of Hungarian soda ponds. The taxonomic identification of prokaryotes was based on the molecular marker 16S rRNA gene which was analyzed on a Roche GS Junior DNA sequencer. Results showed that, microbial communities of the lakes highly differed based on the detailed analysis of samples taken from two different types of lakes. In both lakes, the most dominant bacterial phyla were Proteobacteria and Bacteroidetes, and representatives of genera *Halomonas*, *Spiribacter*, *Saccharospirillum*, *Roseovarius* and *Psychroflexus* were dominant. Based on the obtained results, microbial communities inhabiting the shallow, saline lakes of North Kazakhstan are significantly different from Hungarian soda ponds, they are more similar to those of oceans and to the Transylvanian saline lakes. These results correspond with the chemical analysis of the lakes, which showed that the dominant ions in the waters were sodium, chloride and sulphate.



**Élet peremvidéken:
extrém vizes élőhelyek baktériumközösségei a Kárpát-medencében**

Máthé István¹, Márialigeti Károly, Felföldi Tamás

¹*Sapientia EMTE, Biomérnöki Tanszék, Csíkszereda*

Az utóbbi két évtizedben több kutatás keretében vizsgálták Kárpát-medence különleges vizes élőhelyeinek (pl. sós tavak, szikesek, barlangok, ásványvizek, krátertó) bakteriális közösségét, tenyésztésen alapon illetve tenyésztéstől független molekuláris mikrobiológiai módszerekkel. Magyarországról több mint két tucat új baktériumfajt írtak le, Romániából pedig hármat. Ismert tény, hogy a baktériumok túlnyomó többsége (>99%) esetében nem állnak rendelkezésre laboratóriumi tenyészetek, az eddig még nem tenyésztett mikroszervezetek jelentős része azonban elméletileg tenyésztésbe vonható akár olcsó és egyszerű módszerekkel is. Kutatásaink során három nagyon eltérő vizes környezetből (Marosújvári "Plus" tó, Mohos-tőzegláp, csurgalékvíz tisztító reaktor) kísértük meg a baktériumok tenyésztettségét növelni egyrészt *in situ* "bakteriális csapdák" alkalmazásával, másrészt agar mellett más szilárdítóanyag (gellángumi) és egyedi tápközegek felhasználásával (ez utóbbinál a mintavételi környezetnek megfelelő pH, sókoncentráció és tápanyagtartalom biztosítására ügyeltünk), továbbá hosszú inkubációs idővel a lassan növekvő baktériumok elszaporodásának adtunk lehetőséget. A közösségek taxonómiai összetételét feltáró tenyésztéstől független vizsgálatainkkal (új generációs DNS-szekvenálás) kimutattuk, hogy még a természeteshez hasonló környezetekben történő inkubáció is nagyon erős szelekciós nyomást jelent a baktériumok számára. Mindezek mellett azonban sikerült több mint húsz, a tudományra új baktériumfaj (köztük öt új nemzetség) tiszta tenyészetét létrehozni, igazolva ezáltal az alkalmazott hagyományostól eltérő módszerek hatékonyságát. Eredményeinkből kitűnik, hogy a tenyésztési hatékonyságot nemcsak a táptalaj összetétele, hanem az alkalmazott szilárdítóanyag típusa és az inkubációs körülmények is döntően meghatározzák.

**Life at the limits:
Bacterial communities of the special aquatic habitats in the Carpathian Basin**

In the last two decades, many researches have focused on the bacterial communities inhabiting the special aquatic habitats of the Carpathian Basin (e.g. salt lakes, soda ponds, caves, mineral waters, crater lake) using cultivation-based and culture-independent molecular microbiological methods. More than two dozen new bacterium species have been described from Hungary, and three from Romania. It is well known that for most of the bacteria (>99%), there are no pure laboratory cultures available, however many yet not cultivated microorganisms are potentially cultivable even with the application of cheap and simple methods. In our research, enhancing the cultivation of bacteria was performed using samples taken from three markedly different aquatic habitats (Lake 'Plus' in Ocna Mureș, Mohoš peat bog, landfill leachate-treating bioreactor), with *in situ* 'bacterium traps', with the aid of special gelling agent (gellan gum) parallel with using agar, with special culture media (using pH, salt concentration and nutrient content values corresponding to parameters at the sampling sites); and additionally with long-term incubation supporting the growth of slow-growing bacteria. Based on the results of cultivation-independent analysis (next-generation DNA sequencing) targeting the taxonomic composition of bacterial communities, it was shown that even incubation conditions supposed to be close to those present in nature provide strong selection pressure to bacteria. Nevertheless, pure cultures of more than twenty potential new species (among them five new genera) were obtained, which supported the efficiency of the applied non-conventional cultivation methods. It seems that cultivation efficiency is not only significantly affected by medium composition, but also by the type of the applied gelling agent and incubation conditions.



Ecetsav hatása a *Thiocapsa roseopersicina* nitrogénáz enzimének hidrogén termelésére

Miklovics Nikolett, Nyilasi Andrea, Rákhely Gábor

Biotechnológiai Tanszék, TTIK, SZTE, Szeged;
MTA, SZBK, Biofizikai Intézet, Szeged

Az emberi civilizáció egyre nagyobb mértékben használja fel a hagyományos energiaforrásokat, melyeknek készlete véges. Az egyik megoldást a legtisztább energiahordozónk, a hidrogén (H_2) jelentheti. Előállítása biológiai úton is megvalósítható: mikroorganizmusok által biofotolízis, fotofermentáció, sötét fermentáció, illetve utóbbi kettő kombinációja folyamán. A *T. roseopersicina* egy anaerob, fototróf bíbor kénbaktérium, mely fény jelenlétében hidrogénázai és nitrogénáza által H_2 -t termel redukált kénvegyületek felhasználásával. Mindemellett képes szerves savak metabolizálására, mely lehetővé teszi a kétlépcsős H_2 termelést. Kutatásaimat a *T. roseopersicina* M539 törzzsel végeztem, melyben az egyetlen H_2 termelő enzim a nitrogénáz, ami nitrogén-fixálás közben melléktermékként H_2 -t termel. Kutatásaim arra irányultak, hogy a nitrogénáz által termelt H_2 mennyisége hogyan változik különböző nátrium-tioszulfát koncentrációk - mint elsődleges elektron donor - mellett, illetve ecetsav jelenlétében N_2 fixáló körülmények között. Megmértem a kultúrák in vivo megtermelt H_2 mennyiségét illetve a biomassza növekedés nyomon követése érdekében a teljes fehérje-mennyiség mellett meghatároztam a Na-tioszulfát és az ecetsav fogyasztását a tápoldatból. Továbbá vizsgáltam a nitrogénáz enzim két alegységének (α , β) relatív expressziós szintjét. Bebizonyítottam, hogy a *T. roseopersicina* M539 törzs képes felhasználni a Na-tioszulfát mellett az ecetsavat elektronforrásként, ugyanis jelenlétében több H_2 termelődött. Ez korrelációt mutat a Na-tioszulfát és ecetsav tápoldatbeli változásából levonható következtetéssel: az ecetsav jelenlétében lassabban fogy a Na-tioszulfát, mert ekkor a kultúra a szerves savat is hasznosítja. Megállapítottam, hogy a sejtek többlet H_2 termelésre használják fel a szerves savat, melyet alátámaszt a nitrogénáz enzim alegységeinek megemelkedett expressziós szintje ecetsav jelenlétében.

Effect of sodium-acetate on hydrogen production by nitrogenase enzyme in *Thiocapsa roseopersicina*

The human civilization increasingly uses fossil energy carriers which supplies are terminate. Hydrogen the cleanest energy source might be the solution for this problem. Biohydrogen can be produced via biological pathways by microorganisms, for example biophotolysis, photo-fermentation, dark-fermentation and two-stage processes. *Thiocapsa roseopersicina* is an anaerobic, phototrophic purple sulfur bacterium, can utilize reduced sulfur compounds and solar energy to produce H_2 by hydrogenases and nitrogenase enzyme. Furthermore *T. roseopersicina* is capable of metabolize organic acids by photo-fermentation. For determination of hydrogen production by only nitrogenase enzyme, *T. roseopersicina* M539 strain (lacking of matured hydrogenases) was used. H_2 production was examined in the presence of different Na-thiosulfate concentrations – as primary electron donor – and with or without Na-acetate under nitrogen-fixation circumstances. In vivo H_2 production and biomass growth were determined by total protein amount, and depletion of Na-thiosulfate and Na-acetate from medium were followed. Last but not least, relative expression level of two subunits of the nitrogenase enzyme were defined. Elevated H_2 production with Na-acetate demonstrates that *T. roseopersicina* M539 strain can benefit from Na-acetate as electron donor in the presence of Na-thiosulfate. This result is confirmed by the Na-thiosulfate and Na-acetate depletion from the medium since in the presence of Na-acetate, the concentration of Na-thiosulfate was increased than without organic acid in the medium. On the other hand the higher expression of α and β subunits of nitrogenase enzyme in the presence of Na-acetate proves that *T. roseopersicina* strain produces excess hydrogen from organic acid by nitrogenase.

**A Transzkripció Interferencia Hálózatok a genetikai szabályozás új szintjét képviselik**

Moldován Norbert, Boldogkői Zsolt, Tombácz Dóra, Csabai Zsolt, Balázs Zsolt

Orvosi Biológiai Intézet, Általános Orvostudományi Kar, SZTE, Szeged

Az Aujeszky-féle vírus (AyV) vagy másnéven Pseudorabies vírus (PRV) a génszabályozás vizsgálatában modellként szolgáló nem humán patogén neurotróp dsDNS herpeszvírus. Legközelebbi humán patogén rokonai a bárányhimlőt okozó Varicella zoster és a hólyagos-fekélyes kiütésekkel járó, köznyelvben csak herpeszként emlegetett betegséget okozó Herpes simplex 1 és 2 vírusok. A kutatás során sertésvese epitél sejteket (PK-15) fertőztünk PRV-vel, ezt követően hat időpontban (1, 2, 4, 6, 8, 12h) leállítottuk a fertőzést, a sejtekből izolált RNS-ből génspecifikus primerekkel egyszálú cDNS-t írtunk, majd amplifikáltuk qPCR technikával. Oligo(d)T-vel és random hexamer primerekkel kétszálú cDNS könyvtárat készítettünk későbbi SMRT (PacBio) és Illumina szekvenáláshoz. A qPCR adatokból relatív kópiaszámot számoltunk. Az Illumina szekvenálás 2 sávon történt, a kinyert adatokat Bowtie, TopHat, BWA és STAR programokkal elemeztük. A SMRT szekvenáláshoz 38 SMRTCell-t használtunk, az adatokat pedig SMRT Analysis szoftverrel és GMAP-pal elemeztük. Vizualizációhoz mindkét esetben IGV programcsomagot használtunk. A kutatás eredményeként 14 új nem kódoló RNS-t fedeztünk fel. Ezek expresszióját elemeztük. Megállapítottuk, hogy az PRV gének többsége legalább két transzkripció starthelyről (TSS) indul, és mono-, bi- vagy policisztronosan is működik (alternatív terminációkkal). Ugyanakkor megállapítottuk, hogy az PRV genom transzkripcionálisan 80%-ban mindkét szálon aktív, a genomról ún. komplex transzkriptek képződnek. Eredményeink a Transzkripció Interferencia Hálózatot (TIN) és Transzkripció-Replikáció Interferencia Hálózatot (TRIN) látszik igazolni. Munkánk során a genetikai szabályozás új szintjét írtuk le herpeszvírus-modell alkalmazásával, és feltételezzük, hogy ez a szabályozás egyetemesen érvényes az eukarióta élőlények körében.

Transcriptional Interference Networks represent a new layer of gene regulation

Aujeszky's virus (AyV) also known as Pseudorabies virus (PRV) is a non-human neurotropic pathogen virus model with dsDNA for studying gene expression. Its closest human pathogen relatives are Varicella zoster and Herpes simplex 1 and 2. Epithelial porcine kidney cells (PK-15) were infected with PRV and they were incubated for 1, 2, 4, 6, 8 or 12h. Total RNA were purified from the samples. Reverse transcription reactions were carried out with gene specific primers. Single-stranded cDNAs were amplified by qPCR. Double-stranded cDNAs were produced using Oligo(d)T and random hexamer primers for subsequent SMRT (PacBio) and Illumina library preparation and sequencing. qPCR data was used for calculating the relative copy number of transcripts. Illumina sequencing was performed on two lanes, data was analysed using Bowtie, TopHat, BWA and STAR software. For SMRT sequencing we run 38 SMRTCells and data was analysed with SMRT Analysis and GMAP software. For visualization we used IGV. As a result of our research we discovered 14 new non-coding RNAs, and we analysed their expression. We concluded that most of the PRV genes have at least two Transcriptional Start Site (TSS) and are found to produce mono-, bi- and polycistronic transcripts (with alternative termination). At the same time the PRV genome is transcriptionally active on both strands with an 80% rate, and new so-called complex transcripts are transcribed from the genome. Our results can be interpreted as a confirmation of the Transcriptional Interference Network (TIN) and Transcriptional Replication Interference Network (TRIN). We theorise that this new layer of gene regulation is universally relevant for all eucaryotic organisms.

**A Bükki Nemzeti Park egyes patakjainak halközösség monitorozása**

Müller Tamás¹, Takács Péter², Ferincz Árpád¹, Várkonyi Levente¹,
Szendes Katalin¹, Urbányi Béla¹, Staszny Ádám¹

¹Halgazdálkodási Tanszék, Akvakultúra és Környezetbiztonsági Intézet,
Mezőgazdaság- és Környezettudományi Kar, SZIE, Gödöllő;

²MTA Ökológiai Központ Balatoni Limnológiai Kutatóintézet, Tihany

A Mátra Természetvédelmi Terület területén található 4 kisvízfolyáson (Csernely patak, Zagyva, Bene patak, Tarna) végeztünk halfaunisztikai vizsgálatot 2013-2015 között 5 alkalommal. Ajánlások szerint kisvízhozamú víztestek monitorozását nappal kell végrehajtani, azonban a Tarnában (káli szakasz) nappal és éjjel elektromos halászattal, minden szakaszon 150m-t a vízben gázolva végeztük. Az öt mintavétel alapján a Csernely-patakból 6 faj, a Zagyvából 9 faj, a Bene-patakból 14 faj, a Tarnából 23 faj került elő. A halközösségek értékelését különféle statisztikai módszerek segítségével végeztük. Főbb megállapítások: a legnagyobb Shannon-féle diverzitást a Tarna éjszakai mintavételei során kaptuk, míg a legalacsonyabbat a Zagyvában tapasztaltuk. A legmagasabb egyenletességet (Evenness) a Csernely-patak esetén tapasztaltunk, míg a legalacsonyabb a Tarna nappali mintavételei alapján adódtak. Az egyedszám-alapú rarefaction analízis eredményei alapján minden mintavétel reprezentatívnak tekinthető, mivel a görbék a telítési szakaszba érnek. A Bray-Curtis-index alapján végzett Cluster analízis alapján a mintavételei területek között nagyobb a különbség, mint a napszak hatása. Bár kimutatható különbségek mutatkoztak az éjszakai és nappali mintavételek eredményei között, a többletinformáció mértéke nem áll arányban a befektetett többlet-energiával. A standard mintavételei módszer következetes, alkalmazásával az élőhelyek heterogenitása a halközösség strukturális viszonyaival jól bizonyítható. A munka a „Fenntartható természetvédelem magyarországi Natura 2000 területeken” című, SH/4/8 regisztrációs számú Svájci Hozzájárulási Program támogatásával valósult meg.

Fish assemblage monitoring of selected streams in the Bükk-mountains (Hungary)

The fish faunistic study of four small, wadeable watercourses (Csernely-stream, Zagyva-river, Bene-stream and Tarna-river) of the Mátra Nature Conservation Area were carried out five times between 2013 and 2015. According to international standards the monitoring of such small watercourses could be performed at daytime, however nighttime sampling of Tarna-river was also performed. Samplings were carried out with single-pass electrofishing of 150m stretches. Six fish species from Csernely-stream, nine from Zagyva, 14 from Bene-patak and 23 from Tarna were identified during our survey. Various analyses have been performed to assess the patterns in the fish assemblages. The main findings were: the highest Sannon-diversity was calculated in case of the night samples of Tarna, while the lowest was observed in case of Zagyva. The Evnnes proved to be the highest in the Csernely-stream, while the lowest in case of daytime samples in Tarna. All of our samplings considered to be representative according the results of individual based rarefaction analyses, as all curves reached saturation. Fish assemblage compositions were different based on the cluster analysis (Bray-Curtis distances), moreover the difference between the night and daytime samplings were lower than the between site variability. Therefore the additional information, provided by the night sampling considered to less than the additional effort. The application of the standard sampling methods provides enough robust and detailed information to assess the habitat heterogeneity through the assemblage level variability of fish fauna. This study was supported by the “Sustainable nature conservation in Hungarian Natura2000 sites” SH/4/8 (Swiss Contribution Programme).



**Natura 2000-es területek kijelölése
halak védelme érdekében Romániában: 3. felvonás**

Nagy András Attila

“Milvus Csoport” Madártani és Természetvédelmi Egyesület, Marosvásárhely

Az Európai Unióhoz való csatlakozás után Romániának létre kellett hoznia saját Natura 2000-es hálózatát. Miután 2007 novemberében 273 közösségi jelentőségű terület (SCI) lett elfogadva (nem mindegyik a halak védelme érdekében), következett az első biogeográfiai szeminárium (Nagyszeben, 2008 június), amelyen e jelölések kiértékelése történt. A következtetés sok halfaj esetében egyértelmű volt: újabb Natura 2000-es területek kijelölése szükséges a fajok hosszútávú fennmaradásának biztosítása érdekében. 2008–2011 között újabb területek lettek jelölve, de a 2011 őszén benyújtott állami javaslatcsomag csak 135 új SCI-t tartalmazott, melybe a civil szféra által javasolt területeknek csak kis százaléka került be. Mivel úgy tűnt, hogy e területek még mindig nem tudják biztosítani a fajok és élőhelyek hosszútávú fennmaradását, 2012 októberében Bukarestben sor került a második biogeográfiai szemináriumra, ahol kiderült, hogy sok területnek az adatlapja hiányos, a területen jelenlévő (hal)fajok egy része nem szerepel az adatlapokon, így ezek kiegészítése szükséges. A halványfoltú küllő (*Romanogobio alpinus*), balin (*Aspius aspius*) és a szivárványosm ökle (*Rhodeus amarus*) esetében újabb Natura 2000-es területek kijelölése és elfogadása szükséges elsősorban a Maros középső szakaszán és az egyesült Szamoson. Ezeknek a következtetéseknek az alapján új védett területek lettek kijelölve, amelyek 2016 elején jelentek meg a hivatalos közlönyben. Habár jelentős mértékben csökkentették az eredetileg ajánlott területek méretét, mégis öröndetesnek mondható, hogy az egyesült Szamoson létrejött két védett terület, melyeknek hossza meghaladja a 100 km-t, ugyanakkor a Maros-Aranyos összeömlése alatt két szakasz is védett lett, melyeknek hossza meghaladja az 50 km-t. Mindemellett sor került már meglévő védett területek kibővítésére is (elsősorban a Maroson) és más, kisebb területek kijelölésére is.

**Designating the Natura 2000 network for the protection of fish species
in Romania: the third act**

Once joined European Union, Romania had to establish its own Natura 2000 network that is the EU's main tool for biodiversity conservation through protected site designation and management. In November 2007 273 Romanian Sites of Community Importance (SCIs) were designated, however, not all of them envisaged protection of fish species. These designations have been evaluated at the First Biogeographic Seminar (Sibiu, June 2008). It was concluded that the long term survival of several fish species needs additional Natura 2000 sites designations. During 2008–2011 new sites have been proposed for designation but the new governmental proposal package (adopted in autumn 2011) contained only 135 new SCIs. Among these only a few were selected out of those proposed by NGOs for fish protection. Since these sites were still unable to ensure the long term survival of species and habitats the Second Biogeographic Seminar (October 2012, Bucharest) was organised. During this seminar it turned out that the data sheets of several Natura 2000 sites were incomplete (i.e. existing fish species were not listed) and argued for completion. In case of species *Romanogobio alpinus*, *Aspius aspius* and *Rhodeus amarus* new Natura 2000 sites were required especially on the middle section of the Mureş River and the united Someş River. Based on these conclusions new Natura 2000 sites were designated that already appeared in the Official Gazette at the beginning of 2016. Even if the areas of the proposed sites was significantly reduced it can be welcomed that two protected areas were accepted on the united Szamos River (whose length exceeds 100 km) and another two significant site on the Maros River (whose length exceeds 50 km). In addition to this, existing Natura 2000 site extensions took place (mainly on the Maros River) and also other small sites were accepted.



A Drosophila APC/C egyedi sajátossága

Nagy Ágota, Horváth Judit, Nagy Olga, Pál Margit, Kovács Levente, Deák Péter

Genetika Tanszék, SZTE, Szeged

Az APC/C (Anaphase Promoting Complex/Cyclosome) egy nagyméretű, számos alegységből álló ubikvitin-protein ligáz. A sejtciklus M és G1 fázisainak szabályozásában játszik szerepet azért, hogy a megfelelő szabályozó fehérjéket kijelölje proteasómális lebontásra. Az APC/C-t evolúciósan jól konzervált alegységek építik fel, melyek közül az egyik legkisebb méretű fehérje, a Cdc26 keltette fel figyelmünket. Ezt a fehérjét korábban már leírták élesztőben és humán sejt kultúrákban, csoportunknak pedig két lehetséges Cdc26 fehérjét is sikerült azonosítania ecetmuslicában. Az eddigi adatok alapján ez csupán a *Drosophila* fajokra jellemző. A két fehérje mind méretében, mind aminosav szekvenciájában eltér egymástól, viszont mindkettő tartalmaz egy jól konzervált, rövid, mindössze 20 aminosavból álló N-terminális szekvenciát. Célunk az volt, hogy genetikai analízis segítségével jellemezzük ezt a két alegységet. Az egyik alegységet kódoló gén, a DmCdc26, P elem inserciós allélja bábletalitást eredményezett. A mutáns lárvák agypreparátumainak mitotikus fenotípus vizsgálata metafázisszerű gátlásra utal, mely jellemző más esszenciális APC/C alegységek mutánsaira is. Ezt a fenotípust a humán eredetű Cdc26 képes menekíteni, mely a fehérje azonos funkciójára utal. A másik gén nem bizonyult létfontosságúnak, viszont túlméretetve képes helyettesíteni a DmCdc26 szerepét, ezért elneveztük DmCdc26-like-nak. A fenti eredmények azt sugallják, hogy a *Drosophila* APC/C összetétele eltér az élesztő és a humán megfelelőjétől, így további vizsgálatokat igényel. Jelenleg a két Cdc26 szerű fehérje genetikai és biokémiai kapcsolatát vizsgáljuk a többi APC/C alegységgel.

A unique feature of the *Drosophila* APC/C

The Anaphase Promoting Complex/Cyclosome (APC/C) is a large, multi-subunit ubiquitin-protein ligase. It plays a key role in cell cycle regulation during mitosis and the G1 phase by controlling the protein level of cell cycle regulators. The APC/C contains several evolutionary well conserved subunits. One of the smallest of them, the Cdc26 subunit was identified in yeast and human cells. Recently our group identified not one, but two putative Cdc26 proteins in *Drosophila melanogaster*, which is unique among eukaryotes examined so far. The two proteins are different in size and amino acid sequence, but both contain a highly conserved, short N-terminal region of 20 amino acids. Our aim is to characterize these two subunits through genetic analysis. Genetic characterization of P element insertion alleles of one of the genes, the DmCdc26, revealed pupal lethality. Larval brain preparations of these mutants show mitotic arrest characteristic to the loss of function phenotypes of other essential APC/C subunits. Also, the human Cdc26 protein can rescue this phenotype, which suggests functional conservation. The other gene proved to be nonessential, but it could complement the loss of function phenotype of DmCdc26, therefore it was dubbed by us as DmCdc26-like. These findings suggest that the APC/C in *Drosophila* is somewhat different from those in yeast and human cells and may warrant further analysis. We are investigating the genetic and biochemical relationship between these proteins and the other subunits of the APC/C.



Az inotocin neurohormon szerepe nagyfejű csajkók (*Lethrus apterus*) utódgondozásában

Nagy Nikoletta, Németh Zoltán, Kosztolányi András,
Juhász Edit, Rácz Rita, Pólska Szilárd, Barta Zoltán

MTA-DE Lendület Viselkedésetkológiai Kutatócsoport, Debrecen;
TTK Evolúciós Állattani és Humánbiológiai Tanszék, Debrecen;
Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, Kolozsvár;
Orvos és Egészségtudományi Centrum Genomi Medicina és Bioinformatikai
Szolgáltató Laboratóriuma, DE, Debrecen;
TTK Evolúciós Állattani és Humánbiológiai Tanszék, DE, Debrecen

Az inotocin neurohormon az oxitocin/vazopresszin peptidcsalád rovarokban leírt tagja. E családba számos olyan hormon tartozik, melyek fontos szerepet játszanak a szociális viselkedés kialakításában. A nagyfejű csajkó (*Lethrus apterus*) egy fejlett utódgondozással rendelkező bogárfaj, ahol a hím és a nőstény növényekből készít labdacsoportokat a petékből kikelt lárvák számára, és ennek a fajnak genomjában is megtalálható az inotocin peptidnek, valamint receptorának génje. Vizsgálatunk célja az volt, hogy kiderítsük, van-e összefüggés az utódgondozási viselkedés és a hormon, illetve a receptor génjének expressziója között. Hipotézisünk szerint az utódgondozásban nagyobb szerepet játszó ivarban, a nőstényben magasabb lesz a gén aktivitása, valamint a szaporodási időszakban szezonális tendencia lesz megfigyelhető, amely során a hormon termelésének mértéke először megemelkedik, majd, ahogy a szaporodás befejeződik, lecsökken. 2015 tavaszán három alkalommal gyűjtöttünk feji és tori mintákat a szaporodási időszak során, 8 hím és 8 nőstény egyedből alkalmanként. A mintákból izoláltuk az mRNA molekulákat, majd reverz transzkripcióval cDNS-sé alakítottuk őket, amelyekből saját tervezésű primerekkel, real-time quantitative PCR segítségével amplifikáltuk az inotocin hormonnak és receptorának génjét, valamint 11 referencia gént. A qPCR-rel mért értékek alapján mind a hormon, mind a receptor jelen van a szaporodási időszakban mindkét ivarban, azonban génjeik expressziós mintázata még nem tisztázott.

The role of inotocin in the parental care of *Lethrus apterus*

The neurohormone inotocin is a member of the oxytocin/vasopressin neuropeptide family and was recently described in insects. Many members of this family can be found to play an important role in the regulation of social behaviours. The beetle *Lethrus apterus* has a well-developed parental care behaviour during which both the male and female collect leaves to deposit food balls for the hatching larvae. The genes of inotocin and its receptor were identified in the genome of this species. Our aim here is to investigate whether there is correlation between the expression of these genes and the parental care. We hypothesised that inotocin plays a role in parental care in this species, and predicted that higher gene activity should be present in females which provide more parental care. Furthermore, we predicted that there should also be a seasonal tendency during the breeding period when the production of the hormone is increasing at first then decreasing. Samples were collected three times during the breeding period in 2015, each time from the head and the thorax from 8 male and 8 female specimens. mRNA was isolated from the samples then translated into cDNA by reverse transcription. Real-time quantitative PCR was used with manually planned primers to amplify the genes of inotocin, its receptor and 11 reference genes from each sample. According to the values measured by the qPCR both the hormone and its receptor is present in males and females during the breeding period, although the expression pattern of their genes is not clear yet.



TiO₂ alapú fotokatalizátorok hatása hangyák túlélésére és tetemfelismerő viselkedésére

Nagy Zsuzsánna^{1,2}, Czekes Zsolt^{1,2,3}, Maák István-Elek^{1,2}

¹Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, BBTE, Kolozsvár;

²Ökológiai Tanszék, SZTE, Szeged;

³Interdiszciplináris Bio-Nano Tudományok Intézete, BBTE, Kolozsvár

Egyik legígéretesebb módszer szerves szennyezőanyagok bontására a fotokatalitikus oxidáció, ami a nagyhatékonyságú oxidációs eljárások egyik típusa. Ezek az eljárások kis energiabefektetéssel üzemeltethetőek és számos vegyülettel szemben hatékonyan alkalmazhatóak. A nanoméretű titán-dioxid (TiO₂) az egyik legelterjedtebb fotokatalizátor, amely előállítása nagyon gazdaságos mivel a földkéregben nagy mennyiségben jelen van. A TiO₂ ugyanakkor bizonyítottan előidézheti a rákos sejtek számának növekedését emlősnél, viszont hatásuk más szervezetekre kevésbé ismert. Az eddigi kisszámú ökotoxikológiai kutatás főleg standard, vízi modellszervezetekre korlátozódott, és csupán a TiO₂ akut hatását vizsgálta, szervezeti szinten. A hangyák a szárazföldi élőhelyek egyik domináns élőlénycsoportját képezik, ezáltal rendkívül jelentős hatással vannak a szárazföldi rovarközösségek alakulására. Az előbbi tényrt figyelembe véve kísérleteink számára hangyákat használtunk tesztalanyként. Kutatásunk célja volt megállapítani, hogy a TiO₂ katalizátorok milyen hatással vannak különböző hangyafajok túlélésére és tetemszállító viselkedésére. A túlélési kísérlet során két erdei vöröshangya faj (*Formica polyctena* és *Formica pratensis*) és egy gyepi hangyafaj (*Lasius niger*) egyedeit helyeztünk különböző koncentrációban (0, 2, 5, 10 és 20%) TiO₂-al szennyezett talajra. A kísérlet során elpusztult egyedek számát feljegyeztük. A kísérlet kimutatta, hogy az erdei vöröshangyák túlélése csökken a nagy koncentrációjú TiO₂ szennyezés hatására, viszont a közönséges gyepihangya túlélése nem függött a TiO₂ koncentrációtól. A tetemekkel szembeni viselkedési tesztek egy erdei vöröshangya fajjal (*F. polyctena*) végeztük. A hangyák tetemekkel szembeni reakcióját a tetemek TiO₂-al való kezelése nem módosította.

The effect of TiO₂ based photocatalysts on the survival and corpse carrying behaviour of ants

One of the most promising method for the decomposition of organic pollutants is the photocatalytic oxidation, which is one of the most effective among the advanced oxidative processes, which can be operated using low amounts of energy, and they are effective in the decomposition of a large number of compounds. The nanosized TiO₂ is one of the most common photocatalysts, the production of which is highly economical, due to the fact that it is present in the Earth's crust in large masses. TiO₂ however is proved to cause an increase in the number of cancer cells in mammals, although their effect on other types of organisms is less known. The small amount of ecotoxicological tests relied mainly on standard aquatic model organisms, and only concerned the acute effect of TiO₂ on the level of the organism. Ants form one of the dominant groups of terrestrial organisms, therefore they have an important effect on the composition of terrestrial insect communities. Considering this, we used ants as test organism in our studies. The objective of our study was to observe the effect of TiO₂ on the survival and corpse carrying behaviour of different ant species. For the mortality test we placed individuals of two red wood ants (*Formica polyctena* and *Formica pratensis*) and the common garden ant (*Lasius niger*) on soil polluted with TiO₂ in different concentrations (0, 2, 5, 10 és 20%). During the experiment, we have observed the number of dead individuals. The test showed that the survival time of the red wood ants is decreased by the presence of TiO₂ in large concentrations, but the survival time of the common garden ant was not influenced. When testing the behaviour of *F. polyctena* towards the presence of ant corpses, we observed that the TiO₂ treatment of the corpses didn't modify the behavior of the ant workers.



Egy dicisztronus gén komplementációs analízise *Drosophila melanogaster*ben

Neller Alexandra, Pál Margit, Kovács Levente, Deák Péter

Genetika Tanszék, SZTE, Szeged

Az eukarióta sejtciklus szabályozásában alapvető szerepe van az ubikvitin-függő fehérjelebontó rendszernek. Szabályozófehérjék ennek segítségével bomlanak el. Legbonyolultabb felépítésű komplexe az APC/C ubikvitin ligáz. Csoportunk az APC/C alegységeinek azonosításán és funkciójuk kiderítésén dolgozik a *Drosophila melanogaster* modellben. Az egyik legkisebb APC/C alegységet az Apc13 gén kódolja, amelynek homológja megtalálható a *Drosophila* genomban is: egy már korábban azonosított gén, a fab1 5' nem transzlálódó régiójában helyezkedik el. Az Apc13 és fab1 gének valójában egy dicisztronus lókuszt alkothatnak mivel közös mRNS képződik róluk. Feladatunk volt, hogy kizárólag az Apc13 gént érintő mutánsokat hozzak létre, ivarsejt-specifikus CRISPR-Cas9 mutagenézissel. Két leolvadási kereteltolódást okozó mutánt állítottam elő, amelyek az Apc13 gén 3. exonjába lokalizálódnak. Ezen mutánsok, illetve a már korábban rendelkezésre álló Apc13 és fab1 mutánsok komplementációs analízisével vizsgáltam az Apc13 hiányában kialakuló fenotípusokat. Megállapítható volt, hogy az új allélek kizárólag az Apc13 gént érintik, minden bizonnyal funkcióképtelen génterméket eredményezve. Ezekre az Apc13 allélekre késői bábletalítás, valamint magas mitotikus index és metafázis gátlás jellemző, amit túlkondenzálódott kromoszómák nagy gyakorisága mutat. Ezzel szemben a fab1 mutánsok nem mutatnak mitotikus fenotípust és fejlődésük késői farát-adult stádiumban áll le. Ezen túlmenően, az Apc13 mutánsok letális és mitotikus fenotípusát menekíteni tudtam az egér APC-13 gén ektópikus kifejezésével, bizonyítva ezzel, hogy a homológia alapján azonosított lókuszt valóban a *Drosophila* Apc13 alegységet kódolja. Az elvégzett komplementációs analízis eredménye megerősítette a dicisztronus génszerkezetet. A jelenleg folyó vizsgálataink célja, hogy kiderítsük az Apc13 alegység komplexen belüli szerepét.

Complementation analysis of a dicistronic gene in *Drosophila melanogaster*

The ubiquitin-proteasome system (UPS) has a key role in the regulation of the eukaryotic cell cycle by degrading regulatory proteins. The most complicated protein complex in the UPS is the APC/C ubiquitin-ligase enzyme. Our team is working on the identification and characterization of APC/C subunits in *Drosophila melanogaster*. One of the smallest subunit is coded by the Apc13 gene. Sequence homology showed that it has a homologue in the *Drosophila* genome, and it's located in the 5' UTR region of the previously identified fab1 gene. The Apc13 and fab1 genes, appear to be dicistronic, because they produce a joint mRNA. My mission was to create new mutant alleles affecting only the first ORF, the Apc13 gene alone, using the germ-line specific CRISPR-Cas9 system. Two frame shift mutations were created in the third exon of Apc13. These as well as the previously isolated Apc13 and fab1 mutations facilitated a detailed complementation analysis, and I was able to determine the phenotype caused by the lack of Apc13 alone. It was found that the new frame shift alleles affect only the Apc13 gene, most likely by resulting in a truncated, non-functioning gene product. These Apc13 alleles show late pupal lethality and high mitotic index. The mitotic chromosomes are mostly overcondensed, indicating a metaphase-like arrest. The fab1 mutants however don't have mitotic phenotype and their development stops in a late pharate-adult stage. I was able to rescue the lethal and mitotic phenotypes of the Apc13 mutants by ectopic overexpression of the mouse Apc13 gene. This result supports our notion that the gene identified through sequence homology is indeed codes for the *Drosophila* Apc13 subunit. The result of the complementation analysis underlines the dicistronic nature of the Apc13-fab1 locus. The aim of our current experiments is to find out the role of the Apc13 subunit within the APC/C complex.

**Neuronális és hormonális aktiváció egér anyák hypothalamusában**

Oláh Szilvia, Cservenák Melinda, Szabó Éva Rebeka, Gellén Barbara, Dobolyi Árpád

*Molekuláris és Rendszer Neurobiológiai Ktcs.,
Biológiai Intézet, ELTE, Budapest*

A szülés utáni időszakban, a kölykök felől érkező ingereknek döntő szerepe van az anyák viselkedésszerű és hormonális adaptáció fenntartásában, amiben alapvető szerepet tölt be a hypothalamus. Kísérleteink célja az volt, hogy összehasonlítsuk a prolaktin hormon által aktivált sejteket a neuronálisan aktivált sejtekkel. Továbbá kémiaiailag jellemeztük az érintett neuronokat a hypothalamusban. A neuronálisan aktivált sejteket c-fos expresszióval vizualizáltuk, és a prolaktin érzékeny neuronokat a prolaktin receptor szignál transzdukciós fehérjéjével, a foszforilált STAT5-tel (pSTAT5). A jelölt sejtek jellemzésére markerként oxytocint, glutaminsav decarboxiláz-green fluorescent proteint (GAD-GFP), és tuberoinfundibular peptid (TIP39)-et használtunk. Jelentős számú c-fos és pSTAT5 pozitív sejtet találtunk a hypothalamusban. Az oxytocin sejtek Fos pozitívak voltak, viszont negatívak a GABA-ra. Másfelől, sok GABA-erg sejt mutatott Fos aktivációt. Azt is bizonyítottuk, hogy a legtöbb Fos pozitív sejtet TIP39 terminálisok közelítenek meg. Összefoglalva, megállapítottuk, hogy hol vannak az anyák hypothalamusában kölykök hatására neuronálisan, illetve hormonális közvetítéssel aktiválódó neuronok. Meglepő módon nagy különbség van a 2 neuron populáció között. Az eredmények azt sugallják, hogy a kölykök felől érkező prolaktin és direkt neuronális bemenetek befolyásolhatják a viselkedésért és hormonális változásokért felelős hypothalamust, de túlnyomórészt 2 különböző útvonalon keresztül. Ezek jellemzése közelebb visz minket az anyai viselkedések és agyi adaptációk megértéséhez.

Neuronal and hormonal activation of hypothalamic neurons in mother mice

In the postpartum period, stimuli from the pups are known to play pivotal role in maintaining behavioral and hormonal adaptations of mothers, which are primarily driven by hypothalamic brain centers. Our aim was to compare the distribution of prolactin-sensitive neurons to those neuronally activated by pup suckling. In addition, we addressed the chemical characterization of the affected neurons in the hypothalamus. The neuronally activated cells were visualized by c-fos expression, and the prolactin-sensitive neurons with immunolabeling of phosphorylated STAT5 (pSTAT5), a signal transduction protein of the prolactin receptor. These markers were doubly labeled with each other as well as with oxytocin, glutamic acid decarboxylase and tuberoinfundibular peptide 39 (TIP39). We found a number of c-fos and pSTAT5 positive cells in the hypothalamus. Oxytocin neurons were Fos-positive but negative for GABA. In turn, many GABA-ergic cells showed Fos activation. It was also demonstrated that most Fos-positive cells were surrounded by TIP39 terminals. In summary, we determined the location of neurons in the mother's hypothalamus that are activated neuronally and by the prolactin hormone. Surprisingly, large differences were found between the distributions of the 2 neuronal populations. The findings suggest that both prolactin and direct neuronal input from the pups may affect hypothalamic circuits responsible for behavioral and hormonal changes in mothers but predominantly separate neuronal populations are affected via the 2 routes. The characterization of the differently activated neurons takes us closer to the understanding of the mechanisms of maternal adaptations of the brain.



Lepkeszámlálás Erdélyben: mi hír a nagyfoltú hangyaboglárkáról (Lepidoptera: Lycaenidae)?

Osváth-Ferencz Márta¹, Onodi Henrietta², Molnár Gyöngyvér¹,
Rákossy László³, Piotr Nowicki⁴, Kőrösi Ádám⁵

¹BBTE, Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, Kolozsvár;

²Kós Károly Szakközépiskola, Csíkszereda;

³BBTE, Biológia és Geológia Kar, Taxonómiai és Ökológiai Tanszék, Kolozsvár;

⁴Jagelló Egyetem, Természettudományi Kar, Krakkó, Lengyelország;

⁵MTA-ELTE-MTM Ökológiai Kutatócsoport, Budapest

A hangyaboglárka fajok (*Maculinea* spp.) a palearktikus régió egyik legintenzívebben tanulmányozott lepkecsoportját képezik. Egyedfejlődésük elengedhetetlen feltétele a petezésre és a hernyók kezdeti táplálására alkalmas tápnövények, valamint a lárvákat befogadó és felnevelő hangyagazdák jelenléte. Vizsgálatunk célja a kiemelt természetvédelmi jelentőségű, Romániában eddig egyáltalán nem tanulmányozott nagyfoltú hangyaboglárka (*Maculinea arion*) ökológiai igényeinek felderítése, ami különösen fontos élőhelyei megfelelő kezeléséhez. Kétéves kutatásunk során a vizsgált faj egy erdélyi populációjának jellemzőit tanulmányoztuk. Eredményeink alapján a nagyfoltú hangyaboglárka repülési időszaka mindkét évben a június és július vége közötti időszakra esett, a populáció becsült mérete pedig néhány száz egyedre tehető. A nőstények száma mindkét évben jelentősen magasabb volt, mint a hímeké. Az egyedek túlélését és visszafogását befolyásoló tényezők tekintetében évek és nemek között is eltérés mutatkozott. A hím egyedek esetén tapasztalt magas visszafogási arány feltehetően a nemek eltérő viselkedésével magyarázható, hiszen a hímek a párzótárs keresése során jóval intenzívebben repülnek, mint a nőstények.

Butterfly census in Transylvania: what's the news about the large blue butterfly (Lepidoptera: Lycaenidae)?

Maculinea species are one of the most intensively studied group of Palearctic butterflies. During their development they need particular food plants for oviposition and larvae feeding, as well as the presence of host ant species which adopt and bring up them. The large blue butterfly (*Maculinea arion*) went extinct in many regions of Europe, but it is still relatively common in Romania, where its populations have never been studied. Our aim was to study the ecological requirements of the large blue butterfly to obtain important information for proper habitat management. In a two years study, we investigated a single adult population of large blue butterfly in Transylvania. The flight period was between late June and late July, and the total estimated population size was several hundred in both years. The number of females was significantly higher than that of males. Different factors influenced the survival rate and recapture probability between years and sexes. We found a higher recapture probability of males which can be explained by the high detectability of mate-locating males.



A ciszplatin toxicitásának vizsgálata sejtciklus ellenőrzési és DNS-hibajavítási mutánsokon *Drosophila melanogaster*-ben

Ottlik Dorotty, Tomisa Bernadett, Pál Margit, Deák Péter

Genetikai Tanszék, SZTE, Szeged

Az eukarióta sejtciklus ellenőrzési mechanizmusaiban és a DNS-hibajavítási útvonalaiiban bekövetkező hibák genetikai instabilitáshoz vezetnek, amely rák kialakulásához vezethet. A daganatok kemoterápiás kezelése során alkalmazott drogok pusztítják gyorsan szaporodó daganatos sejteket, azonban a szervezet normális sejtjeire is toxikusak. Ezért feltétlenül szükséges lenne a már alkalmazott és az új kemoterápiás szerek specificitásának meghatározása. A sejtciklus ellenőrzési és DNS-hibajavító folyamatokban résztvevő gének közös jellemzője, hogy evolúciósan konzerváltak és mutánsaik különösen érzékenyek a genotoxikus szerekre. Ebben a munkában kemoterápiás kezeléseknél használt egyik platina-vegyület, a ciszplatin specificitását vizsgáltuk ecetmuslica sejtciklus ellenőrzési és DNS-hibajavítási gének mutánsaival szemben. A különböző mutánsok ciszplatin érzékenységet relatív toxicitási tesztekben határoztuk meg. Törzsenként minden koncentráció-értéknél meghatároztuk a túlélő homo- és heterozigóták számát, majd ezek arányából állapítottuk meg a relatív letális koncentrációs (R-LC50) értékeket. Eredményeink szerint a ciszplatin eltérő hatékonyságot és specificitást mutat a különböző sejtciklus ellenőrzési és DNS-hibajavító gének mutánsaival szemben. Találtunk olyan mutánsokat, melyeknél az adott gén funkciójának kiesése fokozottan érzékennyé tette a homoizgota mutáns állatokat a ciszplatinra, azonban a ciszplatin specificitása eltérő volt az egyes mutánsokban. A gének többségénél nem találtunk szelektív érzékenységet. Humán tumorokra vonatkoztatva, eredményeink azt jelezhetik, hogy a tumorok kezelésénél tapasztalt eltérő kemoszenzitivitásért különböző ellenőrzési, vagy DNS-hibajavítási mutációk lehetnek felelősek. Ezért az egyes tumorok sejtciklus ellenőrzési és DNS-hibajavító genotípusának meghatározása javítaná a kemoterápia hatékonyságát.

Analysis of cisplatin toxicity in cell cycle checkpoint and DNA repair mutants in *Drosophila melanogaster*

Defects in eukaryotic checkpoint functions and DNA repair pathways lead to genetic instability which can lead to cancer development. Drugs used during chemotherapeutic treatments kill rapidly dividing cancer cells, however they are also harmful to normal cells of the body. Therefore, it would be important to determine the specificity of presently used and new chemotherapeutic agents. Cell cycle checkpoint and DNA repair genes are evolutionarily conserved and their mutants are highly sensitive to DNA-damaging agents. In this project we have treated different checkpoint and DNA repair fruit fly (*Drosophila melanogaster*) mutant lines with one of the currently used chemotherapy agents, cisplatin. Relative toxicity test were used to assay the toxic effects of cisplatin. The homo- and heterozygous mutants were treated in the same environment during the tests; in this way it was possible to specify their different sensitivity toward cisplatin. The number of surviving homo- and heterozygous adults were scored for each mutant line at each drug concentration. These data were used to calculate the Relative Lethal Concentration (R-LC50) values. Our results show that different checkpoint and DNA-repair mutants show great differences in their sensitivity to cisplatin. We have found mutants which were specifically sensitive to cisplatin, however the specificity of cisplatin was different in different lines. In most of the tested mutants we were not able to find selective sensitivity. Extrapolating our findings to human tumors we can speculate that variation in the chemosensitivity of various tumors can be caused by different checkpoint and DNA repair mutations in the tumorous cells. Therefore, determination of cell cycle checkpoint and DNA repair genotype of different tumors would improve the efficiency of chemotherapy.



Felfedező készség, szociális környezet és fiziológiai állapot házi verebeknél (*Passer domesticus*)

Pénzes Janka¹, Vágási I. Csongor^{1,2}, Fülöp Attila³, Pap Péter László^{1,2},
Osváth Gergely^{2,3}, Benkő Zoltán⁴, Lendvai Ádám Zoltán³, Barta Zoltán²

¹Evolúciós Ökológia Kutatócsoport, Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, BBTE, Kolozsvár;

²MTA-DE „Lendület” Viselkedésokológiai Kutatócsoport, DE, Debrecen;

³Evolúciós Állattani Tanszék, DE, Debrecen;

⁴Román Madártani Egyesület/BirdLifeRomania, Kolozsvár

Számos állatfaj egyedei egyéni konzisztens viselkedésformákat, azaz személyiségjegyeket mutatnak. Az egyedek személyiségbeli eltéréseinek egyik lehetséges magyarázata a fiziológiai állapotuk változatossága. Ugyanakkor, társas fajok esetében a szociális környezet, mint például a csoport személyiség összetétele, hatással lehet az egyedek fiziológiai állapotára az egyedek csoporton belüli interakciója révén. E két hipotézis azonban máig kevéssé kutatott. Vizsgálatunkban házi verebeket (*Passer domesticus*) fogtunk be, jellemeztük személyiségüket új környezetben való felfedező készségük által, majd négy eltérő összetételű csoportot alakítottunk ki (magas-, alacsony-, variabilis-, illetve random felfedező készségű csoport). Az egyedek fiziológiai állapotát számos paraméterrel jellemeztük a csoportösszetétel manipulációja előtt és a 10 nappal később: testtömeg, kokcidium fertőzöttség, fehérvérsejt profil, hemagglutináció és hemolízis, toll kortikoszteron, illetve a lipidek oxidatív károsodása. Előzetes eredményeink alapján a csoportösszetétel manipulációja előtti testtömeg, kokcidium fertőzöttség intenzitása, a hemagglutináció és a hemolízis mértéke, valamint a toll kortikoszteron szintje nem függ össze az egyedek felfedező készségével. A csoportösszetétel manipulációja utáni testtömeg alacsonyabb volt a magas felfedező készségű csoportban, azonban a szociális környezetnek e negatív hatása főképp a csoporton belüli alacsony felfedező készségű egyedeket érintette. Eredményeink tehát nem támogatják azt a hipotézist, mely szerint az egyéni személyiséget a fiziológiai különbségek magyarázhatják, viszont a szociális környezet és az egyed személyisége látszólag közrejátszik az élettani állapot alakításában. A kutatást az OTKA (K112527 és K113108) és a MTA Posztdoktori Kutatói Programja támogatta.

Exploratory behaviour, social environment and physiological state in house sparrows (*Passer domesticus*)

Individuals of many species show consistent behavioural differences defined as personality traits. Personality differences among individuals may be explained by differences in their physiological state. Besides, in case of group-living species, the social environment (e.g. personality composition of the social group) might also have an effect on individual's physiological state through the interactions among group members. Yet, these two hypotheses are poorly studied. We caught wild-living house sparrows (*Passer domesticus*), characterized their personality via exploratory behaviour in a naive environment, then we formed four groups with different composition (high-, low-, high variance- and random exploratory group). Physiological state was characterized by many different parameters both before and after the manipulation of group composition: body mass, coccidian infection rate, leukocyte profile, haemagglutination and haemolysis, feather corticosterone and oxidative damage of cell membrane lipids. Our preliminary results show that body mass, coccidian infection intensity and degree of haemagglutination and haemolysis prior to the manipulation of group composition, and the amount of corticosterone deposited in feathers are not linked to individual exploratory behaviour. The body mass measured after the manipulation of the social environment was lower in the high exploratory group, but this negative social effect was only apparent in less exploratory individuals within the group. Therefore, our results do not support the hypothesis that personality might be physiologically determined, but suggest that the social environment and personality might interplay to determine the physiological state of individuals. This research was financed by OTKA (K112527 and K113108) and the Postdoctoral Fellowship Programme of the Hungarian Academy of Sciences.



Kisemlősök kullancsai és az általuk terjesztett betegségek

Péter Áron, Ioana Matei, Angela M. Ionică, Benedek A. Mária, Sándor D. Attila

Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, BBTE, Kolozsvár;
Parazitológiai Intézet, Állatorvosi Kar, Agrártudományi és Állatorvosi Egyetem, Kolozsvár;
Ökológiai és Környezetvédelmi Intézet, Lucian Blaga Egyetem, Nagyszeben

A kullancsok rendkívül fontos vektorai számos zoonotikus betegségnek, széles elterjedésüknek és nagy denzitásuknak köszönhetően egészségügyi veszélyt jelentenek a háziállatokra és emberekre egyaránt. Annak ellenére, hogy jelentőségük elismert az általuk terjesztett betegségek többsége növekvő tendenciát mutat. Széles gazdaspektrummal rendelkeznek, általában nagytestű emlősökön táplálkoznak, de főleg a fejletlen stádiumok kisemlősöket, rágcsálókat részesítenek előnyben. A rágcsálók, amelyek elterjedtek változatos élőhelyeken, rezervoár szervezetként szolgálnak a zoonotikus betegségek számára. Ebben a kutatásban kisemlősöket (pocok, egerek, cickányok) csapdáztunk Románia néhány rurális, mezőgazdasági területén. A kullancsokat begyűjtöttük az egerekről (n= 217, 10 gazda faj, 16 régióból) és binokuláris mikroszkóppal, morfológiai bélyegek alapján határoztuk. A betegségek kimutatásához poolokat készítettünk a négy meghatározott kullancsfajból, a kivont DNS mintákat PCR-el, génusz szintű *Rickettsia* spp. és *Anaplasma* spp. primerekkel amplifikáltuk és elektroforézissel vizsgáltuk. Hogy megtudjuk melyik kórokozó fajról van szó a pozitív mintákat szekvenáltattuk. Öt kórokozó *Rickettsia* fajt (*R. helvetica*, *R. japonica*, *R. monacensis*, *R. mongolitimonae* és *R. slovaca*) és az *Anaplasma phagocytophilum*-ot sikerült kimutatni, melyek közül a *R. japonica* és *R. mongolitimonae* első jelzése Romániában.

Ticks collected from small mammals and the diseases spread by them

Ticks are particularly important vectors for numerous zoonotic disease, because of their board geographical distribution and high density, they are a big threat to the health of the humans and the domestic animals. Although their importance is acknowledged most tick-borne diseases show an emerging pattern. The ticks have a large host scale, usually they feed on big sized mammals but mainly the juvenile stages parasitize small mammals, rodents. The small mammals are spread through a big variety of habitats and they are reservoirs for the zoonotic diseases. In this study we trapped small mammals in several rural and agricultural areas of Romania. The ticks were collected from the small mammals and we performed the identification with binocular microscope after corresponding morphological keys. To reveal diseases, we made pools and we amplified the extracted DNA with PCR, using generic primers for *Rickettsia* spp. and *Anaplasma* spp. after this the samples were examined with electrophoresis. To identify the pathogenic bacteria species, we sent the positive samples for sequencing. The results revealed five *Rickettsia* species (*R. helvetica*, *R. japonica*, *R. monacensis*, *R. mongolitimonae* and *R. slovaca*) and *Anaplasma phagocytophilum*, from the *R. japonica* és *R. mongolitimonae* are the first report from Romania.



Rovartanyák lakói és az eltérő típusú bűvő- és fészkelő helyek kihasználtsága

Péter Emőke, Nagy H. Beáta, László Zoltán

*Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, BBTE, Kolozsvár
Biodiverzitás kutatócsoport, DE, Debrecen*

Napjainkban lokálisan és globálisan is jellemző a mezőgazdasági tájhasználat intenzitásának növekedése, illetve a gyom- és rovarirtó szerek elterjedt használata. Ugyanakkor számos tanulmány a beporzók mennyiségének és változatosságának csökkenését jelzi. A beporzók védelmének érdekében esszenciális ezek szélesebb körben való megismerése, életmenetük megértése, valamint a házi méheknek és a magányos méheknek az elkülönítése. Ennek érdekében Románia észak-nyugati megyéiben egy népszerűsítési projektet indítottak el 2015 tavaszán, melynek keretében összesen 40 településen helyeztek ki rovartanyákat, amelyek magányos méhek, egyéb hártácsszárnyúak, bogarak és további rovarcsoportok képviselői számára biztosítanak menedéket. A kihelyezett rovartanyák kilyuggatott farönköket, vályogtéglákat, nád-, kukorica- és napraforgószár kötegeket tartalmaznak. Felmérésünk során a rovarszállók lakóközösségeit és a különböző típusú bűvőhelyek kihasználtságát kívántuk megvizsgálni. Megfigyeléseink során hét hártácsszárnyú család képviselőit sikerült azonosítani a rovarszállókban. Ezek közül a magányos méhek és a kaparódarazsak voltak a leggyakoribbak. A négy bűvőhely típus közül az üreges növényi szárak bizonyultak a legnépszerűbbeknek. A felméréseket az E-Consult Egyesület „Rovartanya – darazsgarázs: Egy gazdaságos és környezetbarát módszer a fenntartható földművelésért” elnevezésű projektje keretében végeztük, amit az EGT 2009-2014 közötti időszakra vonatkozó támogatásából finanszírozott a Civil Támogatási Alap Romániában program.

Utilization of shelters and nesting sites by hymenopteran residents of insect hotels

The intensity of agricultural land use and the chemical control of pests and weeds nowadays are increasing substantially both on local and global scales. Meanwhile, an increasing number of studies report decrease of diversity and abundance of pollinators. For the protection of pollinators their knowledge by the broader society, the understanding of their biology and the distinction between honey bees and solitary bees is essential. To achieve this knowledge, in the north-western counties of Romania, in the spring of 2015, in a total of 40 settlements there were placed bee hotels, which provide shelter for solitary bees, wasps, beetles and other insect groups. These bee hotels contained as shelters and nesting places drilled logs and mudbricks, reed, corn and sunflower stems. During our survey we aimed to examine the insect communities which occupied the shelters, and the various types of shelter utilization of the bee hotels. We identified representatives of seven hymenopteran families. Among them, solitary bees and digger wasps were the most common. From the four types of shelters the hollow stems have proved to be the most popular. The surveys were carried out within a project of the E-Consult Association entitled „Insect Farms – Bee hotels: An economical and environmentally friendly method for a sustainable agriculture”, funded by the EEA for the period 2009-2014 the NGO Fund in Romania program.



Fokozott fejlődési sebesség immunitás-költsége egy farkaspók faj esetében

Rádai Zoltán, Barta Zoltán

Evolúciós Állattani és Humánbiológiai Tanszék, DE, Debrecen

Az életmenet elmélet egyik sarkalatos tézise, hogy az élőlények nem maximalizálhatják egyszerre életmenetük minden aspektusát. A rendelkezésre álló erőforrások limitáltságából (és az életmenet jellegek kialakításában szerepet játszó szignalizációs folyamatok gyakran antagonisták természetéből) adódóan egyes életmenet jellegek közt negatív csereviszony áll fenn, mely csereviszonyok komplex hálózatahoz, mintegy tünetegyütteséhez vezet. Az ún. élet-ütem szindróma (pace-of-life syndrome: POLS) hipotézise alapján az életmenet jellegek közti negatív csereviszonyokat alapvetően meghatározza az egyedfejlődés üteme és az élettartam, részint a fejlődési ráta és a homeosztázis fenntartásának költségeiből fakadóan. A POLS predikcióit teszteltük az egyedfejlődési sebesség és a szomatikus karbantartás közti kapcsolatot vizsgálataival egy olyan pók faj esetében, mely természetes populációiban két, egymástól markánsan eltérő fejlődési forma van jelen. Míg bizonyos egyedek legalább 9 hónapos fejlődéssel érik csak el az ivarérett stádiumot, mások 3 hónap alatt képesek erre. Vizsgálatunkban a pókok testidegen objektumot betokozó immunválaszának hatékonyságát mértük meg. Eredményeink - a POLS predikcióival összhangban - azt mutatják, hogy a fokozott fejlődési sebesség alacsonyabb hatékonyságú immunválasszal társul. Azon egyedek, melyeket átlagosan két, egymást követő vedlés között nagyobb időtartam (i.e. alacsony fejlődési sebesség) jellemzett, jelentősen nagyobb mértékű betokozódást mutattak a testidegen implantátumon. Mikor az ivaréretté vedlésükig eltelt idő alapján lassú és gyors fejlődési csoportba osztottuk a pókokat, a gyors fejlődésű csoportba osztott egyedek esetében megfigyelt immunválasz jelentősen alacsonyabbnak bizonyult a lassan fejlődőkéhez képest, alátámasztva, hogy a fokozott fejlődési sebesség alacsonyabb immun-kapacitással jár.

Immunity-costs of increased developmental rate in a wolf spider species

A cardinal statement in life history theory is that organisms cannot maximise all aspects of their life histories. Given the limited nature of resources (and often antagonistic nature of signalling mechanisms having roles in shaping life history traits), some traits are negatively correlated, leading to complex networks (or quasi syndromes) of trade-offs. The so-called hypothesis of the pace-of-life syndrome (POLS) argues, that these trade-offs between the different life history traits are mainly determined by the developmental rate and somatic maintenance, in part because of their high costs. We have tested the predictions of POLS on the correlation between developmental rate and somatic maintenance, in the case of a spider species with two markedly different developmental types in its natural populations. While some individuals need at least 9 months to reach adulthood, others are capable of maturing in ca. 3 months. In the tests we assessed the extent of endosomatic encapsulation of an implanted alien object. In accordance with the predictions of POLS, our results show that increased developmental rate pairs with decreased efficiency of immune response in the case of the studied spider species. Individuals characterised by longer time intervals between consecutive moults showed significantly higher extents of encapsulation on the implanted object. Also, when dividing spiders in to groups of slow or rapid development based on the time needed for them to mature, we found considerably lower levels of encapsulation in case of rapidly developing individuals, indicating serious immunity-costs of increased developmental rate.



A tatógó kökörcsin (*Pulsatilla patens*) populációdinamikai felmérése és ex-situ védelme a kolozsvári Bükk-erdőben

Rés Katalin, Szabó Anna, Szabó Csilla, Fenesi Annamária

Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, BBTE, Kolozsvár

A tatógó kökörcsin (Boglárkafélék), bár széles elterjedésű, a legtöbb európai országban vörös listás, veszélyeztetett növényfajnak számít, törvényes védettséget a Berni Egyezmény és az Európai Unió Élőhelyvédelmi Irányelve biztosít számára. A faj Romániában éri el elterjedésének déli határát, szigetszerű populációit egymástól nagy távolságokra jelezték. Napjainkra e populációk száma jelentősen lecsökkent, ezért különösen fontos a Kolozsvár melletti, Bükk-erdő szélén található kis populáció védelme és akár mesterséges fenntartása. Fajvédelmi tevékenységük során (1) három éves populációdinamikai felmérést folytattunk, nyomon követve a virágzó és nem virágzó tövek számát, (2) vizsgáltuk a virágok beporzók általi látogatottságát, (3) teszteltük a magvak életképességét, (4) figyeltük a magvak csírázását és a csíranövények túlélését terepi körülmények között. Vizsgálatunk rávilágított, hogy nem csak az élőhely zavarása és a növényzet változása (záródás, alom-felhalmozódás), de a beporzók hiánya és a csíranövények csökkent túlélése is a populáció hanyatlásához vezet. A populáció fennmaradásához, az élőhely védelmén kívül, aktív természetvédelmi beavatkozásokra van szükség. Ezért, a helyszínen begyűjtött magvakból mesterséges körülmények között növénygyedeket neveltünk, és ezeket az eredeti élőhelyükre ültettük vissza, hogy növeljük az egyre kisebb populáció méretét és segítjük a populáció túlélési esélyeit.”

Population dynamics and ex-situ conservation of *Pulsatilla patens* in Pădurea Făget, near Cluj-Napoca

Although *Pulsatilla patens* (Ranunculaceae) shows a widespread circumpolar distribution, a decline in the abundance has been observed in many European countries, thus it is listed in several national lists of threatened plants, and has been included in the annexes of the Bern Convention and EU Habitat Directives. *P. patens* reaches its southernmost distribution in Romania, and nowadays, the number of occurrences are decreasing rapidly. Therefore, we focused on a small, remnant population located in the Pădurea Făget Natura 2000 site, and initiated a strategy to protect this population. First, we studied the biology of the population by (1) monitoring the dynamics of population for three year by counting the number of flowering and non-flowering individuals; (2) assessing the visitation rate of flowers by pollinators; (3) testing the viability of seeds; and (4) following the germination of seeds and the survival of seedlings under field conditions. We found out that the habitat destruction, the closure of vegetation, but also the lack of pollinators and the low survival of the seedlings could lead to the decline of the population. To help to sustain the population, we collected seeds, germinated them under controlled conditions and reared the plants. The one-year old plants were transplanted to their natural habitats. Such attempts are highly recommended to sustain highly threatened plant populations.



**A CRK5 *Arabidopsis thaliana* protein kináz foszforilációs helyeinek meghatározása
a PIN1, PIN2 és PIN3 hidrofil hurok régióján**

Rigó Gábor, Koczka Lilla, Cséplő Ágnes, Szabados László,
Darula Zsuzsanna, Medzihradsky Katalin, Koncz Csaba

Növénybiológiai Intézet, MTA, SZBK, Szeged

A Föld nehézségi erejét érzékelve a magasabb rendű növények hajtása és gyökere ellentétes irányban növekszik. A vízszintesen elhelyezett gyökerek pozitív, illetve a hajtások negatív gravitropikus válaszaikért, az aszimmetrikus eloszlást mutató auxin hormon a felelős. A gyökér esetében a PIN2, míg a szár esetében, mind a gravitropikus, mind a fototropikus választ a szár endodermisz rétegében található PIN3 auxin transzporter fehérje a felelős. A PIN fehérjék membránbeli elhelyezkedése nagymértékben függ a hidrofil hurok régiójuk, különböző kinázok általi foszforilációs állapotától. Az inaktív CRK5 kináz tartalmazó mutáns növényvonalról kimutattuk, hogy nem csak a gyökérének és szárának a gravitropikus válasza késik, hanem a rövidebb gyökere több elágazást is tartalmaz. Ezen fenotípusok összessége alapján feltételeztük, hogy az auxin eloszlása megváltozott a növényben. A PIN2 fehérje megváltozott elhelyezkedése és a CRK5 kináz általi foszforilációja válasz lehet erre. Feltételezésünk szerint a PIN3 estében is hasonló helyzet állhat fenn. Ennek igazolására a PIN1, PIN2 és PIN3 fehérjék hidrofil hurok régióját megklónoztuk, majd *E.coli* baktériumban túltermeltettük. Radioaktív kináz-assayel kimutattuk e fehérjéken a CRK5 kináz foszforilációját, illetve a lehetséges foszforilációs helyeket az SZBK-ban található Proteomikai Kutatócsoport sikeresen azonosította. A foszforilációs helyek funkcióját, célzott mutagenézissel igyekszünk kideríteni. Munkánkat az OTKA PD115502 és TÉT_12_DE_1-2013-0015 pályázatok támogatták.

**Determination of the *Arabidopsis thaliana* CRK5 protein kinase phosphorylation sites
on the PIN1, PIN2 and PIN3 hydrophilic loop region**

By sensing the Earth's gravity, plants adjust the growth of their shoots and roots with opposite polarity along the direction of gravity vector. Both positive and negative gravitropic responses, directing downward and upward bending of horizontally placed roots and shoots, respectively, are controlled by asymmetric distribution of auxin. The PIN2 protein plays pivotal role in regulation of root gravitropic response; whereas in comparison, the PIN3 protein is a key regulator of shoot gravitropic and phototropic responses in stem endodermis. Basal-to-apical switching of PIN proteins in cell membranes is stimulated by different kinases which phosphorylate the PIN hydrophilic loops. Previously we have identified and characterized the CRK5 protein kinase. We showed that inactivation of CRK5 causes a root and shoot gravitropic defect, reduced root growth and enhanced lateral root formation. This phenotype is the result of altered auxin distribution caused by abnormal localization of PIN2 auxin efflux protein, which is phosphorylated by CRK5. Our preliminary studies suggest that relocation of PIN3 in stem cells might be influenced by CRK5 phosphorylation too. Therefore, we cloned the hydrophilic loop of PIN1, PIN2 and PIN3 proteins, overexpressing them and purifying from *E. coli* cells. Performing in vitro radioactive kinase assay, we found that in the entire three PIN proteins hydrophilic loop was phosphorylated by CRK5 protein kinase. In Cooperation with the Proteomics Research Group (BRC), we identified the various possible phosphorylation sites. To gain information on biological relevance of CRK5-mediated PIN2 and PIN3 phosphorylation, the identified sites will be altered by targeted mutagenesis. This work was supported by OTKA PD115502, and TÉT_12_DE_1-2013-0015.



Halak fekete pettyes betegségét okozó *Apophallus* fajok gazdaspecifititásának és diverzitásának vizsgálata morfológiai és molekuláris módszerekkel

Sándor Diána¹, Molnár Kálmán¹, Székely Csaba¹, Majoros Gábor², Cech Gábor¹

¹MTA ATK ÁOTI Halkórtan és Parazitológia Témacsoport, Budapest;

²SZIE ÁOTK, Parazitológiai és Állattani Tanszék, Budapest

A Digenea metélyek (Platyhelminthes: Trematoda) közé számos humán illetve állati kórokozó tartozik, melyek bonyolult, gazdaváltó életciklussal rendelkeznek. Az *Apophallus* genus (Heterophyidae) metacerkáriái okozzák a halak fekete pettyes betegségét, mely fertőzőttség testi deformításokhoz és a halivadékok pusztulásához vezethet. Odening K. 1973-ban megjelent tanulmánya szerint, az *A. muehlingi* faj pontyféléket, az *A. donicus* sügérféléket fertőz, habár a metacerkáriák gazdaspecifitását több szerző vitatja. Célunk a balatoni ponty-és sügérféléken előforduló *Apophallus* fajok gazdaspecifititásának vizsgálata, a tanulmány állításainak ellenőrzése, illetve a fajok morfológiai és molekuláris elkülönítése. Kutatásunkba pontyfélék közül 7 faj (*Abramis brama*, *Alburnus alburnus*, *Chondrostoma nasus*, *Squalius cephalus*, *Pelecus cultratus*, *Blicca bjoerkna*, *Scardinius erythrophthalmus*) 148, illetve sügérfélék közül 2 faj (*Gymnocephalus cernua*, *Perca fluviatilis*) 52 egyedét vontuk be, melyek metacerkáriáit a hámrétegről, illetve az uszonyokról gyűjtöttük. Az adult metélyek hiányát csirkefertőzési kísérlettel sikeresen pótoltuk, melynek köszönhetően pontosan meghatározhattuk az izolált példányokat. A gyűjtött metacerkária és adult alakokat morfológiailag (szövettan, natív mikroszkópos felvételek) azonosítottuk és 27 példányt molekuláris vizsgálatoknak vetettük alá (ITS és COI régió szekvenálása). A minták 4 elkülönülő kládba rendeződtek, közülük az első azonosítható volt az *A. donicus*-szal, a második pedig az *A. muehlingi* fajhoz tartozik. A harmadik csoportot egy eddig ismeretlen *Apophallus* faj alkotja, melyet 3 minta képvisel. A negyedik kládba került példányok a *Metorchis orientalis* testvércsoportjaként jelentek meg. Eddigi ismereteink szerint, a *Metorchis* fajok nem okoznak fekete pettyes betegséget.

Investigation on host specificity of the metacercariae of *Apophallus* (Platyhelminthes: Trematoda: Digenea) species in Hungarian fresh water fishes by morphological and molecular methods

Digenean flukes (Platyhelminthes: Trematoda) are known to cause several diseases in humans and animals. They have a complex life cycle with one or two alternate hosts. The metacercariae of *Apophallus* genus (Heterophyidae) inflict a type of black spot disease in fishes. This infection is considered as a serious condition, causing deformation of the fish body or even mortality in fingerlings. Odening (1973) suggested, that they are host specific to fish families, namely *A. muehlingi* infects cyprinids, whereas *A. donicus* percids, however the host specificity of metacercariae is under debate. The aim of our study was to examine the validity of this statement. 148 specimens of seven cyprinid (*Abramis brama*, *Alburnus alburnus*, *Chondrostoma nasus*, *Squalius cephalus*, *Pelecus cultratus*, *Blicca bjoerkna*, *Scardinius erythrophthalmus*) and 52 specimens of two percid (*Gymnocephalus cernua*, *Perca fluviatilis*) fish species were investigated by collecting metacercariae from their skin and fins. Experimental infections in chicks are used to obtain adult specimens of the parasite, which were particularly important to the correct species identification. The morphology (histology, native microscopy) of metacercariae and adult individuals was characterised and 27 specimens were analysed by molecular methods (sequencing the ITS region and COI). Phylogenetic analysis was executed, which resulted in clustering samples into four distinct branches by both genes. *A. muehlingi* from cyprinids, *A. donicus* from percids showed two distinct clades and a third, previously unknown *Apophallus* clade with three individuals. Interestingly, the fourth branch was grouped next to *Metorchis orientalis*. Previously *Metorchis* species were not reported to cause black spot disease.



**Táplálék elérhetőség és érzékelt denzitás hatása életmenet jellegekre
és az inzulin jelátvitelre közönséges hidránál (*Hydra vulgaris* Pallas, 1766)**

Sebestyén Flóra, Póliska Szilárd, Rácz Rita, Bereczki Judit, Lénárt Kinga,
Barta Zoltán, Lendvai Ádám Zoltán, Tököllyi Jácint

Evolúciós Állattani és Humánbiológiai Tanszék, DE, Debrecen

Az inzulin jelátvitel vélhetően központi meghatározó szerepet játszik az életmenet jellegek kialakításában, azonban szerepének általános jellege nem tisztázott. Jelen vizsgálatban, manipuláltuk a táplálék elérhetőséget és az érzékelt populáció denzitását egy édesvízi csalánozóánál, a közönséges hidránál (*Hydra vulgaris*) így indukálva alternatív életmenet fázisokat (magas vagy alacsony ivartalan szaporodás és oxidatív stressztolerancia), valamint mértük az mRNS expressziós szintjét három inzulin-szerű peptid, a HTK7 vélt inzulin receptor, számos antioxidáns gén és a HSP70 hőstressz fehérje esetében. Korábbi kutatásoknak megfelelően, a stressz tolerancia és az ivartalan szaporodási ráta az elérhető táplálék függvényében növekedett. Az állatok nagy érzékelt denzitásnak való kitétele megnövekedett stressztoleranciát és csökkent szaporodást eredményezett alacsonyabb táplálék szinteken, míg magas táplálékszinten nem volt hatása. Az inzulin-szerű peptidok, a legtöbb antioxidáns gén és a HSP70 expressziós szintjére a kísérleti kezelések nem voltak hatással, míg a HTK7 és a kataláz szintje a nagy denzitású kezelések következtében nőtt. A HTK7 magasabb expressziós szintje feltehetően arra utal, hogy az állatok nagy denzitás esetén nagyobb szintű készenlétet tartottak fenn inzulin-szerű ligandok érzékelésére. Azonban, a táplálékszintek közötti különbségek hiánya arra utal, hogy az inzulin szerű jelátviteli út nem vesz részt az ivartalan szaporodás és a stressztolerancia szabályozásában vagy a szerepe bonyolultabb, mint az egy egyszerű életmenet szabályozási modell alapján várható lenne.

**Insulin signaling and life history traits in response to food availability
and perceived density in the cnidarian *Hydra vulgaris* (Pallas, 1766)**

Insulin signaling is thought to be a central mediator of life history traits, but the generality of its role is not clear. Here, we manipulated food availability and perceived population density of the freshwater cnidarian *Hydra vulgaris* to induce alternative life history phases (high or low asexual reproduction and oxidative stress tolerance) and measured mRNA expression levels of three insulin-like peptides, the putative insulin receptor HTK7, several antioxidant genes and the heat-shock protein HSP70. In accordance with previous studies, we found that stress tolerance and the rate of asexual reproduction increase with food. Exposing animals to high perceived density resulted in increased stress tolerance and reduced reproduction on lower food levels, but not on high food. The expression level of insulin-like peptides, most antioxidant genes and HSP70 were not affected by the experimental treatments. HTK7 and catalase were significantly upregulated in the high density treatments. The higher expression level of HTK7 might imply that animals maintain a higher level of preparedness for insulin-like ligands at high density. However, the lack of difference between food levels suggests that insulin-like signaling is not involved in regulating asexual reproduction and stress tolerance or its role is more subtle than a simple model of life history regulation would suggest.



**A bókóló zsálya hazai, periférikus állományainak populációgenetikai vizsgálata
– tanulságok a sztyeppe filogeográfiája szempontjából**

Sramkó Gábor, Laczkó Levente, Sallainé Kapocsi Judit,
Lisztes-Szabó Zsuzsa, Molnár V. Attila

*Debreceni Egyetem TTK Növénytani Tanszék, Debrecen;
MTA-ELTE-MTM Ökológiai Kutatócsoport, Budapest;
Körös-Maros Nemzeti Park Igazgatóság, Szarvas;*

Debreceni Egyetem ATK Mezőgazdasági Növénytani és Növényélettani Tanszék, Debrecen

Vizsgálatainkban a tatársánci és kondorosi bókóló zsálya állományokat hasonlítottunk össze hat, *Salvia officinalis*-ban leírt mikroszatellit lókusz alapján két erdélyi (Zsobok és Magyarokalján), valamint egy Ny-országi (Krasnoe) populációval. A lókuszokat fluoreszcenszen jelölt primerekkel szaporítottuk fel és populációs mintán ($N_{\text{all}} = 13,6$) genetikai analízison tettük. Az így genotipizált öt populációt változatos módszerekkel vizsgáltuk, hogy azok alapvető populációgenetikai jellemzőit feltárjuk. A tesztek alapján a nullallélek jelenlétét kizárhattuk, valamint Hardy-Weinberg-egyensúlyt feltételezhettünk. Genetikai diverzitás tekintetében szembeötlően nagy heterozigotasságot kaptunk a hazai állományokban; nagyobb, mint bármely más vizsgált populáció esetében. A beltenyésztettség mértéke is egyformán alacsonynak adódott minden populációban, amely valószínűleg a faj idegenmegporzást elősegítő megporzási stratégiájából adódik. A vizsgált populációk között viszonylag csekély genetikai differenciációt találtunk; a hazai két populáció között elenyésző volt a differenciáció mértéke, azaz ezek a populációk a vizsgált lókuszok tekintetében lényegében véve nem különböznek egymástól. Az egyes állományok egymástól viszonylag csekély genetikai távolságra vannak, egymáshoz legközelebb a hazai állományok találhatók, míg mindtől legtávolabb a földrajzilag kilógó oroszországi populáció van. A magyarországi állományok számottevően eltérnek az erdélyiektől, feltehetőleg nem a (vizsgált) erdélyi populációk „alföldre származott” előőrsei. Az allélösszetétel vizsgálata kimutatta, hogy a vizsgált populációk közül a hazaiak estek át közelmúltbeli egyedszám-esésből adódó palacknyak-hatáson. A magas hazai diverzitás, az alacsony differenciáció a „hátsó szélvezető szél” hipotézisnek megfelelő populációgenetikai szerkezetre utal, ami – ezen előzetes adatok alapján – a Ny-K-i irányú migrációt valószínűsíti. A Bolyai János Kutatási Ösztöndíj támogatásával készült.

**Conservation genetics of the endangered steppe relict, *Salvia nutans*,
on its distribution periphery – phylogeographic implications**

Our conservation genetic study aimed at the population genetic comparison of the highly endangered Hungarian populations of nodding sage (*Salvia nutans* L.), of which only two populations remained on the SE part of the Great Hungarian Plain (county Békés), to two Transylvanian and a W Russian population based on six microsatellite loci originally described in *Salvia officinalis*. Genotyping was based on fluorescent-labelled primers and running the PCR-products on a genetic analyser. Several population genetic analyses were conducted. First, we excluded the presence of null alleles and assessed the existence of Hardy-Weinberg Equilibrium on all loci, then we assessed standard population genetic parameters. As for genetic diversity, we found conspicuously high values of heterozygosity in the plain populations; this was even the highest among the studied populations. The levels of inbreeding was similarly low among the populations, which is probably due to the special pollination mechanism employed by this species. Genetic differentiation was moderate between the studied populations, the two Hungarian populations did not virtually show divergence. The genetic distance between populations was also moderate; the closest populations were the Hungarians, the two Transylvanians were somehow more distance, while the most distant was the Russian population from all others. There is a substantial genetic differentiation between the Hungarian and Transylvanian populations, thus implying a non-Transylvanian origin of this plant on the plain. The only populations showing evidence of recent bottleneck are the Hungarian ones. The high diversity and low differentiation on the west hint at the existence of a population genetic structure corresponding to the “rear edge-leading edge” hypothesis, which implies – according to these preliminary data – a west-to-east migration. This presentation was supported by the „János Bolyai Scholarship” of the Hungarian Academy of Sciences.



Herbivória versus égetés hatása gyepekben élő évelő lágyszárú növények éves növekedésére és virágzására

Szabó Csilla, Rész Katalin, Fenesi Annamária, Ruprecht Eszter

Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, BBTE, Kolozsvár

Hagyományosan, az állattartás alakította Erdély gyepterületeinek fajkészletét, a herbivória által pedig a növényfajok adaptálódtak felső biomasszájuk elvesztéséhez. Az utóbbi években azonban elterjedt az égetés, mint olcsó „gyepkarbantartási” lehetőség, amely szintén felső biomassza-vesztést okoz a lágyszárú növények esetében. Természetvédelmi szempontból egyre sürgetőbb választ találni arra a kérdésre, hogy az égetés megfelelő alternatívája-e a kaszálásnak és a legeltetésnek. Kutatásunkban arra kerestük a választ, hogy milyen módon reagálnak lágyszárú gyepi növényfajaink a hagyományos és az új típusú zavarásra. Vizsgálatunkba három, jellegzetes növényi növekedési típus fajait vontuk be: felegyenesedő kétszikűek, tölevélrózsás kétszikűek és pázsítfűfélék. Kísérleti körülmények között neveltük 11 őshonos, lágyszárú növényfaj felnőtt egyedeit, melyeknek felső biomasszáját koratavasszal eltávolítottuk (1) vágással, (2) gyenge vagy (3) erős intenzitású tűzzel. A kontroll cserepekben a növények felső biomasszája érintetlen maradt, a gyepek felhagyását szimulálva. Nyomon követtük a növények kezelés utáni túlélését, növekedését és virágzását. A vágás jelentős mértékben lecsökkentette a tölevélrózsás kétszikűek és pázsítfűvek teljes biomasszáját a kontroll csoporthoz képest. A hajtás/gyökér arányt tekintve a vágott tölevélrózsások értékei szignifikánsan nagyobbak voltak mind a gyenge, mind az erős tűzzel kezelt egyedekénél. A vágott pázsítfűvek virágzati tömege szignifikánsan nagyobb volt, mint az erős tűzzel kezelt egyedek értékei. Eredményeink arra utalnak, hogy a különböző növekedési típusok eltérően reagálnak a különböző gyepekkezelési típusokra. Az egyszeri égetés, legyen az gyenge vagy intenzívebb, hatása nem jelentős, míg a herbivória által okozott felső biomassza-vesztés sokkal jobban befolyásolja a növényfajok teljesítményét.

The effect of herbivory and burning on the yearly performance of perennial grassland species

Traditionally, Transylvanian grasslands were mown or grazed, while nowadays, more and more people are using fire as a simple and fast solution to remove shrubs and accumulated biomass. Being a new disturbance type, we don't know yet whether burning can or cannot be used as an appropriate, alternative management type in grasslands instead of mowing and grazing. Therefore, we studied the effect of traditional (mowing and grazing) and new (burning) management types on the survival, growth and reproduction of three important plant growing types: erosulate forbs, rosette forbs and grasses. We kept the individuals of 11 species in pots in an open air facility in the University Botanical Garden in Cluj-Napoca, and in spring, their aboveground biomass was removed by (1) cutting, (2) low or (3) high intensity fire. In the control group, the biomass of plants were not removed. We monitored the resprouting, growing and flowering of the plants throughout the growing season. Plants were destructively harvested during September. Aboveground, belowground biomass and the mass of reproductive parts were dried and measured separately. The cutting caused significant total biomass loss compared to control situation in rosette forbs and grasses. The shoot/root ratio was significantly higher in cut rosette forbs compared with the low and high intensity fire treated rosettes individuals. The reproductive allocation of cut grasses were higher than that of high intensity fire treated grasses. Our results suggest that the impact of the four treatments highly distinguished the three plant growing types. Single burning had minor effect on the fitness of these plant species, while cutting highly influenced the performance of grasses and rosette forbs.



Az égetett gyepterületek feltérképezése Erdélyben egy online adatbázis és egy telefonos alkalmazás segítségével

Szabó Csilla, Kiss Anna, Sándor Csanád, Fenesi Annamária, Ruprecht Eszter

Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, BBTE, Kolozsvár

Erdély-szerte egyre több gyepterület hagyományos kezelése (legeltetés és kaszálás) szűnik meg, és annak ellenére, hogy törvény által tiltott, sokan látnak lehetőséget az égetésben, hogy a felhalmozódó biomasszát eltávolítsák és a cserjék térnyerését visszafogják a felhagyott gyepekben. Az egyik fő gyeркеzelési kérdés az, hogy mennyiben tekinthető az égetés egy megfelelő alternatív kezelésmódnak olyan gyepterületeken, amelyeket hagyományos módon már nem kívánnak hasznosítani. Vajon hogyan befolyásolja a gyepek fajösszetételét az új típusú zavarásmód, a tűz? Amerikában és Észak-, ill. Nyugat-Európában már végeztek hosszútávú felméréseket az égetés és más kezelésmódok hatásáról a gyepi vegetációra, itt Erdélyben azonban egyelőre más terepi módszereket kell keresni a fent említett kérdés vizsgálatára, pl. a tér-idő-helyettesítés módszerét. Ehhez azonban sok terepi adat szükséges gyepterületek égetési idejéről. Egy olyan adatbázist indítottunk el, amibe rögzíteni lehet a gyepegések helyszíneit, időpontjait és méreteit Erdélyben. Egy webes felületet és egy telefonos alkalmazást lehet használni az adatbázis adatokkal való feltöltéséhez. Az online felület mindenki számára elérhető, de csak a regisztrált és jóváhagyott tagok tölthetnek fel adatokat. A mindenki számára elérhető részben egy Google Earth alapú online térkép jelenik meg a tárolt adatok alapján a tüzesetek helyszíneiről, illetve félévente elkészítünk egy GIS alapú térképet, ahol az égetett területek és a hozzájuk tartozó jellemzők (élőhely, méret, időpont) fognak megjelenni. Amennyiben megfelelő hatékonysággal működik az adatbázis kezelése a tüzesetekre, ez továbbfejleszthető lenne hasonló adatgyűjtéssel 10-15 invazív faj erdélyi feltérképezésére is.

Mapping the burned grasslands in Transylvania with an online database and a mobile application

In Transylvania, traditional management types (mowing and grazing) disappear in many areas, and burning is used as an alternative management tool. Despite of burning is illegal, more and more people see opportunities in this new type of grassland management to remove accumulated litter and shrubs. One of the main questions about grassland management types: is burning a good alternative to traditional management types in abandoned grasslands? How can the new disturbance type (the fire) influence the species composition? There are long-term experiments about the effect of fire and other management types in North-America and Northern and Western European countries. In Transylvania, such long-term experiments are missing, and we have to look for other field methods to study the effect of fire on the species composition of temperate grasslands, e.g. space-for-time substitution. For this reason, we have to collect data about the exact date and location of grassland burning all over Transylvania. We want to launch a database about the location, area and time of grassland burns in Transylvania with an online web platform and a mobile application. The webpage is available for non-users, but just registered and approved users can upload data. In the webpage a Google Earth based map appears about the location of grassland burns and two times annually will appear a GIS based map with burning locations and their characteristics (habitat type, area, time). If the database is efficient enough for mapping grassland burns in Transylvania, it can be developed for mapping the distribution of 10-15 invasive species with a similar data collection process.



**A kikeleti hóvirág (*Galanthus nivalis*) Kárpát-medencére fókuszáló
filogeográfiájának előzetes eredményei**

Szabó Emerencia¹, Bartha László¹, Macalik Kunigunda¹, Jovanović Filip²,
Zubov Dimitri³, Banciu Horia L.¹, Yüzbaşıoğlu Sırrı⁴, Keresztes Lujza¹

¹Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, BBTE, Kolozsvár;

²Faculty of Forestry, University of Belgrade, Belgrade, Serbia;

³M.M. Gryshko National Botanic Garden, Kiev, Ukraine;

⁴Faculty of Pharmacy, İstanbul University, İstanbul, Turkey

Korábbi tanulmányunk a Kárpát-koszorú barrier szerepét igazolták a kakasmandikó lomberdei geofiton esetében és egy glaciális refúgium meglétét tárták fel Erdélyben. Jelen vizsgálatunk egy összehasonlító tanulmány részét képezi, melyben a lomberdei geofitonok "általános glaciális refugialis" helyzetét teszteljük a Kárpát-medence keleti részében. A kikeleti hóvirág filogeográfiája feltárásának kezdetén két nem-kódoló plasztisz régiót szekvenáltunk meg 120 populáció egy-egy egyedében. A kombinált szekvenciákat Maximum Likelihood elemzésnek vetettük alá és meghatároztuk a különböző "filo-csoportok" földrajzi elterjedését. A jelen adatsor alapján két fő leszármazási vonalat különítettünk el, melyeket kárpát-medencei eredetű és "nem-kárpát-medencei eredetű" kládoknak neveztünk. Erdélyben és a Kárpát-medence északi részén szinte kizárólag a kárpát-medencei eredetű leszármazási vonal van elterjedve, míg a Dunántúlon a másik (már említett) fő leszármazási vonal fordul elő. Érdekes módon, az Alpoktól nyugatra megmintázott hóvirág populációk szintén erdélyi eredetűek és egy ősi long distance dispersal eseményre utalnak. A két fő hóvirág leszármazási vonalba tartozó populációk váltakozva fordulnak elő a Balkán-félszigeten. Az általános (csillagvirágban és kakasmandikóban is megtalált) trend a leszármazási vonalak kirajzása és nem bejutása a Kárpát-medencébe. Tanulmányunk az erdélyi lomberdők fontos konzervációgenetikai szerepét erősíti meg. A jelen vizsgálat a Román Oktatási, Kutatási és Fejlesztési Minisztérium támogatásával valósult meg a CNCS – UEFISCDI, PN-II-ID-PCE-2012-4-0595 sz. pályázat keretén belül.

**Towards a phylogeography of *Galanthus nivalis*
with special focus on the Carpathian Basin**

The Carpathian Ridge turned out to be a significant barrier for the deciduous forest geophyte (*Erythronium dens-canis*) implying its glacial survival in Transylvania. As part of a comparative phylogeographic study aiming to test the generality of the 'geophyte glacial refuge' hypothesis in the Eastern Carpathian Basin, we set out to reconstruct the phylogeography of *Galanthus nivalis*. For the beginning of the study, DNA sequence variation was surveyed in two non-coding plastid regions of 120 samples belonging to 120 populations (including outgroups). A maximum-likelihood phylogeny was generated based on the combined plastid sequences and the geographic distribution of the revealed phylogroups was determined. Based on the current level of sampling, two major lineages can be delimited that were tentatively named as 'Carpathian-Basin-origin' and 'non-Carpathian-Basin-origin' clades. In the eastern (Transylvanian) and northern part of the Carpathian Basin almost exclusively the 'Carpathian-Basin-origin' lineage prevails whereas in Transdanubia its counterpart is distributed. Surprisingly, populations westward of the Alps also are of Transylvanian origin possibly due to ancient-long distance dispersal and populations belonging to the two main *Galanthus* lineages intermingle in the Balkan Peninsula. The general trend for lineages (also found in *Scilla bifolia* and *E. dens-canis*) is escaping/dispersing from the eastern Carpathian Basin rather than penetrating into it. Our results underlie the conservation value of deciduous forests for spring flowering bulbous geophytes in Transylvania. This work was supported by a grant of the Ministry of National Education, CNCS – UEFISCDI, project number PN-II-ID-PCE-2012-4-0595.



Antibiotikumok és antibiotikum rezisztens mikroorganizmusok: antropikus hatás a természetes környezetre

Szekeres Edina-Kriszta, Baricz Andreea-Ionela, Chiriac Maria Cecilia,
Szőke-Nagy Tiberiu, Andrei Ștefan-Adrian, Dragoș Nicolae, Coman Cristian

*NIRDBS, Algology and Microbial Metagenomics Laboratory,
Institute of Biological Research, Cluj-Napoca*

Több mint 70 évvel ezelőtt, az antibiotikum felfedezése jelentette a gyógyszerinnováció alapkövét, ami gyors fejlődést eredményezett az emberi- és állati orvostudományban valamint mezőgazdaságban. A globális antibiotikum fogyasztás közel 40%-al emelkedett 2000 és 2010 között. Az antibiotikumok túlzott használata és részleges metabolizációja az antibiotikum rezisztencia kialakulásához és elterjedéséhez vezetett, melynek káros hatásai világszinten megnyilvánultak. A rezisztens törzsek által okozott fertőzések legalább 50.000 halálesetet eredményeznek évente csak Európában és az Egyesült Államokban. Az eddigi tanulmányok növekvő tendenciát mutatnak a rezisztencia gének diverzitásában és koncentrációjában az ember által befolyásolt és természetes ökoszisztémákban egyaránt. Romániában hiányos ennek a jelenségnek az alapos kiértékelése. Ezt a célt hivatott szolgálni az EnviroAMR projekt, mely felhívja a figyelmet az antibiotikumokkal és az antibiotikum rezisztencia génekkel (ARG) történő környezetszennyezésre. Továbbá a korszerű monitorizációs folyamatok, kezelési módszerek létrehozása és alkalmazása a Kolozs megyei ember által érintett és érintetlen környezetben. Az EnviroAMR projekt kedvezményezettjei a közintézmények és érdekelt felek, akik részt vesznek a különböző stratégiák kivitelezésében egy tiszta és egészséges környezet elérése végett. Kutatásunk során felmértük az ARG előfordulását és diverzitását különböző reprezentatív mintákban, mint kórházi és városi szennyvíz, trágya, felszíni és felszín alatti vizek. Az elsődleges eredmények az ARG nagymértékű disszeminációját és környezeti elterjedését mutatják, amely számos antibiotikumcsoporttal szemben alakíthat ki rezisztenciát. Köszönetnyilvánítás: Ezt a munkát az EnviroAMR projekt tette lehetővé, bejegyzési száma 3499/20.05.2015, az EGT Alap 2009-2014 finanszírozásával, RO04 program keretén belül.

Antibiotics and antibiotic resistant microorganisms: anthropic impact on natural environments

The discovery of antibiotics more than 70 years ago became the bedrock of drug innovation and many of the greatest medical advances in human and animal health and agriculture. Global consumption of antibiotics in human medicine rose by nearly 40% between 2000 and 2010. The overuse of antibiotics and its incomplete metabolism led to the emergence and spread of antimicrobial resistance (AMR), damaging effects manifesting themselves across the world, with resistant infections claiming at least 50,000 lives each year across Europe and the US alone. Studies show an increasing tendency in diversity and concentration of resistance genes in human impacted environment with transfer to pristine ecosystems as well. A thorough evaluation of this phenomenon is currently missing in Romania. Under these circumstances, the EnviroAMR project proposes to raise awareness on environmental pollution with antibiotics and antibiotic resistance genes (ARGs) and furthermore to set up a state-of-the-art monitorization framework and a treatment method with focus on several impacted and un-impacted environments in the Cluj county. The beneficiaries of the EnviroAMR project are public entities and stakeholders directly involved in implementing strategies for a clean and healthy environment. We have evaluated the presence and diversity of different ARGs in representative samples including hospital and urban wastewater, manure, surface water and groundwater. Preliminary results show a large distribution and environmental dissemination of ARGs that may confer resistance to several antibiotic classes. Acknowledgements: This work was supported through the EnviroAMR project, grant no. 3499/20.05.2015, financed through the EEA 2009-2014 Financial Mechanism under the RO04 programme – Reduction of hazardous substances.

**Agresszivitás Przewalski ló (*Equus ferus przewalskii*) csődőreinél**

Szémán Karola, Kristin Brabender, Végvári Zsolt

Evolúciós Állattani és Humánbiológiai Tanszék, DE, Debrecen

Munkám során öt hónapon keresztül vizsgáltam Przewalski ló (*Equus ferus przewalskii*) csődőinek agresszivitását. A vizsgálat során a Hortobágyi Nemzeti Park Pentezug nevű pusztáján élő populációval dolgoztam. Célom az volt, hogy megnézzem van-e egyedi különbség a lovak közt az agresszivitásukat tekintve, és van-e eltérés az agglegények és a háremcsődörök agresszivitásának mértéke között. A vizsgálat során 6 háremcsődörrel és 5 agglegénnyel dolgoztam. A módszerem „fókusz mintavételezés” (focal sampling) „viselkedés figyelés” (behavior sampling) volt. A megfigyelés tárgyát képző agresszív viselkedésmókat A. Glatthaar etogramja alapján definiáltam. Először arra a kérdésre kerestem választ, hogy van-e az agresszivitásnak valami féle havi változatossága. Ennek megválaszolására Kruskal-Wallis-tesztet végeztem és azt kaptam, hogy szignifikáns különbség adódott a hónapok közt. Ezután azt is megnéztem, hogy vannak-e egyedi különbségek: itt is találtam eltéréseket. Másik kérdésem az volt, hogy tapasztalható-e különbség az agglegények és háremcsődörök között agresszivitást tekintve. A kapott eredmény szerint szignifikáns eltérés van a két csoport közt. Ebben az esetben khí- négyzet tesztet alkalmaztam. A vizsgálat kimutatta, hogy a két csoport viselkedéskészlete sem azonos. Végül az agresszív viselkedés elemek (minden kategória minden eleme) százalékos megoszlása is azt mutatta, hogy a háremmel rendelkező csődörök agresszívak, mint azok, akiknek nincs háreme. A változások idejét összevetve az egyéb rögzített tényezőkkel (csapatváltozások, ellési időszak, első csikó születése a csapatban) megállapítottam, hogy a tenyésztési időszak, csapatváltozások és az évszak okozza a változásokat, tehát ezek a tényezők befolyásolják legnagyobb mértékben az adott egyed agresszivitásának mértékét.

Aggressive behaviour in Przewalski's horse (*Equus ferus przewalskii*) stallions

During my work I analysed the aggressive behaviour of male Przewalski's horses' (*Equus ferus przewalskii*). The study was conducted for five months in the Pentezug population Hortobágy National Park. I aimed to detect seasonal differences between the behaviour of harem and bachelor stallions (1) and compared the degree of aggression between the two groups (2). During the study I analysed the data of eleven focal animals, six harem stallions and five bachelors. My methods included focal sampling and behavioural sampling. I defined the behaviour components according to Glatthaar's ethogramm. My study was based on the following questions: (1) Are there any significant seasonal differences referring to the level of aggression? To answer that, I applied Kruskal-Wallis test which showed significant differences between the months. Next, I analysed differences between the focal animals, which proved to be significant as well. (2) Are there differences between the two groups (harem stallions and bachelors) in the degree of aggression? I used the chi-squared test, which showed, that the behaviour of the harem stallions and the bachelors significantly differs. Harem stallions showed significantly more aggressive behaviour, than bachelor stallions did. Changes in the level of aggression correlated with the following factors: changes of the group composition of the harem, foaling period and the birth of the first foal in the harem. The results indicate that those factors are the most relevant events in the horses' social life influencing the level of aggression in stallions.



A planktonikus baktériumközösségek mennyiségi és aktivitási viszonyai a Fertő különböző típusú élőhelyein

Szuróczi Sára¹, Korponai Kristóf¹, Tugyi Nóra², Somogyi Boglárka²,
Tóth Erika¹, Felföldi Tamás¹, Vörös Lajos², Márialigeti Károly¹

¹Mikrobiológiai Tanszék, ELTE, Budapest;

²MTA, Ökológiai Kutatóközpont, Balatoni Limnológiai Intézet

A Kisalföld nyugati szélén fekvő Fertő Közép-Európa legnagyobb és legnyugatibb elhelyezkedésű szikes tava. Vize sekély, enyhén alkalikus, a Magyarországhoz tartozó területnek 85%-át nádas borítja, ennek ellenére egységes törendszernek tekinthető. Kutatásunk során az osztrák magyar határon fekvő nyílt vízi pontot, a Kis-Herlakni belső tavat és egy náddal borított területet vizsgáltunk többszöri mintavételezéssel. Célunk volt a három eltérő vizes környezet mikrobiológiai aktivitásának és az itt élő baktériumok mennyiségének esetleges különbségeit feltárni az általános limnológiai paraméterek tükrében. Határhígítási (MPN) és lemezöntési módszerek alkalmazásával elvégeztük a heterotróf baktériumok, a nitrifikáló, nitrát-redukáló, fermentatív és szulfát-redukáló baktériumok csíraszámának meghatározását 2015-16 téli időszakában. A teljes baktérium közösség szénforrás-hasznosítási profilját Biolog EcoPlate segítségével teszteltük, a produktivitást pedig jelölt leucin beépülésével mértük. A heterotróf baktériumok milliliterenkénti mennyisége 10(3)-10(5) nagyságrendű volt, a nitrát-redukáló és szulfát-redukáló baktériumoké elérte a 10(2)-10(3) nagyságrendet, míg a nitrifikáló és fermentáló baktériumok az összes mintavételi ponton alacsonyabb számban voltak jelen (10(0)-10(2) MPN/mL). Mindhárom mintavételi terület baktériumközössége többféle polimert és szénhidrátot (pl. glikogént, mannitolt) is erőteljesen bontott. Összességében megállapíthatjuk, hogy a baktériumok aktivitása és mennyisége jellemzően a több huminanyagot tartalmazó mintavételi pontokon (belső tó és nádas) volt nagyobb, ellentétben a nyílt vízzel, ahol a fitoplankton mennyisége (és ezáltal az alga eredetű szerves szénforrás) volt jelentősebb. Eredményeink alapján a vízben rendelkezésre álló szerves anyag típusa és mennyisége alapvető hatással van a bakterioplankton közösségekre.

Abundance and activity of bacterioplankton communities in different habitat types of Fertő

Fertő, the largest soda lake in Central Europe, is situated in the western part of Kisalföld. It is a shallow lake with slightly alkaline pH, which could be regarded as a unified lake system despite 85% of the Hungarian part is covered by reed. In this study, the open water on the Hungarian-Austrian border, the Kis Herlakni inner lake and the water of a reed-covered area were investigated with multiple sampling. The aim of the study was to reveal any difference present in microbial activity and bacterial abundance at the three distinct sampling sites compared with general limnological parameters. The most probable number (MPN) technique and plating on solid media were applied for the determination the abundance of cultivable heterotrophic, nitrifying, fermentative, nitrate-reducing and sulphate-reducing bacteria in the winter period of 2015-16. The carbon source utilization profile of the whole bacterioplankton was determined with Biolog EcoPlate, while the bacterial production was measured by leucine uptake assay. The abundance of heterotrophic bacteria per millilitre ranged in the magnitudes 10(3)-10(5), nitrate-reducing and sulphate-reducing bacteria reached the 10(2)-10(3) magnitude, while the nitrifying and fermentative bacteria were presented in lower numbers (10(0)-10(2) MPN/mL). Polymers and carbohydrates (e.g. glycogen and mannitol) were the most utilized carbon sources at the three sampling sites. In conclusion, in those sampling points (inner lake, reed covered area) which contained higher amounts of humic substances, the activity and the abundance of bacteria were also higher, contrary to the open water, where phytoplankton were more abundant (thus the organic carbon source derived from algae was higher at that site). Based on our results, the type and amount of organic material available in the water have significant effect on the bacterioplankton communities.



**Pikkelyalak ontogenetikus fejlődésének vizsgálata
ezüstkárászon (*Carassius gibelio* Bloch, 1782)**

Staszny Ádám¹, Müller Tamás¹, Paulovits Gábor², Urbányi Béla¹, Ferincz Árpád¹

¹Mezőgazdaság- és Környezettudományi Kar, Akvakultúra és Környezetbiztonsági Intézet,
Halgazdálkodási Tanszék, SZIE, Gödöllő

²MTA Ökológiai Központ Balatoni Limnológiai Kutatóintézet, Tihany

A halfajok csoportosításának egyik lehetséges módja az alakjuk alapján történő besorolásuk. Az ilyen módon történő besorolást nehezíti, hogy a halakra is jellemző az allometrikus növekedés, azaz az egyes testrészek különböző arányban növekednek. Számos vizsgálat elemezte már a különböző halfajok testalakjának változását a növekedésük függvényében. Az elmúlt években kezdték vizsgálni a pikkelyalak alapján az egyes fajok illetve populációk elkülöníthetőségének lehetőségét. Vizsgálatunkban ezüstkárász hét korosztályán (0+-6+) elemeztük a pikkely alakjának változását az egyedfejlődéssel párhuzamosan. A pikkely mérete szignifikánsan befolyásolta az alakját ($p = 0,001$), a teljes alakvariancia 3,47%-áért volt felelős. Az egyes korosztályok magas besorolási megbízhatóságokkal (átlag 91,6%), szignifikánsan elkülönültek egymástól, kivéve a 3+-5+ illetve 4+-5+ korosztályokat. A kor hatásának vizsgálati eredményei alátámasztják azt a megfigyelést, hogy bár a pikkelyek már igen hamar megjelenhetnek az egyes fajok fiatal egyedein, azonban a fajra jellemző pikkelyalak eléréséhez évekbe van szükség. Ezüstkárász esetén ez a fajra jellemző alak a 3+-os kor elérésekor alakul ki. Elmondható tehát, hogy a pikkelyalak esetén megfigyelhető az ontogenetikus fejlődés. Ez a megfigyelés azért is fontos, mert amennyiben különböző korosztályú, eltérő élőhelyekről származó csoportokat hasonlítunk össze (nagyon fiatal és felnőtt egyedek), akkor a koreloszlás önmagában okozhat szignifikáns elkülönülést a pikkelyalakok alapján, mindenféle környezeti vagy genetikai különbség nélkül is. A munka a „Fenntartható természetvédelem magyarországi Natura 2000 területeken” című, SH/4/8 regisztrációs számú Svájci Hozzájárulási Program támogatásával valósult meg.”

**Ontogenetic development of scale shape
of gibel carp (*Carassius gibelio* Bloch, 1782)**

Taxonomic classification of fish species is possible based on their shape. This way of classification could be difficult, while in fishes the allometric growth is typical, which means, the body parts grow asymmetrically. Several studies analyzed the body shape changes during the growth in different fish species. The possibility of species and population level severability of fishes based on scale shape was proved recently, however there are still a lack of information regarding the usability of this method. Therefore our study was addressed to study the effect of age on the scale shape. Seven age groups (0+-6+) of Gibel carp (*Carassius gibelio*) scale shape was analyzed to assess the effect of ontogenetic development. The impact of scale size was significant on the shape ($p < 0.001$), it was responsible for the 3.47% of the total shape variance. The age groups were significantly different with high reliability (average 91.6%), except age groups 3+-5+ and 4+-5+. Our results revealed the significant impact of age on scale shape, which supports the previous observations, that scale needs time to reach the species-specific shape. In case of gibel carp, this species-specific shape was reached at the age 3+. Based on these findings, the own ontogenetic programme of scale shape formation could be identified. This observation could be crucial by the investigation of scale groups with different age structure, while age distribution itself can significantly distort the results and possibly mask the environmental and genetic differences. The work was supported by the “Sustainable nature conservation on Hungarian Natura 2000 sites SH/4/8” (Swiss Contribution Programme).



Morfometriai módszerek ismételhetőségének, reprodukálhatóságának és szubjektivitásának vizsgálata

Takács Péter¹, Vitál Zoltán¹, Ferincz Árpád², Stasznyi Ádám²

¹MTA ÖK Balatoni Limnológiai Intézet, Tihany;

²Halgazdálkodási Tanszék, SZIE, Gödöllő

Jelen munkánkban arra keressük a választ, hogy a halbiológiában gyakran használt különféle morfometriai módszerek mennyire adnak ismételhető illetve reprodukálható eredményeket, valamint hogy mennyire befolyásolja az egyes módszerekkel végzett mérések eredményeit a mérést végzők személye. A vizsgálatokat három kutató négy különböző módszerrel (klasszikus tolómérős, truss analízis, testalak és pikkelyalak analízis) végezte el három halfaj (bodorka ezüstkárász, kűsz) három a Balaton vízgyűjtőjéről származó populációjának 30-30 egyedén, háromszori ismétlésben. Az ismételt mérések hasonlósága (ezzel jellemeztük az ismételhetőséget) illetve reprodukálhatósága mindhárom mérőnél a testalak analízis esetében volt a legmagasabb (0.899 ± 0.10 és 0.878 ± 0.11) ezt követte a pikkely geometriai analízise (0.680 ± 0.20 és 0.536 ± 0.23) illetve a truss analízis (0.508 ± 0.12 , and 0.483 ± 0.15). A legalacsonyabb értékeket (0.312 ± 0.15 , and 0.262 ± 0.14) a klasszikus módszer esetében kaptuk. Az tesztelt módszerek közül a test geometriai morfometria mutatta a legerőteljesebb elkülönítő erőt. Ezt a klasszikus és a truss módszer, valamint a pikkely geometriai morfometria követte. A kapott eredményeket a mérő személye a klasszikus morfometriai vizsgálatok esetében befolyásolta a legnagyobb mértékben. Eredmények ezek mellett arra is mutatnak, hogy nemcsak a mérő személye, hanem az adott faj vizsgálatára felhasznált morfometriai módszer is jelentősen befolyásolhatja a kapott eredményeket, illetve az ezekből levont következtetéseket.

Repeatability, reproducibility, and subjectivity of different morphometric methods

In present study the applicability of two distance based (caliper using traditional /TRA/ and truss based /TRU/) and two geometric morphometric methods (using body /GMB/ and scale /GMS/ landmarks) frequently used in ichthyological research were investigated from the aspects of repeatability, reproducibility, separative power and subjectivity. Measurements were made on 30-30-30 specimens of three common Cyprinid species (roach, bleak and gibel carp) collected from three sampling sites by three measurers in three repeats. TRA measurements were made on the conserved specimens using digital caliper, while TRU, GMB, and GMS analyses were processed on digital images of bodies and scales. Standardized data were analyzed using Mantel tests, Canonical Variate Analyses (CVA) and PERMANOVA. In most cases there were no significant differences in repeatability among measurers. Mean (av. $\pm$ SD) repeatability (intra-measurer similarities) such as mean reproducibility (inter measurer similarities) were the highest in case of GMB (0.899 ± 0.10 , and 0.878 ± 0.11 respectively), followed by the GMS (0.680 ± 0.20 , and 0.536 ± 0.23), TRU (0.508 ± 0.12 , and 0.483 ± 0.15) and TRA method (0.312 ± 0.15 , and 0.262 ± 0.14). The highest separative power was found in the case of GMB, followed by TRA, TRU and GMS. As CVA showed in some cases the between-expert differences were higher, than the population level differences, suggesting the considerably high subjectivity of the compared methods. The results of PERMANOVA analysis were also supported our findings. Moreover in the case of TRU, GMS and particularly the TRA the measurer had considerably higher influence on the results than in the case of GMB.



Románia legszebb fái: egy kutatási-nevelési projekt előzetes eredményei

Tamás Réka, Hartel Tibor

*Pogány-havas Kistérségi Társulás, Csíkszereda
Sapientia, EMTE, Kolozsvár*

A nagy, öreg fák szinte minden szárazföldi környezetben megtalálhatók és számos ökológiai valamint társadalmi funkciót tölthetnek be. Számuk rohamosan csökken főleg emberi hatásokra. Tekintettel a kiemelkedő értékeikre valamint a sérülékenységükre, szükségesnek tartottunk egy olyan kezdeményezést, amely ezeket a fákat feltérképezi, információt szolgáltat róluk. Így jött létre az „Arborii Remarcabili din România” („Románia legszebb fái”) projekt. Fő célkitűzése kettős: (i) Románia öreg fáinak feltérképezése és (ii) az önkéntesek munkájának bátorítása. Ez a megközelítés a „citizen science” néven van elterjedően. Ez azon alapul, hogy a szakterületben nem jártas személyek bevonásával, minimális ismereteken alapulva tudományosan jól értelmezhető, információkat gyűjtünk. Sikeressége nagymértékben függ az adott ország/régió szociális, kulturális és történeti sajátosságaitól, a résztvevők hozzáállásától. A projektünk tartalmaz leíró részeket arról, hogy hogyan mérjük fákat, mit értünk nagy, öreg fa alatt. A feltöltött fákat szatelit térképen jelentjük meg. A begyűlt adatok minőségét ellenőrizzük. A weboldal 1 éve működik, azóta 1500 fa töltődött fel. A regisztráltak száma közel 100. A legnagyobb fák a cajvanai tölgy (1111 cm), a mirkvásári tölgy (920 cm), a Gădinti-i és a szatmárnémeti nyár (800 cm). A kocsányos tölgyek száma az 500-700 cm törzskerület kategóriában 379. A projekt szociális fogadtatása túlszárnyalta a vártakat működésének rövid ideje alatt. Számos cikk, közösségi oldal reklámozza a kezdeményezést és jelenleg több mint 3000 követőnk van a Facebookon. Hosszútávú célunk: - az öreg fák magas természeti, kulturális és szociális értékeire való formális és informális figyelemfelhívás; - egy hatékony módszer kidolgozása a felmérők bevonására, és a használt módszer javítására; - nem utolsósorban a helyi közösségek motiválása öreg fáik elismerésének érdekében.

Remarkable trees of Romania: preliminary results of a research-educational project

The large, old trees can be found in almost every terrestrial environment and might have numerous ecological and social functions. Mainly due to human impacts, the number of old trees is rapidly decreasing. Taking into account their outstanding value as well as their vulnerability, we found necessary an initiative that identifies these trees and provides a few information about them. This resulted in the project called "Remarkable trees of Romania". Its has two main objectives: (i) to map the old trees of Romania (ii) to encourage voluntary work. This approach is known as the "citizen science". The principle of citizenscience is based on collecting scientifically meaningful information, involving persons with minimum knowledge in the specific field. Its success is largely dependent on the social, cultural characteristics of the particular country as well as the participants attitude. Our project contains descriptive details about how to measure trees, what do we mean by large, old trees, as well as examples regarding the criteria used. The uploaded trees are presented on satellite map. The received data is qualitatively verified by us. The site has been released for one year, 1500 trees having been uploaded since then. The number of registered users is almost 100. A biggest trees are oak from Cajvana (1111 cm), oak from Mercheaşa (920 cm), poplars from Gădinti and Satu Mare (800 cm). The number of oaks with a trunk circumference of 500-700 is 379. The social acceptance of the project, exceeded the expectations. Numerous articles and pages promote our initiative. Our long-term goals are: - to raise awareness, either formally or informally, about the high natural, cultural and social value of old trees; - developing an effective way to involve participants and improve the methods used; - motivation of local communities to appreciate their old trees.



Akut stressz hatása az inzulin-szerű növekedési faktor 1 szintjére egy szabadon élő madárfajban

Tóth Zsófia, Lendvai Ádám Zoltán

Evolúciós Állattani és Humánbiológiai Tanszék, DE, Debrecen

A külső vagy belső környezetből érkező stresszhatások nem csak az élőlények viselkedését, hanem a fiziológiai állapotát is befolyásolják. A stressz hatásai különböző molekuláris jelátviteli utak eredményeként mutatkozik meg. Az egyik jelátviteli út, amit a stressz hatások befolyásolni képesek az inzulin/inzulinszerű jelátviteli út, melyet az inzulinszerű hormoncsalád tagjai irányítanak. A családhoz tartozó inzulinszerű növekedési faktor 1 (IGF-1) a gerincesekben univerzálisan előforduló hormon, mely az organizmus szintű energia egyensúly belső szignálja, és ezáltal számos életmenet döntés egyik központi regulátora is. A stressz alapvetően egy energetikai krízisállapot, ezért azt várjuk, hogy hatására az IGF-1 szint csökken. A stressz IGF-1-re gyakorolt hatását azonban eddig még nem vizsgálták természetes populációkban. A jelen vizsgálatban egy vadon élő madárfajban, a barkóscinegén teszteltük egy standardizált stresszor (befogás, fogvatartás) hatását az IGF-1 szintjére. Az populáció egyedeit függőhálójával megfoglaltuk, majd a hálóból esést követően egyenként 5 (alap) és 15 (stressz) percen belül vérmintát vettünk, majd egy immunoasszé segítségével megmértük mind az alap, mind a stressz minták IGF-1 szintjét a plazmából. A predikciókkal egyezően az találtuk, hogy a keringő IGF-1 szintje stressz hatására szignifikánsan csökken, ami összhangban van az IGF-1 központi szabályozó szerepével kapcsolatos elképzeléssel. Ennek tesztelésére a további vizsgálatok feladata kideríteni, hogy a stressz közvetlenül befolyásolja-e az IGF-1 regulációját, vagy az más hormonális útvonalakkal (pl. a hipotalamusz-hipofízis-mellékvesekéreg tengely) együttműködve valósul meg.

The effects of acute stress on plasma insulin-like growth factor-1 levels in a free living bird

Stress can influence not only behaviour but also the physiological state of animals via the effect of different molecular pathways. One of these pathways is the insulin/insulin-like pathway mediated by members of the insulin-like hormone family, which includes the insulin-like growth factor-1 (IGF-1). IGF-1 is an evolutionary conserved hormone present in all vertebrates, which is an internal signal of the organism-wide energy balance, and thus the central regulator of several life-history decisions. Since stress is a state of an energetic crisis, we predict that stressors will negatively affect IGF-1 levels. The effect of an acute physiological stress has not been investigated in free-living animals. Here we test the effects of a standardized stressor (capture and handling) on circulating IGF-1 levels of a free-living bird species, the bearded reedling. Individuals were caught with mist-nets and a blood sample were taken within 5 and 15 minutes of capture. From these blood samples, IGF-1 levels were determined using an immunoassay. According to our prediction, we that stress-induced plasma IGF-1 levels significantly reduced compared to the baseline levels. This finding is consistent with the view of IGF-1 as a central regulator of energy allocation. In order to test this, future studies need to test whether the effects of stress on IGF-1 levels are direct or operate in concert with other hormonal pathways, such as the hypothalamus-pituitary-adrenal axis.



**A vízállapot fluktuációja strukturális változásokat okoz sztyepp-láp mozaikok ökotonjaiban,
de nincs hatással az ökotónok pozíciójára**

Tölgyesi Csaba

Ökológiai Tanszék, SZTE, Szeged

Az ökotónok, azaz az egymással érintkező vegetációs egységek találkozási zónái jelentős figyelmet kaptak az ökológiai kutatásokban a fragmentáció, a klímaváltozás és a heterogén élőhelyek kezelése kapcsán. Azonban az ökotónok dinamikáját nehéz megjósolni jelenlegi ismereteink alapján, és az ökotónok belsejében végbemenő folyamatok is kevésbé ismertek. A jelen vizsgálatban sztyepp-láp mozaikok ökotónjainak dinamikájának jellemzését tűztük ki célul. 13 állandó szelvényt jelöltünk ki, melyek sztyeppfoltokból indultak és szomszédos lápfoltokban értek véget, és három egymást követő, eltérő vízállapotú évben mértük fel a növényzetüket. Az ökotónok pozícióját és egy strukturális paraméterüket, a kontrasztot az osztott mozgóablakos módszerrel határoztuk meg. Feltérképeztük továbbá a szelvények mikrotopográfiai és talajszerkezeti viszonyait is az mikrotopográfiai és talajhatárok azonosítása céljából. Eredményeink szerint a vizsgált ökotónokra az abiotikus és biotikus tényezők komplex módon, azok eltérő paramétereire hatottak. A mikrotopográfia volt az ökotónpozíció elsődleges meghatározója, így a foltmintázat stabil maradt a talajvízszint és a csapadék intenzív fluktuációi ellenére. A vízviszonyok azonban hatottak a közösségek közötti biotikus interakción, és aszimmetrikus szegélyhatáshoz vezetett, mely kontrasztváltozásban nyilvánult meg. A sztyepp- és lápfoltok között aszimmetrikus kölcsönhatás miatt a talajhatárok az ökotónok alatt, mélyebb térszínten alakult ki. Ennek következtében a lápok szegélyében még sztyeppi talaj jellemző, mely csak tovább erősítette a sztyeppék szegélyhatását. Eredményeink arra is rámutatnak, hogy a táj kompozícionálisan legdinamikusabb (lápszegélyek) és legstabilabb (sztyeppszegélyek) zónái egymás mellett, az ökotónok körül helyezkednek el, s így maguk az ökotónok dinamikailag is heterogénnek bizonyultak.

**Hydrologic fluctuations trigger structural changes
in wetland–dry grassland ecotones but have no effect on ecotone position**

Ecotones have received considerable attention among ecologists in the context of fragmentation, climate change and the management of heterogeneous landscapes. However, the predictability of ecotone dynamics is low and the processes within ecotones are still poorly understood. In this study we disentangle multiple aspects of ecotone dynamics in an ecotone-rich mosaic landscape of Hungary. We established thirteen permanent transects, starting in steppe patches and ending in adjacent wetland patches, and surveyed their vegetation in three consecutive years with highly different water regimes. Ecotone positions and contrasts were objectively determined with the split moving window technique. We also mapped the microtopography of the transects and measured the gradients of soil organic matter content to identify elevation and soil boundaries, respectively. We found that the dynamics of the studied ecotones was determined by a complex interaction of environmental and biotic factors, which affected different descriptors of the ecotones. Elevation was the primary constraint on ecotone position; thus patch pattern was stable despite the large fluctuations of water table and precipitation. Water regime, however, modulated the biotic interaction between the communities, leading to asymmetric edge effects, realised in the form of contrast changes. Due to the asymmetric interaction between steppes and wetlands, soil boundaries developed downhill from the ecotones, but the steppe-like soil of wetland edges may have also reinforced the edge effects. Our results also showed that the compositionally most dynamic (wetland edges) and stable zones (steppe edges) of the landscape were concentrated around the ecotones; thus, ecotones themselves were dynamically heterogeneous.



Vonzza-e a sérült vadrózsa a gubacsdarázs parazitoidját?

Turóczi Andrea, László Zoltán

Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, BBTE, Kolozsvár

A herbivórok által megsebzett növényi szövetekből olyan illékony anyagok szabadulnak fel, amelyek számos növényevő rovert vonzanak: azt jelzik, hogy a tápnövény jelen van és hozzáférhető. A növények fogyasztóik ellen több féle módon védekeznek. Ezek közül több védekezési mechanizmus is másodlagos anyagsertermékek révén valósul meg. A növényi szövetek ronszolása elősegíti olyan specifikus illóanyagok felszabadulását, amelyek egyik szerepe a fogyasztók elleni védekezésben nyilvánul meg. A megtámadott növény egyes illó anyagai a növényevők természetes ellenségeinek jeleznek, vagyis hatással vannak a növényevő rovarok viselkedésére. Vizsgálatom célja, hogy igazoljam a gazdanövények vonzó hatását a herbivórok fogyasztóira, a parazitoidokra. Vizsgálatomban háromkarú sugaras útvesztőben figyeltem a gazdanövény jelenlétének hatását egy specialista herbivóra és parazitoidjára. A vizsgált specialista herbivór a rózsagubacsdarázs (*Diplolepis rosae*), melynek gazdanövényei a vadrózsák (*Rosa* spp.). A rózsagubacsdarásznak több parazitoidja ismert, ezek közül az egyik a gyakori specialista *Orthopelma mediator*. Eredményeink azt mutatják, hogy a gazdanövény jelenléte az útvesztőben szignifikáns hatással van a gubacsokozóra. Azonban a gazdanövény jelenléte a parazitoidra nem mutatott szignifikáns hatást. A parazitoid válaszának hiánya több okra is visszavezethető: az illatanyag mennyisége túl alacsony volt, nem érte el a parazitoid ingerküszöbét; vagy a parazitoid csupán a gubacsokozó lárvájának jelenlétére reagál.

Does the wounded wild rose attract the parasitoid of the gall inducer?

Wounded plant tissues release volatile substances, which attract many insect herbivores: they indicate that the host plant is present and accessible. The plants protect themselves in several ways against specialized consumers. Many of these defence mechanisms are achieved by means of secondary metabolites. The wounding of plant tissues promotes the release of specific volatile substances, which has the role to defend the plants against consumers. The released volatile substances indicate to natural enemies the presence of herbivores, thus altering behaviour of parasitoids. The bedeguar rose gall (*Diplolepis rosae*) is a widely distributed Holarctic species. It is the most abundant gall inducer on wild roses (*Rosa* spp.) in Europe. These insects produce large galls with numerous gall inducer chambers in which may also grow several species of parasitoids. One of the abundant parasitoids of rose galls is the specialist *Orthopelma mediator*. We studied the effect of wounded host plant tissues on the gall inducer and its parasitoid *O. mediator* in a three-arm radial maze. We aimed to prove that the volatile substances attract not only the herbivores, but also the parasitoids. Our results show that the presence of the host plant has a significant effect on the species gall inducer. However, the parasitoid was not significantly affected by the presence of the host plant. The lack of response of the parasitoid may have several causes: the amount of host plant volatiles related was too low - not reaching stimulating concentration for the parasitoid, or the parasitoid locates the plant only if it contains the gall inducer larvae.



His4r deléció mutáns létrehozása P-elem ugratás segítségével *Drosophila melanogaster*ben

Ürmösi Adél, Varga Júlia, Bodai László

SZTE, Biokémiai és Molekuláris Biológiai Tanszék, Szeged

A His4r (Histone H4 replacement) gén a H4 hiszton fehérje variánsát kódolja, amely a hiszton gén klaszteren kívül, a 88C9 citológiai pozícióban helyezkedik el, és kifejeződése a sejtciklus S fázisában aktív hiszton klaszter expressziójától független. Munkánk célja His4r deléció mutáns előállítása volt, amely lehetőséget nyújtana a His4r gén és a megfelelő fehérje funkciójának vizsgálatára. Deléció mutánsok előállításához a P{EPgy2}His4r[EY06726] transzpozon inszerciós törzsből indultunk ki, amely egy P{EPgy2} elemet hordoz a gén 5'-UTR régiójában. A P-elemet $\Delta 2-3$ transzpozáz forrás segítségével remobilizáltuk, majd a transzpozont elvesztő revertánsokat a P-elem által hordozott miniwhite marker gén elvesztése alapján válogattuk ki. A revertánsok közül ezt követően molekuláris módszerekkel azonosítottuk a deléciót hordozó törzseket; amihez a törzsekből genom DNS-t izoláltunk, majd megfelelő primerekkel végzett PCR reakciókkal azonosítottuk azokat, amelyek a vad típustól eltérő méretű PCR fragmentumokat adtak. Az azonosított deléció pontos kiterjedését kapilláris szekvenálással határoztuk meg. Az Df(3R)His4r[$\Delta 42$] deléció eltávolítja a His4r gén teljes kódoló régióját, a szomszédos géneket viszont nem érinti. A törzs homozigóta életképes, ami alapján nem esszenciális a *Drosophila* egyedfejlődése során. A fertilitásra és kromatin szerveződésre gyakorolt hatásainak vizsgálata folyamatban van. Támogatás: NKFI-K112294.

Generation of His4r deletion mutants using P-element remobilization in *Drosophila melanogaster*

The His4r (Histone H4 replacement) gene encodes a H4 histone protein variant, which is located in the 88C9 cytological position and whose expression is independent from the S-phase specific expression of the genes in the histone gene cluster. Our aim was to create a His4r deletion mutant, which would allow us to study the function of the His4r gene and the corresponding protein. To generate deletion mutants we used the P{EPgy2}His4r[EY06726] transposon insertion strain, which contains a P{EPgy2} element in the 5' UTR region of the His4r gene. We remobilized the P-element by crossing this line to a fly strain carrying a $\Delta 2-3$ transposase source, then selected the revertants lacking the P-element by screening for the loss of the miniwhite marker gene present on the P-element. We identified the revertants with deletion in the His4r gene using molecular methods. We isolated genomic DNA from the revertant strains then performed PCR reactions with appropriate primers and selected those that gave different PCR fragments of different sizes than the wild-type control. We determined the precise extension of the identified deletion by capillary sequencing. The Df(3R)His4r[$\Delta 42$] deletion removes the whole coding region of the His4r gene, but does not affect the neighboring genes. The deletion is homozygous viable indicating that it is not essential to the ontogenesis of the *Drosophila*. Further studies investigating the effects of loss of His4r on fertility and chromatin organization are in progress. Support: NKFI-K112294.



A szárnytollak szerkezeti jellemzése a házi veréb (*Passer domesticus*) esetében

Vargancsik Dorottya¹, Osváth Gergely^{1,3}, Pap Péter László^{1,2}

¹Evolúciós Ökológia Kutatócsoport, Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, BBTE, Kolozsvár;

²MTA-DE „Lendület” Viselkedésokológiai Kutatócsoport, Evolúciós Állattani Tanszék, DE, Debrecen;

³Evolúciós Állattani és Humánbiológiai Tanszék, DE, Debrecen

A madarak repülése komplex folyamat, amelyben a szárny különböző részei eltérő szereppel vesznek részt. Az egyes tollak szerkezete meghatározó lehet, ugyanis a tollszár vastagsága meghatározza a tollak rugalmasságát, míg a tollzászló ág- és ágacskasűrűsége légáteresztő-képességet befolyásolja. Keveset tudunk arról, hogy a szárny mentén a tollak szerkezete hogyan igazodik az eltérő szerepekhez, illetve a szárny különböző részeire eltérő módon ható aerodinamikai erőkhez. Kutatásunk során a kézevezők és karevezők strukturális sajátosságait vizsgáltuk a házi veréb (*Passer domesticus*) esetében. Megmértük a szárnytollak tollszárvastagságát, a külső és belső zászló szélességét, valamint az ág- és ágacska sűrűségét. A vizsgált szerkezeti paraméterekre vonatkozóan szignifikáns eltérést találtunk a szárny és az egyes tollak mentén, a külső és belső zászló esetében egyaránt. Ezek a szerkezeti eltérések a szárny különböző részeire eltérő módon ható aerodinamikai erőkkel magyarázhatók. Eredményeink jelentős mértékben gyarapítják a tollak struktúrájáról szerzett ismereteinket, rávilágítva arra, hogy a szárnyon belüli, különböző intenzitású hatások eltérő szerkezeti adaptációkat eredményeznek.

Morphological properties of wing feathers in the house sparrow (*Passer domesticus*)

Flight in birds is a complex process, where different parts of the wing have different roles. The structure of wing feathers might be determinative, because the rachis thickness defines the feathers flexibility, while the barb- and barbule density influences the air transmissivity of the vane. Flight feathers have to withdraw the aerodynamic forces during flight, but our knowledge about the role of different structural traits in flight and how they are modified along the wing by different aerodynamic forces is limited. In our research we examined the structural particularities of flight feather along the wing in the house sparrow (*Passer domesticus*). We measured the rachis thickness, the width of the inner and outer vanes, and the barb- and barbule density. All studied structural parameters significantly changed along the wing. These structural differences can be explained with the different aerodynamical forces that act on the wing. Our results have broad implications for the understanding of the selection pressures driving the evolution of functional morphology of flight feather.



Hévízi törpenövésű vadponty indukált szaporítása az élőhelyén

Várkonyi Levente¹, Specziár András², Horváth László¹, Urbányi Béla¹,
Müllerné Trenovszki Magdolna¹, Müller Tamás¹

¹Halgazdálkodási Tanszék, Akvakultúra és Környezetbiztonsági Intézet,
Mezőgazdaság- és Környezettudományi Kar, SZIE, Gödöllő;

²MTA Ökológiai Központ Balatoni Limnológiai Kutatóintézet, Tihany

A populációk fennmaradásának biztosítása saját természetes élőhelyükön a természetvédelem legfontosabb feladata. Sok esetben szükségessé válik a fajok egyedeinek élőhelyeiről történő kiemelése a hatékonyabb megőrzés érdekében. Látszólag ellentmondásos a két megközelítés mód egybeesése, azonban gyakorlati és tapasztalati problémák miatt szükségszerű egyes esetekben a két módszer egyes elemeinek egyidejű alkalmazása. A Hévízi-tó állatvilága unikális, a világon egyedülálló természetes tőzegmedrű melegvízes gyógytó jellege miatt. Egy törpenövésű magyar vadponty populáció elszigetelt, önfenntartó állományt alkot a tóban, mely a szélsőséges hőmérsékleti és kémiai viszonyokhoz alkalmazkodott. Mivel kizárólag a Hévízi-tóban fordulnak elő, egyedi genetikai tulajdonságokkal és környezeti tűrőképességgel bírnak. Az ivarérett halak életben tartása élőhelyükön kívül roppant nehéz az alkalmazkodásuk következményeként, emiatt laboratóriumi kutatásuk, indukált szaporításuk is nehézségekbe ütközik. A probléma megoldására egy hálóketreccet építettünk, melybe küszökre kifejlesztett mobil fészkeket helyeztünk (lsz: 4122 üsz: U12 00041). A hévízi ponty mintázásakor alkalmas anyaghalakat válogattunk ki, majd pontyhipofízis injekcióval kezelve a ketrecbe engedjük. 220-240 napok elteltével a halak leívtak, a mobil ivató fészkekre. A fészkeket szállítókocokba zártuk és kevés vízzel a Gödöllőre szállítottuk. Megérkezés után a tokokat feltöltöttük vízzel, folyamatos levegő utánpótlást biztosítottuk és ezek segítségével a lárvákat leleltettük, amelyeket jelenleg is nevelünk. A módszer eredményesen alkalmazható különösen érzékeny halfajok szaporítására, ikragyűjtésre és szállításra. A munka Hévízi Önkormányzat, Hévízgyógyfürdő és Szent András Reumakórház, valamint a „Fenntartható természetvédelem magyarországi Natura 2000 területeken” című, SH/4/8 regisztrációs számú Svájci Hozzájárulási Program támogatásával valósult meg.

Induced spawning of hévíz dwarf carp in its natural habitat

The most important aim of conservation is to ensure the natural habitat survival of population. However, in many cases it is necessary to salvage the individuals of the species for effective conservation. At first, the combination of the two approaches may look controversial, but due to practical issues and experience, the use of certain elements of the two methods is necessary particularly in order to protect vulnerable and sensitive fish species. The fauna of Lake Hévíz is unique because it is the biggest biologically active natural medicinal lake in the world. One dwarf, isolated and self-sustaining Hungarian wild carp population lives in the lake, and it has adapted to the extreme thermal and chemical conditions. As a consequence of adaptation, it has unique genetic traits and environmental tolerance. To keep the mature fish alive outside the original habitat, laboratory research and induced propagation is difficult. To solve it, we built a mesh cage, in which placed mobile spawning substrate. Originally, it was developed for small fish species (r. n.: 4122 No: 00041 U12). In February and March, we caught mature fish and they were injected by carp pituitary injection, and we placed them into the mesh cage. After 220-240 days degree, the mobile spawning nets were full with eggs. We transported the substrates in closed carrying case to Gödöllő with 5 l of water. In the lab, we filled up with water and they have ensured a continuous supply of air to help the larvae. After the hatching, the larvae is kept in the aquarium. The method can be applied successfully to propagate particularly sensitive fish species and in their collection and transportation. The project can be realized with Hévíz Council, Hévíz Medicinal Spa and Saint Andrew Hospital for Rheumatic Diseases, and funded by “Sustainable nature conservation in Natura 2000 areas in Hungary”, of SH/4/8 registration number of Swiss Contribution Program.



TransDiptera Online Adatbázis: egy digitális rendszer a faunisztikai adatok kezelésére

Veres Róbert, Oláh Tibor, Kolcsár Levente-Péter, Keresztes Lujza

Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, BBTE, Kolozsvár

Az internet világa új lehetőségeket nyitott a taxonómiában is. Az egyre növekvő és folyamatosan változó taxonómiai ismeretek és a számítógépes adatbázisoknak köszönhetően számos „cyber taxonómiai” weboldal látott napvilágot. Ezen oldalak egy-egy csoporttal kapcsolatos taxonómiai és elterjedési adatokat összesítik, melyek számos ökológiai kutatás és természetvédelmi tevékenység alapját képezhetik. Az így nyert adatok gyakran csak a szűk szakmai körök számára elérhetőek vagy egyáltalán nem publikusak. A TransDiptera Online Adatbázis (www.transdiptera.com) egy olyan felületet biztosít, melyben az általános taxonómiai ismeretek mellett a faunisztikai adatok tárolására is lehetőség van. Az online felületen bevezetett vagy oda feltöltött adatokat egy SQL (MySQL) típusú adatbázisban tárolja. A tetszőlegesen testre szabható adatbázisokban egyszerre több regisztrált felhasználó is dolgozhat. Az alapvető faunisztikai adatok alapján a webes felület automatikus algoritmusokkal general térképeket, repülési periódus diagramokat és tengerszint feletti magasság alapján történő eloszlási ábrákat. A feltöltött adatokat lehetőség van a továbbiakban módosítani, törölni és letölteni. A TransDiptera lehetőséget biztosít szakfolyóiratok által meghatározott formátumú táblázatok generálására, mely a faunisztikai adatok közzétételét könnyítheti meg. Publikálás után az adatok a weboldalon nyilvánossá válnak. Az online felület lehetőséget biztosít határozó kulcsok készítésére és szerkesztésére, mely interaktív ábrák és az egyes fajok adatlapjához vezető linkeket is tartalmaz. Adatbázisunkban jelenleg 450 lószúnyogszerű (Tipuloidea) faj több mint 3000 lelőhelyi adatát tároljuk és dolgoztuk fel.

TransDiptera Online Database: a digital system to improve faunistic research

The internet open a wide variety of new possibilities for taxonomy as well. Thanks to the rapidly developing taxonomic knowledge and fast growing databases, a huge number of „cyber taxonomy” websites were published. These pages summarize taxonomic and distribution data, of a large number of different groups, funded a strong base for further ecological research and conservation activities. However, such data are usually available only to a narrow circle of professionals and are generally not public. The TransDiptera Online Database (www.transdiptera.com) provides an interface, on which both general taxonomic knowledge, as well as, distribution data storage become possible. Data entered or uploaded to the online interface are stored in a SQL (MySQL) type database. Simultaneous work is also possible for multiple registered users in a same time in this freely customizable databases. Maps, biological activity and distribution diagrams are automatically generated by this database system based on the stored fundamental data on the fauna investigated, using implemented algorithms. Also become possible further to modify, delete and download the uploaded data. The presently developed TransDiptera Online Database allows users to download tables containing data with syntax already formatted, using standards given by different scientific journal, which makes easier to publish the generated faunistic data. After publication, the data will be made public on the website. The online interface creates possibilities to identify the studied individuals based on high quality of photographs and drawings and contain links to interactive chart and profile for each species. Currently, our database contains more than 3,000 stored records, belongs to 450 Tipuloidea species. This research was supported by a grant of the Ministry of National Education, CNCS - UEFISCDI, project number PN-II-ID-2012-4-0595.



Környezeti stresszhatások szerepe a mitokondriális légzési folyamatok szabályozásában

Zsigmond Laura, Boros Bogáta, Valkai Ildikó, Varga Mónika,
Koerber Nikkolas¹, Fiorani Fabio¹, Szabados László

Növénybiológiai Intézet, SZBK, MTA, Szeged

¹FZJ, Jülich, Németország

A kedvezőtlen környezeti változásokhoz való alkalmazkodásban jelentős szerepe van a növények mitokondriumaiban zajló számos élettani folyamatnak. Stressz hatások következtében a mitokondriális elektrontranszport lánc (ETC) stabilizálása csökkentheti a sejtek oxidatív károsodását, biztosíthatja az energiaháztartás kiegyensúlyozottságát és segítheti a fotoszintézis különböző folyamatait. A mitokondriális ETC részt vesz a reaktív oxigénformák (ROS) termelésében stressz körülmények között, melynek alkotói közül az I és a III komplex a fő helye a ROS képződésének. Kutatásainkban ezért azt vizsgáljuk, hogy a ETC fehérjéit érintő mutáció hogyan befolyásolja a stresszválaszt. Munkánkat a mitokondriális ETC I és III komplexének működésében érintett *Arabidopsis thaliana* mutáns vonalak részletes jellemzésével kezdtük. Közel 25 vonallal indítottuk az elsődleges kísérleteket, ahol olyan növényeket kerestünk, melyek morfológiai és élettani változásokat mutattak stressz hatására a vad típusú növényekhez képest. Különböző in vitro növekedési és csírázási teszteket végeztünk, illetve szárazság és só hatását vizsgáltuk a kiválasztott mutánsokon. Több vonalnál tapasztaltunk megváltozott stresszérzékenységet, melyek közül kettőt választottunk ki részletesebb jellemzésre. A két vonalban a mutáció az NDUSF8a gént érinti két különböző pozícióban, melynek következtében a növények érzékenységet mutattak só és oxidatív stresszel szemben. Ozmotikus stressz (pl. szorbitol kezelés) hatására pedig jobb csírázási képességet és alacsonyabb H₂O₂ tartalmat tapasztaltunk, illetve a lipidek oxidációs szintje is alacsonyabb volt. Az NDUSF8a fehérje az I komplex alkotóeleme, melynek mutációja következtében a növények fotoszintetikus folyamatai is megváltoznak. Eredményeinkből arra következtethetünk, hogy az NDUSF8a fehérje jelentős szerepet játszik a növények stresszválaszaiban.

Regulation of mitochondrial respiratory pathways during environmental stress conditions

Plant mitochondria have essential role in regulation of numerous metabolic pathways that are important in adaptive responses to unfavorable conditions. During stress adaptation the stabilization of the electron flow in the mitochondrial electron transport chain (ETC) can protect plants by reduction of oxidative damage, control of redox balance and support of photosynthesis. Reactive oxygen species (ROS) can be produced in the mitochondrial ETC under stress, where Complex I and III are the major sites of ROS synthesis. Thereby the mutations in genes encoding the mitochondrial proteins might due to changes in stress responses. We have started the detailed characterization of numerous *Arabidopsis thaliana* mutants, in which the mutations localized in the subunits of Complex I and III. We worked forth with nearly 25 lines started the primary screening to search for plants, that showed morphological and physiological changes under stress conditions compared to the wild type. We performed in vitro germination and growth tests, and in collaboration with European Plant Phenotyping Network the drought and salt tolerance of the mutants were examined also. Several interesting mutants were found and two lines were chosen, which showed tolerance to osmotic stress. The localization of the mutations are in a gene which encodes the NDUSF8a protein in both cases but in different positions. The mutants were more sensitive to oxidative stress, although less hydrogen peroxide formed in them under sorbitol treatment and lipid peroxidation level were lower. Mutations of the Complex I can influence the photosynthesis therefore we measured the changes of chlorophyll fluorescence under stress treatments. These results also were accord with our earlier ones. Our data suggest that the NDUSF8a protein can influence the plants stress responses under different conditions.



Regisztrált résztvevők

- Abu Imran Baba - Biological Research Centre, Hungarian Academy of Sciences, Hungary, H-6726 Szeged, Temesvári krt.62 - baba.abuimran@brc.mta.hu
- Ágnes Cséplő - Biological Research Centre, HAS, Hungary, H-6726 Szeged, Temesvári krt.62. - cseplo.agnes@brc.mta.hu, agnescseplo@gmail.com
- Andrási Norbert - Növénybiológiai Intézet, Szegedi Biológiai Kutatóközpont, Magyar Tudományos Akadémia, Szeged, Magyarország, H-6726 Szeged, Temesvári krt. 62. - andراسi.norbert@brc.mta.hu
- Angi Evelyn - Babeş-Bolyai Tudományegyetem, Biológia és Geológia Kar, Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, 400006 Kolozsvár, Klinikák u., 5-7, Románia - angi_evelyn@yahoo.com
- Annus Tamás - Eötvös Loránd Tudományegyetem, Magyarország, 1094 Budapest, Liliom utca 39. Magyarország - tamasannus@gmail.com
- Bakk Csaba - SzTE, Magyarország - csababakk@gmail.com
- Bakonyi Gábor - Szent István Egyetem, Állattani és Állatökológiai Tanszék, Magyarország, 2100 Gödöllő, Páter K. u. 1. - bakonyi.gabor@mkk.szie.hu
- Bálint Miklós - Senckenberg Biodiverzitás és Klíma Kutatóközpont, Németország - mbalint@senckenberg.de
- Bán Miklós - Debreceni Egyetem, Magyarország - banm@voc.s.unideb.hu
- Báthori Ferenc - Debreceni Egyetem, Evolúciós Állattani és Humánbiológiai Tanszék, Magyarország, Debrecen, Egyetem tér 1. - ferenc.bathori@gmail.com
- Bóni Imola - Szegedi Tudomány Egyetem, Magyarország - imolaboni@gmail.com
- Buchmüller Henrietta Noémi - BBTE Biológia és Ökológia Intézet, Románia - buchmuller.henrietta@gmail.com
- Csumita Mária - Debreceni Egyetem, Magyarország, 4027. Sinai Miklós utca 3. - maria.csumita@gmail.com
- Czakó Emese - Debreceni Egyetem, Magyarország - intothewild143@gmail.com
- Czekes Zsolt - Babeş-Bolyai Tudományegyetem, Románia, Clinicilor 5-7, Kolozsvár, Románia - czekes@gmail.com
- Czinege Nikolett - Eötvös Loránd Tudományegyetem, Etológia Tanszék, Budapest, Magyarország, 1117 Budapest, Pázmány Péter sétány 1/C, Hungary - nikolett.czinege@gmail.com
- Daubner Timea Ingrid - BBTE Magyar Biológia és Ökológia Intézet, Románia - timeadaubner08@gmail.com
- Domokos Tünde - BBTE, Románia - dtunde24@yahoo.com
- Erős Réka - Babeş-Bolyai Tudományegyetem, Románia - eros.rek@gmail.com
- Fekete Judit - Debreceni Egyetem, TTK, Hidrobiológiai Tanszék - juditfekete0307@gmail.com
- Fekete Judit - Debreceni Egyetem, TTK, Hidrobiológiai Tanszék, Magyarország - juditfekete0307@gmail.com
- Felföldi Tamás - Eötvös Loránd Tudományegyetem, Mikrobiológiai Tanszék (Magyarország) - tamas.felfoldi@gmail.com
- Ferincz Árpád - Halgazdálkodási Tanszék, Szent István Egyetem, Magyarország - Ferincz.Arpad@mkk.szie.hu
- Fülöp Attila - MTA-DE „Lendület” Viselkedésokológiai Kutatócsoport, Evolúciós Állattani és Humánbiológiai Tanszék, Debreceni Egyetem, Debrecen, Magyarország - fafeldolgozo@gmail.com
- Gál László - Babeş-Bolyai Tudományegyetem, Románia - laszlogal82@gmail.com
- Gallé Róbert - Szegedi Tudományegyetem, Ökológiai Tanszék, Magyarország - galle.robert@gmail.com
- Gallé-Szpisjak Nkolett - Szegedi Tudományegyetem Ökológiai Tanszék, Magyarország - szpisjak.n@gmail.com
- Gareth Dyke - Debrecen, Hungary - garethdyke@gmail.com
- Gyenge L. Ervin - BBTE, Biológia Romania - gyenge_ervin@yahoo.com
- Herczeg Dávid - Debreceni Egyetem, Evolúciós Állattani és Humánbiológiai Tanszék, MTA-DE "Lendület" Viselkedésokológiai Kutatócsoport - herczegdavid88@gmail.com
- Imecs István - ACCENT GeoÖkológiai Szervezet, Tusnádfürdő, Románia - imecs.istvan17@gmail.com
- Jakab Melinda - Babeş-Bolyai Tudományegyetem, Kolozsvár, Románia - jakabmeli19@yahoo.com
- Jére Csaba - Romániai Denevérvédelmi Egyesület, Románia, I. B. Deleanu u. 2. sz., 440014 Sztarmárnémeti, Románia - csaba.jere@apl.ro
- Juhász Orsolya - Szegedi Tudományegyetem TTIK Ökológiai Tanszék, 6726 Szeged Közép fasor 52. - orsolya40@gmail.com
- Katona Gergely - Debreceni Egyetem, Magyarország - gergelykatona88@gmail.com
- Kelemen Alpár - ACCENT GeoÖkológiai Szervezet, Tusnádfürdő, Románia - kelemenalpar3@gmail.com

17. Kolozsvári Biológus Napok



- Kelemen András – MTA-DE Biodiversity and Ecosystem Services Research Group (MTA-DE Biodiverzitás Kutatócsoport), Egyetem tér 1, H-4032 Debrecen, Hungary; kelemen.andras12@gmail.com
- Keresztes Kriszta Kincsó – Babes - Bolyai Tudományegyetem, Magyar Biológia és Ökológia Intézet, Kolozsvár, Románia – krisztakincso@gmail.com
- Kiss Lola Virág – Szent István Egyetem – magicenne@hotmail.com
- Kiss Péter János – Szegedi Tudományegyetem, Magyarország – peterjanos3@freemail.hu
- Kolcsár Levente-Péter – Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, Babeş-Bolyai Tudományegyetem, Kolozsvár, Clinicilor 5-7, 400006 Románia – kolcsar.peter@gmail.com
- Korponai Kristóf – ELTE, Magyarország, 1117 Budapest, Pázmány Péter sétány 1/c. – korponai.kristof@gmail.com
- Kovács Levente – MTA Szegedi Biológiai Kutatóközpont, Magyarország – kovacs.levente@brc.mta.hu
- Kovács Orsolya – BBTE Biológia és Ökológia Intézet, Kolozsvár, Románia – orsi_1997@yahoo.com
- Laczkó Levente – Debreceni Egyetem TTK Növénytani Tanszék, Debrecen, Magyarország – nagyonlevente@gmail.com
- Lakatos K. Tímea – Debreceni Egyetem, Magyarország – lakatos.k.timea@gmail.com
- László Zoltán – MBÖI, BBTE, Clinicilor 5-7, 400006 Kolozsvár, Románia – laszlozoltan@gmail.com
- Lehoczki Fanni – ELTE Etológia tanszék, Lágymányosi campus déli tömb, Budapest, Pázmány Péter stny. 1c, 1117. – lfanna92@gmail.com
- Lőrincz Csanád – BBTE Biológia és Ökológia, Románia – lendre1992@yahoo.com
- Lózer Magdolna Beáta – Babeş-Bolyai Tudományegyetem, Biológia és Geológia kar, Románia – bea.lozer@yahoo.com
- Lunka Tekla Amália – BBTE, Ökológia, Románia – tekla.lunka@gmail.com
- Macalik Kunigunda – Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, BBTE – kmacalik@gmail.com
- Málnás Kristóf – BioAqua Pro KFT, Magyarország – malnask@gmail.com
- Mangó Katalin – Szegedi Tudományegyetem, Genetika tanszék, Szeged, Magyarország – kattyka93@gmail.com
- Márton Zsuzsanna – Eötvös Loránd Tudományegyetem, Mikrobiológiai Tanszék, Magyarország, 1117 Budapest, Pázmány Péter sétány 1/C. – mzsuzsi06@gmail.com
- Márton Zsuzsanna – Szegedi Biológiai Kutatóközpont, Magyarország – marton.zsuzsanna@brc.mta.hu / martonzs@brc.hu
- Mezőfényi Noémi – Babeş-Bolyai Tudományegyetem, Románia – mezofenyinoemi@yahoo.com
- Miklovics Nikolett – Szegedi Tudományegyetem Biotechnológiai Tanszék, H-6726, Szeged Közép fasor 52. – mmiklovicsnikolett@gmail.com
- Moldován Norbert – Szegedi Tudományegyetem, Általános Orvostudományi Kar, Orvosi Biológiai Intézet – moldovan.norbert@med.u-szeged.hu
- Müller Tamás – Szent István Egyetem, Magyarország, H-2100, Gödöllő, Péter K. u. 1. – muller.tamas@mkk.szie.hu
- Nagy Ágota – Szegedi Tudományegyetem, Genetika Tanszék, Magyarország – nagyagota.na@gmail.com
- Nagy András Attila – Románia – andrasattila.nagy@milvus.ro
- Nagy Dávid – MTA-DE Biodiverzitás Kutatócsoport, Magyarország, Egyetem tér 1, H-4032 Debrecen, Hungary – nagydavin@gmail.com
- Nagy Nikolett – Debreceni Egyetem TTK Evolúciós Állattani és Humánbiológiai Tanszék, Magyarország – nnolett@gmail.com
- Nagy Zsuzsánna – Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, Babeş-Bolyai Tudományegyetem, Clinicilor u. 5-7, Kolozsvár, Románia; Ökológiai Tanszék, Szegedi Tudományegyetem, Közép fasor 52, Szeged, Magyarország, Pillich Kálmán 18, Szeged – zsuzsanna_nagy@yahoo.com
- Neller Alexandra – Szegedi Tudományegyetem, Genetika Tanszék, Szeged, Magyarország – alexaneller@gmail.com
- Oláh Szilvia – ELTE, Biológiai Intézet, Molekuláris és Rendszer Neurobiológiai Ktcs., Magyarország, Budapest, 8 ker. Homok u 4-6/19 – olahszilvia@yahoo.com
- Osváth-Ferencz Márta – Babeş-Bolyai Tudományegyetem, Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, 400006, Klinikák utca 5-7., Kolozsvár, Románia – ferenczke@hotmail.com
- Ottlik Dorottya – Szegedi Tudományegyetem, Genetikai Tanszék, Magyarország – ottlik.dorottya@gmail.com
- Pénzes Janka – Evolúciós Ökológia Kutatócsoport, Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, Babeş-Bolyai Tudományegyetem, Kolozsvár, Románia – penzesjanka@gmail.com

17. Kolozsvári Biológus Napok



- Péter Áron – Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, Babeş-Bolyai Tudományegyetem, Románia – aronpeter92@gmail.com
- Péter Emőke – Babeş-Bolyai Tudományegyetem, Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet– Románia – emokefranciska@gmail.com
- Rádai Zoltán – Evolúciós Állattani és Humánbiológiai Tanszék, Debreceni Egyetem, Magyarország, 4032 Debrecen, Egyetem tér 1. – zozzi.web@gmail.com
- Rés Katalin – Babeş-Bolyai Tudományegyetem, Románia – kata_res@yahoo.com
- Rigó Gábor – MTA Szegedi Biológiai Kutatóközpont, H-6726 Szeged, Temesvári krt. 62., Magyarország – rigo.gabor@brc.mta.hu
- Ritter Zsuzsanna – Debreceni Egyetem Magyarország – ritter.zsuzsi@gmail.com
- Sándor Diána – MTA ATK ÁOTI Halkórtan és Parazitológia Témacsoport, Magyarország, 1143, Hungária krt. 21. Budapest – sandor.diana.elte@gmail.com
- Schmidt Simona- Raluca – BBTE Biológia szak, Kolozsvár, Románia – schmidtmona@yahoo.com
- Sebestyén Flóra – Debreceni Egyetem, Magyarország, 4032 Debrecen, Egyetem tér 1. – flora.sebestyen@gmail.com
- Sramkó Gábor – Debreceni Egyetem TTK Növénytan Tanszék, Magyarország – sramko.gabor@science.unideb.hu
- Staszny Ádám – Szent István Egyetem, Halgazdálkodási Tanszék, Magyarország, 2100 Gödöllő, Péter K. u. 1. – Staszny.Adam@mkk.szie.hu
- Szabó Csilla – BBTE Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, Románia – csilla.kosar@gmail.com
- Szabó Emerencia – Babeş-Bolyai Tudományegyetem, Románia – emerenciaszabo@gmail.com
- Szarkándi János Gergő – Mikrobiológiai Tanszék, Természettudományi és Informatikai Kar, Szegedi Tudományegyetem, Magyarország, 6726, Fő fasor 37/1, Szeged – szarkandi.g@gmail.com
- Szekeres Edina-Kriszta – NIRDBS, Algology and Microbial Metagenomics Laboratory, Institute of Biological Research Cluj-Napoca, Romania – edina.szekeres@icbcluj.ro
- Szemán Karola – Debreceni Egyetem, Magyarország – szeman.karola@gmail.com
- Szuróczi Sára – Eötvös Loránd Tudományegyetem, Magyarország, 1115 Budapest, Bartók Béla út 117-121/A – sara.szuroczi@gmail.com
- Takács Péter – MTA ÖK Balatoni Limnológiai Intézet, Magyarország – takacs.peter@okologia.mta.hu
- Tamás Réka – Pogány-havas Kistérségi Társulás, Románia, 530203 Csíkszereda, Szék útja 123 – tamas.reka@poganyhavas.ro
- Tímár Rita – Románia – rritammm@gmail.com
- Tölgyesi Csaba – Ökológiai Tanszék, Szegedi Tudományegyetem, Magyarország – festuca7@yahoo.com
- Torma Attila – SZTE, Ökológiai Tanszék, Magyarország – torma_a@yahoo.com
- Török Edina – Román Akadémia Biológia Intézet, Splaiul Independenței 296, 060031 București, Románia / Interdiszciplinális Bio – Nano – kutató intézet Babeş – Bolyai Tudományegyetem, Treboniu Laurian 42, 400271, Kolozsvár, Románia / Clinicilor 5-7, 400006, Kolozsvár – edinatorok7@gmail.com
- Tóth Ádám Péter – Debreceni Egyetem Magyarország – tothadampeter@gmail.com
- Tóth Zsófia – Debreceni Egyetem, Evolúciós Állattani és Humánbiológiai Tanszék, Magyarország, 4032 Debrecen, Egyetem tér 1, 1.010-es labor – hylidae91@gmail.com
- Turoczi Andrea – Babeş-Bolyai Tudományegyetem, Románia – andituroczi@gmail.com
- Ürmösi Adél – Szegedi Tudományegyetem, Biokémiai és Molekuláris Biológiai Tanszék, Magyarország, 6726 Szeged, Közép fasor 52 – urmosiadel@gmail.com
- Varga Mónika – MTA Szegedi Biológiai Kutatóközpont, 6726 Szeged, Traktor u. 93., Magyarország – monika.varga1@gmail.com
- Vargancsik Dorottya – Evolúciós Ökológia Kutatócsoport, Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, Babeş-Bolyai Tudományegyetem, Kolozsvár, Románia – doka_4444@yahoo.com
- Várkonyi Levente – Szent István Egyetem, Mezőgazdaság- és Környezettudományi Kar, Környezet- és Tájgazdálkodási Intézet, Halgazdálkodási Tanszék, Magyarország – Varkonyi.Levente@mkk.szie.hu
- Veres Róbert – Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, Babeş-Bolyai Tudományegyetem, Kolozsvár, Clinicilor 5-7, 400006, Romania – veres_robi75@yahoo.com
- Zsigmond Laura – MTA Szegedi Biológiai Kutatóközpont, Magyarország, 6726 Szeged, Temesvári krt. 62. – zsigmond.laura@brc.mta.hu





