

Kolozsvár

Cluj-Napoca

2018

április 13 - 14



19th Biology Days

Zilele Biologice din Cluj, ed. a 19-a

19. Kolozsvári Biológus Napok

Abstracts

Volum de abstracte

Kivonatfüzet

19. KOLOZSVÁRI BIOLÓGUS NAPOK

Kivonatfüzet



Kolozsvár
2018
április 13 - 14

Szervezők/Organizers:

Babeş-Bolyai Tudományegyetem (BBTE)
Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet (MBOI)
Apáthy István Egyesület

MTA Kolozvári Akadémiai Bizottság Biológia és Ökológia Szakbizottsága



Apáthy István
Egyesület



Támogatók:



**COMMUNITAS
ALAPÍTVÁNY**
Alapította az RMDSZ



**EMBERI ERŐFORRÁS
TÁMOGATÁSKEZELŐ**



**EMBERI ERŐFORRÁSOK
MINISZTERIUMA**



**Nemzeti
Tehetség Program**



MINISZTERELNÖKSÉG
NEMZETPOLITIKAI ÁLLAMTITKARSÁG

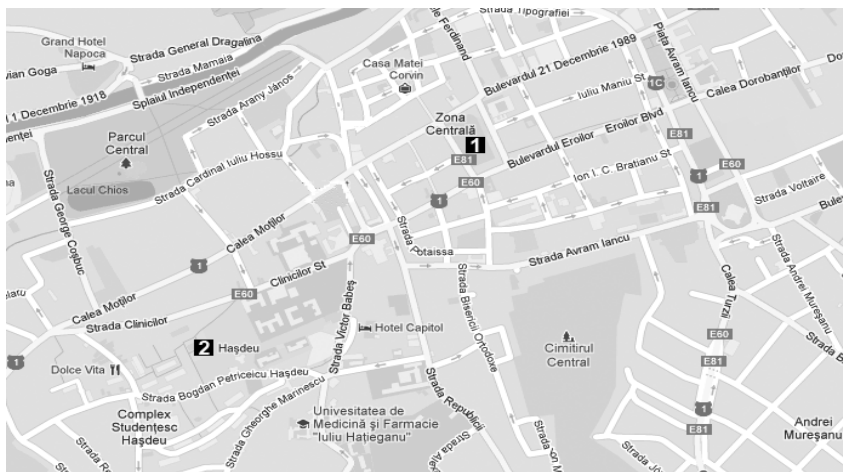


BETHLEN GÁBOR
Alap



NATURA PAPER
HANDMADE PAPER & PRINT

Borítókép: Kósa Ferenc



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

Szervezőbizottság:

Vágási I. Csongor - MBÖI

Markó Bálint - MBÖI

László Zoltán - MBÖI

Osváth Gergely - MBÖI

A szervezésben segítettek:

Bálint Balázs, Daubner Timea-Ingrid, Dénes Anna,

Izsán Antal, Miholcsa Zsombor, Nagy Gergely,

Papp Edgár, Péntes Janka, Rés Katalin,

Simon Brigitta, Szabó Csilla, Zelina Konrád





Tartalomjegyzék / Contents

A konferencia programja / Conference program.....9

Kivonatok / Abstracts

PLENÁRIS ELŐADÁSOK

| | |
|---|----|
| Herczeg Gábor: Kapcsolt vagy független evolúció? Az agyterületek kvantitatív genetikája halaknál és kétélűtűeknél..... | 20 |
| Krizsán Krisztina, Almási Éva, Arun Prasanna, Kiss Brigitta, Bálint Balázs, Nagy István, Nagy G. László: Bepillantás a gomba termőtest képzés genetikai hátterébe..... | 21 |
| Liker András: Városi vadon: az urbanizáció ökológiai, viselkedési és evolúciós következményei..... | 22 |
| Vincze Orsolya: Életmenet jellegek fiziológiai háttere: fajok közti és fajon belüli variancia..... | 23 |

KISELŐADÁSOK

| | |
|---|----|
| Antal Orsolya, Dénes Anna, Nagy H. Beáta, László Zoltán: Fajkicsérélődés lokális és tájleptéktű változók függvényében alföldi szitakötő közösségek esetében..... | 25 |
| Benedek Veronika, Englert Péter: A rametalózáshatása a klonális növekedésre..... | 26 |
| Bozóki Balázs, Scheuer Zsuzsanna, Antalicz Csaba, Vági Balázs: A szemléletformálás és környezeti nevelés egy sajátos módja: a békamentés..... | 27 |
| Börcsök Dalma, Horváth Gábor, Laczkó-Dobos Hajnalka, Juhász Gábor: Az Atg8 fehérje lipidációjának vizsgálata <i>in vitro</i> rendszerben..... | 28 |
| Brânduș Bianca: A komplement H-faktorral rokon fehérjék kölcsönhatása bakteriális ligandumokkal..... | 29 |
| Bukor Boglárka, Bókony Veronika, Hammer Tamás, Papp Sándor, Pipoly Ivett, Preiszner Bálint, Seress Gábor, Sinkovics Csenge, Vincze Ernő, Liker András: Éven belüli és évek közötti újrafészkelések gyakorisága, erdei és városi széncinege populációkban..... | 30 |
| Bücs Szilárd-Lehel, Csósz István, Barti Levente, Bălăsoiu Dragoș, Jakab Endre, Corduneanu Alexandra, Péter Áron, Sándor D. Attila, Jére Csaba: A Méhely patkósdenevér (<i>Rhinolophus mehelyi</i>) helyzete Romániában: milyen fokú védelemre van szüksége a 2018-as Év Denevérének?..... | 31 |
| Csákány Olivér: Az orchideák magvainak csíráztatása <i>in vitro</i> gombafonalas kapcsolatok nélkül, steril környezetben..... | 32 |
| Czikkelyné Ágh Nóra, Pipoly Ivett, Bókony Veronika, Vincze Ernő, Seress Gábor, Szabó Krisztián, Liker András: Környezeti tényezők és a szülők testméreteinek hatása a fészekalj ivararányára széncinegékénél..... | 33 |
| Daubner Timea-Ingrid, Osváth Gergely, Gareth Dyke, Fuisz Tibor, Andreas Nord, Pénez Janka, Vargancsik Dorottya, Vágási I. Csongor, Vincze Orsolya, Pap Péter L.: Mely fajok rendelkeznek a legsűrűbb tollazattal? Az élőhely típusának és hőmérsékletének hatása a madarak tollsűrűségére..... | 34 |
| Dénes Anna, Antal Orsolya, Nagy H. Beáta, Dénes Avar-Lehel, László Zoltán: Táj szintű és lokális változók hatása alföldi szitakötő-közösségek diverzitására..... | 35 |
| Fazakas Zsolt, Csiki Zsuzsanna, Markó Bálint: Fertőzött társadalom? A <i>Rickia wasmannii</i> ektoparazita gomba hatása a munkamegosztásra hangyáknál..... | 36 |
| Fekete Judit, Mizsei Edvárd, Várbíró Gábor: A <i>Cordulegaster heros</i> Theischinger, 1979 és a <i>Cordulegaster bidentata</i> Selys, 1843 potenciális előfordulásának modellezése..... | 37 |
| Figler Aida, Bácsi István: <i>Chlorella</i> fajok sótoleranciájának és sótalanító képességének vizsgálata..... | 38 |



| | |
|---|----|
| Freytag Csongor, Szücs Boglárka, Papp Georgina Viktória, Magi Dorottya, Kelemen Adrienn, Garda Tamás, Máthé Csaba: A mikrocisztin-LR hatásai a sejtosztódásra különböző modell növényekben..... | 39 |
| Fülöp Attila, Vágási I. Csongor, Osváth Gergely, Pap Péter László, Péntes Janka, Lendvai Ádám Z., Benkő Zoltán, Barta Zoltán: Édes sokszínűség: a változatos összetételű csoportok egyedei kevésbé stresszeltek..... | 40 |
| Garda Tamás, Máthé Csaba, Papp Georgina Viktória, Vasas Gábor, Tomasz Nodzynski: A mikrocisztin-LR (MCY-LR) hatása az auxin transzport fehérjékre <i>Arabidopsis thaliana</i> csíranövényekben..... | 41 |
| Gerber Dániel, Gál Erika, Szécsényi-Nagy Anna: Ló sztori - a lovak háziásításának rövid története..... | 42 |
| Gyenge L. Ervin, Márkus Bernadett, Csősz Éva: A szájúregi laphámrák és a leukoplákia jellemző nyálfehérje profil vizsgálata tömegspektrometriás módszerekkel..... | 43 |
| Hegyeli Zsolt, Fülöp Tihamér: Elütött gerincesek vizsgálata egy bányai agrártájtban..... | 44 |
| Holinka Botond, Horváth Edit, Csiszár Jolán: Sóstressz válasz fluoreszcens mikroszkópos vizsgálata <i>Arabidopsis</i> glutation transzferáz inszercióis mutánsok gyökerén..... | 45 |
| Horváth Gergely, Gonzalo Rodríguez Ruiz, José Martín, Pilar López, Herczeg Gábor: A születést megelőző és azt követő környezeti eltérések hatása fiatal <i>Iberolacerta cyreni</i> gyíkok viselkedési konzisztenciájára..... | 46 |
| Igor Siedlecki, Marta Wrzosek, Szabó Ágota, Julia Pawłowska, Markó Bálint: Egy hangyányi gomba – <i>A Myrmica scabrinodis</i> gombafőrája..... | 47 |
| Imecs István, Nagy András-Attila: Új modell a botos kölonte (<i>Cottus gobio</i>) populációszerkezet alapján történő természetmegőrzési állapotának kiértékeléséhez Romániában..... | 48 |
| Jipa András, Takáts Szabolcs, Varga Ágota, Vedelek Viktor, Ürmösi Adél, Margaret Mukami, Sinka Rita, Horváth Gábor V., Juhász Gábor: Atg8 gének mutáns alléljainak jellemzése <i>Drosophila melanogaster</i> -ben..... | 49 |
| Juhász Erika, Molnár Zsolt, Babai Dániel, Ulicsni Viktor, Bíró Marianna: Természetvédelmi szakmai tudás az eurázsiai hód (<i>Castor fiber</i>) kapcsán a Kárpát-medencében..... | 50 |
| Juhász Orsolya, Fűrjes-Miklós Ágnes, Tenyér Anna, Somogyi Anna Ágnes, Dianne J. Aguilon, Maák István: A klímaváltozás hatásai a <i>Formica rufa</i> fajcsoportra..... | 51 |
| Kiss Csaba, Kovács Tibor, Mezei Adrián, Cserkés Tamás, Laczi Miklós: 3D geometriai morfológiai vizsgálat görénykoponyákon (Carnivora, Mustelidae, <i>Putorius</i>)..... | 52 |
| Kiss Réka, Deák Balázs, Török Péter, Tóthmérész Béla, Valkó Orsolya: A magbank jelentősége a változó világban - Képes a magbank szembenézni az éghajlat-változással?..... | 53 |
| Kelemen Tünde I., Prázmári Hunor, Veres Róbert, László Zoltán: A <i>Diplolepis rosae</i> és <i>D. mayri</i> egy- és többkamrás gubacsai parazitáltságának összehasonlítása..... | 54 |
| Kertész Krisztián, Piszter Gábor, Horváth Zsolt Endre, Bálint Zsolt, Bíró László Péter: Szerkezeti és pigment eredetű színek változása <i>Polyommatus icarus</i> lepkék szárnyain..... | 55 |
| Kovács Levente, Jennifer Chao-Chu, Sandra Schneider, Agnieszka Fatalaska, Magdalena M. Richter, Marco Gottardo, George Tzolovsky, Nikola S. Dzhindzhev, Maria Giovanna Riparbelli, Giuliano Callaini, Michal Dadlez, David M. Glover: Egy színész két ruhában: egy Golgi fehérje a centriolum közepén..... | 56 |
| Kövendi-Jakó Anna, Halassy Melinda, Csecserits Anikó, Szitár Katalin, Hülber Karl, Wrbka Thomas, Török Katalin: Száraz gyepek restaurációja iparterületen..... | 57 |
| Lanszki Zsófia, Horváth F. Győző: A Kis-Balatonon végzett hosszú távú kisméltős felmérés faunisztikai értékelése..... | 58 |
| László Zoltán, Chris Looney: Mi tudható a rózsagubacsdarazsak (<i>Diplolepis</i> sp.) fajképződési központjairól?..... | 59 |
| Lukács Dóra, Fülöp Attila, Németh Zoltán, Kocsis Bianka, Bereczki Judit, Kosztolányi András, Barta Zoltán: Tovább él, akinek több barátja van? A szociális kapcsolatok hatása a szezonális túlélésre szabadon élő mezei verebeknél (<i>Passer montanus</i>)..... | 60 |



| | |
|---|----|
| Lukács Katalin, Kiss Réka, Deák Balázs, Tóth Katalin, Godó Laura, Miglécz Tamás, Sonkoly Judit, Radócz Szilvia, Kelemen András, Török Péter, Tóthmérés Béla, Valkó Orsolya: Az ökológusok mint magterjesztők - Tüleklik-e a ruháinkon terjedő magok a mosógépi mosást? | 61 |
| Markó Bálint, Csata Enikő, Luca Pietro Casacci, Joachim Ruther, Jürgen Heinze: Egy ektoparazita gomba hatása az idegen-diszkriminációra a <i>Myrmica scabrinodis</i> hangyafajnál | 62 |
| Marton Attila, Bóné Gábor, Hegyeli Zsolt, Kovács István, Nagy András Attila, Sos Tibor, Bán Miklós: Románia legnagyobb nemkormányzati, nyílt hozzáférésű biológiai adattárjai | 63 |
| Máthé Csaba, Garda Tamás, Freytag Csongor, Szücs Boglárka, M-Hamvas Márta, Vasas Gábor, Vámosi György: A torma allil-izotiocianát rendellenes szubcelluláris organizációt és a mikrocisztrin-LR-rel együtt mitózis blokkot idéző elő a lóbab merisztéma sejtjeiben | 64 |
| Mentes Anikó, Tugyi Nóra, Somogyi Boglárka, Vörös Lajos, Felföldi Tamás: Huminanyag-tartalom hatása a planktonikus mikrobiális közösségekre tíz tó példáján | 65 |
| M-Hamvas Márta, Máthé Csaba, Jenői Nándor, Ajtay Kitti, Jámbrik Katalin, Vasas Gábor: Cianobakteriális toxinok által indukált sejthalál folyamatok összehasonlítása a sziklevelek természetes szeneszcenciájával fehér mustár (<i>Sinapis alba</i> L.) csíranövények felhasználásával | 66 |
| Miholcsa Zsombor, Szabó Anna, Sándor Dorottya, Kovács-Hostyánszki Anikó, Szigeti Viktor, Kovács Orsolya, Fenesi Annamária: Hasonló jellegekkel rendelkező inváziós növények hasonlóan hatnak-e az őshonos növényközösségekre? | 67 |
| Miklós Máté, Laczkó Levente, Sramkó Gábor, Sebestyén Flóra, Barta Zoltán, Tökölyi Jácint: <i>Hydra oligactis</i> populációgenomikai vizsgálata | 68 |
| Müller Dalma, Annus Tamás, Kovács Mihály, Varga Máté: A kettős szálú DNS törést követő hibajavítás tanulmányozása zebrahalban | 69 |
| Nagy András Attila, Imecs István: A romániai természetvédelem útvestői | 70 |
| Nagy Nikolett Andrea, Németh Zoltán, Kosztolányi András, Barta Zoltán: Inotocin a nagyfejű csajkóban (<i>Lethrus apterus</i>) | 71 |
| Nagy Zsuzsánna, Udvardy Andor, Lipinszki Zoltán: Hogyan tisztítsunk fehérjét és detektáljunk egy monoklonális ellenanyaggal? | 72 |
| Palásti Péter, Kerepeczki Éva: A Biharugrai-halastavak ökoszisztéma szolgáltatásainak kínálata, helyi ismertsége és megítélése | 73 |
| Páll-Gergely Barna, Fehér Zoltán: Szárazföldi csigák légcsőrendszere új családokat határoz meg | 74 |
| Péter Áron, Barti Levente, Csász István, Alexandra Cordoneanu, Földvári Mihály, Sándor D. Attila: Denevérlegyek (<i>Nycteribiidae</i>) gazdaspecifikusságának a vizsgálata romániai és bulgáriai denevéropulációkon | 75 |
| Pongor Lórinç, Marino-Ramirez Leonardo, Györfly Balázs, Landsman David, Vera Alvarez Roberto: Génkifejeződést befolyásoló mutációk azonosítása emlődagatokban | 76 |
| Prázmári Hunor, László Zoltán: Egy hengeres fémfürkész első előfordulási adatai Kárpát-medencei rózsagubacsokból | 77 |
| Sonkoly Judit, Kelemen András, Valkó Orsolya, Deák Balázs, Kiss Réka, Tóth Katalin, Miglécz Tamás, Tóthmérés Béla, Török Péter: Az egyenletesség befolyásolása kísérleti gyepek közösségeiben bizonyítékul szolgál a domináns fajok szerepére a közösség biomassza produkciójának meghatározásában | 78 |
| Soós Bálint, Cinege Gyöngyi, Lerner Zita, Kurucz Éva, Andó István: Hatékony immunválasz sokmagvú óriás vészejték segítségével <i>Drosophila</i> fajokban | 79 |
| Sramkó Gábor: Filogenomikai módszerek közelmúltbeli radiációk feltárásához | 80 |
| Staszny Ádám, Sziráki Bence, Urbányi Béla, Szári Zsolt, Fodor Ferenc, Nagy Gábor, Tulipán Tibor, Németh Ferenc, Havranek Mihály, Ferincz Árpád: Mesterséges ivófészkek fejlesztése a Balatonban | 81 |
| Szanyi Kálmán, Szanyi Szabolcs: A Nagydobronyi Vadvédelmi Rezervátum területéről származó tegzes (<i>Trichoptera</i>) fajok rajzási mintázatainak összehasonlítása | 82 |



| | |
|--|----|
| Szeifert Bea, Csáky Veronika, Pósa Annamária, Gerber Dániel: Őseink nyomában az archeogenetika eszköztárával | 83 |
| Takács Péter, Bánó Bálint, Erős Tibor: A Közép-Dunai halfauna funkcionális diverzitása | 84 |
| Torma Gábor, Tombác Dóra, Prazsák István, Szűcs Attila, Boldogkői Zsolt: A Vakcína vírus genom és transzkriptom analízise hosszú-read szekvenálással | 85 |
| Tóth Dávid, Kiss Viktória, Juhász Gábor: Atg9 gén szerepe az ecetmuslicák petefészékében | 86 |
| Török Péter, Penksza Károly, Tóth Edina, Kelemen András, Sonkoly Judit, Tóthmérész Béla: Szarvasmarha legeltetés gyeptípus és legelés-intenzitásfüggő hatásai | 87 |
| Ujvárosi Beáta-Lujza, Nemes Izabella-Mónika, Dénes Anna, Keresztes Lujza, Szabó László József, Török Edina: Csípőszúnyogok (Diptera, Culicidae) tenyészhelyek azonosítása és lárvá-együtteseinek minőségi és mennyiségi felmérése Kolozsvár és környékének vizes élőhelyein, Románia | 88 |
| Ürmösi Adél, Bhattacharjee Arindam, Jipa András, Juhász Gábor: Az ubikvitin függő szelektív autofágia vizsgálata p62/Ref(2)P LIR mutáns <i>Drosophila</i> modellen | 89 |
| Vincze Ernő, Bókony Veronika, Pipoly Ivett, Seress Gábor, Preiszner Bálint, Papp Sándor, Németh Brigitta, Liker András: Széncinegék emberrel és karvallyal szembeni viselkedése városban és erdőben: általános vagy veszély-specifikus kockázatvállalási viselkedés? | 90 |

POSZTEREK

| | |
|---|-----|
| Baciu Noémi: Öreg fák felmérése fiatalok segítségével Tordán | 92 |
| Benedek Bianka: Talajminőség vizsgálat Marosvásárhelyen és környékén | 93 |
| Gergely Kinga, Zalányi Eszter Boróka: Illóolajok a csodabacilus ellen | 94 |
| Gerő Heléna Adrienn: Fluocinolon-acetonid N kenőcs mellékhatása májban és vesében | 95 |
| Pálosi Réka, János Patrik: Eltér-e egymástól a különböző hangyafajok felszíni gombaflórája? | 96 |
| Kelemen Atilla Botond, Lukács Andrea: A szagok varázsa a hangyák életében | 97 |
| Nagy Erzsébet, Posta Csanád: A csábítás diszkrét bája: szárny-interferencia mintázatok (SZIM) vizsgálata kétszárnyúaknál (Insecta, Diptera) | 98 |
| Szabó Barta Péter: Öreg fák feltérképezése városi környezetben: előtanulmány Margittáról | 99 |
| Szűcs Hanna, Takács Dénes: Az Erdélyi-medence paleogén <i>Nummulites perforatus</i> és <i>N. fabianii</i> -együtteseinek összehasonlító biometriai vizsgálata | 100 |
| Tamás György: Az exogén glükokortikoidok mellékhatásai a pajzsmirigyben és a mellékvesében | 101 |



19. Kolozsvári Biológus Napok – részletes program –

Péntek, április 13.

08:00 Regisztráció

08:50 Megnyitó

Plenáris előadás – Gerinctelen Állattan előadóterem (SZN), 1. emelet

09:00 Vincze Orsolya: Életmenet jellegek fiziológiai háttere: fajok közti és fajon belüli variancia

Kiselőadások (ülészvezető: Vincze Orsolya) – Gerinctelen Állattan előadóterem (SZN), 1. emelet

10:00 Vincze Ernő, Bókony Veronika, Pipoly Ivett, Seress Gábor, Preiszner Bálint, Papp Sándor, Németh Brigitta, Liker András: *Széncinegék emberrel és karvallyal szembeni viselkedése városban és erdőben: általános vagy veszély-specifikus kockázatvállalási viselkedés?*

10:15 Fazakas Zsolt, Csiki Zsuzsánna, Markó Bálint: *Fertőzött társadalom? A Rickia wasmannii ektoparazita gomba hatása a munkamegosztásra hangyáknál*

10:30 Horváth Gergely, Gonzalo Rodríguez Ruiz, José Martín, Pilar López, Herczeg Gábor: *A születést megelőző és azt követő környezeti eltérések hatása fiatal Iberolacerta cyreni gyíkok viselkedési konzisztenciájára*

10:45 Markó Bálint, Csata Enikő, Luca Pietro Casacci, Joachim Ruther, Jürgen Heinze: *Egy ektoparazita gomba hatása az idegen-diszkriminációra a Myrmica scabrinodis hangyafajnál*

11:00–11:15 Kávészünet

Kiselőadások (ülészvezető: Keresztes Lujza) – Gerinctelen Állattan előadóterem (SZN), 1. emelet

11:15 Kiss Csaba, Kovács Tibor, Mezei Adrián, Cserkész Tamás, Laczi Miklós: *3D geometriai morfológiai vizsgálat görénykoponyákon (Carnivora, Mustelidae, Putorius)*

11:30 Hegyeli Zsolt, Fülöp Tihamér: *Elütött gerincesek vizsgálata egy bántási agrártájban*



- 11:45 Lanszki Zsófia, Horváth F. Győző: *A Kis-Balatonon végzett hosszú távú kisémlős felmérés faunisztikai értékelése*
- 12:00 Ujvárosi Beáta-Lujza, Nemes Izabella-Mónika, Dénes Anna, Keresztes Lujza, Szabó László József, Török Edina: *Csipőszúnyogok (Diptera, Culicidae) tenyészhelyek azonosítása és lárva-együtteseinek minőségi és mennyiségi felmérése Kolozsvár és környékének vizes élőhelyein, Románia*
- 12:15–14:00 Ebédszünet

Plenáris előadás – Gerinctelen Állattan előadóterem (SZN), 1. emelet

- 14:00 Herczeg Gábor: *Kapcsolt vagy független evolúció? Az agyterületek kvantitatív genetikája halaknál és kétélttűeknél*

Párhuzamos szekció #1

Kiselőadások (ülésvetető: Sramkó Gábor) – Gerinctelen Állattan előadóterem (SZN), 1. emelet

- 15:00 Sramkó Gábor: *Filogenomikai módszerek közelmúltbeli radiációk feltáráshoz*
- 15:15 Torma Gábor, Tombácz Dóra, Prazsák István, Szűcs Attila, Boldogkői Zsolt: *A Vakcínia vírus genom és transzkriptom analízise hosszú-read szekvenálással*
- 15:30 Miklós Máté, Laczkó Levente, Sramkó Gábor, Sebestyén Flóra, Barta Zoltán, Tökölyi Jácint: *Hydra oligactis populációgenomikai vizsgálata*
- 15:45 Szeifert Bea, Csáky Veronika, Pósa Annamária, Gerber Dániel: *Őseink nyomában az archeogenetika eszköztárával*

- 16:00–16:15 Kávészünet

Párhuzamos szekció #2

Kiselőadások (ülésvetető: Nagy András Attila) – Apáthy István előadóterem (B2), 2. emelet

- 15:00 Bozóki Balázs, Scheuer Zsuzsanna, Antalicz Csaba, Vági Balázs: *A szemléletformálás és környezeti nevelés egy sajátos módja: a békamentés*
- 15:15 Staszny Ádám, Sziráki Bence, Urbányi Béla, Szári Zsolt, Fodor Ferenc, Nagy Gábor, Tulipán Tibor, Németh Ferenc, Havranek Mihály, Ferincz Árpád: *Mesterséges ívófészkek fejlesztése a Balatonban*



- 15:30 Juhász Erika, Molnár Zsolt, Babai Dániel, Ulicsni Viktor, Biró Marianna: *Természetvédelmi szakmai tudás az eurázsiai hód (Castor fiber) kapcsán a Kárpát-medencében*
- 15:45 Figler Aida, Bácsi István: *Chlorella fajok sótoleranciájának és sótoleráló képességének vizsgálata*
- 16:00–16:15 Kávészünet

Párhuzamos szekció #1

Kiselőadások (ülésvezető: Máthé Csaba) – **Gerinctelen Állattan előadóterem (SZN)**, 1. emelet

- 16:30 Garda Tamás, Máthé Csaba, Papp Georgina Viktória, Vasas Gábor, Tomasz Nodzynski: *A mikrocisztin-LR (MCY-LR) hatása az auxin transzport fehérjékre Arabidopsis thaliana csíranövényekben*
- 16:45 Máthé Csaba, Garda Tamás, Freytag Csongor, Szücs Boglárka, M-Hamvas Márta, Vasas Gábor, Vámosi György: *A torma allil-izotiocianát rendellenes szubcelluláris organizációt és a mikrocisztin-LR-rel együtt mitózis blokkot idéz elő a lóbab merisztéma sejtjeiben*
- 17:00 M-Hamvas Márta, Máthé Csaba, Jenei Nándor, Ajtay Kitti, Jámbrik Katalin, Vasas Gábor: *Cianobakteriális toxinok által indukált sejthalál folyamatok összehasonlítása a sziklevek természetes szeneszcenciájával fehér mustár (Sinapis alba L.) csíranövények felhasználásával*
- 17:15 Holinka Botond, Horváth Edit, Csiszár Jolán: *Sóstressz válasz fluoreszcens mikroszkópos vizsgálata Arabidopsis glutation transzferáz inszerciós mutánsok gyökerén*
- 17:30 Ürmösi Adél, Bhattacharjee Arindam, Jipa András, Juhász Gábor: *Az ubikvitin függő szelektív autofágia vizsgálata p62/Ref(2)P LIR mutáns Drosophila modellen*
- 17:45 Jipa András, Takáts Szabolcs, Varga Ágota, Vedelek Viktor, Ürmösi Adél, Margaret Mukami, Sinka Rita, Horváth Gábor V., Juhász Gábor: *Atg8 gének mutáns alléljainak jellemzése Drosophila melanogaster-ben*
- 18:00 Soós Bálint, Cinege Gyöngyi, Lerner Zita, Kurucz Éva, Andó István: *Hatékony immunválasz sokmagvú óriás vérszövetek segítségével Drosophila fajokban*



- 18:15 Kovács Levente, Jennifer Chao-Chu, Sandra Schneider, Agnieszka Fatalska, Magdalena M. Richter, Marco Gottardo, George Tzolovsky, Nikola S. Dzhindzhev, Maria Giovanna Riparbelli, Giuliano Callaini, Michal Dadlez, David M. Glover: *Egy színész két ruhában: egy Golgi fehérje a centriolum közepén*
- 18:30 Müller Dalma, Annus Tamás, Kovács Mihály, Varga Máté: *A kettős szálú DNS törést követő hibajavítás tanulmányozása zebrahalban*
- 18:45–19:00 Kávészünet

Párhuzamos szekció #2

Kiselőadások (ülésvezető: Hartel Tibor) – Apáthy István előadóterem (B2), 2. emelet

- 16:30 Nagy András Attila, Imecs István: *A romániai természetvédelem útvessztői*
- 16:45 Miholcsa Zsombor, Szabó Anna, Sándor Dorottya, Kovács-Hostyánszki Anikó, Szigeti Viktor, Kovács Orsolya, Fenesi Annamária: *Hasonló jellegekkel rendelkező inváziós növények hasonlóan hatnak-e az őshonos növényközösségekre?*
- 17:00 Török Péter, Penksza Károly, Tóth Edina, Kelemen András, Sonkoly Judit, Tóthmérész Béla: *Szarvasmarha legeltetés gyep típus és legelés-intenzitásfüggő hatásai*
- 17:15 Sonkoly Judit, Kelemen András, Valkó Orsolya, Deák Balázs, Kiss Réka, Tóth Katalin, Migléc Tamás, Tóthmérész Béla, Török Péter: *Az egyenletesség befolyásolása kísérleti gyepközösségekben bizonyítékul szolgál a domináns fajok szerepére a közösség biomassza termelésében*
- 17:30 Kövendi-Jakó Anna, Halassy Melinda, Csecserits Anikó, Szitár Katalin, Hülber Karl, Wrbka Thomas, Török Katalin: *Száraz gyep restaurációja iparterületen*
- 17:45 Kiss Réka, Deák Balázs, Török Péter, Tóthmérész Béla, Valkó Orsolya: *A magbank jelentősége a változó világban - Képes a magbank szembenézni az éghajlat-változással?*
- 18:00 Lukács Katalin, Kiss Réka, Deák Balázs, Tóth Katalin, Godó Laura, Migléc Tamás, Sonkoly Judit, Radócz Szilvia, Kelemen András, Török Péter, Tóthmérész Béla, Valkó Orsolya: *Az ökológusok mint magterjesztők - Túlél-e a ruháinkon terjedő mag a mosógépi mosást?*



- 18:15 Csákány Olivér: *Az orchideák magvainak csíráztatása in vitro gombafonalas kapcsolatok nélkül, steril környezetben*
- 18:30 Benedek Veronika, Englert Péter: *A rametalózás hatása a klonális növekedésre*

18:45–19:00 Kávészünet

Vetítés – Gerinctelen Állattan előadóterem (SZN), 1. emelet

19:00 Gál László: *Erdei színek*

19:30 László Zoltán: *„Let's Gall Taiwan”: gubacs-beszámoló*

20:30 Kötetlen beszélgetés a Bulgakov kávéház emeletén (Inocentiu Micu Klein u. 17. sz.)



Szombat, április 14.

Plenáris előadás – Gerinctelen Állattan előadóterem (SZN), 1. emelet

09:00 Krizsán Krisztina, Almási Éva, Arun Prasanna, Kiss Brigitta, Bálint Balázs, Nagy István, Nagy G. László: *Bepillantás a gomba termőtest képzés genetikai hátterébe*

Kiselőadások (ülésvezető: László Zoltán) – Gerinctelen Állattan előadóterem (SZN), 1. emelet

10:00 Kelemen Tünde I., Prázsmári Hunor, Veres Róbert, László Zoltán: *A Diplolepisrosae és D. mayri egy- és többkamrás gubacsai parazitáltságának összehasonlítása*

10:15 Prázsmári Hunor, László Zoltán: *Egy hengeres fémfürkész első előfordulási adatai Kárpát-medencei rózsagubacsokból*

10:30 Antal Orsolya, Dénes Anna, Nagy H. Beáta, László Zoltán: *Fajkicszerélődés lokális és tájleptékű változók függvényében alföldi szitakötő közösségek esetében*

10:45 Nagy Nikoletta Andrea, Németh Zoltán, Kosztolányi András, Barta Zoltán: *Inotocin a nagyfejű csajkóban (Lethrus apterus)*

11:00–12:00 Kávészünet

Poszter bemutatók

11:00–12:00 Nyárády Erazmus Gyula tehetséggondozó program középiskolás diákjai

Kiselőadások (ülésvezető: Marton Attila) – Gerinctelen Állattan előadóterem (SZN), 1. emelet

12:00 Imezs István, Nagy András-Attila: *Új modell a botos kölönte (Cottus gobio) populációszerkezet alapján történő természetmegőrzési állapotának kiértékeléséhez Romániában*

12:15 Bücs Szilárd-Lehel, Csósz István, Barti Levente, Bălăşoiu Dragoş, Jakab Endre, Corduneanu Alexandra, Péter Áron, Sándor D. Attila, Jére Csaba: *A Méhely patkósdenevér (Rhinolophus mehelyi) helyzete Romániában: milyen fokú védelemre van szüksége a 2018-as Év Denevérenek?*



- 12:30 Péter Áron, Barti Levente, Csósz István, Alexandra Cordoneanu, Földvári Mihály, Sándor D. Attila: *Denevérlegyek (Nycteribiidae) gazdaspecifikusságának a vizsgálata Romániai és Bulgáriai denevéropulációkon*
- 12:45 Igor Siedlecki, Marta Wrzosek, Szabó Ágota, Julia Pawłowska, Markó Bálint: *Egy hangyányi gomba - A Myrmica scabrinodis gombaflórája*
- 13:00–14:30 Ebédszünet

Plenáris előadás – Gerinctelen Állattan előadóterem (SZN), 1. emelet

- 14:30 Liker András: *Városi vadon: az urbanizáció ökológiai, viselkedési és evolúciós következményei*

Párhuzamos szekció #1

Kiselőadások (ülésvezető: Vágási I. Csongor) – Gerinctelen Állattan előadóterem (SZN), 1. emelet

- 15:30 Czikkelyné Ágh Nóra, Pipoly Ivett, Bókony Veronika, Vincze Ernő, Seress Gábor, Szabó Krisztián, Liker András: *Környezeti tényezők és a szülők testméreteinek hatása a fészekalj ivararányára széncinegéknel*
- 15:45 Bukor Boglárka, Bókony Veronika, Hammer Tamás, Papp Sándor, Pipoly Ivett, Preiszner Bálint, Seress Gábor, Sinkovics Csenge, Vincze Ernő, Liker András: *Éven belüli és évek közötti újrafészkelések gyakorisága, erdei és városi széncinege populációkban*
- 16:00 Lukács Dóra, Fülöp Attila, Németh Zoltán, Kocsis Bianka, Bereczki Judit, Kosztolányi András, Barta Zoltán: *Tovább él, akinek több barátja van? A szociális kapcsolatok hatása a szezonális túlélésre szabadon élő mezei verebeknél (Passer montanus)*
- 16:15 Fülöp Attila, Vágási I. Csongor, Osváth Gergely, Pap Péter László, Péntes Janka, Lendvai Ádám Z., Benkő Zoltán, Barta Zoltán: *Édes sokszínűség: a változatos összetételű csoportok egyedei kevésbé stresszeltek*

- 16:30–16:45 Kávészünet



Párhuzamos szekció #2

Kiselőadások (ülészvezető: Dénes Avar Lehel) – Apáthy István előadóterem (B2), 2. emelet

15:30 Gerber Dániel, Gál Erika, Szécsényi-Nagy Anna: *Ló sztori - a lovak házasításának rövid története*

15:45 Páll-Gergely Barna, Fehér Zoltán: *Szárazföldi csigák légszűrőrendszere új családokat határoz meg*

16:00 László Zoltán, Chris Looney: *Mi tudható a rózsagubacsdarazsak (*Diplolepis* sp.) fajképződési központjairól?*

16:15 Marton Attila, Bóné Gábor, Hegyeli Zsolt, Kovács István, Nagy András Attila, Sos Tibor, Bán Miklós: *Románia legnagyobb nemkormányzati, nyílt hozzáférésű biológiai adattárjai*

16:30–16:45 Kávészünet

Párhuzamos szekció #1

Kiselőadások (ülészvezető: Markó Bálint) – Gerinctelen Állattan előadóterem (SZN), 1. emelet

17:00 Daubner Timea-Ingrid, Osváth Gergely, Gareth Dyke, Fuisz Tibor I., Andreas Nord, Péntes Janka, Vargancsik Dorottya, Vágási I. Csongor, Vincze Orsolya, Pap Péter L.: *Mely fajok rendelkeznek a legsűrűbb tollazattal? Az élőhely típusának és hőmérsékletének hatása a madarak tollsűrűségére*

17:15 Juhász Orsolya, Fürjes-Mikó Ágnes, Tenyér Anna, Somogyi Anna Ágnes, Dianne J. Aguilon, Maák István: *A klímaváltozás hatásai a *Formica rufa* fajcsoportra*

17:30 Dénes Anna, Antal Orsolya, Nagy H. Beáta, Dénes Avar-Lehel, László Zoltán: *Tájszintű és lokális változók hatása alföldi szitakötő-közösségek diverzitására*

17:45 Fekete Judit, Mizsei Edvárd, Várbíró Gábor: *A *Cordulegaster heros* Theischinger, 1979 és a *Cordulegaster bidentata* Selys, 1843 potenciális előfordulásának modellezése*

18:00 Takács Péter, Bánó Bálint, Erős Tibor: *A Közép-Dunai halfauna funkcionális diverzitása*



- 18:15 Szanyi Kálmán, Szanyi Szabolcs: *A Nagydobronyi Vadvédelmi Rezervátum területéről származó tegzes (Trichoptera) fajok rajzási mintázatainak összehasonlítása*
- 18:30 Kertész Krisztián, Piszter Gábor, Horváth Zsolt Endre, Bálint Zsolt, Biró László Péter: *Szerkezeti és pigment eredetű színek változása *Polyommatus icarus* lepkék szárnyain*
- 18:45 Mentes Anikó, Tugyi Nóra, Somogyi Boglárka, Vörös Lajos, Felföldi Tamás: *Huminanyag-tartalom hatása a planktonikus mikrobiális közösségekre tíz tó példáján*

18:45–19:00 Kávészünet

Párhuzamos szekció #2

Kiselőadások (ülésvezető: Kovács Levente) – Apáthy István előadóterem (B2), 2. emelet

- 17:00 Pongor Lőrinc, Marino-Ramirez Leonardo, Györfly Balázs, Landsman David, Vera Alvarez Roberto: *Génkifejeződést befolyásoló mutációk azonosítása emlődagatokban*
- 17:15 Gyenge L. Ervin, Márkus Bernadett, Csősz Éva: *Szájüregi laphámrákra és leukoplákiára jellemző nyálfehérje profil vizsgálata tömegspektrometriás módszerekkel*
- 17:30 Börcsök Dalma, Horváth Gábor, Laczkó-Dobos Hajnalka, Juhász Gábor: *Az atg8 fehérje lipidációjának vizsgálata in vitro rendszerben*
- 17:45 Tóth Dávid, Kiss Viktória, Juhász Gábor: *Atg9 gén szerepe az acetmuslicák petefészkében*
- 18:00 Brânduș Bianca: *A komplement H-faktorral rokon fehérjék kölcsönhatása bakteriális ligandumokkal*
- 18:15 Nagy Zsuzsánna, Udvardy Andor, Lipinszki Zoltán: *Hogyan tisztítsunk fehérjét és detektáljunk egy monoklonális ellenanyaggal?*
- 18:30 Freytag Csongor, Szücs Boglárka, Papp Georgina Viktória, Magi Dorottya, Kelemen Adrienn, Garda Tamás, Máthé Csaba: *A mikrocisztin-LR hatásai a sejtosztódásra különböző modell növényekben*
- 18:45 Palásti Péter, Kerepeczki Éva: *A Biharugrai-halastavak ökoszisztéma szolgáltatásainak kínálata, helyi ismertsége és megítélése*



18:45–19:00 Kávészünet

19:00 Apáthy István díjkiosztó

19:30 Záró

20:00 Kötetlen beszélgetés az Abbey Road-ban (Calea Moșilor u. 8. sz.)





PLENÁRIS ELŐADÁSOK





Kapcsolt vagy független evolúció? Az agyterületek kvantitatív genetikája halaknál és kétlétűeknél

Herczeg Gábor*

*Eötvös Loránd Tudományegyetem, Biológiai Intézet, Állatrendszertani és Ökológiai Tanszék,
Viselkedésökológiai Csoport, Budapest; *gaborherczeg@caesar.elte.hu*

Az agy és az egyes agyterületek méretének változatossága régóta foglalkoztatja a biológusokat a neurológusoktól az evolúciobiológusokig. Az egyik központi kérdés az egyes, eltérő funkciókat ellátó agyterületek evolúciója, különösen az idegszövet magas fejlesztési és fenntartási költségeinek fényében. Két fő elképzelés ismert: 1) a kényszer (vagy kapcsolt) hipotézis szerint az egyes agyterületek fejlődésbiológiai és genetikailag is kapcsolatosak, ezért az egyes területek nem képesek a többitől függetlenül evolválódni, illetve 2) a mozaikos (vagy független) hipotézis, amely az előző ellentétét, azaz az agyterületek független evolúcióját feltételezi. Az agyméret és –struktúra evolúcióját célzó vizsgálatok túlnyomó többsége filogenetikus komparatív megközelítést (fajok vagy magasabb taxonok összehasonlításán alapuló) használ. Ezen vizsgálatok közös hátulütője, hogy korrelatívák és ezért ok-okozati összefüggések bizonyítására nem alkalmasak. Ezt kiküszöbölendő, az elmúlt évtizedben egyre nagyobb figyelem fordult a fajon belüli, különböző élőhelyeken előforduló populációk analízise irányába. Az új irány különösen ígéretes területe a kvantitatív genetikai megközelítés, amely a fenotípusos változatosság mögötti varianciakomponensek szétválasztásával a kényszer vs. mozaikos hipotézisek perdikcióit közvetlenül képes tesztelni. Előadásomban ez utóbbi megközelítés kurrens eredményeit fogom bemutatni különböző hal- és kétlétűfajok bevonásával. Ezek a laboratóriumi kísérleteken alapuló vizsgálatok lehetővé teszik a populációk közötti különbségek genetikai és környezeti komponenseinek vizsgálatát, az evolválhatóság fontos paramétereinek (pl. heritabilitás, genetikai korrelációk) becslését és végső soron az agyméret és agystruktúra evolúciója mögötti gének azonosítását. Az eddigi eredmények egyértelműen a mozaikos hipotézist támogatják, de a terület még gyerekcipőben jár és így sok új vizsgálatot várhatunk a közeljövőben.

Concerted or independent evolution? Quantitative genetics of brain structure in fish and amphibians

The variability of brain size and size of different brain parts has been attracting great scientific interest in various fields of biology for long time. One of the central questions is the evolution of different brain parts with different functions, particularly in light of the high costs of developing and maintaining neural tissue. There are two hypotheses evoked to answer this question. 1) The constraint (or concerted) hypothesis states that because of the tight developmental and genetic correlations between different brain parts, the parts cannot evolve independently. 2) The mosaic (or independent) hypothesis, on the other hand, states that different brain parts can evolve relatively freely. The majority of studies testing the hypotheses are using phylogenetic comparative methods. A drawback of this approach is being correlative, and consequently, being unsuitable for proving cause-causative relationships. Intraspecific studies, comparing different populations inhabiting different habitats can solve this problem. A particularly promising research line is quantitative genetics, allowing direct testing of the predictions of the constraint vs. mosaic hypotheses. Here, I will introduce current results coming from this novel approach using fish and amphibian species as models. These studies allow the separation of genetic and environmental variance components behind population divergence, the estimation of heritability and genetic correlations, and ultimately, the identification of genes behind the variation. The new results support the mosaic model of brain evolution. However, the field is still in a beginning phase, and we can expect a number of new studies in the close future.



Bepillantás a gomba termőtest képzés genetikai hátterébe

Krizsán Krisztina^{1,*}, Almási Éva¹, Arun Prasanna¹, Kiss Brigitta¹,
Bálint Balázs², Nagy István², Nagy G. László¹

¹Szegedi Biológiai Kutatóközpont, Szeged; ²Seqomics Kft; *krizsank@gmail.com

A komplex soksejtű organizmusok jellemzője, hogy sejtjeik különféle feladatokra szakosodnak az egyedfejlődés során, és szövetekbe szerveződnek. A komplex soksejtűség az állatok, növények, barna- és vörösmoszatok, illetve gombák országában egymástól függetlenül jelent meg. A gombák esetén a komplex soksejtűség legismertebb példái a szexuális szaporodás során képződő termőtestek, melyek kialakulása a többi élőlény csoporttal szemben más evolúciós mechanizmusok hatására történt. Már eddig is számos tanulmány foglalkozott a gomba termőtestképzés genetikai hátterével különböző fajokban, melyekből számos értékes adat áll rendelkezésünkre, de a gomba termőtest képzés általános szabályszerűségeit feltáró tanulmány eddig még nem készült. Célunk a gomba termőtest képzés elindításában és további jól körülhatárolt változásainak irányításában szerepet játszó fejlődési program és gének azonosítása egy Agaricomycetes osztályba tartozó 6 fajoz összehasonlító genomikai és transzkriptomikai elemzésen keresztül. Munkánk során feltártuk, hogy a kifejeződő gének fajtól függően 10-40%-a játszik szerepet a gomba termőtest képzés korai lépéseinek lebonyolításában, melyek közül számos géncsalád mind a 6 fajban megtalálható és feltehetően egy a gomba termőtest képzésben szerepet játszó konzervált genetikai eszköztár elemei. Emellett a különböző fejlődési állapotok transzkriptom hasonlóság vizsgálata alapján feltételezzük egy a korai termőtest képzés kialakítását irányító konzervált genetikai program működését is. Eredményeink a gomba termőtest képzés általános szabályszerűségeinek megértésén túl a soksejtűség kialakulásának alapvető evolúciós lépéseinek megismeréséhez is hozzásegítenek.

Insights into the genetic background of fruiting body development of fungi

Complex multicellularity, which represents the most advanced level of biological organization, has evolved only a few times: in metazoans, green plants, brown and red algae and fungi. The fungal multicellularity, that can be characterized by a 3-dimensional appearance, which best-known forms are the fruiting bodies, has evolved through a unique mechanism compared to the other multicellular lineages. Despite the indispensable information of pioneering gene expression studies about fungal fruiting body development the general principles and conservation of gene families involved in fruiting body formation are yet to be understood. The aim of our study is to identify and evaluate the conservation of the gene set orchestrating fruiting body initiation and development of altogether six species including well-known model organisms from the Agaricomycetes, which contains the most complex representatives of fruiting bodies. Our results demonstrate that 10-40% of the expressed genes were developmentally regulated most of which showed differential expression during the fruiting body initiation. We identified numerous genes that were shared among species and showed upregulation at the early developmental stages. In addition, the similarity of transcriptomes revealed the existence of a core genetic program underlying the early development of fruiting bodies across species. Furthermore our results contribute toward understanding the general principles of fungal fruiting body development, developing a comprehensive picture about the origin and driving force of mechanisms creating more complex organisms during evolution.



Városi vadon: az urbanizáció ökológiai, viselkedési és evolúciós következményei

Liker András*

*MTA-PE Evolúciós Ökológiai Kutatócsoport, Pannon Egyetem, Veszprém; *andras.liker@gmail.com*

A városok speciális ökológiai feltételeket teremtenek az állatok számára. Az előadás áttekinti, hogy ennek milyen morfológiai, demográfia és viselkedési hatásai lehetnek, és hogy milyen evolúciós változások segíthetik az új lehetőségekhez és kihívásokhoz történő alkalmazkodást.

Urban wilderness: the influence of habitat urbanization on the ecology, behaviour and evolution of animals

Cities provide special ecological conditions for animal populations. In this talk, I will review how urbanization can influence the morphological and behavioural traits of animals. I also will show examples of microevolutionary changes that can help the organisms to adapt to the challenges and new opportunities of the urban environment.



Életmenet jellegek fiziológiai háttere: fajok közti és fajon belüli variancia

Vincze Orsolya^{1,2,*}

¹*Evolúciós Ökológia Kutatócsoport, Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, Babeş-Bolyai Tudományegyetem, Kolozsvár;* ²*MTA-DE „Lendület” Viselkedésokológiai Kutatócsoport, Evolúciós Állattani Tanszék, Debreceni Egyetem, Debrecen;* **orsolyaaa@gmail.com*

Életmenet jellegeknek nevezzük azokat a morfológiai, viselkedésbeli és fiziológiai jellegeket, amelyek a túlélést és a szaporodást direkt módon befolyásolják. Ilyenek például a testméret, fejlődési sebesség, ivarérett kor, maximális élettartam vagy a reprodukciós ráta. Az állatok lenyűgöző változatosságot mutatnak ezen jellegeikben: egyes fajok évszázadokig élnek, mások élettartama néhány hétre korlátozódik. Az élettartambeli változatosság a szaporodási rátával általában fordított arányt mutat, azaz a hosszú élettartam alacsony reprodukciós rátával társul. Számos tanulmány rámutat arra, hogy az életmenet jellegek között erős evolúciós kapcsolat van, melynek hátterében számos feltételezett fiziológiai folyamat állhat. Ezen folyamatok általában negatív csereviszonyokon alapulnak, melyek a források elosztását definiálják túlélés és szaporodás között. Előadásom során az életmenet jellegek fiziológiai hátteréről, azok fajok közti és fajon belüli varianciájáról fogok beszélni, kitérve recens kutatási eredményeinkre és megválaszolatlan kérdésekre.

Physiological background of life-history evolution: cross- and within-species variance

Life-history characters are a set of evolved traits, including behavioural, morphological and physiological characters that directly influence survival and reproduction. These include body size, developmental rate, age at sexual maturity, maximum lifespan potential, or reproductive rate. Animals exhibit a truly fascinating variation in these characters: some live for centuries while the life of others is often restricted to a couple of weeks. This variance is usually inversely related to the reproductive rate across species, in a way that species living the longest usually possess the slowest reproductive rates. Numerous studies pinpoint the strong evolutionary link between different life-history characters, and these relationships were proposed to be governed by a number of putative physiological processes. The effect of physiology on life-history evolution is usually rooted in resource-based trade-offs between self-maintenance and reproduction. During my presentation I will discuss some of the physiological characters, present some of our recent findings concerning the physiology life-history nexus and finally, I will outline future directions in life-history sciences.



KISELŐADÁSOK





Fajkicserélődés lokális és tájleptékű változók függvényében alföldi szitakötő közösségek esetében

Antal Orsolya^{1,*}, Dénes Anna¹, Nagy H. Beáta², László Zoltán¹

¹Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, Babeş-Bolyai Tudományegyetem, Kolozsvár; ²MTA-DE Biodiversity and Ecosystem Services Research Group, Debrecen; *antalorsi06@gmail.com

Az életközösségek egyik fontos jellemzője a sokféleség, diverzitás. A diverzitás figyelembe veszi a fajok számát, valamint egyes fajok egyedszámát is a közösségben, mindezen felül megmutatja a fajok variabilitását, az élőlény együttesek változatosságát. Napjainkban a biológiai sokszínűséget számos tényező veszélyezteti. Ezek között a legfontosabbak a mesterséges, ember által kiváltott okok, mint például: az élőhelyek pusztítása, feldarabolása. Ebből kifolyólag kíváncsiak voltunk arra, hogy a szitakötő közösségekre milyen hatással van a környezet, illetve annak változása. Ennek érdekében tizenegy kisvízfolyás mentén három éven át megfigyeltük, felmértük a szitakötő populációk fajösszetételét. A begyűjtött adatokból mindegyik területre kiszámoltuk a fajkicserélődés mértékét. Eredményként szerint az erdők táji részesedésének növekedésével a fajkicserélődés szignifikánsan növekszik. Ugyanakkor a fajkicserélődés mértéke és a vízborítás mértéke között marginálisan szignifikáns összefüggést kaptunk. A szitakötő közösségek fajkicserélődését nem csupán a lokális, vízi, hanem a táji szintű, szárazföldi tulajdonságok is befolyásolják.

Species turnover on local and landscape scale in lowland Odonata communities

An important feature of living communities is diversity. Diversity takes into account the number of species and specimens from a community; it shows the variability of species. Nowadays species diversity is decreased by several anthropogenic factors, as the destruction or fragmentation of habitats. Because not only terrestrial but also freshwater habitats are threatened, and landscape level changes in land use are scarcely studied from the viewpoint of its impact on freshwater communities, we aimed to study how the terrestrial landscape and local level attributes affect Odonata communities. We analysed lowland creeks for three years by surveying dragonfly populations, species diversity and species richness. We calculated species turnover separately for each study area. As proportion of forests increased in the landscape, the species turnover showed a significant increase. Considering local variables the water surface cover marginally affected the species turnover. Species turnover of Odonata communities is effected not only by local characteristics as water surface cover, but also by landscape level ones.



A ramethalálzás hatása a klonális növekedésre

Benedek Veronika*, Englert Péter

Eötvös Loránd Tudományegyetem, Növényrendszertani, Ökológiai és Elméleti Biológiai Tanszék, Budapest;

**benedekveronika@gmail.com*

A klonális növények képesek arra, hogy szemiautonóm egységekkel (ramet) vegetatívan terjedjenek. Az invazív növényfajok számottevő részénél megfigyelhető ez a terjedési mód, amely nagymértékben megnövelheti a fajok sikerességét, térhódítását. Jelen munkánkban egy növényi egyed (genet) klonális növekedését vizsgáltuk egy sejtautomata modell segítségével. A vizsgált beállítások egymástól a rametek halálzási rátájában különböztek. Megfigyeltük, hogy bizonyos halálzási ráták esetén az ismétlések nagy százalékában kialakul egyensúlyi állapot, ún. „quasi-steady-state”, míg más beállításoknál az ismétléseknek csak kisebb százalékában, vagy egyáltalán nem alakul ki ilyen állapot. Meghatároztuk, hogy hányadik időlépésnél válnak szét megbízhatóan az egyensúlyi és nem egyensúlyi esetek, és a továbbiakban ezzel a lépésszámmal dolgoztunk. Vizsgáltuk a különböző halálzási rátáknál az egyensúlyi esetek arányát és a növény térfoglalását a rácson. Feltételeztük, hogy az alacsonyabb halálzási ráta magasabb térfoglalást eredményez. Vizsgálatunk ezt az elképzelést csak részben igazolta, a beállítások közül nem a legalacsonyabb halálzási rátájú bizonyult a legjobbnak. Eredményeink azt mutatják, hogy a nagyon alacsony halálzási kedvezőtlen a növény számára, mert ekkor a terjedési front és közvetlenül a front mögötti terület annyira tömött, hogy a növény nem tud visszafordulni a felszabaduló helyek felé. Ez az egyensúlyi esetek arányának csökkenéséhez, illetve alacsonyabb térfoglaláshoz vezet. Tehát a ramethalálzásnak intraklonálisan pozitív hatása lehet, mert ritkítja a terjedési frontot, illetve a terjedési front mögötti területeket, így megnő az esély a visszafordulásra és a felszabaduló területek rekolonizálására. Eredményeink hozzájárulhatnak a klonális növekedés, illetve a növekedést korlátozó tényezők pontosabb megértéséhez. Kutatásunk az Emberi Erőforrások Minisztériuma ÚNKP-17-3 kódszámú Új Nemzeti Kiválóság Programjának támogatásával készült és az NKFI-OTKA 109215 és 124438 számú pályázatokhoz kapcsolódik.

The effect of ramet mortality on clonal growth

Clonal plants grow horizontally by producing multiple physiological individuals (ramets). This kind of growing can be observed in a considerable group of invasive species. We studied clonal growth in a homogenous environment by a dynamic spatial model, based on a stochastic cellular automaton. We investigated different growth forms concerning the ramet mortality. Quasi-steady-state and non steady-state cases were defined, and we determined the number of steps which was suitable for making a reliable difference between the two types of cases. This given number of steps was used for testing the ratio of quasi-steady-state cases in 1000 repetitions. We also tested the efficiency of occupation in these cases. Our expectation was, that higher occupation would be associated with lower ramet mortality. The results only partially verified this hypothesis. Though with increasing ramet mortality the average number of ramets tended to decrease, not the lowest ramet mortality caused the highest occupation. Our results showed that very low ramet mortality rates were unfavourable for the plant, as the spreading front and the area behind this front were so packed, that the plant was not able to return and recolonize the vacated sites in the central area. It led towards lower ratio of quasi-steady-state cases and lower occupation within these cases. Our results may contribute to a deeper understanding of clonal plant growth and the limiting factors of growing. Supported by the ÚNKP-17-3 New National Excellence Program of the Ministry of Human Capacities, NKFI-OTKA 109215 and 124438.



A szemléletformálás és környezeti nevelés egy sajátos módja: a békamentés

Bozóki Balázs^{1,*}, Scheuer Zsuzsanna², Antalicz Csaba³, Vági Balázs⁴

¹Eszterházy Károly Egyetem, Állattani Tanszék, Eger; ²Újpesti Könyves Kálmán Gimnázium, Budapest;

³Tápió-vidék Természeti Értékeiért Közalapítvány, Tápiószentmárton; ⁴Debreceni Egyetem, Evolúciós Állattani és Humánbiológiai Tanszék, Debrecen; *bozokibalazs04@gmail.com

A globális társadalmi és ökológiai problémák (demográfiai robbanás, természetes élőhelyek megfogyatkozása, kedvezőtlen diverzitás-változások stb.) egyre sürgetőbben követelik meg nemcsak a természet- és környezetvédelemben vagy annak határterületein dolgozó szakemberek munkáját, hanem az össztársadalmi szintű aktív, vagis cselekvő részvételt szűkebb-tágabb lakókörnyezetünk ökológiai megóvásában. Jelen munkánk célja, hogy megismertessük a békamentésben rejlő, széles spektrumú környezeti nevelési lehetőségeket. A Pest megyei Farnos határában 2004 óta zajlik a kétéltűmentési akció, a közúti gázolások csökkentése érdekében. A kétéltűek teled- és szaporodóhelyét a 311-es műút választja el, óriási veszélynek kiteve a tavasszal nagy tömegben vonuló állatokat. A Duna-Ipoly Nemzeti Park Igazgatóság munkatársai több mint 10 éve szervezik a mentést önkéntesek bevonásával, mely egyben számos adatot szolgáltat az itt élő kétéltű populációk monitorozásához. Az egy évtizedes munka során 357 300 kétéltűt gyűjtöttünk be terelőkerítés és vödörccspadák segítségével és vittünk át az út túloldalára, többségében barna ásóbékákat (97%). A kezdeti évektől lehetősége van csoportoknak környezeti nevelés program keretében részt venni a békamentésen. A már hagyománnyá vált „Békamentő–Gólyaváró Családi Nap” rendezvényre évről évre egyre több résztvevő látogat el. A békamentés az önkéntes résztvevők számára kortól függetlenül és előzetes szaktudás nélkül is folytatható „aktív tevékenységre” ad lehetőséget, ennek során természetvédelmi sikerélményt nyújt, és pozitív irányba mozdítja el az úgynevezett „nemszeretem” állatok iránti attitűdöket. Mindezzel pedig erősíti a szűkebb-tágabb környezethez, tájhoz való kötődést, és a környezeti értékek irányában felelősen gondolkodó és aktívan cselekvő állampolgári magatartás kialakulását.

A special way of environmental education: frog rescue

Global social and environmental problems (demographic expansion, habitat destructions, biodiversity crisis) urgently seeking not only for the work of professionals in conservation and environmental policies, but also a society-level involvement in the protection of our local and extended environment. The scope of our work is to present the wide perspectives of environmental education in frog rescue activities. Amphibian rescue has been performed since 2004 near the village of Farnos, Central Hungary to mitigate road kills. The wintering and the breeding area of amphibians are separated by the Road 311, decimating animals migrating in huge quantities. Mitigating actions, organized by employees of the Duna-Ipoly National Park Directorate, also provide data for monitoring local amphibian populations. During one decade more than 357 000 amphibian individuals were collected by drift fence and pitfall traps, and were transported in buckets to the other side of the road. The overwhelming majority (97%) of them were common spadefoot toads. From the starting years, volunteers can assist rescue work within an environmental education programme. Moreover, an increasing number of people visit our yearly event, the Families' Day for Frog Rescue and Stork Watching. People can get involved in frog rescue without any previous experience or qualification, gives a reminiscence of a successful conservation action, and can improve people's attitudes towards 'disliked' animals. As a consequence, it strengthens affiliations to the environment and the landscape, and help the formation of responsible and proactive citizen attitudes.



Az Atg8 fehérje lipidációjának vizsgálata *in vitro* rendszerben

Börcsök Dalma^{1,2,*}, Horváth Gábor¹, Laczkó-Dobos Hajnalka¹, Juhász Gábor¹

¹Institute of Genetics, Biological Research Centre, Szeged; ²Szent István University, Gödöllő;
*borcsok.dalma@brc.mta.hu

Az autofágia az eukarióta sejtek életéhez szükséges esszenciális lebontó folyamat, mely során a citoplazma lebontásra kerülő komponensei egy kettős membránnal határolt, folyamatosan növekvő kompartmentbe kerülnek, ami teljes záródásakor autofagoszómmá alakul. Ennek fúziója a lizoszómákkal a körbezárt tartalom emésztődését eredményezi. Az autofágiának fontos fiziológiás szerepe van, a folyamat defektusa kapcsolatba hozható számos kórképpel, így a tumoros és neurodegeneratív elváltozásokkal, valamint a patogén fertőzésekre adott elégtelen válaszreakciókkal. Az autofágia folyamatának egyik kulcsfehérjeje élesztőben az ubiquitin-szerű Atg8 (*Drosophila melanogaster*-ben Atg8a/b), ami szükséges az autofagoszómmá biogenezéséhez. Ez a fehérje C-terminálisán szabaddá váló glicin aminosavon lipidálódik, ami elengedhetetlen az Atg8 membrán asszociációjához és normális funkciójához. A lipidált Atg8 fehérjét az autofagoszóma formálódás markerének tekintik, ennek létrehozásában az Atg4 proteáz, az Atg7 és Atg3 E1- és E2-szerű enzimek, valamint az E3-szerű Atg12-Atg5:Atg16 komplex játszik szerepet. Kísérletünk célja az *ecetmuslica* két Atg8 fehérjéjének vizsgálata, azon belül annak eldöntése, hogy az Atg8b az Atg8a-hoz hasonló mértékben és körülmények között lipidálódik-e. Ennek vizsgálatára hoztunk létre egy olyan *in vitro* lipidációs rendszert, melyben rekombináns fehérjék felhasználásával és liposzómák alkalmazásával sejtmentes környezetben vizsgálhatjuk az autofágia ezen alapvető lépését. Ezidáig az Atg8a és Atg8b fehérjéket, valamint az Atg3 fehérjét tisztítottuk bakteriális rendszerben. Próbálkozásaink ellenére az Atg7 fehérje az alkalmazott törzsekből az erőteljes degradáció miatt nem tisztítható kellő mennyiségben. Az *in vitro* lipidációs rendszerhez sikeresen készítettünk különböző telített/telítetlen zsírsav arányú liposzómákat *E. coli* lipid extraktumokból. A fentiek alapján elmondhatom, hogy az Atg7 fehérje termelésének megoldását követően sikeresen létrehozunk egy olyan rendszert, mellyel eredményesen össze tudjuk hasonlítani az Atg8a és Atg8b lipidálódását.

Investigation of Atg8 lipidation in *in vitro* lipidation system

Autophagy is an essential degradation pathway of the eukaryotic cells, it plays a pivotal role in cellular homeostasis, eliminating dysfunctional proteins, damaged organelles and pathogens. During this process a double membrane structure (autophagosome) is formed in the cytoplasm which sequesters the cytosolic components. The autophagosome is able to fuse with lysosomes, which contain acidic hydrolases necessary for degradation. The ubiquitin-like Atg8 protein's lipidation is the key for the formation of the autophagosome, in *Drosophila melanogaster* Atg8 has a and b paralogs. Atg8 binds covalently to the head group of phosphatidylethanolamine (PE) lipid molecule in a complex reaction cascade. Several proteins are needed for the lipidation of Atg8, like protease Atg4; E1-like Atg3; E2-like Atg7 and a heterotrimeric protein complex (Atg12-Atg5-Atg16). Our aim is to create an *in vitro* lipidation system for the investigation of *D. melanogaster's* Atg8a and b proteins and determine whether the two Atg8 paralogs can be lipidated in a similar manner and rate. Liposomes with high PE content were prepared from *E. coli* total lipid extracts. Atg8a, b and Atg3 recombinant proteins were expressed in *E. coli* cells. Despite our attempts the Atg7 showed rapid degradation in the chosen host strains, its expression needs further optimization. Based on these results, we are on the way to successfully create an *in vitro* lipidation system for the investigation of *Drosophila* Atg8 lipidation, provided that the problematic Atg7 protein can be purified in the near future.



A komplement H-faktorral rokon fehérjék kölcsönhatása bakteriális ligandumokkal

Brânduș Bianca*

*Immunológiai Tanszék, Eötvös Lóránd Tudományegyetem, Budapest; *bianca.brandus@yahoo.com*

A komplementrendszer a veleszületett immunitás humorális eleme, mely mint első védelmi vonal azonnal felveszi a harcot a szervezetbe kerülő kórokozókkal szemben. Több, mint 40 szolubilis és membránkötött molekulából áll, melyek közé egymást kaszkádszerűen aktiváló fehérjék, szabályozó faktorok és receptorok tartoznak. Az evolúció során számos kórokozó fejlesztett ki olyan mechanizmusokat, melyek révén képesek elkerülni a komplementrendszer támadását. Az egyik leggyakrabban használt stratégia a H-faktornak (FH), az alternatív útvonal fő gátló fehérjéjének megkötése, melynek következtében csökken a komplementaktiváció mértéke a kórokozók felszínén. A FH mellett emberben öt FH-val rokon (FHR) fehérje található, melyek a H-faktorral együtt a humán H-faktor molekulacsaládba tartoznak. A család tagjai: FHL-1 (FH-like protein 1), FHR-1, FHR-2, FHR-3, FHR-4, FHR-5 (Factor H-related protein), melyek közös jellemzője, hogy kizárólag globuláris, ún. complement control protein (CCP) doménekből állnak. Az FHL-1-el ellentétben, az FHR fehérjékből hiányoznak a H-faktor komplementgátló aktivitásáért felelős CCP domének, melynek következtében felmerül a kérdés, hogy mi lehet ezeknek a fehérjéknek a szerepe. Kimutatták, hogy számos mikroorganizmus képes a H-faktor mellett az FHR fehérjék megkötésére is. Kutatásunk célja az FHR molekulák és bakteriális FH-kötő fehérjék közötti kölcsönhatások vizsgálata, illetve az FHR fehérjék komplementaktivációban betöltött szerepének feltárása. Kísérleteink során az FHR-1 és FHR-5 bakteriális fehérjékhez (OspE, GBS-enoláz, LigAC, LigBC, LigBN) való kötődését vizsgáltuk ELISA módszerrel. Vizsgáltuk továbbá a bakteriális fehérjékhez kötődött FHR-5 komplementaktiváló képességét, illetve az FH és az FHR-5 bakteriális ligandumokért folytatott kompetícióját. Ezáltal sikerült kimutatnunk, hogy az FHR-5 a H-faktorral ellentétben fokozza a komplementaktivációt.

Interaction of complement factor H-related proteins with bacterial ligands

The complement system is a central component of innate immunity. It is composed of ~40 soluble and cell membrane-bound proteins and serves as a first-line defense against pathogens. Many pathogenic microorganisms have developed means to avoid the destructive effect of complement. One of the most common strategies is the acquisition of host factor H (FH), the major negative regulator of the alternative pathway, thus exploiting its host protecting functions. The human FH protein family, besides FH, includes six other closely related proteins: FH-like protein (FHL-1) and five FH-related proteins (FHRs). The members of this protein family are exclusively composed of globular complement control protein (CCP) domains. Contrary to FHL-1, FHR proteins lack the CCP domains responsible for the complement-inhibiting activity of FH, therefore are unable to assist the escape of pathogens from complement attack. This prompts the question what the role of these proteins might be. It is known that several microbes bind not only FH, but also FHRs. The aim of our study is to investigate the interaction between FHRs and bacterial FH-binding proteins. The binding of FHR-1 and FHR-5 to five microbial proteins (OspE, GBS-enolase, LigAC, LigBC, LigBN) was analysed using ELISA. Our results indicate that these microbial proteins are capable of binding FHR-1 and FHR-5. Furthermore, we found that FHR-5 competes with FH for the binding to bacterial ligands. We also tested whether bound FHR-5 can activate complement in human serum. The presence of FHR-5 increased the complement activity, therefore FHR-5 has the opposite effect of FH.



Éven belüli és évek közötti újrafészkelések gyakorisága, erdei és városi széncinege populációkban

Bukor Boglárka^{1*}, Bókony Veronika², Hammer Tamás³, Papp Sándor⁴, Pipoly Ivett³, Preiszner Bálint⁵, Seress Gábor³, Sinkovics Csenge³, Vincze Ernő³, Liker András³

¹Állatorvostudományi Egyetem, Ökológiai Tanszék, Budapest; ²MTA ATK NÖVI Lendület Evolúciós Ökológiai Kutatócsoport, Budapest; ³Pannon Egyetem, Limnológiai Intézeti Tanszék, Veszprém; ⁴Balaton-felvidéki Nemzeti Park Igazgatóság, Csopak; ⁵MTA ÖK BLI Hal és bentosz kutatócsoport, Tihany;

*bukor.boglarka@gmail.com

Az utóbbi évtizedekben egyre intenzívebbé válik az urbanizáció élőlényekre, köztük a madarakra gyakorolt hatásainak vizsgálata. Számos madárfaj esetében ismert, hogy városi populációik denzitása magasabb, noha a fészekaljanként kiröpített fiókák száma alacsonyabb, mely ellentmondást magyarázhatja, ha a városi egyedek szezonálisan több fészekaljat produkálnak. Jelen kutatásunkban ezt a hipotézist teszteltük széncinegék két erdei és két városi populációjának három éves vizsgálatán keresztül. Ennek során összesen 201 egyedileg azonosított széncinege tojó 354 fészkeléséről gyűjtöttünk adatokat. Eredményeink szerint a városi és erdei tojók között nem volt különbség az éven belüli második költések gyakoriságában. Szintén nem találtunk élőhelyi különbséget abban, hogy a három év során a tojók hány fészkelési szezonban szaporodtak, és hogy ezek alatt összesen hány fészekaljat raktak. Viszont a magasabb fészkenkénti utódszám miatt az erdei tojók csaknem dupla annyi fiókát reptettek ki a három év alatt, mint a városokban élők. A városi madarak egy szezonon belül nagyobb valószínűséggel váltottak odút az első és második költések között, ami lehet annak a következménye, hogy városban kisebb az interspecifikus fészekkompetíció mértéke. Ezt alátámasztja az a tény is, hogy nem találtunk szignifikáns élőhelyi különbséget az évek közötti odúhúségben. Összességében azt találtuk, hogy a városi széncinege tojók közel azonos valószínűséggel raknak második költést egy évben, mint az erdeiek. Utóbbiak viszont közel kétszer annyi fiókát röptetnek ki évente, ami jelentősen alacsonyabb fitnessre utalhat a városi széncinegéknel. Ezt ellensúlyozhatja, a jobb túlélés vagy a természetes területekről történő bevándorlás, de utóbbi esetben a városi élőhelyek a széncinegék számára egyfajta ökológiai csapdakén működnek.

The frequency of re-nesting in forest and urban populations of great tit

In the past decades several studies have examined how urbanization can influence the animal populations. Birds are prevalent model animals for these studies. According to recent findings, birds in urbanized populations produce less nestlings per breeding attempt than in natural sites. In spite of this, the urban populations usually have higher densities. The reason for this may be that in urban landscapes birds produce more clutch than in forest sites, either within a year or between years (i.e. birds can breed in more years). In our study we tested this hypothesis by examining four populations of great tit in two urban and two at forest sites through 3 years. We recorded 354 breeding of 201 individually identified female great tits. Our results suggest that the frequency of producing a second brood within a year does not differ between forest and urban populations. Furthermore, we did not find any habitat difference in the number of breeding seasons in which the females bred and in the total number clutch they had during the three years. In contrary, forestal females had more nestlings per clutch, so they fledged almost twice as many offspring as the urban ones during the three years. Within a year female great tits changed their breeding nestboxes more frequently in urban than in forest sites. The reason for this could be that nest competition with other species is lower in the cities. The fact that there was no significant difference in the nest fidelity between the years also supports this hypothesis. We conclude that great tits in urban sites have fewer offspring per nest and this decrease in fitness is not compensated by more breeding. Consequently, the higher density in urban sites is caused by either a better survival rate or by the migration from natural areas. The latter would mean that the great tit populations in urban landscapes are ecological sinks.



A Méhely patkósdenevér (*Rhinolophus mehelyi*) helyzete Romániában: milyen fokú védelemre van szüksége a 2018-as Év Denevéérének?

Bücs Szilárd-Lehel^{1*}, Csósz István², Barti Levente², Bălăşoiu Dragoş¹, Jakab Endre³, Corduneanu Alexandra⁴, Péter Áron⁴, Sándor D. Attila⁴, Jére Csaba²

¹Denevérkutatási és Védelmi Központ, Kolozsvár; ²Romániai Denevérvédelmi Egyesület – Székelyföldi Csoport, Székelyudvarhely; ³Babeş-Bolyai Tudományegyetem, Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, Kolozsvár; ⁴Kolozsvári Agrártudományi és Állatorvosi Egyetem, Kolozsvár; *contact@lilieci.ro

A Méhely patkósdenevér (*Rhinolophus mehelyi*) egy erősen fragmentált elterjedésű, kizárólag földalatti szálláshelyekhez köthető, veszélyeztetett denevérfaj. Európai állománya mintegy 50.000 egyedre tehető, de a romániai (és egyben a legészakibb) populáció nagysága valószínűleg nem haladja meg az 1.000 egyedet. Ez a szám elsősorban a dobрудzsi populáció drasztikus csökkenésének tudható be, mely az 50-es években még ennek többszöröse volt két barlangban. A csökkenés okai nagy valószínűséggel a fokozott és ellenőrizetlen barlangi turizmus, illetve az élőhelyeket és táplálkozási területeket felszabdaló vagy megszüntető nagytáblás mezőgazdaság. Ezen tényezők napjainkban is kihatnak a romániai *R. mehelyi* populációkra, de újabban a kiterjedt szélérőmúparkok és az egyre intenzívebbé váló növényvédőszer használat is fokozott veszélyforrásokként jelentkeznek. 2013-tól kezdődően számos új romániai helyszínen bizonyítottuk a faj folyamatos jelenlétét, mint például a Bánságban és több dobрудzsi helyszínen. Ezen adatok azt mutatják, hogy a *R. mehelyi* romániai helyzetét felül kell vizsgálni, de azt is, hogy a kutatást folytatni kell ezekben a régiókban, mivel valószínűleg a faj jelen van számos más szálláshelyen is. Létező molekuláris elemzések a dobрудzsi populáció elszigetelődését feltételezték a bulgáriai törzspopulációtól, de a jelenleg zajló, tágabb földrajzi lefedettségű kutatások alapján úgy tűnik, hogy a kép ennél összetettebb. Lévény, hogy nyilvános szavazás alapján a 2018-as romániai “Év denevére” a Méhely patkósdenevér, előadásunk egy helyre gyűjti a fajjal kapcsolatos aktuális adatokat, és ugyanakkor felhívja a figyelmet a szálláshelyek és a táplálkozási területek védelmének fontosságára.

The status of Mehely’s horseshoe bat (*Rhinolophus mehelyi*) in Romania: what degree of protection does the 2018 “Bat of the year” deserve?

Mehely’s horseshoe bat (*Rhinolophus mehelyi*) is an exclusive cave-dwelling and vulnerable species, with a highly fragmented distribution. The European population is around 50,000 bats, but the size of the Romanian (and the northernmost) population is not likely to exceed 1,000 bats. This is mainly due to a drastic decline in the Dobrogea population, which was several times larger in the ‘50s in two caves. The reasons for this decline are most probably the increased and uncontrolled cave tourism, as well as large-scale agriculture. These factors continue to affect the Romanian population of *R. mehelyi*, but we can also add the increasing threats posed by wind farms and the intensive use of pesticides. From 2013 on, several new locations in Romania were proven to have a constant presence of *R. mehelyi*, like in the Banat and Dobrogea regions. These data show that the situation in Romania needs to be re-evaluated, but also that research should continue in these regions, as the species is likely to be present in many other sites. Existing molecular analysis suggested the isolation of the Dobrogea colonies from the Bulgarian core populations, but current studies with broader geographic coverage point to a more complex scenario. Mehely’s horseshoe bat was designated winner of the public vote for the 2018 Romanian “Bat of the Year”. Our presentation collects the current data on the species and at the same time draws attention to the importance of protecting roosts and feeding areas.



Az orchideák magvainak csíráztatása *in vitro* gombafonalas kapcsolatok nélkül, steril környezetben

Csákány Olivér*

*Babeş-Bolyai Tudományegyetem, Kolozsvár; *csakanyo@yahoo.com*

A növényvilág egyik legnépesebb csoportját az orchideák alkotják. Ezek az igen különleges növények megtalálhatók a Föld számos pontján, olyan helyeken is, ahol nem találhatók meg a természetben. A trópusi orchideákkal napjainkban, olyan országokban is találkozhatunk, ahol az éghajlati övezet adottságai miatt nem számítanánk jelenlétükre, de mégis megtalálhatók, mert egyre több háztartásban jelennek meg dísznövényként a jól ismert *Phalaenopsis* sp., *Dendrobium* sp., *Cymbidium* sp. egyedei is. Az orchideák természetes körülmények között nehezen szaporodnak. A beporzást követően a termésekben több ezer mag található. A magok nem képesek csírázásra, ha a talajban nincsenek meg a csírázást elősegítő gombafonalas kapcsolatok. Az orchideák magvait azonban nem természetes körülmények között, úgynevezett *in vitro* is tudjuk csíráztatni. Így a mag steril környezetben, minden gombafonalas hálózat jelenléte nélkül is kihajt. Ezek a módszerek megkönnyítik a nagyüzemi orchideatermesztést, így könnyen elérhetővé válik mindenki számára. Az *in vitro* magvetés előnye, hogy egy növény magvainak akár 80%-át is csíráztatni tudjuk, így növelve az adott orchideafaj egyedszámát, míg természetes körülmények között, a gombafonalas kapcsolatok segítségével a magoknak mindössze 0,7-15%-ából fejlődik ki egy új növény. Ezzel a módszerrel olyan orchideákat is megmenthetünk, amelyek természetes élőhelye lecsökkent. Ennek érdekében minél több magból szükséges életképes növényt nevelni a faj fenntartása érdekében. A táptalaj összetételének, valamint a környezeti tényezők változásának szabályozásával, illetve különböző növényi hormonok segítségével befolyásolni tudjuk a magok csírázási és növekedési sebességét.

Germinating seeds of orchids without *in vitro* mushroom-like connections in a sterile environment

One of the most populous groups in the flora are the orchids. These are very special plants that can be found in many parts of the Earth, even in places where they cannot be found in the nature. Nowadays we can meet tropical orchids in countries where-because of the climatic conditions- we would not expect them to be present but still in many households appear the well-known individuals as *Phalaenopsis* sp., *Dendrobium* sp., *Cymbidium* sp. as well. Orchids in natural environment can be difficult to reproduce. After pollination there are thousands of seeds in the crop. The seeds are not able to germinate if the soil doesn't have fungus-like connections that helps the germination. The seeds of orchids, however, not in natural state, can be germinate in so called *in vitro*. This way the seed sprouts in a sterile environment without the presence of any mushroom-like network. These methods make possible for high operational growth of orchids and make it easy to access for everyone. The advantage of *in vitro* seed is that it can germinate up to 80% of the seed of a plant, increasing the number of species of the given orchid tree, while naturally, with the help of the mushroom-like connections, only 0.7 to 15% of the seeds grow from a new plant. With this method, we can also save orchids that have a reduced natural habitat. To this end, from as many seed as possible is needed to be cultivate a viable plant in the interest of the species maintenance. By regulating the composition of the medium and changes in environmental factors, and by using different plant hormones we can control the speed of the seed germination and growth.



Környezeti tényezők és a szülők testméreteinek hatása a fészkealj ivararányára széncinegéknl

Czikkelyné Ágh Nóra^{1,2,*}, Pipoly Ivett¹, Bókony Veronika³,
Vincze Ernő¹, Seress Gábor¹, Szabó Krisztián², Liker András¹

¹MTA-PE Evolúciós Ökológia Kutatócsoport, Veszprém; ²ÁTE, Ökológiai Tanszék, Konzerváció-genetikai Kutatócsoport, Budapest; ³MTA-ATK NÖVI, Lendület Evolúciós Ökológia Kutatócsoport, Budapest;
*czikkelyne.agh.nora@gmail.com

Az utódok száma és ivararánya egy fészkealjon belül nem véletlenszerű, számos környezeti tényező és a szülők minősége is befolyásolhatja. A városi élőhelyek az erdeieknél rosszabb körülményeket biztosíthatnak a fiókaneveléshez a kevesebb fiókátáplálék miatt, amire adaptív válasz lehet az ivararány eltolása a táplálékhiányra kevésbé érzékeny ivar irányába. E hipotézis tesztelésére 126 széncinege (*Parus major*) családot választottunk ki 2 városi és 2 erdei helyszínről 2012-2014 között. Minden fiókától vért vettünk molekuláris ivarhatározáshoz, továbbá a ki nem kelt tojásokat és az elpusztult fiókákat is begyűjtöttük. A fészkek közül 82-ben mikroszatellita markerekkel apasági vizsgálatot is végeztünk. Általánosított lineáris modellekkel vizsgáltuk a környezeti (pl. év, terület, EPC) és szülői paraméterek (testméretre kontrollált testtömeg, szárny- és csüdhsz) befolyását az utódok ivararányára. Az első és másodköltést külön vizsgáltuk. Eredményeink alapján egyik általunk vizsgált környezeti tényező sem befolyásolta az utódok ivararányát, és az nem tért el az 1:1 aránytól sem. Ez az eredmény nem erősíti, hogy városi környezetben a szülők az utód ivararány változtatásával alkalmazkodnának a feltehetően kedvezőtlenebb fészkelési feltételekhez. A szülők testméretei közül a szárnyhossz mutatott összefüggést az utódok ivararányával: a nagyobb szülők fészkealjaiban több hím utódot találtunk. Elképzelhető, hogy a nagyobb méretű szülők utódai szintén nagyobbak és jobb kondíciójúak – ha pedig a nagyobb méret egyúttal jobb túlélőképességet is jelent és jobban növeli a hímek, mint a tojók szaporodási sikerét, akkor megérheti több hím utódot létrehozni. Ugyanakkor, az egyes fészkek ivararányában nagy szórás adódott, így elképzelhető, hogy a jövőben még finomabb skálán érdemes tovább vizsgálni a környezeti tényezők és szülői jellegek utód-ivararányra gyakorolt hatásait.

Environmental and parental based effects on brood sex ratio of great tits

Brood size and sex ratio are non-random, might be affected by environmental factors and parental quality. Compared to forests, urban habitats offer limited availability of arthropods as nestling food, and in such lower quality environments it may be adaptive to adjust offspring sex ratio by producing more of the less susceptible sex. To test this hypothesis, we studied great tits (*Parus major*) breeding in 2 urban and 2 forest habitats in 2012-2014, in Hungary. We sampled complete broods for nestlings' molecular sexing (126 broods) and also for paternity analysis (82 families) using microsatellite markers. We analysed the effects of environmental factors (e.g. year, site, EPC) and parental traits (scaled body mass, wing and tarsus length) on brood sex ratio (BSR), separately for the 1st and 2nd annual broods. We found that none of the studied environmental factors had significant effect on BSR and it did not differ from the expected 50:50. Only we found a great degree of deviation in BSR between individual nests. These results thus don't support that parents adaptively adjust their BSR in response to lower quality breeding conditions in cities. In parental traits however, we found that parents' wing length correlated positively with the increased ratio of male offspring. As an explanation, it's possible that larger parents produce larger offspring with better body condition; if these traits contribute more to the fitness in males than females (e.g. due to competition), then it is adaptive for larger parents to skew their BSR and produce more male offspring.



Mely fajok rendelkeznek a legsűrűbb tollazattal? Az élőhely típusának és hőmérsékletének hatása a madarak tollsűrűségére

Daubner Timea-Ingrid^{1,*}, Osváth Gergely^{1,2,3}, Gareth Dyke³, Fuisz Tibor⁴, Andreas Nord^{5,6}, Péntes Janka¹, Vargancsik Dorottya¹, Vágási I. Csongor^{1,3}, Vincze Orsolya^{1,3}, Pap Péter L.^{1,3}

¹Evolúciós Ökológia Kutatócsoport, Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, Babeş-Bolyai Tudományegyetem, Kolozsvár; ²Allatani Múzeum, Babeş-Bolyai Tudományegyetem, Kolozsvár; ³Evolúciós Allattani és Humánbiológiai Tanszék, Debreceni Egyetem, Debrecen; ⁴Magyar Természettudományi Múzeum, Budapest; ⁵Department of Arctic and Marine Biology, Arctic Animal Physiology, Arctic Biology Building, University of Tromsø, Tromsø; ⁶Department of Biology, Section for Evolutionary Ecology, Lund University, Lund; *timeadaubner08@gmail.com

A madarak tollazata számos szereppel bír, melyek közül kiemelkedően fontos a környezeti hőmérséklettel, valamint a vízzel szembeni szigetelő képesség. A tollazat szigetelő képességét nagymértékben befolyásolhatja az alkotásában résztvevő tolltípusok száma, azonban eddig, a különböző madárfajokra jellemző tollsűrűségről nagyon kevés információ áll rendelkezésünkre. A tollazatot alkotó, különböző szerkezetű tolltípusok eltérő jelentőséggel bírnak: a kontúrtollak zászlói alkotják a tollazat külső védőrétegét, míg a testhez közelebb elhelyezkedő pelyhes tollak inkább a hőszigetelésben játszanak szerepet. A kutatás során összesen 152 fajhoz tartozó 337 egyedet vizsgáltunk meg és mértük meg a klb. tolltípusoknak az egységnyi felületre eső számát. Továbbá megvizsgáltuk, hogy a tollazat sűrűsége milyen összefüggést mutat a madarak élőhelyének típusával és hőmérsékletével. A vizsgálat eredményei alapján az élőhely jellege és a telelőterület hőmérséklete is szorosan összefügg a tollazatot alkotó tolltípusok sűrűségével. Összességében a vízimadarak nagyobb tollsűrűséggel jellemezhetőek, mint a szárazföldi fajok: a kontúrtollak és a pelyhelytollak száma is nagyobb ezeknél a fajoknál. Ez nem meglepő, ha figyelembe vesszük, a kontúrtollak vízzáró szerepét, hiszen nagyobb számú, tetőcserépszerűen egymást fedő kontúrtoll jobb védelmet tud biztosítani a víz bejutásával szemben. Továbbá több pelyhelytoll jobb hőszigetelést biztosít a vizes közegben, melynek hővezetése sokkal nagyobb a levegőnél. Ugyancsak a pelyhelytollak fontosságát támasztja alá az az eredmény is, hogy a hidegebb élőhelyen telelő fajoknál nagyobb ezeknek a tollaknak a sűrűsége a melegebb helyen telelő fajokhoz viszonyítva. A tanulmány során először sikerült feltárni a különböző madárfajokra jellemző tollsűrűséget és vizsgálni ezt a fajok élőhelytípusának és környezetük hőmérsékletének tekintetében.

How feathered are birds? Environment predicts both the mass and density of body feathers

The thermoregulatory capacity of the plumage is related to a range of attributes, such as the density of body feathers, but to date we have few information regarding the feather density of different species. The plumage comprises different feather types with different roles in insulation: the overlapping pennaceous distal region of the contour feathers forms an outer water repellent cover over the inner thermo-insulatory layer, defined by the proximal plumulaceous feather section and by the semiplume and downy feathers. So quantifying the densities of different feather types is essential to understand how the plumage of birds is adapted to thermal conditions and lifestyles. According to this, in this study, we test how habitat type and ambient temperature affect the density of body feathers (contour, semiplume and downy feathers) measured on the ventral and dorsal sides of the body, using a phylogenetic comparative analysis of 152 bird species. Our results demonstrate that feather density of downy and contour feathers are higher in species that inhabit colder environments. The density of contour and downy feathers, measured on both sides of the body, is higher in aquatic than in terrestrial birds. However, among the former, diving behaviour does not select for further increases in body feather mass or density. The results of this study provides key insights into how the plumage of birds is adapted to different environments and lifestyles and provides a basis for understanding the diverse range.



Tájszintű és lokális változók hatása alföldi szitakötő-közösségek diverzitására

Dénes Anna^{1*}, Antal Orsolya¹, Nagy H. Beáta³, Dénes Avar-Lehel^{1,2}, László Zoltán¹

¹Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, Babeş-Bolyai Tudományegyetem, Kolozsvár; ²Interdisciplinary Research Institute on Bio-Nano-Sciences, Babeş-Bolyai Tudományegyetem, Kolozsvár; ³MTA-DE Biodiversity and Ecosystem Services Research Group, Debrecen; *en.denesanna@yahoo.com

A közösségek diverzitásának vizsgálatában a fajok által hordozott filogenetikai információ felhasználása a fajok értékét új megvilágításba helyezheti. Egy közösség nem csak attól válik diverzebbé, hogy több fajt tartalmaz, hanem attól is, hogy az alkotó fajok más és más evolúciós útvonalakat képviselnek, és így a tulajdonságok szélesebb skáláját reprezentálják. Változó környezetben a gazdagabb evolúciós információval rendelkező közösségek alkalmazkodóképessége is magasabb. Alföldi szitakötő-közösségek diverzitását mértük fel filogenetikai adatok és abundancia értékek felhasználásával. Továbbá tájléptékű és lokális környezeti változók közösségek diverzitására gyakorolt hatását kutattuk. Eredményeink alapján a filogenetikai diverzitási mutató érzékenyebbnek bizonyul táji léptéken, míg lokálisan az abundancia alapú diverzitási mutató volt érzékenyebb. A közösségek táji szintű vizsgálatokor érdemes figyelembe venni a filogenetikai információkat is.

Landscapes and local variable effects on the diversity of lowland dragonfly communities

The inclusion of the phylogenetic information in a community's diversity may increase the effectiveness of the delivered information. An assemblage of phylogenetically divergent species is more diverse than an assemblage consisting of closely related species, because they represent a more wide scale of evolutionary traits. In changing environment the more evolutionary traits exist, the more species survive. We have studied lowland dragonfly communities' diversity by using phylogenetic information and species abundance. Then we tested the impact of local and landscape variables on the diversities of each community. Our results show that phylogenetic diversity is more sensible to landscape variables, while abundance based diversity correlates with the local variables. We recommend the incorporation of phylogenetic information in further studies targeting community diversity in the landscape scale.



Fertőzött társadalom? A *Rickia wasmannii* ektoparazita gomba hatása a munkamegosztásra hangyáknál

Fazakas Zsolt*, Csiki Zsuzsánna, Markó Bálint

*Babeş-Bolyai Tudományegyetem, Kolozsvár; *fazika67@gmail.com*

Szociális rendszerek fellelhetőek az élőlények szinte bármely csoportjában, amelyek közül a legkomplexebbek az euszociális rendszerek. Az euszociálitás alapját képező reproduktív munkamegosztás már eleve rengeteg kérdést vet fel egy ilyen jellegű rendszer működésével kapcsolatban, de hasonlóan izgalmas probléma a dolgozó kaszton belüli munkamegosztás háttere is. Számos vizsgálat bizonyítja, hogy külső és belső tényezők egyaránt meghatározzák a munkamegosztást euszociális rendszereken belül, a kortól egészen a külső környezeti feltételek változásáig. A paraziták közmertékben módosíthatják az egyes társas lények viselkedését, azonban társas rendszerek működésére gyakorolt hatásukat ritkán vizsgálják, holott az egyedek megváltozott viselkedése egyúttal a társas rendszer megváltozásához is vezethet. Vizsgálatunk során a *Rickia wasmannii* ektoparazita gombafaj munkamegosztásra gyakorolt hatásait figyeltük meg a *Myrmica scabrinodis* hangyafajnál, abból kiindulva, hogy e gomba jelenléte szignifikánsan lecsökkenti a fertőzött dolgozók élettartamát. Tudva azt, hogy, a dolgozók közötti munkamegosztás elsődlegesen a kor függvénye, nem elképzelhetetlen, hogy egy élettartamot csökkentő fertőzés jelenléte hatással van az egyedek munkavállalására. Mivel az egyedek várható élettartama lerövidül, ezáltal a munkaváltási korküszöb is előre tolódhat, azaz a fiatal egyedek hamarabb válhatnak idősebb egyedekre jellemző munkára. Az 51 napig tartó, fertőzött és egészséges kolóniákkal zajló megfigyelések során nem csak a munkamegosztást, hanem az egyedek fészken belüli, illetve fészken kívüli megoszlását, a mortalitást, a hangyatelemek egymástól való távolságát is vizsgáltuk. Eredményeink azt mutatják, hogy a fertőzés hatása valóban többrétegű, az ektoparazita jelenléte nem csak az egyedek viselkedését módosíthatja, hanem befolyásolhatja a társas rendszer működését is.

Infected society? The effect of the ectoparasitic fungus *Rickia wasmannii* on the division of labour in its host ant

Social systems can be found in almost every animal group. The most complex of them are eusocial systems. The reproductive division of labour is at the basis of eusociality, but, generally in ants, division of labour also exist within the worker cast. A number of study proved that internal and external factors contribute to the division of labour in ants, from age to environmental factors. The fact that parasites can modify the behaviour of individuals is well known, but their effects on the social system are rarely tested, although behavioural modifications in individuals could results in a changes in the social system, too. In our experiment we studied the effects of the ectoparasitic fungus *Rickia wasmannii* on the division of labour in *Myrmica scabrinodis* ant species. The fungus is known to decrease the lifespan of infected workers. Due to the fact, that the division of labour in workers is based mostly on age, it's quite possible due to reduce lifespan of old individuals young workers could switch earlier to tasks characteristic for old ones. Our results show that the fungal infection has multiple effects and besides the behaviour of the individuals there are also changes in the behaviour of the system.



A *Cordulegaster heros* Theischinger, 1979 és a *Cordulegaster bidentata* Selys, 1843 potenciális előfordulásának modellezése

Fekete Judit^{1*}, Mizsei Edvárd², Várbíró Gábor²

¹Pannon Egyetem, Környezettudományi Intézet, Limnológia Intézeti Tanszék, Veszprém; ²Magyar Tudományos Akadémia Ökológiai Kutatóközpont - Duna-kutató Intézet, Debrecen;
*juditfekete0307@gmail.com

A Magyarországon élő *Cordulegaster* fajok fokozottan védettek, szerepelnek a Nemzeti Biodiverzitás Monitorozó Rendszer felméréndő fajai között, és az IUCN Vörös Listáján, ezért elterjedési sajátosságai és az azokat befolyásoló környezeti és klimatikus változók fontosságának feltérképezése kiemelkedő jelentőségű. A fajok potenciális előfordulási viszonyainak modellezésével pontosabb képet kaphatunk azon területekről melyek leginkább alkalmasak lehetnek a fajok számára ezzel megkönnyíthetjük a monitoring projektek tervezését és kivitelezését. Munkánk során irodalmi adatokat gyűjtöttünk a *Cordulegaster heros* és a *Cordulegaster bidentata* fajok előfordulásáról, majd ezeket QGIS program segítségével digitalizáltuk. Az adatok legnagyobb része a Kárpát-medencére vonatkozó irodalmakból származik, melyeket kiegészítettünk európai online adatbázisok adataival és saját megfigyeléseinkkel a modellek pontosítása érdekében. A modellek elkészítéséhez a WorldClim adatbázisából a Bioklimatikus változóit használtuk fel, kiegészítve tengerszint feletti magasság, lejtő kiettsége és lejtés háttérváltozókkal. Az összegyűjtött prezencia adatok alapján készülő potenciális előfordulási térképeket R statisztikai környezetben generáltuk, biomod2 csomag segítségével, 5 kiválasztott modell algoritmus használatával (Generalised Linear Models, Generalised Additive Models, randomForest, Artificial Neural Networks, MAXENT). A modelleket True Skill Statistics segítségével értékeltük, mely alapján a randomForest, a GAM és a GLM bizonyultak legpontosabbnak. Az ezek alapján elkészült projekciókat összesítő térképen jelenítettük meg, melyek jól tükrözik a fajok recens előfordulási sajátosságaival rendelkező területeket, viszont a potenciális előfordulási helyek pontosításához még további adatok és elemzések szükségesek.

Modeling the potential distribution of *Cordulegaster heros* Theischinger, 1979 and *Cordulegaster bidentata* Selys, 1843

The two *Cordulegaster* species occurring in Hungary are both strictly protected by the law, listed in the National Biodiversity Monitoring System and IUCN Red List as well. Thus it is important to determine their distribution characteristics and the environmental and climatic variables affecting them. By modeling the potential distribution we can get a more accurate picture about the most suitable areas for these species and in this way we can make easier the design and implementation of monitoring projects. First, we collected literary data on the occurrence of *Cordulegaster heros* and *Cordulegaster bidentata* species and then digitized them using QGIS program. Most of the data comes from the literature on the Carpathian Basin, which we supplemented with data from European online databases and our own observations to make models more precise. For the models, we used the Bioclimatic background variables from the WorldClim database, supplemented with altitude, slope, and aspect variables. Potential distribution maps based on the collected presence data were generated in R statistical environment, using biomod2 package using 5 selected model algorithms (Generalized Additive Models, randomForest, Artificial Neural Networks, MAXENT). The models were evaluated using True Skill Statistics, which determined randomForest, GAM and GLM as the most accurate algorithms. Projections based on these algorithms were summarised on a map and that reflects well the areas with recent occurrences of species, but additional data and analyzes are needed to clarify the potential distribution.



Chlorella fajok sótoleranciájának és sótalanító képességének vizsgálata

Figler Aida*, Bácsi István

Hidrobiológiai Tanszék, Debreceni Egyetem, Debrecen; *aida14@freemail.hu

Antropogén hatásokra számos szerves és szervetlen szennyezőforrás terheli vízterünket, amely jelentős környezeti problémát okoz napjainkban. Bizonyos mikroalga fajok hatékonyan felhasználhatók az eutrofizációért felelős szervetlen anyagok (nitrát, foszfát), a nehézfémek, valamint a különféle gyógyszerek és gyógyszermaradványok eltávolítására különböző eredetű szennyvizekből. Magyarország balneológiai adottságainak köszönhetően gazdag ásványvizekben, gyógy- és termálvizekben egyaránt. A használt termálvizeket hígítás és tározást követően bevezetik élővizeinkbe, amely szintén számos ökológiai következménnyel jár. Egyes mikroalga fajok képesek tolerálni, sőt csökkenteni a vizek sótartalmát, amely tulajdonságuk előnyös lehet a használt termálvizek kezelésében. Munkánk során két kokkoid zöldalga fajjal (*Chlorella sorokiniana*, *C. vulgaris*) végeztünk kísérleteket, amelyeket különböző sókoncentrációkkal (10000-20000 mg/l) kezeltünk. A kéthetes kísérletek során figyelemmel kísértük a tenyészetek növekedését, meghatároztuk az EC50 értékeket, illetve megvizsgáltuk a vezetőképességben, a klorid-, a nitrát- és a foszfát- tartalomban bekövetkező változásokat. Az alkalmazott édesvízi fajok magas sókoncentrációk mellett is sejtszám növekedést mutattak és a vizsgálatok során azt tapasztaltuk, hogy képesek csökkenteni a közeg klorid- tartalmát, még magas kezdeti sókoncentrációk mellett is. A tenyészetek foszfát- tartalma csak kis mértékben változott a két hetes kísérlet alatt, ugyanakkor a nitrát tartalom kiemelkedő mértékben csökkent. Eredményeink azt sugallják, hogy az általunk vizsgált két mikroalga faj potenciálisan megfelelő lehet számos technológiai folyamatban magas sótoleranciájuknak köszönhetően, ezzel csökkentve a felhasznált édesvíz mennyiségét. Használatukkal fokozható a biológia szennyvíztisztítás hatékonysága, csökkenthető a szennyeződések mértéke, valamint a vizek sótartalma is.

Study of the salt tolerance and desalination capacity of *Chlorella* species

Anthropogenic effects load surface waters with many organic and inorganic pollutants, causing significant environmental problems nowadays. Certain microalgae species can be effectively used to remove inorganic substances, heavy metals, as well as various drugs and drug residues from wastewater. Thanks to the balneological features of Hungary, the country is rich in mineral and thermal waters. The used thermal waters are released into natural surface waters after storage and dilution, which also has many ecological consequences. Some microalga species are able to tolerate or even reduce the salinity of waters, which may be beneficial in treating the used thermal waters. In this work two coccoid green alga species (*Chlorella sorokiniana*, *C. vulgaris*) were treated with different salt concentrations (10000-20000 mg/l). During the two-week experiments the growth of cultures, changes in conductivity, chloride, nitrate and phosphate content were investigated, and the EC50 values were calculated. The cell number of these freshwater species increased also at high salt concentrations, and they have been found to be able to reduce the chloride content of the medium even during high initial salt concentrations. The phosphate content of the cultures changed only slightly during the two-week experiment, but nitrate content was significantly reduced. Our results suggest that the two microalga species can potentially be appropriate in many technological processes due to their high salt tolerance, thus reducing the amount of freshwater use. They can be used to increase the efficiency of biological wastewater treatment, reduce the contaminants and the salt content of water.



A mikrocisztin-LR hatásai a sejtosztódásra különböző modell növényekben

Freytag Csongor*, Szűcs Boglárka, Papp Georgina Viktória,
Magi Dorottya, Kelemen Adrienn, Garda Tamás, Máthé Csaba

Debreceni Egyetem, TTK Növénytani Tanszék, Debrecen; *fcsongor@me.com

A mikrocisztin-LR egy toxikus cianobakteriális ciklikus heptapeptid. Jellemzően az *Anabaena*, *Oscillatoria*, *Mycrocystis*, *Planktothrix*, és *Nostoc* genuszba tartozó cianobaktériumok termelik. A *Microcystis aeruginosa* által termelt mikrocisztin-LR specifikus inhibitora az egyes- (PP1) és kettes típusú (PP2A) protein-foszfatazok katalitikus alegységeinek, emellett ROS-t is indukál, így kiváló vizsgálati szer a protein-foszfatazok és az oxidatív stressz összefüggéseinek vizsgálatához. Kísérleteinkben hosszútávú kezelések (24h) során vizsgáltuk a kromatin és a citoskeleton szerkezeti változásait. Már 1 μ M toxin hatására tapasztaltuk a mitotikus index és citoskeleton strukturális változásait. Vizsgálatainkat több növényfajra terjesztettük ki: lóbab (*Vicia faba*), dohányok (*Nicotiana tabacum* SR1 és *Nicotiana benthamiana*) és lúdfüvek (*Arabidopsis thaliana* Columbia és *Lansberg erecta*). A növényi sejt szubcelluláris dinamikájának szabályozásában is nagyon fontos szerepe van a protein foszfatazoknak. A mikrocisztin, mint foszfatazgátló ideális lehetőséget kínál különböző növényi modell rendszerekben, hogy jobban megérthessük a foszforiláció függő folyamatokat és következtessünk cianotoxinok által indukált szövet- és sejtszintű növényi stresszválaszok szabályozásának működésére.

The effects of microcystin-LR in different model plant

Microcystin-LR is a toxic cyanobacterial cyclic heptapeptide. The typical producers of cyanotoxins are members of *Anabaena*, *Oscillatoria*, *Mycrocystis*, *Planktothrix*, and *Nostoc* genera. Microcystin-LR produced by *Microcystis aeruginosa* is a specific inhibitor of the catalytic subunits of the type 1 (PP1) and type 2 (PP2A) protein phosphatases, and also induces ROS, thus is an excellent test substance for the investigation of protein phosphatases and oxidative stress correlations. In our experiments, structural changes in chromatin and cytoskeleton were studied in long-term treatments (24h). We have experienced structural changes in the mitotic index and cytoskeleton by the effect of 1 μ M toxin. Our study was extended to several species of plant: broad bean (*Vicia faba*), tobacco (*Nicotiana tabacum* SR1 and *Nicotiana benthamiana*) and thale cress (*Arabidopsis thaliana* Columbia and *Lansberg erecta*). In the regulation of the subcellular dynamics of the plant cell, the role of protein phosphatases is very important. Microcystin, as a phosphatase inhibitor provides an excellent opportunity in different plant model systems to better understand the phosphorylation dependent processes and to deduce the function of cyanotoxin-induced tissue and cellular plant stress responses.



Édes sokszínűség: a változatos összetételű csoportok egyedei kevésbé stresszeltek

Fülöp Attila^{1*}, Vágási I. Csongor^{1,2}, Osváth Gergely^{2,3}, Pap Péter László²,
Pénzes Janka², Lendvai Ádám Z.³, Benkő Zoltán⁴, Barta Zoltán¹

¹Debreceni Egyetem, Evolúciós Állattani és Humánbiológiai Tanszék, MTA-DE Viselkedésokológiai Kutatócsoport, Debrecen; ²Babeş-Bolyai Tudományegyetem, Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, Evolúciós Ökológia Kutatócsoport, Kolozsvár; ³Debreceni Egyetem, Evolúciós Állattani és Humánbiológiai Tanszék, Debrecen; ⁴Román Madártani Egyesület/BirdLife Romania, Kolozsvár; *fajfeldolgozo@gmail.com

A csoport fenotípusos összetétele (CsFŐ) befolyásolhatja a csoport működését (pl. táplálékkeresés sikere). A CsFŐ-nek a csoportot alkotó egyedek rátermettségére kifejtett hatásairól azonban empirikus tanulmányok eddig alig születtek. Vizsgálatunkban kísérletesen manipuláltuk a CsFŐ-t házi verébnél (*Passer domesticus*) azáltal, hogy eltérő személyiséggelleg összetételű csoportokat hoztunk létre, és teszteltük ennek hatását az egyedek fiziológiai állapotára, kontrollálva az egyedek személyiségére (felfedező készség) és a tollak kortikoszteron (stressz hormon) szintjére. Az egyedek fiziológiai állapotát a kondícióval, veleszületett immunitással, heterofil/limfocita aránnyal (stressz indikátor), illetve az oxidatív károsodás mértékével jellemeztük. Eredményeink azt mutatják, hogy a változatos személyiséggelleg összetételű csoportokba tartozó madarak kondíciója, heterofil/limfocita aránya és az oxidatív károsodásának mértéke szignifikánsan alacsonyabb volt, mint a homogén csoportokhoz tartozó fajtársaiké. Ez a hatás független az egyéni személyiségtől és a tollak kortikoszteron szintjétől. Eredményeink arra utalnak, hogy a CsFŐ fontos szerepet játszik az egyéni fiziológiai állapot meghatározásában. Emiatt a CsFŐ hatásának vizsgálata a csoportot alkotó egyedek rátermettségére kulcsfontosságú a társadalmi csoportok szerveződési szabályainak és a CsFŐ evolúciós következményeinek megértése érdekében.

Variety is delighting: social groups composed of diverse personalities are less stressful

Group phenotypic composition (GPC) can affect group-level processes, which in turn can influence the fitness of the group members. Empirical studies, however, on the fitness implications of GPC are scarce. Here we experimentally manipulated GPC by assembling house sparrow (*Passer domesticus*) groups of different personality composition and asked whether GPC has an effect on the physiological state (i.e. body condition, innate immune capacity, heterophil/lymphocyte ratio [stress indicator] and oxidative damage) of group members. We also asked whether GPC interplays with individual personality (exploratory behavior) and feather corticosterone level to affect fitness. We found that body condition, heterophil/lymphocyte ratio and oxidative stress levels were significantly lower in birds from groups with variable personality composition than in birds from homogeneous groups. Furthermore, GPC acted independently of personality and feather corticosterone level. Our results indicate that GPC is important in determining individual physiological state, and studying how GPC affects individual fitness or fitness-related traits is a primary requisite to understand the social group assembly rules and the evolutionary implications of GPC.



A mikrocisztin-LR (MCY-LR) hatása az auxin transzport fehérjékre *Arabidopsis thaliana* csíranövényekben

Garda Tamás^{1*}, Máthé Csaba¹, Papp Georgina Viktória¹, Vasas Gábor¹, Tomasz Nodzynski²

¹Debreceni Egyetem, Természettudományi és Technológiai Kar, Növénytani Tanszék, Debrecen; ²Central European Institute of Technology, Masaryk University, Brno; *gtamas0516@gmail.com

Munkánk során egy cianobakteriális toxin a mikrocisztin-LR (MCY-LR) PIN1, PIN2, PIN3 és PIN7 poláris auxin transzport fehérjékre kifejtett hatását vizsgáltuk *Arabidopsis thaliana* (ökotípus: Columbia Wild Type) csíranövényekben. A MCY-LR az 1-es és 2A típusú protein foszfatázok (PP1 és PP2A) specifikus inhibitora, emellett pedig reaktív oxigéngyök (ROS) felhalmozódást is indukál. Az auxin transzport fehérjék polaritásának szabályozásában fontos szerepe van a PP2A általi defoszforilációnak, amely elősegíti a bazális lokalizációjukat a sejtben. A MCY-LR PP2A gátló hatása miatt úgy gondoltuk, hogy az auxin transzport fehérjék lokalizációja és eloszlása is megváltozik ennek a cianotoxinnak a hatására. Minden vizsgált poláris auxin transzport fehérje esetében a kezelés időtartamától függetlenül de MCY-LR koncentráció függő módon megfigyeltük ezen fehérjék mennyiségének csökkenését a gyökerekben. Hosszú távú kezelések során a PIN1, PIN2 és PIN3 fehérjék diffúz lokalizációját vagy teljes eltűnését figyeltük meg. Vizsgáltuk az *A. thaliana* gyökerek MCY-LR hatására adott gravitropikus választ is, amelyben fontos szerepe van a poláris auxin transzport fehérjék lokalizációjának. Vizsgálataink elvégeztük GFP fúziós fehérjéket tartalmazó (PIN1::GFP, PIN2::GFP, PIN3::GFP) és vad típusú *A. thaliana* (Col0) növényekben. A vad típusú növényekben immunhisztokémiai jelöléssel tettük láthatóvá a PIN1, PIN2, és PIN7 poláris auxin transzport fehérjéket. Rövid (1 és 2 nap) és hosszútávú (7 és 9 nap) vizsgálatokat is végeztünk, amelyek során 1 és 10 µg ml⁻¹ MCY-LR koncentrációkat használtunk.

Effect of microcystin-LR (MCY-LR) on auxin transport proteins in *Arabidopsis thaliana* seedlings

We studied the effect of the microcystin-LR (MCY-LR, cyanobacterial toxin) on the polar auxin transport proteins PIN1, PIN2, PIN3 and PIN7 in *Arabidopsis thaliana* (Ecotype: Columbia Wild Type) seedlings. MCY-LR is a specific inhibitor of type 1 and 2A protein phosphatases (PP1 and PP2A), and also induces reactive oxygen species (ROS) accumulation. In regulating the polarity of auxin transport proteins, PP2A dephosphorylation plays an important role in promoting their basal localization in the cell. Due to the PP2A inhibitory effect of MCY-LR, we thought that the localization and distribution of auxin transport proteins will also change to the effect of this cyanotoxin. For each test for polar auxin transport proteins, we observed reduction in the amount of these proteins in the roots independently of the duration of the treatment but in a MCY-LR-concentration-dependent manner. We observed the diffuse localization or disappearance of PIN1, PIN2 and PIN3 proteins during long-term treatment. We also investigated the gravitropic response of *A. thaliana* roots under the influence of MCY-LR, in which the localization of polar auxin transport proteins plays an important role. Our investigations have been performed in wild type (Col0) and *A. thaliana* containing GFP fusion proteins (PIN1::GFP, PIN2::GFP, PIN3::GFP) plants. We used immunohistochemical method for the labelling of the PIN1, PIN2 and PIN7 polar auxin transport proteins in wild type plants. Short (1 and 2 days) and long-term (7 and 9 days) studies were also performed with 1 and 10 µg ml⁻¹ MCY-LR concentrations.



Ló sztori - a lovak házasításának rövid története

Gerber Dániel^{1,*}, Gál Erika², Szécsényi-Nagy Anna¹

¹MTA BTK RI Archeogenetikai Laboratórium; ²MTA BTK Régészeti Intézet; *gerberd1990@gmail.com

A ló, mint a vándorlás, kereskedelem és technológia egyik legfontosabb eszköze a történelem során, paradox módon az egyik legkésőbb házasított és legkevésbé ismert eredetű állatok közé tartozik. Az elmúlt évek kutatásai nagyrészt egymásnak ellentmondó, vitatható eredményei viszont lassan egységbe állva egy új, az eddigi elképzelésektől radikálisan eltérő történetet vázolnak fel a ló házasításáról és elterjedéséről. Ebben komoly szerep jut az archeogenetikának és az új generációs szekvenálási technológiának, melyek segítségével szinte valós időben figyelhetjük meg a lófélék evolúcióját, eurázsiai elterjedését, vagy éppen a szelektív tenyésztés genomevolúcióra gyakorolt hatását. Komoly kihívást jelent azonban az eredet meghatározása, aminek legfőbb oka a kevés leletanyag, és már a legkorábbi, régészeti kontextusban előkerült maradványok genetikai sokszínűsége, ami a filogeográfiai elemzéseket gátolja. Új leleteknek, lelőhelyeknek és módszertannak köszönhetően viszont a téma új életre kelt a közelmúltban, teljes genomi adatsorok felhasználásával a házasítási központok azonosíthatóvá kezdenek válni, mely kutatásokban csoportunk nemzetközi kollaborációban vesz részt. Az új eredmények tükrében a pontokaszi sztyeppéről a hangsúly áthelyeződhet különböző közel-keleti és európai régiókra, köztük a Kárpát-medencére is, mely kiemelkedő szerepet kaphat a jövőben.

Horse story - the brief tale of horse domestication

The horse, as one of the most important tool for wandering, trading and technology during history, paradoxically also as one of the latest domesticated and least unveiled livestock. The contradictory results of previous studies however seems to turn into a new consensus, which is a radically different tale of horse spread and origins in contrast of former theories. Owing to archaeogenetics and new generation sequencing technologies, it is possible to reveal horse evolution, spreading through Eurasia, or even genome evolution impacted by selective breeding in almost real time. In spite of technological advances, the ascertainment of domestication origins still remains a difficult task due to the lack of artefacts and the negative phylogeographical effect caused by high genetic variability even among the earliest remains uncovered in archaeological context. As a result of new findings, quarries and methodology the topic has recently reborn, and utilizing whole genome datasets the detection of domestication origins has become reality, where our team is taking part in international collaboration. In the light of novel results, the main focus may shift from the Pontic-Caspian steppe to various Near Eastern and European regions including the Carpathian Basin, which may take a prominent role in the future.



A szájüregi laphámrák és a leukoplakia jellemző nyálfehérje profil vizsgálata tömegspektrometriás módszerekkel

Gyenge L. Ervin^{1,*}, Márkus Bernadett², Csósz Éva²

¹*Babeş-Bolyai Tudományegyetem, Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, Kolozsvár;* ²*Proteomika Szolgáltató Laboratórium, Biokémiai és Molekuláris Biológiai Intézet, Általános Orvostudományi Kar, Debreceni Egyetem, Debrecen;* *gyenge_ervin@yahoo.com

A szájüregi laphámrák egy világszerte nagy egészségügyi problémát okozó megbetegedés, amely a korszerű kezelési protokollok ellenére is alacsony 5 éves túlélési rátával rendelkezik. Emiatt fontos olyan nyál biomarkerek azonosítása, amelyek révén a diagnózis korábban megállapítható és a kezelés hatékonyabbá tehető. Kutatásunk során egy potenciális rákmegelőző állapotra, a leukoplakiára (OLK), és a szájüregi laphámrákra (OSCC) jellemző nyálfehérje profil proteomikai vizsgálatára fektettük a hangsúlyt. Egy és kétdimenziós gélelektroforézissel összekapcsolt tömegspektrometriás módszerek segítségével daganatos és leukoplakiás betegektől, illetve egészséges önkéntesektől gyűjtött nyálmintákban megvizsgáltuk, valamint összehasonlítottuk a fehérje profilokat. Munkánk során 12 olyan fehérjét sikerült azonosítani, amelyek csak egy adott csoportra voltak jellemzőek. A továbbiakban célunk annak vizsgálata, hogy ezek a fehérjék mennyiben használhatók potenciális biomarkerként.

The analysis of salivary protein profiles in oral leukoplakia and oral squamous cell carcinoma using mass spectrometry

The oral squamous cell carcinoma (OSCC) is a global issue in medicine. The OSCC treatments including the current modern clinical protocols are characterized with a five-year survival rate. It is therefore very important to research biomarkers, which are a precise tool in diagnostics and treatment optimization. The goal of our research was to analyze the salivary protein profiles of a potential pre-carcinogen lesion – leukoplakia – and the oral squamous cell carcinoma. We have utilized proteomics methods like the one and two dimensional electrophoresis followed by HPLC-MS/MS to identify proteins differentially expressed in OLK and OSCC samples. For this we have analyzed samples from healthy and from individuals suffering from leukoplakia and OSCC. We managed to identify 12 proteins which were typical for a particular group. These differentially expressed proteins may have utility as candidate markers of OLK and OSCC and represents a potential tool in diagnostics.



Elütött gerincesek vizsgálata egy bányásági agrártájban

Hegyeli Zsolt*, Fülöp Tihamér

„*Milvus Csoport*” Madártani és Természetvédelmi Egyesület, Marosvásárhely; *zsolt.hegyeli@milvus.ro

Fragmentációs és barrierhatások mellett a közutak jelentős mortalitási tényezőt jelenthetnek sok állatfaj számára. A témában rejlő lehetőségek ellenére Romániában napjainkig csak elenyésző számú kutatás foglalkozott közúti állatelutérésekkel. Jelen munkában egy 2011–2017-ben végzett közúti elütött állatmonitoring részleges eredményeit mutatjuk be. A vizsgálatokat egy jellemzően alföldi agrártájban elhelyezkedő kisvárosban, a bányásági Nagyszentmiklóson folytattuk. A város négy legforgalmasabb útját (összesen 30 km) rendszerint évi három alkalommal (tavasz, nyár, ősz) jártuk be gyalogosan. A 68 bejárás alkalmával minden megtalált elütött gerinces állatot nyilvántartásba vettünk, az úttesten és az utak mindkét oldalán. A felmérés hét éve során összesen 9790 elütött gerincest találtunk, ezek zöme (71%) kétlélű volt, 19%-a emlős, 8%-a madár, 2%-a pedig hüllő. Az összes egyed 94%-át tudtuk faji szintig meghatározni (51 madár-, 30 emlős-, 10 kétlélű- és 4 hüllőfaj). Jelentős különbség mutatkozott a kül- és belterület fajdiverzitásában, emellett egyes fajok csak kül- vagy csak belterületre voltak jellemzők. Az elütött állatok faji és számbeli összetétele jelentős szezonalitást mutatott, emellett egyes fajok, elsősorban a mezei pocok (*Microtus arvalis*) és a zöld varangy (*Bufo viridis*) éves állományingadozásai is jól nyomon követhetőek voltak. A kismemlősök állományrobbanását követően azok egyes predátorai is nagyobb számban estek az utak áldozatául. Természetvédelmi szempontból a kétlélűek veszélyeztetettsége tűnik jelentősebbnek, elsősorban a vonulási időszakokban. A vizsgált területen jelentősebb faunisztikai adatnak minősül egybeként a durvavitorlájú törpedenevér (*Pipistrellus nathusii*), a molnárgerény (*Mustela eversmanii*), a mogyorós pele (*Muscardinus avellanarius*), a fali gyík (*Podarcis muralis*), valamint a szíriai ásóbéka (*Pelobates syriacus*) megkerülése.

Road-killed vertebrates in an agricultural landscape from Banat, Romania

Apart from their fragmentation and barrier effect, roads can represent a significant mortality factor for many animal species. In spite of the potential of this topic, to date only a small number of studies have focused on roadkill in Romania. Here, we present partial results of a roadkill monitoring, conducted in the 2011–2017 period. The studies were conducted in a typical farmland area, around the town of Sânnicolau Mare (Timiș County, Romania). The four main arteries of the town (30 km length in total) were surveyed three times a year (during spring, summer and fall), on foot. During the 68 surveys, every discoverable vertebrate carcass was recorded on both sides of the road. During the seven years of the survey, a total of 9790 vertebrate casualties were recorded. The overwhelming majority of them (71%) were amphibians, while mammals made up 19%, birds 8% and reptiles 2%. Ninety-four percent of all individuals could be identified to the species level (51 bird, 30 mammal, 10 amphibian and 4 reptile species). There was a significant difference between the species diversity of urban and interurban road sections, with some taxa only characteristic to either of the two. Numbers and specific composition of roadkill displayed significant seasonality. Population fluctuations of some species, chiefly common vole (*Microtus arvalis*) and green toad (*Bufo viridis*) were also detectable. Following population explosions of small mammals, some of their predators also became more frequent roadkill. From a conservation viewpoint, the vulnerability of amphibians appears to be more significant, especially during their migration periods. Some interesting records for the study area are Nathusius' pipistrelle (*Pipistrellus nathusii*), steppe polecat (*Mustela eversmanii*), hazel dormouse (*Muscardinus avellanarius*), common wall lizard (*Podarcis muralis*) and eastern spadefoot toad (*Pelobates syriacus*).



Sóstressz válasz fluoreszcens mikroszkópos vizsgálata *Arabidopsis* glutation transzferáz inserciós mutánsok gyökerén

Holinka Botond*, Horváth Edit, Csiszár Jolán

Szegedi Tudományegyetem, Szeged; *9alma4@gmail.com

A gyökér folyamatos növekedését és fejlődését elsősorban az apikális merisztémája biztosítja, melynek hormonális és transzkripcionális szabályozását már régóta tanulmányozzák. Az elmúlt években előtérbe került a reaktív oxigén formák (ROS) és az antioxidánsok fontos szerepe is. A kedvezőtlen környezeti tényezők a különböző ROS formák szövetspecifikus akkumulációját és növekedésgátlást eredményezhetnek. Munkánkban az antioxidáns stresszválaszban fontos két *Arabidopsis thaliana* glutation transzferáz (GST) izoenzim szerepét tanulmányoztuk inserciós mutánsokkal. A *gstf8*, *gstu19* és a vad típus (Col-0) gyökerek merisztematikus és elongációs zónáiban hasonlítottuk össze a ROS fajták mennyiségét és eloszlását NaCl kezelés után. Az össz ROS illetve a O_2^- és H_2O_2 szint változását, valamint a sejtek elhalásának és életképességének alakulását fluoreszcens festékekkel határoztuk meg 7 napos csíranövényeken 3 óráss 75 és 150 mM-os NaCl stressz után. A vad típusnál magasabb H_2O_2 szint volt kimutatható kontroll körülmények között a *gstu19* merisztematikus zónájában illetve megemelkedett O_2^- mennyiség mindkét mutánsban. Az össz ROS és a H_2O_2 mennyisége sóstressz hatására megemelkedett a Col-0 növényekben is, azonban általában jelentősebb ROS akkumuláció jellemezte a mutánsokat, bár a ROS fajták eloszlása a gyökérezonákban különbözött. A sejtek elhalását propidium jodiddal vizsgálva 150 mM NaCl alkalmazása esetén mutattunk ki változást mindhárom vonalnál, elsősorban az elongációs zónában. Az életképességet fluorescein diacetát alkalmazásával detektálva sem találtunk eltérést a vonalak között kontroll körülmények között, azonban jelentős csökkenést tapasztaltunk a használt sókoncentrációtól függően. Bár a megfigyelt tendencia hasonló volt, a mutánsok életképessége stressz esetén fokozottan csökkent. Azonban a csíranövények növekedését két hétig tartó kezelés után vizsgálva nem találtunk szignifikáns különbséget a vad típus és a mutánsok között.

Fluorescent microscopic study of the salt-stress response of glutathione transferase insertion mutants

The growth of roots is ensured by the apical meristem, whose hormonal and transcriptional regulation has been studied extensively. In the last few years, the role of reactive oxygen species (ROS) and antioxidants has come to the fore. Disadvantageous environmental factors can lead to the tissue-specific accumulation of different ROS forms and inhibition of growth. Through our work, we studied the role of two *Arabidopsis thaliana* glutathione transferase (GST) isoenzymes using insertion mutants. They have important roles in the antioxidant stress response. We compared the amount and the localisation of different ROS types in the meristematic and elongation zones of *gstf8*, *gstu19* and wild type (Col-0) roots after NaCl treatments. We determined the change of the overall ROS, O_2^- and H_2O_2 levels, as well as in viability and necrosis of 7-day-old seedlings after 3 hours of 75 and 150 mM NaCl stress. A higher H_2O_2 level was detectable in the meristematic zone of the *gstu19*, and increase in O_2^- levels of both mutants. Salt stress enhanced the overall ROS and H_2O_2 amounts of Col-0 plants. While both mutants accumulated more ROS than wild type with different pattern of in the root zones, the dispersion of the ROS types differed in the roots area. Using propidium iodide, increased cell death was detected in the elongation zone of all investigated lines after applying 150 mM NaCl. We examining the viability by fluorescein diacetate we observed a bigger decrease at all lines depending on the concentration of salt, with higher extent in mutants, and the viability of the mutants decreased more in case of stress. Measuring the growth of the seedlings after a two-week-long treatment, there was no significant differences between the wild type and the mutants.



A születést megelőző és azt követő környezeti eltérések hatása fiatal *Iberolacerta cyreni* gyíkok viselkedési konzisztenciájára

Horváth Gergely^{1,*}, Gonzalo Rodríguez Ruiz², José Martín², Pilar López², Herczeg Gábor¹

¹Eötvös Loránd Tudományegyetem, Állatrendszertani és Ökológiai Tanszék, Viselkedésökológiai Csoport, Budapest; ²Departamento de Ecología Evolutiva, Museo Nacional de Ciencias Naturales, CSIC, Madrid; *gergohorvath@caesar.elte.hu

Adott populáción belül megfigyelhető, konzisztens egyedek közötti változatosság létrejöhet egy bizonyos viselkedéscsoport belül (állati személyiség), valamint több, funkcionálisan eltérő viselkedés között is (viselkedési szindróma). A viselkedési konzisztencia kialakulását és fennmaradását a külső környezet eltérései döntően befolyásolhatják, főleg az egyedfejlődés kezdeti szakaszaiban, viszont a születést megelőző környezet (anyai hatások) szerepét csak ritkán vizsgálják. Tanulmányunkban a tojásfejlesztés alatti anyai táplálék minőségének (D3 vitamin vs. kontrol) és a születést követő stressz (kortikoszteron vs. kontrol) fiatal *Iberolacerta cyreni* gyíkok viselkedési konzisztenciájára kifejtett hatását teszteltük egy ortogonális kísérlet keretében. A viselkedési változatosság különböző szintjeit vizsgáltuk, így a kezelések (i) viselkedési konzisztencia erősségére (repetabilitás ill. viselkedések közti korreláció), (ii) viselkedési típusra (egyedi viselkedési átlag) és (iii) viselkedési prediktabilitásra (egyeden belüli viselkedési precizitás) kifejtett hatásait teszteltük. Eredményeink alapján az anyai táplálék minősége pozitívan befolyásolta az utódok motoros teljesítményét (sebesség). A kezelések eltérő hatással voltak a viselkedési konzisztencia erősségére: Az aktivitás mindegyik kezelési csoportban repetábilisnak bizonyult, míg a kockázatvállalás repetabilitása egyedül a kontrol anya × kortikoszteron csoportban volt elhanyagolható, ellentétben a búvóhelyhasználattal, ahol csak a vitaminnal kezelte anya × kortikoszteron csoportban volt kimutatható állati személyiség. A kezelések nem befolyásolták a viselkedési típust, viszont a viselkedési prediktabilitást igen. A kontrol anyák utódainak aktivitása kevésbé volt prediktálható, továbbá a kortikoszteronnal kezelt, kontrol anyáktól származó fiatalok kockázatvállalásukat is kevésbé prediktálható módon fejezték ki. Előadásomban ezen mintázatok lehetséges evolúciós ökológiai magyarázatait mutatom be.

Effect of pre- and postnatal environmental differences on behavioural consistency of juvenile *Iberolacerta cyreni*

Environmental differences are shown to affect the emergence and maintenance of consistent between-individual behavioural variation in a single (animal personality) and across multiple behaviours (behavioural syndrome), especially when experienced early in life. However, effect of prenatal environmental conditions (i.e. non-genetic maternal effects) on behavioural consistency is rarely studied. Here, by applying an orthogonal experimental design, we studied if quality of maternal diet during gestation (vitamin D3 supplemented vs. control) and postnatal stress (corticosterone vs. placebo) had an effect on behavioural consistency of juvenile Carpetan rock lizards (*Iberolacerta cyreni*). Effects of our treatments were tested on different levels of behavioural variation: (i) strength of behavioural consistency (repeatability for animal personality; between individual correlation for behavioural syndrome), (ii) behavioural type (individual mean behaviour) and (iii) behavioural predictability (within-individual behavioural precision). We found a strong effect of maternal diet on offspring state, as locomotor performance of juveniles from supplemented mothers was higher. Our treatments affected the strength of behavioural consistency in various ways: animal personality in activity was present in all treatments; however, personality in risk-taking was negligible only in the control mother × corticosterone treatment. In contrast, personality in shelter use was present only in the supplemented mother × corticosterone treatment. The treatments did not affect behavioural type, but they did affect behavioural predictability. Activity of juveniles from control mothers was less predictable, further, juveniles from control mothers expressed risk-taking with low predictability when treated with corticosterone (i.e. under higher stress). I discuss several evolutionary explanations for the reported patterns.



Egy hangyányi gomba – A *Myrmica scabrinodis* gombaflórája

Igor Siedlecki¹, Marta Wrzosek¹, Szabó Ágota^{2,*}, Julia Pawłowska¹, Markó Bálint²

¹Department of Molecular Phylogenetics and Evolution, University of Warsaw, Faculty of Biology, Warsaw;

²Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, Babeş-Bolyai Tudományegyetem, Kolozsvár;

*szabo.agota997@gmail.com

Előzetes kutatások azt mutatják, hogy a hangya-gomba kapcsolatok, interakciók sokkal gyakoribbak, mint gondolnánk, legyen szó parazita vagy mutualista, esetleg kommenzalista kapcsolatokról. Mindennek oka talán abban keresendő, hogy az eddigi vizsgálatok főként a szabad szemmel látható hangyapartner gombákra fektettek nagyobb hangsúlyt, sokkal kevésbé azokra a fajokra, amelyek mikroszkopikusak. Ugyanakkor akárcsak nagyon sok más élőlény testfelszínén, a hangyák esetében is feltételezhetjük, hogy valamilyen gombaflóra kialakulhat a testfelszínén. Vizsgálatunk során a *Myrmica scabrinodis* hangyafaj testén élő gombfajokat vizsgáltuk. Mivel a gombaflóra jellege kor- és fiziológiai állapot függvénye is lehet csoportokat alakítottunk ki kor és fertőzöttség szerint a tanulmányozott egyedek között. A vizsgált 9 kolóniánkból öt ugyanis fertőzött volt a Laboulbeniales rendbe tartozó *Rickia wasmannii* ektoparazita gombával. A kiválasztott hangyák fagyasztott tetemeit egy speciális táptalajra helyeztük, majd a gombák kifejlődése után makro- és mikroszkópikus vizsgálatokat végeztünk. Az eredményeink igazolták feltevéseinket: a hangyák gombaflórája a kor függvényében változik, s ez, feltehetően, a korfüggő munkamegosztásnak köszönhető, valamint különbséget találtunk a *Rickia wasmannii*-val fertőzött és nem-fertőzött egyedeken azonosított gombaflóra esetében is. Ez az első olyan tanulmány, amely kimutatja, hogy a kor és a fertőzöttség befolyásolhatja a hangyák testfelületén megtalálható nem-parazita gombaflórát.

A tad bit of fungi – The mycobiota of *Myrmica scabrinodis*

Previous studies have shown that ant-fungi relationships are much more common, than commonly thought whether it is about parasitic, mutualistic or commensalistic relationships. The reason of all these may be that studies until now gave more attention to fungi that are visible even with bare eye, while focusing less to microscopic ones. However, we can assume that there exists a mycobiota on the surface of ants similarly as in other animals. We studied those fungal species that inhabit the surface of the ant *Myrmica scabrinodis*. Since the type of the mycobiota could depend on the age and the physiological condition of the ant, we set up groups according to age and infection. Out of the 9 studied colonies 5 were infected with the ectoparasitic fungus *Rickia wasmannii*. Freshly killed corpses of ants were placed on a special medium, and after the growth of the fungal colonies we analysed them on a macro- and microscopic scale. Our results proved our hypothesis: the mycobiota of ants is changing with age, supposedly due to the age-dependent division of labour. In addition, we also found differences between the mycobiota of infected and uninfected individuals. This is the first study to show that age and infection can influence the non-parasitic mycobiota of ants.



Új modell a botos köllönte (*Cottus gobio*) populációszerkezet alapján történő természetmegőrzési állapotának kiértékeléséhez Romániában

Imecs István^{1*}, Nagy András-Attila^{2,3}

¹ACCENT GeoÖkológiai Szervezet, Tusnádfürdő; ²"Milvus Csoport" Madártani és Természetvédelmi Egyesület, Marosvásárhely; ³Babeş-Bolyai Tudományegyetem, Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, Kolozsvár; *imecs.istvan17@gmail.com

A védett területek kezelési tervének elkészítése során a fajok és élőhelyek állapotának kiértékeléséhez széles körben elterjedt a SINCROON modell, amely 3 fő komponens (populációméret, élőhelyméret és a faj perspektívái) ötvözéséből adja meg a fajok globális természetmegőrzési állapotát. Ez lehet „jó/kedvező”, „közepes/kedvezőtlen”, „rossz”, illetve adathiány esetében „ismeretlen”. A populációméretet kiértékelő komponens egy mennyiségi számítást kér, amely a populációk szerkezetének elemzését csak az ivarány „normális”, vagy attól eltérő helyzetének megállapítására szűkíti le. A botos köllönte esetében 2008 és 2017 között 84 vízfolyás 319 mintavételi szakaszáról gyűjtött terepi adatok feldolgozása során szerettük volna kiértékelni a populációk struktúráját. Ezek között voltak egyszer lehalászott és monitorizált szakaszok egyaránt. Az 5046 egyedből álló adathalmaz elemzése során azt tapasztaltuk, hogy azok a populációk vannak jó/megfelelő természetmegőrzési állapotban, melyek esetében az egyedsűrűség eléri a 10 egyed/100 m²-et és a juvenilis aránya $\geq 40\%$. Ez a populációk 10%-ánál fordult elő. Közepes/nem megfelelő állapotban ≥ 5 - < 10 egyed/m² egyedsűrűségű és $\geq 20\%$ - $< 40\%$ közötti juvenilis arányú populációk vannak, melyek a teljes adatsor kevesebb, mint 10%-ánál fordultak elő. Az ezektől eltérő arányok rossz állapotot tükröznek, melyeket 6 újabb kategóriára bontottuk probléma- és szerkezetelemzés céljából. A legrosszabb állapotot tükröző kategória az, amikor a populációban összesen nincsenek jelen a juvenilis korosztályok. Ez a kategória a populációk 30%-ánál fordult elő. A pontszerű adatok viszont idővel érvényüket veszítik, hisz az élőhelyek állandó természetes és mesterséges hatások következtében átalakulásban vannak. A természetmegőrzési állapotok nyomon követése és hatékony kezelési intézkedések ajánlása érdekében rendszeres monitorizálásra van szükség. Jövőbeli célunk a faj élőhely-paramétereinek részletes vizsgálatát.

New model for evaluating the conservation status of the European bullhead (*Cottus gobio*) in Romania based on the population structure

The SINCROON model is widely used for management plans to evaluate the status of species and habitats by combining three main components (population size, habitat size and species perspectives) resulting in the global conservation status. This may be “favourable”, “unfavourable-inadequate”, “unfavourable-bad” or “unknown” for lack of data. The population-size component needs a quantitative calculation that restricts the analysis of population structures to the determination of “normal” or different situations of sex ratio. We wanted to evaluate the population structure of the European bullhead through data collected between 2008 and 2017 from 319 sampling stations of 84 watercourses (5046 individuals). These included once sampled and monitored sections as well. During data analysis, we found that the populations with favourable conservation status were the ones where density reaches 10 individuals/100 m² and juvenile rate is $\geq 40\%$. This occurs in 10% of the populations. Unfavourable-inadequate status occurs with ≥ 5 to < 10 individuals/100 m² and $\geq 20\%$ to $< 40\%$ juvenile ratio, which is present in less than 10% of the data. Different ratios reflect unfavourable-bad status, which were divided into six new categories for problem and structural analysis. The category which reflects the worst status is the one with no juvenile stages during autumn. This category occurs in 30% of populations. These data become invalid in time as habitats are transformed due to permanent natural and artificial influences. Regular monitoring is required to monitor conservation status and recommend effective management measures. Future goal is a detailed examination of the species habitat parameters.



Atg8 gének mutáns alléljainak jellemzése *Drosophila melanogaster*-ben

Jipa András^{1,4,*}, Takáts Szabolcs³, Varga Ágota³, Vedekek Viktor^{2,1}, Ürmösi Adél⁴, Margaret Mukami¹, Sinka Rita², Horváth Gábor V.¹, Juhász Gábor^{1,3}

¹Institute of Genetics, BRC HAS, Szeged; ²Department of Genetics, University of Szeged, Szeged;

³Department of Anatomy, Cell and Developmental Biology, Eötvös Loránd University, Budapest; ⁴Doctoral School in Biology, Faculty of Science and Informatics, University of Szeged, Szeged; *jipaandras@gmail.com

Az autofágia az összes eukariótában evolúciósan erősen konzerválódott intracelluláris lebontó folyamat, amely számos fiziológiás és kóros jelenségben vesz részt, mint a rák, neurodegeneratív betegségek, miopátia és öregedés. Az autofágia az utóbbi időkben széles körben vizsgált kutatási témává vált az orvosbiológiai jelentőségének köszönhetően. Ezért az autofágia genetikai analizéséhez nagy szükség lett különféle mutánsokra. Az egyik fontos autofág központi gén az Atg8 egy ubikvitin-szerű fehérje, amely a foszfatidiletanolaminra (PE) konjugálódik, amely az autofágia során keletkező fagofor jellegzetes lipidje. Ezt a folyamatot egy ubikvitilálással analóg komplex szabályozza, ugyanis az Atg8 konjugáló komplexnek egyaránt van E1-, E2-, E3-szerű funkcióval rendelkező tagja. *Drosophila melanogaster*-ben két Atg8 gént írtak le: Atg8a és Atg8b. Munkám során mindkettőre készítettem mutáns allélokat. Bioinformatikai és Western blot analízisek során arra a következtetésre jutottunk, hogy a jelenleg konvencionálisan használt Atg8a mutáns nem null mutáns, csak egy erős hipomorf allél. Új mutáns generálásához az Atg8a intronjában található minosz elemet használtunk fel, úgy hogy ezt a transzpozont egy Trojan-Gal4 kazettával cseréltük ki, amelyet úgy terveztek, hogy többek között géncsapdaként tudjon funkcionálni. Az új mutáns jellemzése során arra a következtetésre jutottunk, hogy a mutáns egy jó null allélja az Atg8a-nak. Továbbá létrehoztunk egy olyan Atg8a misszensz mutánt, amelynek hiányzik az utolsó glicinje, így ez a mutáns géntermék képtelen a PE-ra konjugálódni. Ezzel párhuzamosan megvizsgáltuk a CRISPR/CAS9-el generált Atg8b mutánt is, amely egy nagyon erős him steril fenotípust mutat. Az Atg8b mutáns spermium sejtei teljesen kifejlődnek, de mozgásképtelenek. Ellenben több kísérlet is azt bizonyítja, hogy nem játszik szerepet az autofágiában.

Characterization of mutant alleles of Atg8 genes in *Drosophila melanogaster*

Autophagy is a conserved intracellular degradation process in eukaryotic organisms, which is involved in numerous disorders including cancer, neurodegeneration, myopathy and aging. Autophagy is thus becoming a widely investigated topic thanks to its biomedical relevance, because of which different mutants are needed for clear-cut genetic analyses. Atg8 is an ubiquitin-like protein that is conjugated to the phosphatidylethanolamine (PE) lipid of the phagophore membrane during autophagy. This process is mediated by a complex which is analogous with the ubiquitylation complex as the Atg8 conjugation complex also has members with E1, E2, and E3-like functions. In *Drosophila melanogaster* are described two Atg8 genes. During my work I have generated different mutants for the *Drosophila* Atg8a and Atg8b genes. Using western blot and bioinformatics experiments we investigated an Atg8a allele that was formerly considered as a null mutant but it has become clear that it is only a strong hypomorphic allele. To generate a null mutant allele of Atg8a we modified an intronic minos element of the Atg8a locus to a Trojan-Gal4 cassette, that is designed to function as a gene trap. During the characterization of this new mutation, we proved that the created allele is an Atg8a null mutant allele. Additionally, we generated an Atg8a missense mutant, which mutant protein is incapable of conjugating to PE. In parallel, we have investigated our Atg8b CRISPR/CAS9 generated deletion mutant, which has a strong male sterile phenotype. Atg8b mutant sperm cells can develop to late stages of spermatogenesis, but they are immobile.



Természetvédelmi szakmai tudás az eurázsiai hód (*Castor fiber*) kapcsán a Kárpát-medencében

Juhász Erika^{1,*}, Molnár Zsolt², Babai Dániel³, Ulicsni Viktor², Bíró Marianna²

¹Eötvös Loránd Tudományegyetem, Növényrendszertani, Ökológiai és Elméleti Biológiai Tanszék, Budapest;

²MTA Ökológiai Kutatóközpont Ökológiai és Botanikai Intézet, Vácrátót; ³MTA Bölcsészettudományi Kutatóközpont Néprajztudományi Intézet, Budapest; *juhasz.erika43@gmail.com

Az eurázsiai hóddal, mint konfliktust okozó állatfajjal kapcsolatos regionális szakmai tudás összegzése a hódhatások átfogó vizsgálatát megalapozó feladat. A magyarországi nemzeti parkok négy-négy munkatársát és tizenöt további, a Kárpát-medencében élő természetvédelmi szakembert kérdeztünk meg a faj életmódjával, megítélésével kapcsolatban strukturált interjúk formájában. Az interjúalanyok tapasztalatai alapján a hódok táplálkozási és építési szokásai az élőhelyi tényezők függvényében különbségeket mutatnak. A hód változatosabbá teheti, megfiatalíthatja a parti sáv szerkezetét, élőhelyet teremt (holtfák, elhagyott üregek, vízbe dőlt fák). Emellett a fajnak más, gyakran antropogén tényezőkkel párosulva negatív ökológiai hatásai is lehetnek, melyekre eddig kevés figyelem irányult. Ilyenek a természetvédelmi (genetikai) értéket képviselő idős fák kirágása, vagy ritkás faállomány esetén a víz árnyékolásának megszüntetése. A fadóntással lékek keletkeznek, melyek megváltoztathatják az őshonos és inváziós fafajok versenyhelyzetét. Bizonyos hódhatások megítélése kettős: Gátépítés esetén a vízáramlás lassul, fizikai akadály képződik, ami a reofil halfajok számára kritikus lehet. Más halfajoknak a „hódtó” ivóhelyként szolgál, a mélyebb vagy lelassult víz más vízi gerinceseknek és gerincteleneknek is kedvez. A vízmegtartás javítja a nedves rétek állapotát. Nagy folyókat kísérő természetközeli erdők esetén sokszor előfordul, hogy a hód jelenléte és hatása alig vehető észre. Az emberekre gyakorolt hatások gyakran kárként realizálódnak (erdészeti, elárasztás, töltésmegfúrás stb.). A konfliktussal és a hódkár elleni védekezéssel kapcsolatos ismeretek átfogóbbak azokban a térségekben, ahol a faj már hosszabb ideje jelen van, valamint ahol a gazdálkodás és a hód tevékenységének helyszíne találkozik. Az itteni szakértők tapasztalatai, továbbá az európai példák adaptálása segítheti a konfliktuskezelést azokban a térségekben, ahol az ember és a hód interakciója még kevésbé jelentős. A Nemzeti Tehetség Program (Emberi Erőforrások Minisztériuma, Emberi Erőforrás Támogatáskezelő) támogatásával készült.

Knowledge of conservationists about the Eurasian beaver (*Castor fiber*) in the Carpathian Basin

Summarizing the knowledge of conservationists related to the Eurasian beaver, a conflict causing species, can initiate the comprehensive review of the impacts of beavers. Semi-structured interviews were made with experts, especially of conservation rangers and officers working at national parks. Based on their answers, feeding and building habits of the beaver can differ depending on habitat factors. Beaver can alter the vegetation structure of the riverbank to more diverse, younger forms, and create habitats (dead trees, abandoned burrows, cut trees). Activity of the beaver combined with other (often anthropogenic) factors can lead to the formation of negative ecological effects, such as falling of old trees with unique conservational (genetical) value, or eliminate the shadow projected to the water surface. Leaks in the woody vegetation can influence the competition between native and invasive tree species. Beaver dams can cause both positive and negative conservation impacts. Occasionally these physical obstacles can be critical for rheophilous fishes, but the water retention supports other vertebrate and invertebrate groups (beaver pond as habitat) as well and improves the conditions of the wet meadows. In some semi-natural forests the degree of the impact of beavers was perceived as low compared to other natural factors or human impacts. Effects on local communities were realized mostly as damages (forestry, flooding, burrows in embankments). The experiences about how to moderate these damages in affected regions and getting to know other European examples can help the future conflict management in other parts of the Carpathian Basin.



A klímaváltozás hatásai a *Formica rufa* fajcsoportra

Juhász Orsolya^{1,2}, Fürjes-Mikó Ágnes³, Tenyér Anna¹,
Somogyi Anna Ágnes⁴, Dianne J. Aguilon^{1,5}, Maák István^{6*}

¹Ökológiai Tanszék, Szegedi Tudományegyetem, Szeged; ²Biológus Doktori Iskola, Természettudományi és Informatikai Kar, Szegedi Tudományegyetem, Szeged; ³Erdészeti Tudományos Intézet, Nemzeti Agrárkutatási és Innovációs Központ, Mátrafüred; ⁴Evolúciós Állattani és Humánbiológiai Tanszék, Debreceni Tudományegyetem, Debrecen; ⁵Környezettudományi Doktori Iskola, Szegedi Tudományegyetem, Szeged; ⁶Allattani Múzeum és Intézet, Lengyel Tudományos Akadémia, Varsó; *bimakk@gmail.com

A 21. századi ember számára a legnagyobb kihívást a globális klímaváltozás és annak következményei jelentik. A klímaváltozás többek között kedvez a szűfajok elszaporodásának, melyek az európai túlevelű erdők létét is alapjaiban veszélyeztetik. A fertőzés mértékének csökkenését az elmúlt évtizedben előre nem tervezett vágásokkal próbálták elérni az erdőgazdálkodások, azonban a tarvágások a gazdasági károk mellett jelentős élőhely veszteséggel is járnak, főleg az olyan erdőspecialista fajok esetében, mint az erdei vöröshangyák. Számos nyugat-európai országban ezen fajok veszélyeztetettek, Közép-Európában viszont még mindig nem ismerjük pontosan élőhelyi igényeiket és természetvédelmi státuszukat. A jelenlegi helyzetet nehezíti, hogy a megfelelő ismeretekhez szükséges vizsgálatokat sokszor már szuboptimális körülmények között kell elvégezni. A Mátrában lehetőségünk nyílt a vöröshangyák számára kedvezőtlen (1: tarvágáson átesett; 2: vöröshangyák számára esszenciálisnak tűnő túlevelű fajok nélküli) élőhelyeket felmérni és egy kontroll folttal összehasonlítani. Vizsgálatunk célja az volt, hogy megállapítsuk, hogyan befolyásolja a zavarás a fészekszámot, fészekméretet, fészekkapcsolatokat, és a keresőútvonalakat a 150 x 150 méteres vizsgálati foltjainkban. A legmagasabb fészekszámot és a legrövidebb keresőútvonalakat a tavaly tarvágáson átesett foltban tapasztaltuk, melyet a fészekhasadások következtében létrejött sok apró fészek közötti kapcsolat okozhatott. A túlevelű fafajok nélküli foltban a vöröshangyák más alternatívákat kezdtek használni mézharmat forrásként és a fészekstruktúrájuk is megváltozott. Ezek jelentős eltéréseket eredményeztek a keresőútvonalak hosszában és a fészekméretben. Eredményeink azt is alátámasztják, hogy ezen fajok képesek extrém körülmények között is megtalálni a túlélésükhöz szükséges feltételeket. Munkánkban a túlevelű erdők eltűnésének vöröshangyákra gyakorolt hatásait, valamint ezen fajok ökológiai plaszticitását is tárgyaljuk.

The effects of global climate change on the species of the *Formica rufa* group

Global climate change and its effects are one of the major problems humanity has to face in the 21st century. In the last decades, European coniferous forests are threatened by bark beetle infestation, spreading due to global warming. Unscheduled salvage cuttings to save the undamaged timber from bark beetle gradation can be harmful not only to forest ecosystems but also to forest specialist like red wood ants (RWA). In many habitats, RWA are in the brink of existence. However, in Central Europe studies are still lacking and information on ecological preferences and status of RWA are scarce. Moreover, the RWAs ecological preferences are studied under suboptimal conditions. In our work, we compared different RWA habitat plots of 150x150 meters (clear cut, without conifers, and control) in short range in Mátra Mountains, Hungary. Our aim was to examine how disturbances affect RWA nest numbers, mound volumes, colony connections and searching routes. Our findings revealed that highest nest numbers and shortest searching routes were obtained in clear-cut areas attributed to high number of connections between the small nests formed after split of larger colonies. In plots without conifers, we found the smallest nest volumes and also RWA species were observed to make use of different alternatives for aphids and changed nest structure. Our research not only highlights the consequences of severe loss of coniferous forests in Central Europe to RWA but also shows that these species are ecologically flexible and can survive under extreme conditions.



3D geometriai morfológiai vizsgálat görénykoponyákon (Carnivora, Mustelidae, *Putorius*)

Kiss Csaba^{1*}, Kovács Tibor², Mezei Adrián², Cserkész Tamás¹, Laczi Miklós¹

¹Eötvös Loránd Tudományegyetem, Állatrendszertani és Ökológiai Tanszék, Budapest; ²Budapesti Műszaki és Gazdaságtudományi Egyetem, Automatizálási és Alkalmazott Informatikai Tanszék, Budapest;
*kisscsaba@caesar.elte.hu

Számos tanulmány foglalkozott már a közönséges görény (*Mustela putorius*) és a molnárgörény (*Mustela eversmanii*) morfológiai és filogenetikai elkülönítésével, melyekben kismértékű genetikai eltérést, mindazonáltal jelentős craniometriai különbségeket találtak közöttük. A közönséges és a molnárgörények alkalmanként képesek hibridizálódni, ahol az elterjedési területeik átfednek, illetve a kísérleti hibridizációk során is, ahol minden hibrid termékeny maradt. Kutatásunkban a Magyar Természettudományi Múzeum gyűjteményében megtalálható görénykoponyákat vizsgáltuk. A minták közötti forma és méret eltéréseket 33 koponyamorfológiai jelleg alapján hasonlítottunk össze 3D pontfelhő technológia segítségével. A craniális jelek tekintetében a csoportok közötti különbségeket fajra, nemre és a bunda színezetére vonatkozólag tárgyaljuk.

3D geometric morphometric analysis of cranial factors in polecats (Carnivora, Mustelidae, *Putorius*)

Several studies examined the morphologic and phylogenetic differentiation between the European polecat (*Mustela putorius*) and the Steppe polecat (*Mustela eversmanii*), and found only minor genetic distance between them, however, the craniometrical difference was proved to be remarkable. The European and Steppe polecats were occasionally reported to hybridize where they overlap in their distribution, and experimental hybridization among them was shown to be possible, and all hybrids were fertile. In our study, we have examined craniums of polecats that were obtained from the Hungarian National History Museum. Shape and size differences among samples were analysed using 33 cranial morphological characters and 3D point cloud technology. Differences in cranial features between groups will be discussed in the light of species, gender and fur coloration.



A magbank jelentősége a változó világban Képes a magbank szembenézni az éghajlat-változással?

Kiss Réka^{1,*}, Deák Balázs¹, Török Péter^{1,2}, Tóthmérész Béla^{1,3}, Valkó Orsolya³

¹Debreceni Egyetem, Ökológia Tanszék, Debrecen; ²MTA-DE Lendület Funkcionális és Restaurációs Ökológiai Kutatócsoport, Debrecen; ³MTA-DE Biodiverzitás Kutatócsoport, Debrecen;
*kissreka801@gmail.com

A változó éghajlati viszonyok mellett egyre jelentősebb szerepet kap a növényi diszperzió és perzisztencia. A gyepek magbankja képes lehet a környezet változását pufferelni, mivel a növényfajok képesek a rövidebb-hosszabb kedvezőtlen időszakot átvészelni. Emiatt a magbanknak a klimatikus változásokra adott választ megismerve elősegíthetjük a megfelelő konzervációs és restaurációs módszerek kidolgozását. Célunk az volt, hogy a fellelhető angol nyelvű irodalom áttekintése révén megállapítsuk a klímaváltozás magbankra gyakorolt hatásait valamin meghatározzuk szerepét a változó éghajlati körülmények között. Összesen 42 publikációt találtunk, amelyekből csupán 4 vizsgálta kísérletesen a klímaváltozás direkt hatását, vagyis a hőmérsékletemelkedés és csapadékmennyiség változásának hatását a magbankra. 38 vizsgálat a klímaváltozás magbankra gyakorolt indirekt hatásaihoz köthető, például olyan kezeléseket vizsgáltak, mint a tűz vagy az árvizek, amelyek frekvenciája és erőssége a klímaváltozás következtében megváltozhat. Az irodalmi áttekintés alapján a perzisztens magbanknak jelentős szerepe lehet a passzív restaurációban, főleg nedves gyepekben és gyakran bolygatott élőhelyeken. A stabil, kevésbé zavart élőhelyeken a gyepekrekonstrukció általában nem támaszkodhat a magbankra. Ilyen esetekben megnő a szerepe az olyan aktív rekonstrukció eljárásoknak, mint például a tranzien্স magbankú fajok magjainak vetése. A restauráció során törekedni kell olyan őshonos mátrixfajok bevitelére a gyepebe, amelyek jól viselik a bekövetkező változásokat. A változások hatásainak pontosabb megértéséhez további kutatásokra van szükség.

The role of seed bank in changing world Is the seed bank able to face climate change?

Plant dispersal and persistence have an increasing role in changing climate. The seed bank of grasslands could be able to buffer environmental changes, because plant species are able to survive shorter or longer unfavourable conditions. Evaluating the response of the soil seed bank to changing climate we could be able to develop effective grassland conservation and restoration strategies. Our aim was to evaluate the effect of climate change on soil seed bank and its potential for buffering climate change. We found 42 papers, out of which only 4 tested the response of seed bank to the direct effect of climate change, so the increasing temperature and changing precipitation level. 38 studies can be linked to the indirect effects of climate change, studies here used fire and flooding as treatments. The frequency and intensity of this treatment will change due to climate change. The studies suggest that persistent seed bank will have an important role in passive restoration mostly in wetlands and frequently disturbed habitats. Restoration cannot be based on seed bank in case of stable, less disturbed habitats. The importance of active restoration increases, and the sowing of transient species seeds will be increasingly important. The introduction of native matrix species that can tolerate the predicted climatic change should be prioritized in restoration activities. Further studies are necessary to evaluate the effect of climate change to soil seed bank.



A *Diplolepis rosae* és *D. mayri* egy- és többkamrás gubacsai parazitáltságának összehasonlítása

Kelemen Tünde I.*, Prázsmári Hunor, Veres Róbert, László Zoltán

Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, Babeş-Bolyai Tudományegyetem, Kolozsvár;
*kelementundeilona92@gmail.com

Európában számos gubacsokozó faj ismert. A vadrózsacserjék (*Rosa* sp.) gyakorisága miatt Erdélyben (Romániában) a *Diplolepis rosae* és *D. mayri* által okozott gubacsok közössége az egyik legelterjedtebb. A vadrózsacserjéken *D. rosae* és *D. mayri* többkamrás gubacsok mellett kisebb, a leveleken előforduló egykamrás gubacsok is ismertek. A gubacsokban a gubacsokozó rovar mellett társbérllő fajok, parazitoidok és hiperparazitoidok vannak jelen. Vizsgálatom célkitűzése, hogy összehasonlítsam a *D. rosae* és *D. mayri* egykamrás és többkamrás gubacsok parazitáltságának mértékét. Terepi megfigyelések során arra a következtetésre jutottunk, hogy a többkamrás gubacsok eloszlása a kisebb gubacsstartományban csúcsosodik. Vizsgálatunk során többkamrás és egykamrás vadrózsa gubacsokat gyűjtöttünk. Eredményeink azt mutatják, hogy a nagyobb gubacsok kevésbé parazitáltak. Az alacsonyabb parazitáltság magyarázata a gubacsok nagy méretét okozó emelkedett kamraszám. Minél nagyobb egy gubacs annál kisebb a parazitáltság mértéke. A megfigyelt összefüggés a gubacsok strukturális diverzitását magyarázó természetes ellenség hipotézist támasztja alá.

The parasitism of uni- and multilocular galls of *Diplolepis rosae* and *D. mayri*

Gall induction is one of the most interesting and a unique feeding type of herbivorous insects. In Europe several gall species are known. In Transylvania (Romania) rose galls are between the most abundant gall species. We can divide galls in two groups by their number of chambers: unilocular and multilocular ones. *D. rosae* and *D. mayri* galls are usually multilocular, but unilocular galls are also frequent in their populations. We aimed to compare the parasitism level of unilocular and multilocular galls of *D. rosae* and *D. mayri*. In our data set the frequency distribution of gall sizes was right skewed. Our results show that the multilocular galls are less parasitized due to their size. This relationship between parasitism and locality is due to the increased chamber number. The correlation supports the enemy hypothesis explaining the structural diversity of galls.



Szerkezeti és pigment eredetű színek változása *Polyommatus icarus* lepkék szárnyain

Kertész Krisztián^{1,*}, Piszter Gábor¹, Horváth Zsolt Endre¹, Bálint Zsolt², Biró László Péter¹

¹Energiatudományi Kutatóközpont, Műszaki Fizikai és Anyagtudományi Intézet, Budapest; ²Magyar Természettudományi Múzeum, Lepkegyűjtemény, Budapest; *kertesz@mfa.kfki.hu

Bizonyos lepkék szárnyának színét két összetevő határozza meg: festékanyagok (kémiai eredetű) és a szárnypikkelyekben található fotonikus nanoszerkezet fizikai színe. A zöld és kék csillogó színeket rendszerint a pikkelyekben levő kitinből és levegőből felépülő nanoméretű kompozit hozza létre és színük a nanoarchitektúra méreteitől függ. A pikkelyekből mozaikszerűen felépülő színezet és mintázat az adott faj életében meghatározó: a párválasztásban, rejtőzködésben, környezethez való alkalmazkodásban lehet szerepe. Külső körülmények kémiai és szerkezeti szint befolyásoló hatásának vizsgálatára elsőként végeztük el *Polyommatus icarus* (Ikarusz boglárka) lepkéken a bábokra gyakorolt hűtés hatásának vizsgálatát. Ellenőrzött körülmények között felnevelt hernyókat bábozódás után hűtőszekrényben tároltunk 5 °C hőmérsékleten 10-62 napig. Így a báb-állapotban töltött idő meghosszabbítható. A kikelt lepkéken követtük a dorzális kék szín és a ventrális mintázat változását. Az eredményeket külön tárgyaltuk a hím és nőstény példányokra, hűtési idő szerint, felhasználtuk optikai spektrometria és elektronmikroszkópos szerkezeti elemzéseket. A szárnyak mindkét oldalán eltéréseket tapasztaltunk. Ventrális oldalon az eltérések arányosak a hűtési idő hosszával, ezzel ellentétben a hímek dorzális kék (szexuális kommunikációban fontos) színe kevésbé módosul hűtés hatására. Munkánkat támogatja az OTKA K 111741 és az OTKA K 115724.

Changes in structural and pigmentary colours in *Polyommatus icarus* butterflies

The wing colour of certain butterflies is determined by two components: the pigments (chemical origin) and the physical colour of the photonic nanostructure located in the wing scales. The shiny green and blue colours most frequently are generated by nanoscale composite of chitin and air in the wing scales, the colour is determined by the dimensions of the nanoarchitectures. The colours and complex patterns arising in a mosaic-like way from the scales plays in the life of a given species an important role in mating, cryptic behaviour, or adaptation to the environment. To examine the effect of external conditions on the chemical and the structural colour, we investigated for the first time the effect of cooling on pupae of *Polyommatus icarus* butterflies. Larvae were reared under controlled conditions and after pupation they were stored in a refrigerator at 5 °C for 10-62 days. Thus, the time spent in the pupal state can be extended. After the emergence of butterflies we investigated the changes in the structural dorsal blue coloration and the pigment based pattern on the ventral side. The results were discussed separately for male and female specimens at different cooling times, using optical spectroscopy and electron microscope analysis. We found differences on both sides of the wings. On the ventral side, the appeared aberrations are proportional to the length of cooling time, in contrast, the dorsal blue colour of the males (which plays important role in sexual communication) is less affected by cooling in pupal state. Our work is supported by OTKA K 111741 and OTKA K 115724.



Egy színész két ruhában: egy Golgi fehérje a centriolum közepén

Kovács Levente^{1,*}, Jennifer Chao-Chu¹, Sandra Schneider¹, Agnieszka Fatalska^{1,3}, Magdalena M. Richter¹, Marco Gottardo², George Tzolovsky¹, Nikola S. Dzhindzhev¹, Maria Giovanna Riparbelli², Giuliano Callaini², Michal Dadlez³, David M. Glover¹

¹Department of Genetics, University of Cambridge, Cambridge; ²Department of Life Sciences, University of Siena, Siena; ³Laboratory of Mass Spectrometry, Institute of Biochemistry and Biophysics, Polish Academy of Sciences, Warsaw; *lk407@cam.ac.uk

A centriolumok olyan evolúciósan konzervált struktúrák, amelyek szerepet játszanak a sejtosztódás irányításában, a sejtek mozgásában és bizonyos jelátviteli folyamatokban. Hibás működésük kapcsolatba hozható a rákkal, egyes ciliopátiákkal és a mikrocefáliával. Egy központi centriolum fehérje, a Sas6 kölcsönható partnereit keresve *Drosophila*-ban, meglepetésünkre egy Golgi fehérjét, a Gorab-ot azonosítottuk. Ezt a fehérjét eddig kizárólag transz-Golgi fehérjeként ismerték és mutációját egy korai öregedés szindrómával, a gerodermia osteodisplasticával hozták összefüggésbe. Kísérleteink megmutatták, hogy az elsődlegesen Golgi lokalizációján túl a Gorab közvetlenül kölcsönhat a Sas6 fehérjével a centriolum központi magvában. *Drosophila* gorab mutánsokban hibát szenved a centriolumok megkettőződése és az állatok elvesztik koordinációs képességüket a csillós sejteik bazális testének hibájából, szimmetriájának felbomlásából eredően. Irányított mutagenézissel létrehoztunk olyan Gorab variánsokat, amelyet már nem lokalizáltak a Golgi készülékhez, viszont megtartották centriolum lokalizációjukat és menekítették a gorab null mutánsok fenotípusát. Ha a muslicákban olyan Gorab-ot fejeztettük ki, amelynek C-terminális részéhez GFP-t fuzionáltattunk, a citokinézis hibájából fakadó domináns hímsteril fenotípust tapasztaltunk. Ez a domináns fenotípus a Gorab Golgi funkciójával mutat összefüggést, mivel Golgi készülékhez nem lokalizáló mutáns variánsokkal áthidalható ez a defektus. Összességében a kísérleteink megmutatták, hogy a Gorab egy kettős funkcióval rendelkező fehérje, úgy a Golgi készüléken, mint a centriolumokon jelen van. Hidrogén-deutérium cserés tömegspektrometriai adataink segítségével egy olyan modellt alkottunk, amely szerint a Gorab dimériként kötődik a Golgi készülékhez, viszont monomerként lép kölcsönhatásba a Sas6 dimérékkel a centriolumok közepén.

One player, two roles: a Golgi protein at centrioles

Centrioles are evolutionarily conserved organelles required to assure the fidelity of cell division, motility and signalling. Their malfunction is associated with wide range of diseases from cancer to ciliopathies and microcephaly. Searching for interacting partners of the core centriolar component, Sas6 in *Drosophila*, to our surprise, we identified Gorab, a protein previously reported as a trans-Golgi component and known to be mutated in the wrinkly skin disease, geroderma osteodysplastica. We demonstrate that, despite its predominant Golgi localization, Gorab also directly interacts and colocalizes with Sas6 at the centriole core. Flies lacking Gorab show centriole duplication failure and are uncoordinated due to basal body defects in sensory cilia, which lose their 9-fold symmetry. In an attempt to identify interaction surfaces on Gorab by mutagenesis, we created Gorab variants that were unable to localize to the Golgi, but still associate with centrioles and rescue the centriolar defects of gorab null flies. Expression of C-terminally tagged Gorab leads to cytokinesis defects in male meiosis, a dominant phenotype linked to the Golgi role of Gorab and overcome by mutations disrupting Golgi localization. Together our findings demonstrate that Gorab has two separate functions -at the Golgi and at the centrioles. Our recent studies using hydrogen-deuterium exchange mass spectrometry suggest a model in which Gorab is associated with the Golgi as a dimer and as a monomer complexed to a Sas6 dimer at the centriole.



Száraz gyepek restaurációja iparterületen

Kövendi-Jakó Anna^{1,*}, Halassy Melinda¹, Csecserits Anikó¹, Sztár Katalin¹, Hülber Karl², Wrbka Thomas², Török Katalin¹

¹MTA Ökológiai Kutatóközpont, Ökológiai és Botanikai Intézet, Vácrátót; ²University of Vienna, Department of Botany and Biodiversity Research, Division of Conservation Biology, Vegetation Ecology and Landscape Ecology, Vienna; *kovendi-jako.anna@okologia.mta.hu

Napjainkban az ember által intenzíven hasznosított területek növekedésével a természetközeli száraz gyepek folyamatos visszaszorulása figyelhető meg. Ezen felül igen kevés tudással rendelkezünk az ipari területen lévő gyepek restaurálásáról, annak ellenére, hogy nagymértékben hozzájárulhatnak a biodiverzitás növeléséhez. Kutatásunk során homoki gyepek restauráltunk különböző módszerekkel egy nyíregyházi gyár területén. Célunk kimutatni, hogy megfelelő irányban változott-e a vegetáció összetétele a restaurációs kezeléseket követően, valamint, hogy az alkalmazott módszerek közül melyik restaurációs beavatkozás volt a legeredményesebb az összborítás és fajgazdagság; valamint a természetesség szempontjából. Közel 10 hektáron végeztünk restaurációs beavatkozásokat (kaszlélék terítéssel, magkeverék- és domináns faj magjának vetésével). A hároméves vegetáció összetételét, borítását, fajszámát és természetességét kezelésként összevetettük az nyílt és zárt elsődleges (természetközeli) és másodlagos (felhagyott parlagok) referencia területekkel. Az eredmények alapján a helyreállított vegetáció összetétele a különböző magvetési módszereknek köszönhetően a legjobban az elsődleges zárt és a másodlagos referencia gyepekhez hasonlított. Az összborítás és a fajgazdagság megközelítette a zárt referencia gyepekét, csupán a domináns faj vetése eredményezett jóval kisebb fajgazdagságot. A vetett területek természetessége megközelítette a referencia gyepekét szemben a kaszlélék terítéssel, mely jóval alacsonyabb fajborítást eredményezett. A fajgazdagságot figyelembe véve a kaszlélék kezelés bizonyult a legsikeresebbnek a természetes fajok bevitelére szempontjából. Három év alatt az általunk alkalmazott restaurációs módszereknek köszönhetően a helyreállított vegetáció elérte a másodlagos referenciaként használt 30 éves parlagok állapotát. Elmondható, hogy az őshonos gyepek restaurálása ipari területeken lehetőség a biodiverzitás növelésére és a zöldinfrastruktúra fejlesztésére is.

Restoration of dry grassland at factory area

The area of artificial land use is increasing worldwide, while in parallel semi-natural grasslands decrease. There is a lack of knowledge on restoration of industrial grasslands, despite the high potential to enhance biodiversity at industrial areas. In this study restored a sandy grassland at factory area in NE Hungary. Our questions were: to what extent can introduced plant material initiate plant assemblages similar to the composition of reference grasslands? Do restoration treatments differ in terms of resulting overall species richness, cover and naturalness? We applied three restoration methods (sowing a single dominant species, sowing a commercial seed mixture and hay transfer) and compared the resulting vegetation three years after the restoration treatments to open and closed types of primary (semi-natural grasslands) and secondary reference grasslands (old-fields). The species composition of restoration parcels became similar to primary closed and secondary reference grasslands by seeding. Total cover and species richness of treated parcels approached that of closed grasslands, only dominant species seeding resulted lower species richness. The naturalness of seeded parcels also reached that of reference grasslands in terms of species cover, but hay addition resulted lower total cover. However, hay addition introduced more natural constituent species than other methods. In three years the restored vegetation reached a state similar to that of abandoned agricultural fields after over 30 years. We conclude that restoration of native grasslands at industrial sites can be a great opportunity to enhance biodiversity and thus contribute to the development of green infrastructure.



A Kis-Balatonon végzett hosszú távú kismélsős felmérés faunisztikai értékelése

Lanszki Zsófia*, Horváth F. Győző

Pécsi Tudományegyetem, Biológiai Intézet, Ökológiai Tanszék, Pécs; *lanszkizsofi@gmail.com

A Kis-Balaton reliktum mocsaras területén előforduló kismélsősök monitorozása 1999-ben kezdődött az NBmR keretében. Ennek célja a kismélsősök populáció és közösségi szintű felmérése és értékelése, elsősorban a fokozottan védett jégkorszaki reliktum északi pocok (*Microtus oeconomus mehelyi*) megmaradt szubpopulációjának felkutatása és nyomon követése. A mintavételezés az NBmR protokoll alapján fogás-jelölés-visszafogás módszerével történt, elevenfogó dobozcsapdákkal. A teljes időintervallumot (1999-2017) tekintve, összesen 75 alkalommal volt mintavételezés, évente átlagosan 4 csapdázási periódussal, így évente átlagosan 5085 csapdaéjszaka adataival rendelkezünk. A monitorozás 19 éve alatt a vizsgált hat berek területéről összesen 19 kismélsős faj jelenlétét mutattuk ki a magassásos területeken, köztük a fokozottan védett északi pockot és más, természetvédelmi szempontból értékes védett fajokat. A kimutatott fajok közül négy, a csalityáró pocok (*Microtus agrestis*), a törpeegér (*Micromys minutus*), az erdei cickány (*Sorex araneus*) és a pírók erdeiegeér (*Apodemus agrarius*) fordult elő legnagyobb abundanciával. Az északi pocok - amely élőhely specialista fajként az üde magassásos élőhelyek indikátora - a területet érő zavarások hatására többször hosszabb időre lokálisan eltűnt előfordulási területéről. A legfontosabb befolyásoló tényezőknek a magassásos élőhelyek vízutánpótlása, a száraz és csapadékos időjárási periódusok, valamint a Kis-Balaton, mint vízvédelmi rendszerhez kötődő vízforgalmi beavatkozások tekinthetők. A Kis-Balaton mocsári élőhelyein végzett hosszú távú monitorozás alatt számos új ismerettel bővült a kismélsős közösségekkel kapcsolatos ismerettár, amely a természetvédelmi kezelésben hasznosulhat.

Faunistic evaluation of the long-term small mammal survey performed in Kis-Balaton (Hungary)

Monitoring of small mammals in the relict marshlands of the Kis-Balaton was conducted during 19 years (1999-2017) connecting to the Hungarian Biodiversity Monitoring System. The aim of this project was to survey and evaluate the small mammal populations and communities, especially to explore and monitor remaining subpopulations of the critically endangered, glacial relict root vole subspecies (*Microtus oeconomus mehelyi*). Capture-mark-recapture method with the same box-type live traps was applied in each of the sampling plots. For the whole time period, a total of 75 times was sampled, with four sampling periods per year, so we have an annual average of 5085 trap nights. During this long-term monitoring, the presence of 19 small mammal species were detected in the surveyed six marshland areas. Four from the detected species, the field vole (*Microtus agrestis*), the harvest mouse (*Micromys minutus*), the common shrew (*Sorex araneus*) and the field mouse (*Apodemus agrarius*) had the highest abundances. The root vole - as a habitat specialist and indicator species of sedge habitats - due to natural and anthropogenic disturbances in several times locally disappeared a long time from its occurrence area. The most important factors that influence the water supply of marshland habitats, dry and wet weather periods, and water-regulation processes related to Kis-Balaton as a water protection system can be considered. During the long-term monitoring of the marshlands of Kis-Balaton, a number of new experiences have been added to the knowledge of small-mammal communities, which can be applied in the practice of the nature conservation.



Mi tudható a rózsagubacsdarazsak (*Diplolepis* sp.) fajképződési központjairól?

László Zoltán^{1,*}, Chris Looney²

¹Babeş-Bolyai Tudományegyetem, Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, Kolozsvár; ²Washington State Department of Agriculture, Olympia; *laszlozoltan@gmail.com

A gubacsdarazsak valószínűleg a legkifinomultabb növényevők, melyek növényi struktúrák sokféleségét okozzák saját növekedésük és fejlődésük biztosítása érdekében. A vadrózsákon előforduló gubacsdarazsak a *Diplolepis* nemzetség képviselői. E fajok a Diplolepidini tribusba tartoznak a *Liebelia* génusszal együtt. A *Diplolepis* nemzetség Holarctikus elterjedésű, 58 faja ismert világszerte. A jelenleg ismert legnagyobb fajgazdagságot a Nearktikumról jelezték, ezt követi a Kelet, majd Nyugat Palearktisz. Kevés ismerettel rendelkezünk a Kelet Palearktisz rózsagubacsdarazsairól Japán és az Orosz Nemzetközösség területeit leszámítva. A Diplolepidini tribus fajképződési központjainak azonosítása érdekében új adatok szükségesek. Az ismert fajok számát tekintve a Nearktisz a *Diplolepis* nemzetség fajképződési központja is lehetne. Azonban, lehetséges, hogy a Nearktisz fajgazdagság túlbecsült, mivel számos leírt faj az 1800-as évek végétől származó egyedi leírásokon alapszik, és nem állnak rendelkezésre recens revíziók. Továbbá a Kelet Palearktisz *Diplolepis* fajainak valódi sokfélesége sem ismert. Ezért szükségesnek tartjuk a Nearktisz *Diplolepis* fajok revízióját, valamint a Kelet Palearktisz *Diplolepis* fajok feltérképezését annak érdekében, hogy naprakész adatok álljanak rendelkezésünkre a rózsagubacsdarazsak leszármazási útvonalainak és a fajképződési központjainak azonosítására.

What we know about the speciation centers of rose galls (*Diplolepis* sp.)?

Gall wasps are among the most evolutionarily sophisticated herbivores, inducing an overwhelming diversity of plant structures for their own growth and development. A significant diversity of gall wasps are known from wild roses (*Rosa* spp.). These belong to the monophyletic tribe Diplolepidini, divided into two genera: *Diplolepis* and *Liebelia*. *Diplolepis* is Holarctic, with 58 described species worldwide. It is richest in the Nearctic, followed by the eastern Palearctic and western Palearctic. We know very little about rose gallwasps in the eastern Palearctic outside Japan and the eastern parts of the Russian Commonwealth. Based on these patterns of species richness, the Nearctic could be hypothesized to be the geographic origin of the genus *Diplolepis*. However, it is possible that the Nearctic richness is overestimated, since several of the accepted species are based on single descriptions from the late 1800s, and no recent revisions are available. Moreover, *Diplolepis* in the eastern Palearctic have received little study, and the actual species diversity of *Diplolepis* from the eastern Palearctic is not known. Therefore, we suggest revision of the *Diplolepis* species from the Nearctic and the identification of eastern Palearctic *Diplolepis* species is needed in order to test the “out of Asia” or “out of America” hypothesis regarding the ancestral origin and subsequent radiation of gall inducers occurring on wild roses.



Tovább él, akinek több barátja van? A szociális kapcsolatok hatása a szezonális túlélésre szabadon élő mezei verebeknél (*Passer montanus*)

Lukács Dóra^{1,*}, Fülöp Attila¹, Németh Zoltán¹, Kocsis Bianka¹,
Bereczki Judit², Kosztolányi András³, Barta Zoltán¹

¹Debreceni Egyetem, Evolúciós Állattani és Humánbiológiai Tanszék, MTA-DE Viselkedésetkológiai Kutatócsoport, Debrecen; ²Debreceni Egyetem, Evolúciós Állattani és Humánbiológiai Tanszék, Debrecen; ³Állatorvostudományi Egyetem, Ökológiai Tanszék, Budapest; *lukidori6@gmail.com

Az egyedek szociális helyzete befolyásolhatja a fitnessüket, például azáltal, hogy a csoportban való élet meghatározza a forrásokhoz való hozzáférést, vagy a különböző fenyegetettségnek való kitettséget (pl.: ragadozók, paraziták). Mindezek ellenére szabadon élő énekesmadaraknál ezen hatások csak kis mértékben kutattak. Vizsgálatunk során szabadon élő mezei verebek (*Passer montanus*) szociális helyzetét és túlélését figyeltük meg két telelési időszak alatt. Az egyedek szociális helyzetét más jelölt egyedekkel etetőinken való együttes előfordulásuk alapján írtuk le. Eredményeink szerint annak ellenére, hogy a csapatok felépítése a két évben megegyezett, a szociális helyzet és a túlélés kapcsolata az egyes években különböző mintázatot mutatott: az első évben nem találtunk összefüggést, míg a második évben a szociális kapcsolatok száma és erőssége pozitívan befolyásolták az egyedek túlélését. Megfigyeléseink alapján a szociális kapcsolatok mennyisége és minősége kiemelt szerepet játszhat az egyedek túlélését illetően, de ezek hatása évről évre változhat.

Do many friends mean a better survival? Social position and survival in free-living Eurasian tree sparrows (*Passer montanus*)

Social position of individuals within a group may influence individual fitness, e.g. by determining individuals' access to resources or exposure to threats (i.e. predators, pathogens). However, the fitness consequences of social connectedness in wild passerine bird societies are largely unexplored. We studied social connections between individuals within free-living Eurasian tree sparrow (*Passer montanus*) flocks on feeders, and the relationship between social connectedness and apparent survival over winter during two wintering seasons. We characterized social connectedness of individuals by various social network measures, which were calculated using social networks inferred based on the co-occurrence of previously marked individuals. We found that, although the overall social structure of the flocks was consistent during both seasons, apparent survival showed varying relationships in the two years: apparent survival was not related to individual social network measures in the first wintering season, while, in the second winter it was positively related to degree and strength. Our results indicate that social connectedness may be important in determining individual fitness, however, the benefits of sociality might vary between years.



Az ökológusok mint magterjesztők - Túlél-e a ruháinkon terjedő magok a mosógépi mosást?

Lukács Katalin^{1,*}, Kiss Réka¹, Deák Balázs², Tóth Katalin², Godó Laura¹, Miglécz Tamás^{1,4}, Sonkoly Judit³, Radócz Szilvia¹, Kelemen András^{1,4}, Török Péter³, Tóthmész Béla^{1,2}, Valkó Orsolya¹

¹Debreceni Egyetem, Ökológiai Tanszék, Debrecen; ²MTA-DE Biodiverzitás Kutatócsoport, Debrecen;

³MTA-DE Lendület Funkcionális és Restaurációs Ökológiai Kutatócsoport, Debrecen; ⁴MTA Posztdoktori Program, Budapest; *lukacskata93@gmail.com

A magvak terjedésében egyre nagyobb szerepet játszik az ember általi magterjesztés. A ruhákra tapadó magok új élőhelyekre kerülve esélyt kaphatnak a csírázásra és megtelepedésre. Az emberi magterjesztés során számos fizikai és kémiai hatás éri a magokat, ami jelentősen befolyásolhatja csíráképességüket. Vizsgálatunk során 6 kezelés (mosás csak vízzel, mosódióval és mosószerrel; 30°C-on illetve 60°C-on) hatását vizsgáltuk 13 faj magjainak csírázására, amelyek hatékonyan terjednek a ruházaton. Eredményeink alapján a mosási hőmérséklet volt a legfőbb ható tényező. A 30°C-os mosás (vízzel, mosódióval és mosószerrel) egyik vizsgált faj csírázására sem volt negatív hatással, a *Geum urbanum* csírázását pedig serkentette a kontrollhoz képest. A 60°C-os mosás (vízzel, mosódióval és mosószerrel) két faj (*Agrimonia eupatoria* és *Tragus racemosus*) csírázását serkentette, 6 faj csírázását gátolta, a *Physocaulis nodosus* pedig egyáltalán nem csírázott a 60°C-os mosást követően. Eredményeink alapján a mosási hőmérséklet hatását a magok alakjával, hidratációs tulajdonságaikkal és a maghéjvastagságával magyarázzuk. A vizsgálat során a ruhánkra tapadt magok több mint 70%-a 8 óránál tovább a ruhán marad és mosógépbe kerülhet. A magok mintegy 64%-a teretgetést követően leperog és így esélye lehet a városi élőhelyeken megtelepedni. A le nem pergett magok hosszú-távú terjedéssel távolabbra is terjedhetnek. Az eredményeink azt mutatják, hogy a ruhára tapadt magok az eredeti élőhelytől távolra is terjedhetnek és a mosógépi mosást követően is kicsírázhatnak.

Human-dispersed seeds can survive and disperse after the laundry cycle

The human-mediated seed dispersal plays an increasing role in seed dispersal. During human-mediated dispersal, seeds are exposed to physical and chemical factors that affect their germinability and establishment. We studied the germination of 13 species, which have morphological adaptations for epizoochory and are commonly dispersed by people. We tested six treatments (washing with water, washnut or detergent, at 30°C or 60°C) compared to an untreated control. Our results showed that washing temperature was the most significant factor affecting germination; and it is likely that hydration status, seed shape and seed-coat thickness of seeds explained specific responses. Washing at 30°C did not suppress germination of any of the studied species, but it increased the seedling number of *Geum urbanum*. Washing at 60°C supported the germination of two species (*Agrimonia eupatoria* and *Tragus racemosus*), but suppressed six species. *Physocaulis nodosus* did not germinate at all after washing at 60°C. The intensive washing treatments at 60°C decreased significantly the synchrony of germination. Our measurements showed that more than 70% of the attached seeds remain on our clothes for more than 8 hours and can enter to the laundry cycle. 64% of washed seeds fall down from clothes during drying, thus, they have a chance for establishment in an urban or rural environment. The remaining 36% of washed seeds can further disperse over a long distance.



Egy ektoparazita gomba hatása az idegen-diszkriminációra a *Myrmica scabrinodis* hangyafajnál

Markó Bálint^{1*}, Csata Enikő¹, Luca Pietro Casacci², Joachim Ruther³, Jürgen Heinze³

¹Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, Babeş-Bolyai Tudományegyetem, Kolozsvár; ²Department of Life Sciences and Systems Biology, University of Turin, Torino; ³Department of Zoology/Evolutionary Biology, University of Regensburg, Regensburg; *balintm@gmail.com

A hangyák kolóniái elméletileg nagymértékben védettek a parazitáktól pontosan a társas rendszerek kohéziójának és hatékony védekezésének köszönhetően. Ennek ellenére számos parazita szervezet aknázza ki a hangyákat. Az ektoparazita gombák különösen érdekesek ebből a szempontból, mivel nem ölik meg rögtön a gazdaszervezetet általában, viszont jelentős mértékben módosíthatják a gazda viselkedését az együttélésük alatt. Ilyen parazita gomba a *Rickia wasmannii*, amelyről nemrég bebizonyosodott, hogy módosíthatja a rokondiszkriminációban szerepet játszó CHC-profilját a *Myrmica scabrinodis* gazdahangyának, s ezáltal kevésbé lesznek agresszívek idegen fajtársaikkal szemben. Ugyanakkor a megváltozott CHC-profil és a viselkedései változások között egy direkt kapcsolatot nem bizonyítottak. Ennek érdekében a jelen vizsgálat keretében mi mesterségesen megváltoztattuk a CHC-profilját egészséges és parazitált egyedeknek egyaránt, és agresszivitás-teszteket végeztünk. Eredményeink egyértelműsítik a CHC-profil szerepét a diszkriminációban. Ugyanakkor úgy tűnik, hogy bizonyos összetevők arányának megváltoztatása az ektoparazita által az interakciókat facilitálhatja. Következésképpen a diszkriminációs rendszerrel való ilyen jellegű parazita interferencia megváltoztathatja akár a kolónia struktúráját is hosszú távon. A kutatást a Román Tudományos Kutatási és Innovációs Ügynökség (CNCS – UEFISCDI) támogatta a PN-II-RU-TE-2014-4-1930 kutatási projekt keretében.

The effect of an ectoparasitic fungus on non-nestmate discrimination in the ant *Myrmica scabrinodis*

The social fortress of ants is seemingly well-protected against parasites and pathogens, however, it still exploited by a wide array of parasitic organisms. Ectoparasitic fungi, as *Rickia wasmannii*, a *Laboulbenian* fungus, that do not kill the host, present a particular interest, since they could modify the behaviour of their hosts during their long term coexistence. *Rickia wasmannii* is known to alter the CHC-profile of its host *Myrmica scabrinodis*, and makes them less aggressive towards non-nestmates. However, a direct link between the altered CHC-profile and behavioural changes was not established. In the frame of the current study, we artificially manipulated the cuticular hydrocarbon profile of both infected and uninfected ant workers, and we performed discrimination tests. Our results demonstrate that the modified CHC-profile is responsible for behavioural modifications in hosts. In addition, changes in the proportion of specific components, induced by the fungus, could act as interaction promoting signals. We argue that parasitic interferences with the nestmate discrimination system of host ants could result in changes in the colony structure on the long run. The current work was partially 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.



Románia legnagyobb nemkormányzati, nyílt hozzáféréseű biológiai adatairai

Marton Attila^{1,2,*}, Bóné Gábor¹, Hegyeli Zsolt¹, Kovács István¹,
Nagy András Attila^{1,3}, Sos Tibor^{1,3}, Bán Miklós^{2,4}

¹Milvus Csoport Madártani és Természetvédelmi Egyesület, Marosvásárhely; ²Evolúciós Állattani és Humánbiológiai Tanszék, Debreceni Egyetem, Debrecen; ³Babeş-Bolyai Tudományegyetem, Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, Kolozsvár; ⁴OpenBioMaps Konzorcium, Debrecen; *attila.marton@milvus.ro

A prezentáció célja ismertetni a Milvus Csoport publikus adatbázisait és ösztönözni a hallgatóságot ezek használatára. A növekvő számú szabadon hozzáférhető adatsorok kiváló lehetőséget teremtenek, hogy átfogó következtetéseket vonjunk le az élővilág különféle jelenségeiről. A nagy adatkészletek és hosszú távú adatsorok növelik az elemzéseink megbízhatóságát és hozzájárulnak azok szélesebb körű értelmezéséhez. Modern technológiai megoldásoknak köszönhetően az adatgyűjtés egyszerűsödött és mind mennyisége, mind minősége megváltozott, ami viszont új kihívásokat hozott a felszínre. Az adatok tárolása, rendszerezése és megosztása egyaránt összetett feladattá vált és ezek jelentős akadályát képezik az adatok értelmezésének és a természetvédelmi-tudományos kapcsolatok további elmélyülésének. A jelenleg Közép-Európában elérhető, közpénzből létrehozott adatbázisok meglehetősen korlátozottak. Számos közérdekű adatbázis ideiglenes működésű, mert már eleve egy csak pályázati ciklusra vannak tervezve. Az OpenBioMaps több nagy intézmény együttműködésén alapuló adatbázis keretrendszer, ami stabil hátteret kíván nyújtani közérdekű kutatási és természetvédelmi célú adatbázisok számára. A Milvus Csoport egy több mint 25 éves múltra visszatekintő, országos szinten tevékenykedő természetvédelmi egyesület. Munkássága révén iskolásokkal, kutatókkal és lelkes civilekkel kerül kapcsolatba, melynek társadalmi jelentősége kiemelten fontos. A különböző fajvédelmi és felmérési programok révén sok adatot gyűjt és tesz közzé az OpenBioMaps adatbázis rendszer felhasználásával. Fontosnak találjuk az adatok megosztásának ösztönzését és a szélesebb társadalmi rétegek bevonását az adatgyűjtési folyamatba, ezért közzé tesszük adataink jelentős részét publikus tematikus adatbázisainkban. A publikus adatbázisok így egyrészt ösztönzik a természetvédelmi célú társadalmi együttműködést, másrészt a hozzájárulnak a természetvédelmi célú döntéshozatalhoz is.

The largest open-access NGO biotic datasets from Romania

The aim of the talk is to present Milvus Group's public databases and to encourage the audience to use them. The growing number of freely available data sets provide an opportunity to draw comprehensive conclusions about the various phenomena of living world. Large datasets and long-term data series increase the reliability of our analyzes and contribute to a wider understanding of them. Aided by modern technology, data collection has been simplified and its quantity and quality have changed, which has brought new challenges to the surface. The storage, organization and sharing of data has become a complex task and is a major obstacle to its interpretation. Open-access databases currently available in Central Europe are quite limited. Many public databases are of only temporary use, because they are project based and are designed for only one application and funding cycle. OpenBioMaps is a database framework based on the cooperation of several large institutions, which aims to provide a stable background for research and nature conservation databases. Milvus Group is a nature conservation association with national coverage, connected through its work with wide social groups. Through its various species protection and survey programs, it collects data large amounts of data, that is recorded in the OpenBioMaps database system. We encourage data sharing and involvement of wider social strata in the data collection process, and therefore we make a significant part of our data freely available in our thematic databases. Public databases encourage social cooperation for nature conservation, and act as a support for decision-making for nature conservation.



A torna allil-izotiocianát rendellenes szubcelluláris organizációt és a mikrocisztin-LR-rel együtt mitózis blokkot idéz elő a lóbab merisztéma sejtjeiben

Máthé Csaba^{1,*}, Garda Tamás¹, Freytag Csongor¹, Szücs Boglárka¹,
M-Hamvas Márta¹, Vasas Gábor¹, Vámosi György²

¹Debreceni Egyetem TTK BÖI Növénytani Tanszék, Debrecen; ²Debreceni Egyetem ÁOK Biofizikai és Sejtbiológiai Intézet, Debrecen; *mathe.csaba@science.unideb.hu

Az allil-izotiocianát (AITC), a tormagyökér egyik fő szekunder metabolitja, számos sejtszintű elváltozást idéz elő az eukariótákban, de ennek a szubcelluláris mechanizmusai kevésbé ismertek. Korábban kimutattuk, hogy a nyers tormagyökér kivonatok, a mikrocisztin-LR-rel (MCY-LR) együttesen alkalmazva, mitózis blokkot okoznak a lóbab (*Vicia faba*) merisztéma sejtjeiben. A továbbiakban azt kívántuk megvizsgálni, vajon az AITC felelős ezért a hatásért? Az AITC, egymagában alkalmazva, nem váltott ki mitózis blokkot, de amikor 10 μM AITC-t és 10 μM MCY-LR-t együttesen alkalmaztunk, már tapasztaltuk ezt a hatást, rövid (12 h) és hosszú (24) expozíciós idők mellett. Az MCY-LR az 1 és a 2A típusú protein foszfatázok specifikus gátlószere, ezért a sejtciklus szabályozást befolyásolja. Bár kísérleti a metafázis-anafázis átmenetet, önmagában nem blokkolja a mitózist. A mitózis blokk jól korrelál a hiszton H3 hiperfoszforilációjával és a rendellenes osztódási orsók kialakulásával. Megítélésünk szerint ez a kettős kezelés alkalmas eszköz lehet a metafázis-anafázis átmenet mechanizmusának vizsgálatában.

Allyl isothiocyanate, a horseradish metabolite, alters subcellular organization and its combination with microcystin-LR induces the block of mitosis in plant cells

Allyl isothiocyanate (AITC), an important compound of the volatile oil of horseradish is known for its multiple cellular effects in eukaryotes, but the subcellular mechanisms of such effects need further research. In a preliminary experiment we have shown that crude horseradish extracts together with MCY-LR block mitosis of meristematic *Vicia faba* cells. We aimed to reveal whether AITC is the component responsible for this. This compound did not induce mitotic arrest at the concentrations tested (1, 10 μM). However, when high AITC concentration was combined with high microcystin-LR (MCY-LR) concentration (MCY-LR is a natural cyanobacterial toxin), we observed mitotic block after short-term (12 h) and long-term (24 h) treatments. MCY-LR is a potent inhibitor of both PP1 and PP2A, and it does not induce mitotic block by itself. Certain concentrations of AITC and MCY-LR used alone or in combinations induced the hyperphosphorylation of histone H3. Substantial increase in the frequency of mitotic spindle anomalies occurred only at combined treatments, where it occurred concomitantly with hyperphosphorylation of histone H3 and mitotic arrest. Phenetyl-isothiocyanate (PEITC), another horseradish metabolite, used alone or in combination, did not have the effects observed for AITC.



Huminanyag-tartalom hatása a planktonikus mikrobiális közösségekre tíz tó példáján

Mentes Anikó^{1,*}, Tugyi Nóra², Somogyi Boglárka², Vörös Lajos², Felföldi Tamás¹

¹ELTE TTK Mikrobiológiai Tanszék, Budapest; ²MTA ÖK, Balatoni Limnológiai Intézet, Tihany;
*aniko.mentes89@gmail.com

A huminanyagok az elhalt növényi anyagokból származó makromolekulák bomlásán és oxidálásán keresztül, a hozzájuk kapcsolódó egyéb növényi eredetű kisebb molekulákkal alkotott komplexekből, a humifikáció folyamata során képződnek. Számos kutatás bizonyította, hogy a huminanyagok perzisztens tulajdonságuk ellenére a baktériumok számára energia- és szénforrásként hasznosíthatók, továbbá a tavakban levő oldott szerves szén jelentős hányadát (40-60%) alkotják. Ezek által lényeges befolyásuk lehet a tavakban levő mikrobiális közösségek aktivitásának és összetételének alakulására is. A kutatás célja a huminanyag-tartalom hatásának vizsgálata volt, tíz, huminanyag tartalmában eltérő, Kárpát-medencében található (átlátszótól sötétbarna színű) víztesten keresztül. A kutatás során összefüggéseket kerestünk a limnológiai paraméterek és a mikrobiális szervezetek produkciója (tríciummal jelölt leucin technika) és aktivitása között (Biolog EcoPlate™). Az eredmények azt mutatták, hogy ugyan van pozitív összefüggés a huminanyag-tartalom gradiens és a kutatásban résztvevő tavak alga- és baktérium-közösségek összetétele és produkciója között, de nem csak ez a tényező lehet felelős az eltérő mikrobiális közösségek kialakulásáért: a tavak típusa, a vízminőség és a szervezetek egymásra hatása is befolyásolhat. (A kutatás az Emberi Erőforrások Minisztériuma 2017. évi Új Nemzeti Kiválóság programjának támogatásával készült.)

Effect of the humic substance content on the planktonic microbial communities in the case of ten lakes

Humic substances are composed from macromolecules of dead plant material, originated from degradation and oxidation and their complexes associated with other small molecules from plants, during the process of humification. According to previous studies, humic substances, despite their persistent properties, can be used as energy and carbon sources by bacteria and its contribution to the dissolved organic carbon pool could be as high as 40-60% in several aquatic environments. Nevertheless, they can have a significant influence on the activity and composition of the microbial communities in lakes. The aim of this research was to investigate the effect of humic substance content using ten water samples from the Carpathian Basin, which differ from each other in the amount of humic substances (from clear to dark brown water). We were looking for connections between the limnological parameters and the production (tritium-labelled leucine technique) and activity (Biolog EcoPlate™) of microorganisms. Despite the results showed a positive correlation between the gradient of humic substance content and the composition and production of algal and bacterial communities in the studied lakes, it is not the only factor that can be responsible for the formation of different microbial communities: the type of lake, water quality and the interaction between organisms could be also important. (Supported through the New National Excellence Program of the Ministry of Human Capacities (ÚNKP-17).)



Cianobakteriális toxinok által indukált sejthalál folyamatok összehasonlítása a sziklevek természetes szenescenciájával fehér mustár (*Sinapis alba* L.) csíranövények felhasználásával

M-Hamvas Márta*, Máthé Csaba, Jenei Nándor, Ajtay Kitti, Jámbrik Katalin, Vasas Gábor

Debreceni Egyetem Természettudományi és Technológiai Kar, Növénytani Tanszék, Debrecen;
*hamvas.marta@science.unideb.hu

A cianobaktériumok által termelt toxinok két jól vizsgált csoportja a mikrocisztinek és a cilindropermopszinok. A mikrocisztin-LR (MCY-LR) a szerin- és treonin protein-foszfatazok (PP1 és PP2A típusúak) specifikus inhibitora, a cilindropermopszin pedig fehérje- és nukleotid szintézist gátló hatásáról ismert. Mindkét toxin képes a kezelés időtartamától és az alkalmazott koncentrációtól függő mértékben gátolni a tesztnövényként alkalmazott mustár csíranövények morfogenezisét, növekedését. A növekedés jellemzésén túl a cianotoxinok szövettani, citológiai és biokémiai hatásait is vizsgáltuk, és számos változás, például a sejtmag integritásának megszűnése -DAPI festéssel és TUNEL jelöléssel bizonyítva-, az oxidatív stressz kivédésében fontos peroxidázok (POD) aktivitásának szignifikáns emelkedése, és a sejthalál folyamatokban kulcsfontosságú proteáz és nukleáz enzimek mintázatában és aktivitásaikban mért eltérések azt bizonyították, hogy ezek a cianotoxinok sejthalál folyamatokat indukáltak a tesztnövényekben. Az epigeikus csírázó mustár szikleveleinek morfogenezise magába foglalja a zöldülést, a növekedés/levélexpanzió folyamatát, melynek eredményeként a növény első fotoszintetizáló leveleiként funkcionálnak, a második lomblevélpár megjelenéséig. Ekkor leszáradnak, lehullnak. A folyamat végigkövetésével, a különböző fejlettségi állapotot reprezentáló minták pigment tartalom és enzimológiai vizsgálatával a sziklevek szenescenciáját, mint természetes sejthalál folyamatot jellemeztük. Az eredményeket összevetettük a cianotoxinok okozta sejthalál folyamatokkal. A feltárt hasonlóságok megerősítésére olyan növénytesztet is összeállítottunk, melyben a növények egyik csoportjának szikleveleit csak vízzel, másik csoportját 5 $\mu\text{g ml}^{-1}$ MCY-LR-tartalmazó vizes oldattal ecseteltük. Eredményeink alapján feltételezhető, hogy az oxidatív stresszt is kiváltó MCY-LR felgyorsítja a sziklevek természetes szenescenciáját, 37 nap helyett, csak 21 napig működtek, pigment- és enzim-mintázatuk pedig a természetes szenescens levelekével volt azonos.

Comparison of cyanobacterial toxins induced plant cell death events to natural senescence used *Sinapis alba* L. seedlings

Cyanobacterial toxins, microcystin-LR as special inhibitor of eukaryotic serine and threonine protein phosphatases (types PP1 and PP2A) and cylindropermopsin as inhibitor of protein synthesis can inhibit the growth and morphogenesis of *Sinapis alba* seedlings in a time and concentration dependent manner. Beside growth parameters, pigment content, integrity of cell nucleus (using DAPI and TUNEL labelling methods), the isoenzyme number and activity of two groups of hydrolases (DNase and protease) and the pyrogallol peroxidase (POD) as one of the oxidative stress enzymes were investigated on mustard seedlings to characterize the effects of these natural toxins in higher plants. The changes in parameters proved that these cyanotoxins can trigger cell death events in a time- and dose-dependent manner. Taking samples from the startpoint of epigeic germination; at different stages of expansion and cotyledons greening, until the time of falling of cotyledons-, solved important data of natural senescence. When we summarized the changes in data of pigment contents, activities and patterns of POD, DNase and protease enzymes we could establish similarities between cyanotoxin induced cell death events and natural senescence. These similarities were confirmed, when we have grown parallelly two sets of plants; the first were surface treated only with tap water and the other with aqueous solution containing 5 $\mu\text{g ml}^{-1}$ MCY-LR. It seems that MCY-LR as inducer of oxidative stress speeds up the senescence, the life of cotyledons lasted instead of 37 days only for 21 days, and the pattern and activities of hydrolases and POD were alike at these days.



Hasonló jellegekkel rendelkező inváziós növények hasonlóan hatnak-e az őshonos növényközösségekre?

Miholcsa Zsombor^{1*}, Szabó Anna¹, Sándor Dorottya¹, Kovács-Hostyánszki Anikó^{2,3}, Szigeti Viktor², Kovács Orsolya⁴, Fenesi Annamária¹

¹Babeş-Bolyai Tudományegyetem, Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, Kolozsvár; ²MTA Ökológiai Kutatóközpont, Ökológiai és Botanikai Intézet, Vácrátót; ³MTA ÖK GINOP Ökoszisztémák fenntartható működtetése, Tihany; ⁴Öko-Hang Kft., Budapest; *hczsombor@gmail.com

Az inváziós fajok őshonos közösségekre kifejtett hatásának vizsgálata, valamint azoknak a biológiai jellegeknek az azonosítása, melyek az inváziós sikerért felelősek, hosszú múltra tekintenek vissza. Azonban e két témának az összevonása új ösvénynek számít az invázióökológiában. Jelen kutatásunkban azt feltételeztük, hogy ha az inváziós fajok jellegeikben nagyon hasonlóak, akkor az előzőnlőtt közösségben kifejtett hatásuk is hasonló lesz. Öt magas termetű, erőteljes vegetatív és generatív szaporodású, lágyszárú évelő inváziós fajt (*Solidago gigantea*, *S. canadensis*, *Rudbeckia laciniata*, *Helianthus tuberosus* és *Reynoutria japonica*) választottunk, és vizsgáltuk ezek hatását a közösség fajszámára, diverzitására, funkcionális összetételére és természetességére. Mind az öt faj esetén 7 előzőnlőtt és 7, növényzetében és jellegében hasonló, kontroll területet mintáztunk meg. Eredményeink azt mutatják, hogy az előzőnlőtt területek fajszáma és diverzitása alacsonyabb a kontroll területeken tapasztaltaknál, egyetlen kivétellel: az *S. canadensis* jelenléte nem járt alacsonyabb fajszámmal. A területek specialista fajainak aránya csak az *R. laciniata* által előzőnlőtt területeken volt alacsonyabb, míg a ruderalis fajok aránya az *R. laciniata*, *S. gigantea* és *R. japonica* esetén is magasabb volt a kontroll területeken számoltaknál. A funkcionális csoportok esetén a fűneműek borítása mutatott szignifikánsan alacsonyabb értéket a *R. japonica* és a *S. canadensis* által előzőnlőtt területeken. Összefoglalva, az általunk vizsgált öt, hasonló inváziót elősegítő jellegekkel rendelkező faj eltérően hatott az előzőnlőtt területek, természetességére és funkcionális összetételére, azaz a jellegek hasonlósága nem garantálta a hasonló hatást.

Do invasive species with similar traits cause similar impacts on the resident plant communities?

An increasing body of literature assesses the invasive alien plants' impact on resident species and communities, and the identification of those traits which determine the invasiveness of alien plants. However, linking these two research topics consists a new approach in plant invasion ecology. In our investigation, we presume, that invasive alien plants with similar biological traits, have similar impact on resident communities. We chose five tall, perennial invasive herb species, with strong ability to reproduce both by vegetative and generative organs (*Solidago gigantea*, *S. canadensis*, *Rudbeckia laciniata*, *Helianthus tuberosus* and *Reynoutria japonica*), and we studied their impact on resident plant communities' species number, diversity, naturalness and functional guilds. We collected data from seven invaded and seven control communities for each of the five invasive species. Our results show that species number and diversity was lower in the invaded areas compared to the control ones. The proportion of specialist species was lower only in areas invaded by *R. laciniata*, while the proportion of ruderal species was higher in areas invaded by *R. laciniata*, *S. gigantea*, and *R. japonica*, respectively. Regarding the functional guilds, the cover of graminoid species was significantly lower in areas invaded by *R. japonica* and *S. canadensis*. Overall, the five examined invasive species with similar traits affected differently the naturalness and functional guild composition of the invaded communities, thus, the similarity of traits did not guarantee the similarity of impact.



Hydra oligactis populációgenomikai vizsgálata

Miklós Máté^{1,*}, Laczkó Levente², Sramkó Gábor², Sebestyén Flóra¹, Barta Zoltán¹, Tökölyi Jácint¹

¹Debreceni Egyetem, Evolúciós Állattani és Humánbiológiai Tanszék, Debrecen; ²Debreceni Egyetem, Növénytani tanszék, Debrecen; *miklosm94@gmail.com

A *Hydra oligactis* egy édesvízi csalánozó hidrafaj, amely rendkívül rugalmas és változó életciklussal rendelkezik. A szaporodás e faj estében lehet szexuális vagy aszexuális is, és az előbbi – más hidrafajoktól eltérően – nagyarányú szeneszcenciával jár együtt. A természetes populációkban azonos környezeti feltételek mellett mind szexuális, mind aszexuális polipok egyidejűleg megfigyelhetők. Erre a jelenségre több különböző magyarázat is adható (például a populációk genetikai differenciálódása vagy a fenotípusos plaszticitás). A genetikai differenciálódás mértéket több különböző kelet-magyarországi hidra populációban vizsgáltuk meg, egy a populációgenetikai vizsgálatokban egyre gyakrabban használt módszerrel, a Restriction-Site Associated DNA Sequencing (RAD-Seq) alkalmazásával. 2017 őszén hét különböző víztestből (pl. alföldi holtmedrekből, víztározókból és kis folyókból) gyűjtöttünk aszexuális és szexuális polipokat. A 7 populáció közül 4 esetben szexuálisan szaporodó állatokat is találtunk. A begyűjtött egyedeket a laboratóriumba szállítottuk, ahol azonnal megszáritottuk őket, majd végül kivontuk DNS-üket. Az így gyűjtött összesen 84 különböző polipból (46 szexuális és 38 aszexuális) létre hoztunk egy RAD-seq könyvtárat, amit Illumina módszerrel szekvenáltunk. Az eddigi eredményeink betekintést nyújtanak a *Hydra o.* genetikai differenciáltságába a vizsgált populációkon belül és azok között, valamint a különböző életmenet stratégiát folytató egyedek között is.

Population genomics of *Hydra oligactis*

Hydra oligactis is a freshwater cnidarian with a highly flexible and variable life cycle. Reproduction in this species can be both sexual and asexual, and the former is associated – uncharacteristically for *Hydra* species – with high rates of senescence. Under identical environmental conditions in natural populations both sexual and asexual polyps can be observed simultaneously. This could be explained by several interpretations (e.g. genetic differentiation within population or phenotypic plasticity). We inspected the genetic differentiation within some eastern Hungarian *Hydra* populations, using Restriction-Site Associated DNA Sequencing (RAD-Seq). We collected asexual and sexual polyps from seven different water bodies (e. g. lowland oxbow lakes, reservoirs and small rivers) in the fall of 2017. Four of the 7 populations contained sexually reproducing animals. Field-collected individuals were transported to the laboratory, then dried immediately and their DNA was extracted. We created RAD-seq library from 84 different polyps (46 sexual and 38 asexual individuals) which was used for Illumina Sequencing. We describe patterns of genetic differentiation within and between populations, as well as between life history strategies in this species.



A kettős szálú DNS törést követő hibajavítás tanulmányozása zebrahalban

Müller Dalma^{1*}, Annus Tamás¹, Kovács Mihály², Varga Máté^{1,3}

¹Genetikai Tanszék, Eötvös Loránd Tudományegyetem, Budapest; ²Biokémia Tanszék, Eötvös Loránd Tudományegyetem, Budapest; ³MTA-SE Lendület Nephrogenetikai Kutatócsoport, I. Sz. Gyermekgyógyászati Klinika, Semmelweis Egyetem, Budapest; *dalma.muller2@gmail.com

A genom-integritás megőrzésében szerepet játszó folyamatok létfontosságúak minden élőlény számára. Hibás működésük rákos megbetegedéshez, korai öregedéshez, anyagcsere rendellenességekhez vezethet. Bár a nagy átteresztőképességű *in silico* és *in vitro* módszerek értékes információkkal szolgálhatnak, ha az élő szervezetben zajló folyamatok megértése a cél, akkor az *in vivo* vizsgálatok ígérkeznek a leginkább célravezetőnek. A Semaphore rendszer megalkotásával célunk az, hogy egy olyan módszert dolgozzunk ki, amely segítségével *in vivo* tanulmányozható a kettős szálú DNS törést követő hibajavítás. A konstrukció lényegi részét egy mStrawberry és egy homológ karokkal határolt eGFP kazetta alkotja. Feltevésünk, hogy Cas9 által indukált DNS törést követően, a két fluoreszcens fehérje segítségével, a homológ szakaszokon alapuló és a nem-homológ vég-a-véghez illesztéssel történő hibajavítás közti arány mérhetővé válik. A riportter rendszer a zebrahal-specifikus golden lókuszt célozza meg, így jelenlegi formájában csak zebrahalon alkalmazható. Megfelelő gRNS célszekvencia felhasználásával azonban egyéb modell organizmus számára is alkalmazható, így az alap- és alkalmazott kutatás hasznos eszközévé válhat.

Semaphore – a reporter system for DSBR accuracy in zebrafish

Genome integrity maintenance is one of the most fundamental cellular processes. Lacking the means to repair DNA damage may lead to severe consequences such as oncogenesis, premature aging, or metabolic insufficiencies. Although valuable information can be derived from *in vitro* and *in silico* studies owing to their flexibility and high throughput capabilities, *in vivo* approaches hold the most promise when it comes to gaining information about phenomena occurring in living organisms in their natural context. Our aim with the development of the Semaphore system is to create a method through which DNA double stranded break repair (DSBR) accuracy can be analyzed. The core components of the construct are an mStrawberry and an eGFP cassette, the latter of which is flanked by homology arms. Through Cas9 induced cleavage and the use of two fluorophores, the ratio between homology directed repair (HDR) and non-homologous end joining (NHEJ) pathways can be visualized and possibly quantified *in vivo* – eGFP fluorescence marking HDR events, while mStrawberry expression NHEJ events. Because our reporter system targets the zebrafish golden locus, in its present state it is only applicable in zebrafish. However it could be relatively simply modified for any other model organism given a suitable gRNA target sequence that is sufficiently susceptible to Cas9 cleavage. We propose that such a reporter system could prove to be useful in both basic research and applied sciences.



A romániai természetvédelem útvesztői

Nagy András Attila^{1,2,*}, Imecs István³

¹*Babeş-Bolyai Tudományegyetem, Biológia-Geológia Kar, Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, Kolozsvár;*
²*”Milvus Csoport” Madártani és Természetvédelmi Egyesület, Marosvásárhely;* ³*Accent GeoÖkológiai Szervezet, Tusnádfürdő; *andrasattila.nagy@milvus.ro*

Nyugat-európai államokhoz viszonyítva, Romániában viszonylag újkeletű dolognak számít a természetvédelem. Egyesek szerint túlságosan hamar jött, szerintünk kicsit megkészt, de amiben mindannyian megegyezünk az az, hogy erre Románia nem volt felkészülve. Az utóbbi egy évtizedben számos kísérletet tettünk annak érdekében, hogy a természetvédelem ne csak akkor nyerjen, ha keveset veszít (ha például egy folyószabályozási munkálat esetében nem vágják ki az összes fát, hanem 10%-át meghagyják, akkor ezt hajlamosak vagyunk nyereségként elkönyvelni), hanem legyenek olyan helyzetek, amikor mérlegre téve a természet nyeresége többet nyom, mint a veszteség (pl. működőképes hallépcsők megépítése, árterületek rehabilitálása stb.). Visszanézve, sajnálattal kell levonjunk a következtetést, hogy Románia nem csak a természetvédelemre, de a valódi nyereséggel járó természetvédelmi befektetésekre sem készült fel. Talán a most még iskolapadokat koptató generáció lesz az, amelyiknek sikerül felkészülnie arra, amire a mi generációnknak sajnos nem sikerült. Talán. És ez a „talán” nagy mértékben rajtunk is múlik.

The maze of nature conservation in Romania

Compared to Western Europe, nature conservation in Romania is a recent concept. Some say it was implemented too quickly, we (nature conservationists) say it arrived a bit late, but all of us agree that Romania was not prepared for it. In the last decade we have made a number of attempts to prevent the spread of the concept according to which “nature conservation wins if only loses a little” (e. g. in case of a river regulation if ‘only’ 90% of the trees are cut ones tend to book it as a success), but we would like to ensure that the nature gains more than it loses (e. g. functional fishway constructions, floodplain rehabilitation etc.). Looking back, we can draw the conclusion, that Romania was not prepared not only for nature conservation, but neither for really profitable nature conservancy projects. Maybe today’s students will be the generation which will be able to prepare for what our generation failed to achieve. Maybe. But this „maybe” largely depends on us, too.



Inotocin a nagyfejű csajkóban (*Lethrus apterus*)

Nagy Nikoletta Andrea^{1*}, Németh Zoltán¹, Kosztolányi András², Barta Zoltán¹

¹Debreceni Egyetem, Evolúciós Állattani és Humánbiológiai Tanszék, Debrecen; ²Allatorvostudományi Egyetem, Ökológiai Tanszék, Budapest; *nnolett@gmail.com

Az inotocin egy rendkívül konzervált csoport, az oxitocin/vazopresszin neuropeptid család tagja, funkciója azonban még nem tisztázott. Ismereteink alapján ortológjai más taxonokban számos folyamatot befolyásolnak, köztük szociális folyamatokat, mint a szociális tanulás, az egyedfelismerés, csoportos viselkedés, valamint a szülői gondoskodás. Az inotocint és receptorát kódoló génszakaszokat nemrég azonosítottuk egy fejlett utódgondozással rendelkező bogárfaj, a nagyfejű csajkó genomjában. A peptid rendkívül konzervált szerkezete alapján hipotézisünk, hogy az inotocin szerepet játszhat e faj szociális viselkedésének, illetve utódgondozásának szabályozásában. A kérdés megválaszolására két természetes populációból gyűjtöttünk mintákat a szaporodási időszak párválasztási és utódgondozó szakaszában, hogy megvizsgáljuk, a hormon és a receptor expressziójában megfigyelhető-e szezonális változás, illetve különbség az ivarok között. A mintavételek során azonos számú hím és nőstény egyedből fej és tor mintákat vettünk. RNS izoláció után az inotocint és receptorát kódoló gének kifejeződésének relatív mértékét valós-idejű kvantitatív PCR segítségével állapítottuk meg. Az expressziós szint változását kevert modellekkel analizáltuk. Eredményeink alapján mind az inotocin, mind a receptor kifejeződése nőtt a szaporodási időszakban, azonban nem találtunk következetes eltérést az ivarok között. Érdekes módon viszont a receptor expressziója szignifikánsan alacsonyabb volt a tor mintákban, mint a fej mintákban. Az eredmények arra engednek következtetni, hogy az inotocin részt vesz a nagyfejű csajkó szociális viselkedésének szabályozásában.

Inotocin in *Lethrus apterus*

Inotocin is a member of a highly conserved group of neuropeptides called the oxytocin/vasopressin family, however, its functions are still largely unknown. Its orthologs appear to influence a wide range of processes in other taxons including regulation of social processes such as social learning, individual recognition, grouping behaviour and parental care. The gene sequences of inotocin and its receptor have been found in the genome of *Lethrus apterus*, a beetle species with well-developed parental care. Based on the highly conserved structure of the peptide, we hypothesize that inotocin may be involved in the regulation of social behaviour and parental care in this species. To investigate this question, samples were collected from two natural populations during the periods of mate choice and parental care of the breeding season to examine whether season and sex influence the expression of inotocin and its receptor. Head and thorax samples were taken from equal numbers of males and females each time of sample collection. After RNA isolation, the relative expressions of inotocin and its receptor were assessed by real-time quantitative PCR. Change in expression levels of the two molecules were analysed using mixed-effects models. We found that the expression of both genes increased throughout the breeding period but no consequent difference between sexes was observed. Interestingly, however, the expression of the receptor was significantly lower in thorax samples than in the head samples. Based on these results, we suggest that inotocin is involved in the regulation of social behaviour of *Lethrus apterus*.



Hogyan tisztítsunk fehérjét és detektáljunk egy monoklonális ellenanyaggal?

Nagy Zsuzsanna^{1,2,*}, Udvardy Andor¹, Lipinszki Zoltán¹

¹MTA-SZBK Lendület Sejtciklus Szabályozás Kutatócsoport, Szeged; ²Szegedi Tudományegyetem, Szeged;
*zsuzsanna_nagy@yahoo.com

Sejtjeink az életük során fehérjéket szintetizálnak, melyekre olykor csak pillanatnyilag van szükség, és amikor ellátták feladatukat, el kell távolítani őket. Ezt a feladatot látja el az kétkomponensű ubiquitin proteaszóma rendszer, amely irreverzibilisen, gyorsan és specifikusan bontja le a feleslegessé vált fehérjéket. Az első komponens biztosítja a specifitást, azaz a sejt az ún. poliubiquitin láncsal megjelöli a lebontandó fehérjéket, amit majd a második komponens ismer fel és proteáz aktivitása révén 7-8 aminosav hosszúságú darabokra vágja. A felismerési folyamatban van szerepe a p54 alegységnek, a proteaszóma poliubiquitin receptorának. Laboratóriumunk több olyan ellenanyagot készített, amelyek specifikusan képesek felismerni a p54 fehérjét. Ezek közül az egyik a fehérje C-terminális régiójához köt. Munkám során azt a rövid szakaszt, ún. epitópot, fogom meghatározni aminosav szekvencia szinten, amelyhez az ellenanyag kötődik. Amennyiben sikerül meghatározunk az epitópot a továbbiakban létrehozhatunk olyan konstrukciókat, amelyek segítségével homogenitásig tisztíthatunk fehérjéket, immunfestéseket végezhetünk vagy akár címkéként használva detektálhatjuk fehérjék jelenlétét adott szövetben, sejtben.

How to extract and purify proteins, and detect them with monoclonal antibody?

Cells synthesize proteins during our lives, some of which are only needed only for a short period of time. When the short-term proteins perform their function, they must be eliminated. This task is carried out by the ubiquitin-proteasome binary system, which degrades unwanted proteins irreversibly, quickly and specifically. The first component offers specificity, which means that certain proteins are tagged for degradation with a polyubiquitin chain. This is recognized by the second component, the proteasome, and through its protease activity degrades the protein into 7-8 amino acid long peptides. In the recognition process the p454 subunit plays an important role as the proteasome polyubiquitin receptor. Our laboratory has produced several antibodies that specifically recognize the p54 protein. One of these binds to the C-terminal region of the protein. During my work, I will determine that short section, also called as epitope, at the level of amino acid sequence to which the antibody will bind. If we manage to determine the epitope, we could create other constructs for protein purification by homogeneity, we could perform immunostaining, or by using a label we could detect the presence of the protein in a tissue or cell.



A Biharugrai-halastavak ökoszisztéma szolgáltatásainak kínálata, helyi ismertsége és megítélése

Palásti Péter*, Kerepeczki Éva

HAKI; *palasti.peter@haki.naik.hu

Fenntartható kezelés mellett természetközeli, extenzív halastavaink bizonyos mértékben pótolhatják a 19. századi folyószabályozások következtében megszűnt vizes élőhelyeink társadalmilag hasznos szolgáltatásait. Kutatásunk célja, hogy a halastavak ökoszisztéma szolgáltatásainak összegyűjtésével és többszemponútú értékelésével támogassuk azok szelíd hasznosítását. Vizsgálataink színhelye a Békés megyei Biharugrai halastórendszer volt, ahol a helyi kulcsinformátorokkal végzett interjúk segítségével 14 szolgáltatást azonosítottunk, melyeknek ezután megkezdttük ökológiai és szociális értékelését. Az ökológiai értékelés során minden számszerűsíthető szolgáltatáshoz (haltermelés, nyersanyagbiztosítás, vízviszatarítás, szennyezéskezelés, kikapcsolódási lehetőség, élőhelyek biztosítása) a rendelkezésre álló adatok alapján egy-egy indikátort rendeltünk, hogy megállapíthassuk azok mennyiségét (kínálatát) és több évre visszavezethető változásait. A szociális értékelés keretében a szolgáltatások iránti kereslet feltárására 70 rövid, félig strukturált interjút készítettünk több közeli településen. Módszertani szempontból újdonság volt, hogy az interjúk során az alanyoknak először maguktól kellett felsorolniuk az általuk ismert szolgáltatásokat, majd ezt követően, a kialakított lista bemutatásával, a számukra fontos, de addig nem említett hasznokra is rákérdeztünk. Eredményeink alapján a kikapcsolódás, a haltermelés és az élőhelyek biztosítása minősült a legismertebb, legkeresettebb szolgáltatásnak. A listán alapuló lekérdezés emellett számos más szolgáltatás fontosságára is rávilágított: tisztább levegő, szennyezéskezelés, oktatás. Eltérő szemléletű, mégis egymást kiegészítő eredményeink miatt a két lekérdezési módszer együttes használata határozottan előnyösnek bizonyult. A vizsgált szociális változók közül az életkor mutatta a legerősebb összefüggést a szolgáltatások ismeretének mértékével: a legtöbb információt a 40-65 közötti, míg a legkevesebbet a 65 év feletti korcsoport szolgáltatta. Az ökológiai indikátorok vizsgálata jelenleg is folyamatban van. Terveink szerint a közeljövőben több mintaterületen is folytatjuk kutatásunkat, további ökológiai információk gyűjtésével, és részvételi alapú térképezés alkalmazásával.

Supply, local knowledge and preferences of ecosystem services at the Biharugra fishponds

Semi-natural extensive fishponds with sustainable use could partially replace the ecosystem services (ES) of the lost wetland habitats, ceased by river regulations of the 19th century. The goal of our research was to support the wise use of fishponds by identifying and evaluating their services in multiple aspects. The site of our study was the Biharugra fishpond system in Békés county, Hungary, where we have started an ecological and socio-cultural assessment of 14 ES, identified by local key-informants. For biophysical evaluation, we assigned indicators to every quantifiable service (fish production, raw materials, pollution control, recreation, habitat provision) to determine their supply in the last few years. During the socio-cultural assessment, we have performed 70 short, semi-structured interviews among the people of neighbouring settlements, to reveal local demand for services: participants were asked to list the ES they know and then, to determine the importance of further services from the key-informants' list. Our results showed that recreation, fish production and provided habitats were the most highlighted services. Additionally, the list-based query exposed the importance of other ES like clean air, education or pollution control. Due to their significantly different but mutually complementing results, we recommend the simultaneous use of both methods. Among the social factors we examined, age was in the strongest correspondence with the number of recognized services. Studying ecosystem indicators is currently in progress. In the future, we are planning to continue our work involving additional study sites, with the extended collection of ecological data and participatory mapping.



Szárazföldi csigák légcsőrendszere új családokat határoz meg

Páll-Gergely Barna*, Fehér Zoltán

*Magyar Természettudományi Múzeum, Állattár, Budapest; *pallgergely2@gmail.com*

A Caenogastropoda alosztályba tartozó szárazföldi csigák a tengeri csigák rokonai. Egy operculum nevű szervük van, ami nem más, mint egy ajtó, ami bezárja a csigahéjat, ha az állat visszahúzódik belé. Ez remek védelmet nyújt a ragadozók és a vízvesztés ellen is, viszont megnehezíti a gázcserét. Sok trópusi csigacsoport evolúciója során különböző légcsövek fejlődtek a csigaházra, amelyek csukott „ajtón” keresztül is lehetővé teszik a légzést. A legtöbb csoport esetén nyitott a cső külső vége. Sajátos módon, az Alycaecidae család tagjainak légcsöve az első és második kanyarulat közötti varratban található, és zárt a külső vége. Több mint egy évszázadig azt gondolták, hogy a légcsere a csövön található mikroszkopikus lyukacsokán megy végbe. Ezzel szemben nemrég felfedeztük, hogy a varratcső számos, merőleges lefutású, elképesztően vékony (kb. 16 mikrométer átmérőjű) légkapillárisal van kapcsolatban, amelyeket a héj legfelső rétege képez. Amikor más csoportoknál is ilyesmiket kerestünk, összesen három új légcsőrendszert találtunk különböző (szub)trópusi csigacsaládoknál, amelyek hasonlóak az eddig ismert Alycaecidae-típushoz, mégis szerkezetileg különbözőek. A különböző légcsőrendszerek használhatóak lesznek a csigák rendszerezésében is. Eddig legalább egy új családot és egy új alcsaládot kell felállítanunk. Az elsődleges molekuláris filogenetikai adataink szerint a csőrendszerek legalább két független alkalommal alakultak ki a szárazföldi csigák evolúciója során.

Breathing systems of land snail shells define new families

Caenogastropod land snails are closely related to marine gastropods. They possess an operculum, which is a door-like structure that closes the aperture when the snail retracts itself to the shell. This door offers protection against predators and water loss, but makes breathing difficult. To overcome this problem, snorkels or tubes have been evolved on the shells of many tropical land snail groups. In nearly all cases, the outer end of the tube is open in order to allow gas exchange. However, the family Alycaecidae has a breathing tube, which is situated inside the suture between the first and second whorls, and is closed at the end. For over a century it was thought that the air intake happens through microscopic pores along the tube. Recently we discovered that this tube is in contact with many extremely slender (ca. 16 micrometre in diameter), perpendicularly running breathing tunnels that are formed by the uppermost shell layer. While we was searching for similar structures in other land snail families, we discovered three similar, but structurally different breathing tunnel systems in (sub)tropical land snails. These types of breathing systems are useful in the classification of these snail groups. Using them, at least a new family and a new subfamily has to be erected. Preliminary molecular phylogeny indicates that the tunnel systems have been developed at least twice independently during the evolution of caenogastropod land snails.



Denevérlegyek (Nycteribiidae) gazdaspecifikusságának a vizsgálata romániai és bulgáriai denevéropulációkon

Péter Áron^{1,2,*}, Barti Levente³, Csósz István³,
Alexandra Cordoneanu¹, Földvári Mihály⁴, Sándor D. Attila¹

¹University of Agricultural Sciences and Veterinary Medicine of Cluj-Napoca; ²MTA-PE Evolutionary Ecology Research Group, Department of Limnology, University of Pannonia, Veszprém; ³Romanian Bat Protection Association - Central Branch, Odorheiu Secuiesc; ⁴Department of Evolutionary Zoology and Human Biology, University of Debrecen, Debrecen; *aronpeter92@gmail.com

A denevérlegyek az egyik leggyakoribb parazitái a denevéreknek és a nagymértékű specializálódásukkal, kimagaslóan érdekes biológiai tulajdonságaikkal, ökológiájukkal és az újonnan feltárt ténnyel, hogy több különböző patogén mikroorganizmus potenciális vektorai, újból a kutatások célpontjába kerültek. Parazitákon végzett vizsgálatokban fontos kérdés a fajok gazdaspecifikussága és a szezonális különbségek megállapítása. A denevérlegyek több okból is meglepő módon nagyon magas szintű gazdaspecifikussággal rendelkeznek, aminek feltételezhetően a fő hajtóereje a két nem elsődleges gazdán történő találkozása és ko-evolúció során kialakult immun kompatibilitásuk. Azonban véleményünk szerint a denevérlegyek gazda használati szokásait befolyásolhatja az aktuálisan elérhető gazdapopuláció mérete és változatossága. Mintavételezéseinket, vagyis a denevérek befogását és a külső parazitáik begyűjtését 2015-2017-ben végeztük Románia és Észak-Bulgária különböző pontjain. Denevérek befogása húrcsapdával vagy hálóval történt. Az ektoparaziták a gazdáról való eltávolítás után alkoholban tároltuk, majd később laboratóriumban határoztuk morfológiai bélyegek alapján szigorú protokoll szerint, hogy mindenképpen elkerüljünk minden lehetséges kavarodási hibát. A befogott csaknem háromezer denevérből 1018-on találtunk denevérlegyeket, a megfogott 23 denevérfajból 13-ról sikerült legyeket begyűjtenünk, összesen 2277 példányt, amelyek 9 fajhoz tartoznak. Adataink elemzése során azt találtuk, hogy a legyek gazdaspecifikussága összefüggésben áll a barlangokban lakó és potenciális gazdafajként szolgáló denevéropuláció változásával.

Study on host specificity of bat flies (Nycteribiidae) from Romanian and Bulgarian bat populations

Bat flies are the most abundant parasites of bats because of their high level of host specificity, extremely interesting biological life traits and ecology moreover with their newly discovered ability, that they can be vectors for several pathogens, the scientific curiosity around them is rising. Few important questions of studies regarding parasites are the species host specificity and seasonality. The bat flies, against the odds and possibilities are showing high levels of specificity, which main driving forces presumably are the higher mating chances on primary hosts and the immune compatibility, which is a result of a long coevolutionary relationship. In this study we investigated the idea that the size and variability of the actual host community can alter the host exploiting behavior of parasites. Bats were captured from 2015 to 2017 in Romania and at the northern parts of Bulgaria. For capturing we used harp trap and fine mist nets. After collecting the ectoparasites, they were stored in alcohol and later in laboratory they were identified on species level after morphological keys. We used a very strict protocol during the collection and identification to avoid errors from mixing the samples. From the almost three thousand collected bats (23 species) 1018 were infected with bat flies, altogether 2277 bat flies were collected belonging to 9 species. By analyzing our data, we found connection between the host specificity of bat flies and the structure of present bat population.



Génkifejeződést befolyásoló mutációk azonosítása emlődaganatokban

Pongor Lőrinc^{1,*}, Marino-Ramirez Leonardo², Györfly Balázs^{1,3},
Landsman David², Vera Alvarez Roberto²

¹2nd Department of Pediatrics, Semmelweis University, Budapest; ²Computational Biology Branch, National Center for Biotechnology Information, National Library of Medicine, National Institutes of Health, Bethesda, MD; ³Oncology Biomarker Research Group, RCNS HAS, Budapest; *pongorlorinc@gmail.com

Intron retenció során olyan intronikus régiók maradnak az érett mRNS-ben, melyeket a splice mechanizmus normális működés során eltávolítana. Ezen események előfordulhatnak olyan mutációk hatására, melyek befolyásolják a splice-gén fehérjék működését vagy amelyek módosítják a spliceoszóma működéséhez szükséges RNS motívumokat. Munkánk során 1,155 emlőtumoros beteg teljes RNS és exom szekvenálás adatát dolgoztuk fel, melyeket a „The Cancer Genome Atlas” adatbázison keresztül értünk el. Munkánk célja volt olyan mutációkat azonosítani, melyek befolyásolják az RNS érését, valamint megváltoztatják a gén kifejeződési szinteket ismert tumor génekben. A mutációk többsége a splice donor és akceptor helyeket érintette a TP53, GATA3 és MLL3 ismert tumorszupresszor génekben.

Analysis of mutations affecting intron retention in breast cancer

Intron retention events occur when intron regions which are transcribed and included in pre-mRNA but are not removed by the splicing machinery. These events can be caused by mutations in splicing machinery genes, as well as alterations that modify regions that are recognized by spliceosomes. In our study we analyzed exome and RNA sequencing (RNAseq) data from ~1,000 breast cancer patients obtained from the TCGA (The Cancer Genome Atlas). Our analysis focused on the identification of mutations that affect RNA splicing, examining their effect on transcribed RNA sequences, and the level of expression in known cancer genes. Many mutations affected both the splice donor and acceptor sites in known cancer genes such as TP53, GATA3 and MLL3. This could lead to aberrant mRNA and/or protein expression levels.



Egy hengeres fémfürkész első előfordulási adatai Kárpát-medencei rózsagubacsokból

Prázsmári Hunor*, László Zoltán

Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, Babeş-Bolyai Tudományegyetem, Kolozsvár;
*prazsmarihunor@gmail.com

A romániai cserjeterületek leggyakoribb fajai a kökény (*Prunus spinosa*), a galagonya (*Crataegus* sp.) és a vadrózsa (*Rosa* sp.). A cserjék esetében a herbivóriának egy érdekes és egyedi válfaja fordul elő: a gubacsokozás. Ennek különlegessége, hogy a herbivórok nem közvetlenül a növény részeit fogyasztják: a gubacsokozó élőlények (lehetnek rovarok, gombák, növények) „ráveszik” a gazdanövényt, hogy egy számukra ideális közeget hozzon létre. A *Diplolepis* sp. fajai szövetburjánzást idéznek elő a gazdanövény adott részein, levelein vagy hajtásain. Az ilyen módon keletkezett képletet nevezzük gubacsnak. A kikelt lárvák a gubacs falát fogyasztják, és itt is telelnek át. A vadrózsák Erdély legerjedtebb cserjéi közé tartoznak. A vadrózsák gubacsokozói közül öt faj tartozik a *Diplolepis* sp.-hez, három leveleken okoz gubacsokat (*D. spinosissimae*, *D. nervosa*, *D. eglanteriae*) kettő a cserjék hajtásain (*D. rosae* és *D. mayri*). A gubacsokozók mellett társbélőők, parazitoidok és hiperparazitoidok is részt vesznek a gubacsokozások alkotáspan. A gubacsokozások összetétele régóta kutatott, mégis „beköltözhetnek új szomszédok”. Az „új szomszédok” lehetnek teljesen új fajok a közösségben vagy a régen egységesnek tekintett fajokról (új morfológiai bélyegek és genetikai vizsgálatok során) kiderülhet, hogy valójában több különböző, nagyon hasonló fajjal van dolgunk. Az *Eurytoma caninae* hengeresfürkészt sikerült kinevelni mind a három vadrózsa levélgubacsokból. A *D. eglanteriae* estében az *Eurytoma caninae* „új szomszéd” és Románia faunájára új faj.

The first occurrence of *Eurytoma caninae* from the Carpathian Basin's rose galls

The three of the most common shrub species in Transylvania are blackthorn (*Prunus spinosa*), hawthorn (*Crataegus* sp.) and dog rose (*Rosa* sp.). All three species beyond their common herbivores have a few unique ones with an intriguingly special feeding mechanism. These species are the gall inducers: these herbivores do not consume the parts of the plants directly, they have the capability to “force” host plants’ cells to grow and form galls. *Diplolepis* sp. induces galls on leaves and shoots of *Rosa* sp. Inside galls there are deposited eggs of these herbivores, and later galls walls are used as food and as incubator during the winter. *Rosa* sp. is widespread in Transylvania and several species in this region. On these *Rosa* sp. shrubs are known five *Diplolepis* sp. galls: two which are induced usually on plant shoots (*D. rosae*, *D. mayri*) and three gall species which are induced on leaves (*D. spinosissimae*, *D. nervosa*, *D. eglanteriae*). Galls are the hosts of a small insect community. Beyond gall inducers inquiline species, parasitoids and hyperparasitoids form gall community of these galls. Composition of this gall community is considered known and stable but new species may occur. We collected leaf galls of *D. spinosissimae*, *D. nervosa* and *D. eglanteriae*, we identified the *Eurytoma caninae* in all three gall species. *Eurytoma caninae* is a new community member for the *D. eglanteriae* galls and is a new species for the fauna of Romania.



Az egyenletesség befolyásolása kísérleti gyepek közösségeiben bizonyítékkal szolgál a domináns fajok szerepére a közösség biomassza produkciójának meghatározásában

Sonkoly Judit^{1,2,*}, Kelemen András^{2,4}, Valkó Orsolya², Deák Balázs³, Kiss Réka², Tóth Katalin³, Miglécz Tamás², Tóthmérész Béla^{2,3}, Török Péter^{1,2}

¹MTA-DE Lendület Funkcionális és Restaurációs Ökológiai Kutatócsoport, Debrecen; ²Debreceni Egyetem, Ökológiai Tanszék, Debrecen; ³MTA-DE Biodiverzitás Kutatócsoport, Debrecen; ⁴MTA Prémium Posztdoktori Kutatói Program, MTA TKI, Budapest; *judit.sonkoly@gmail.com

Az ökoszisztéma-szolgáltatások szempontjából kulcsfontosságú a biodiverzitás megőrzése és fenntartása, így a napiainkban tapasztalható globális biodiverzitás-csökkenés a kutatók figyelmét e csökkenés ökológiai következményeire irányította. A növényi biomassza produkció a legmeghatározóbb ökoszisztéma-szolgáltatások egyike. Habár számos különböző vélemény létezik a háttérben lejátszódó folyamatokról, általában úgy tartják, hogy a nagyobb fajdiverzitással rendelkező növényközösségek nagyobb biomassza-produkcióra képesek. Az egyenletesség és a funkcionális diverzitás biomassza-produkcióra kifejtett hatásairól azonban sokkal kevesebb ismerettel rendelkezünk. Vizsgálataink során kísérleti gyepek közösségeket összetételét és egyenletességét befolyásoltuk különböző fű/kétszikű arányú magkeverékek vetésével, majd megvizsgáltuk a különböző kezelések által kialakított diverzitás- és egyenletességbeli különbségek hatását a gyepek közösségek biomassza-produkciójára. A fajgazdagság és a funkcionális gazdagság is pozitívan befolyásolta a biomassza-produkciót, a faj- és funkcionális egyenletesség viszont negatív hatást gyakorolt a biomassza-produkcióra. Az élő fűvek biomasszájának arányával nőtt a közösségek biomassza-produkciója és funkcionális divergenciája, a faj- és funkcionális gazdagság viszont csökkent az élő fűvek biomasszájának növekvő arányával. Eredményeink felhívják a figyelmet a nagy produktívitású, domináns fajok a biomassza-produkció meghatározásában betöltött szerepére, mivel az élő fűvek biomasszájának aránya pozitívan befolyásolta a biomassza-produkciót, míg a faj- és funkcionális egyenletesség negatív hatással volt rá. Vizsgálatunk tehát alátámasztja az ún. „tömegarány hipotézist” (mass ratio hypothesis), miszerint a fajok jelentőségét biomasszájuk aránya határozza meg, így egy közösség biomassza-produkcióját legnagyobb mértékben a domináns fajok faji identitása, ill. funkcionális jellegei befolyásolják.

Alteration of species evenness in experimental grasslands: Biomass production explained by the mass ratio hypothesis

The maintenance of biodiversity is crucial for ecosystem processes and services; thus, recent worldwide loss of biodiversity has driven the attention of researchers to its ecological consequences. One of the most crucial of these ecosystem processes is plant biomass production. Although views about the underlying processes differ, an increase in species number is generally considered to increase plant biomass production within a certain community. However, evidence on the effects of species evenness and functional diversity on biomass production is much less substantial. In this study, we manipulated the composition of an experimental grassland community by sowing seed mixtures with different grass:forb ratio and examined the effects of sowing different seed mixtures on the standing biomass (a measure of biomass production) of the communities. We found that species and functional richness positively affected biomass production, but species and functional evenness had a negative effect on it. Total standing biomass and functional divergence increased, but species number and functional richness decreased with increasing proportion of perennial grasses' biomass. Our findings emphasise the importance of highly productive dominant species as the proportion of perennial grasses had a positive effect on standing biomass, while species and functional evenness had a negative effect on it. Thus, our study provides evidence for the importance of dominance effects and the so-called mass ratio hypothesis, that primary biomass production is mainly determined by the traits of dominant species.



Hatékony immunválasz sokmagvú óriás vérsejtek segítségével *Drosophila* fajokban

Soós Bálint^{1,*}, Cinege Gyöngyi¹, Lerner Zita¹, Kurucz Éva¹, Andó István¹

¹MTA Szegei Biológiai Kutatóközpont, Genetikai Intézet, Immunológia Témacsoport, Szeged;
*soosbalint96@gmail.com

A rovarok sejt-közvetítette immunválasza jól összehangolt effektor funkciókból tevődik össze, mely magába foglalja a kisméretű testidegen anyagok fagocitózist és a nagyobb méretű betolakodók enkapszulációját. Ezekért a funkciókért különböző vérsejt alpopulációk felelősek. Egyes *Drosophila* génuszba tartozó fajokban a nagyméretű idegen anyagok körüli tokképzés sokmagvú óriás vérsejtek segítségével valósul meg, melyek főképpen a kis kerek fagocitáló plazmatociták fúziója során differenciálódnak. Ismeretes, hogy a humán betegségekben megfigyelhető specifikus krónikus gyulladással járó állapotok, a granulomák is tartalmaznak sokmagvú óriássejteket. Granulomák megjelennek több fertőző, autoimmun, idiopáthiás állapotokban, szerves és nem-szerves idegen anyagok körül, a legismertebbek ezek közül: tuberculosis, lepra, rheumatoid arthritis, sarcoidosis és silicosis. A gerinces granulomák sokmagvú óriássejtjei nehezen vizsgálhatóak. Kutatócsoportunkban *Drosophila* modellszervezeteken végünk vizsgálatokat e sejt típus kialakulásának és működésének jobb megismerése céljából. Kísérleteink során bizonyítottuk, hogy azok a *Drosophila* fajok, melyek sokmagvú óriás vérsejteket használnak a betolakodó parazitoid darázs peték/lárvák körüli tokképzéshez, sokkal hatékonyabban képesek védekezni, mint a *Drosophila melanogaster*, mely lamellocitákat használ a tokképzéshez. Munkánk során vérsejt típus-specifikus monoklonális ellenanyagokat állítottunk elő, melyek segítségével az adott vérsejtek eredetére és a különböző immunfolyamatokban betöltött szerepére derítettünk fényt. Továbbá a sokmagvú óriás vérsejtek működésének molekuláris alapjait vizsgáljuk. Eredményeink hasznos információkkal szolgálhatnak a sokmagvú óriás sejtek működésének és szerepének a jobb megértésére a magasabbrendű szervezetekben is.

A highly efficient immune response mounted by multinucleated giant hemocytes in *Drosophila* species

The cell mediated immune response of insects involves a coordinated expression of effector functions as the phagocytosis of microbes and the encapsulation of bigger invaders. These functions are generated by different blood cell types. Some species of the *Drosophila* genus are using multinucleated giant hemocytes (MGH) to encapsulate the parasitoid wasp eggs/larvae. The MGH mostly differentiate from the phagocytosing plasmatocytes. It is known that the granuloma, a specific type of chronic inflammation found in numerous human diseases, also contains multinucleated giant cells. Granulomas could be observed in several contagious, autoimmune, idiopathic conditions and in response to organic or non-organic foreign bodies, the most well-known ones being tuberculosis, leprosy, rheumatoid arthritis, sarcoidosis and silicosis. In vertebrates is difficult to study the multinucleated giant cells. We analyze the differentiation and function of the MGH in *Drosophila* model organisms. We observed that those *Drosophila* species, which use MGH to generate the capsule around the parasitoid wasp egg/larva, protect the organism more effectively against the parasitoid wasps, compared to the *Drosophila melanogaster*, which uses lamellocytes for encapsulation. We developed blood cell type specific monoclonal antibodies in different *Drosophila* species and use these immunological reagents to analyze the differentiation and function of the respective blood cell types. Moreover we study the function of the MGH at a molecular level. Our results might serve for a better understanding of giant cell function and role also in higher organisms.



Filogenomikai módszerek közelmúltbeli radiációk feltárásához

Sramkó Gábor*

MTA-DE „Lendület” Evolúciós Filogenomikai Kutatócsoport, Debrecen;

*sramko.gabor@science.unideb.hu

Napjainkban egyre elterjedtebbek a PCR-alapú „hagyományos” DNS-technikák, amelyek sokszor valóban nagyon adekvát választ adnak egyes biológiai kérdésekre. Ugyanakkor azt is tapasztalhattuk, hogy számos hagyományos DNS-technika nem tud megválaszolni olyan „izgalmas”, gyakran taxonómiai kérdéseket, amelyek az élőlények evolúciós közelmúltjában, vagy közelmúltbeli radiáció eredményeként keletkezett fajokhoz kapcsolódnak. Ezek azok az esetek, amikor a taxonómus „látja”, hogy mik a feltételezett faji határok, de a hagyományos molekuláris genetikai módszerek nem tudják ezeket felbontani. Ekkor a kutatók – tévesen – a fajok nem létezése mellett foglaltak állást, pedig csak olyan módszereket alkalmaztak, amelyek nem tudnak különbséget tenni a fajok között. Az ún. új generációs szekvenálási (NGS) módszerek megjelenése a kétezres évek első évtizedének második felére, végére tehető, és ezek hamarosan elterjedtek a molekuláris ökológiában is filogenomi módszerekként. Az előadásban a kutatócsoportunk által alkalmazott egyik ilyen filogenomikai módszert, a RAD-seq-et (Restriction-site Associated DNA Sequencing) mutatom részletesen be pár hazai növénycsoport példáján, ahol soha nem látott filogenetikai felbontást hozott ennek a módszernek a hazai implementálása. A vizsgálatainkba eddig teresztrisz orchideákat és sztyeppe növényfajokat vontunk be. A sztyeppei fajok tekintetében a bókoló zsálya, a gypjas ószírözsa és a volgamenti hérics RAD-seq alapú filogeográfiai vizsgálata készült el. Ezek mindegyike arra utal, hogy a fenti fajok a „sztyeppei országuőn” Ny-K-i irányban vándoroltak, és az área nyugati végén lévő populációk sokszor a „hátsó szélő” populációk jellegzetességeit mutatják. Ez felveti annak a lehetőségét, hogy újra kell gondoljuk a sztyeppe kolonizációját, és egy nyugatról keletre vándorlást valószínűsít.

Phylogenomic methods to understand recent radiations

Nowadays, we are witnessing the large-scale establishment of PCR-based, “conventional” DNA-techniques, which gave adequate answers to certain questions in molecular ecology. On the other hand, these traditional DNA-techniques cannot always provide answers in those “exciting” cases, usually in taxonomic questions, where the studied organisms have undergone a recent radiation or their isolation dates back only to an evolutionary recent time period. Such cases we all know when the taxonomist “can see” the species boundaries, but the traditional molecular genetic techniques cannot resolve these. In such cases, the researchers were sometimes misled by the lack of variation in the past and concluded – falsely – the conspecific nature of the taxa studied. But this lack of variation came from the lack of resolution of the molecular genetic method utilised, and in fact, it was the method which could not see the boundaries. With the advent of next-generation techniques (NGS) in the middle of the 2000’s, the era of molecular phylogenomics has arrived to ecological research. In my talk, I would like to introduce the audience to one very powerful such phylogenomic approach, RAD-seq (Restriction-site Associated DNA Sequencing) by presenting some results on certain Hungarian plant groups, where the implementation of this genomic approach brought never seen phylogenetic resolution. Our research group first studied terrestrial orchids and steppic species in Hungary. As for the steppic species, we have analysed the phylogeography of *Salvia nutans*, *Aster olajfolius*, and *Adonis vlgensis* so far. The results of these steppic species all hint at a west-east migration on the “great steppic highway”, and we can see a “rear edge” characteristics of the westernmost populations. This may rise the possibility of re-shaping what we suppose about the colonisation of the western part of the steppe zone as our data rather fit a west-to-east migration.



Mesterséges ivófészkek fejlesztése a Balatonban

Staszny Ádám^{1,*}, Sziráki Bence¹, Urbányi Béla¹, Szári Zsolt²,
Fodor Ferenc², Nagy Gábor², Tulipán Tibor², Németh Ferenc², Havranek Mihály², Ferincz Árpád¹

¹Szent István Egyetem, Halgazdálkodási Tanszék, Gödöllő; ²Balaton Halgazdálkodási Nonprofit Zrt.,
Siófok; *Staszny.Adam@mkk.szie.hu

A Balatonban élő halpopulációk egy részét jelenleg nem tekinthetjük önfenntartónak, miközben ezekre a fajokra komoly horgászati nyomás nehezedik. A horgászati szempontból legfontosabb fajok (mint a ponty *Cyprinus carpio* és a süllő *Sander lucioperca*) állományait mesterséges szaporításból és telepítésből tartja fenn a Balatoni Halgazdálkodási Nonprofit Zrt. Az természetes szaporulat csökkenésének legfőbb oka a természetes ivóhelyek hiánya. Ezen élőhelyek eltűnésének oka a 20. század közepéig végrehajtott vízrendezések, aminek következtében a vízszint lecsökkent és megszűnt a kapcsolat az ivásra alkalmas területek és a tó között. Projektünk fő célja a süllő számára alkalmas mesterséges ivási felületek kifejlesztése és tömeggyártása. Korábbi vizsgálatok azt mutatják, hogy a mesterséges fészkek sikeressége főként a szubsztrát komplexitásán múlik, míg anyaga csupán másodlagos fontosságú. Nyolc különböző típusú mesterséges fészket teszteltünk. A kihelyezett fészkek több, mint 70%-át használták a süllők ivásra. Nem találtunk szignifikáns különbséget a nyolc típus között foglaltságukat tekintve. Eredményeink alátámasztják a természetes ivási szubsztrátok alacsony elérhetőségét és alátámasztják, hogy a halak használják a mesterséges fészkeket, mint ivási felületet. A munkát a "GINOP 2.3.2 -15-2016-00004: A balatoni halállomány fenntartható, horgászati célú hasznosításának megalapozása" és az "EFOP-3.6.3-VEKOP-16-2017-00008" projektek támogatták. Ferincz Árpád és Staszny Ádám munkáját az MTA Bolyai János Posztdoktori Ösztöndíja támogatta.

Development of artificial spawning nests for pikeperch (*Sander lucioperca* L.) in a highly modified shallow lake (Lake Balaton, Hungary)

The recent fish populations of Lake Balaton considered to be not-self-sustaining, although only recreational angling is allowed in the lake. Stocks of the most important angling fishes (such as common carp, pikeperch), are maintained by artificially hatched and reared specimens by Balaton Fisheries Nonprofit Ltd. The main reason of the decreased reproductive success of native fish species is the lack of natural spawning grounds and substrates. Water regulation works conducted till the middle of the 20th century caused the loss of these important habitats. During these works the water level decreased and most of the nursery areas have been detached from the original lake. The aim of our project is to develop and establish artificial spawning substrates for pikeperch. Previous studies reported, that the success of artificial nests depends mostly on their architectural complexity, and the material has only a secondary role. Tests were conducted for eight types (altogether 72 nests in three sites) of artificial nests over a spawning season. More than 70% of the deployed nests were used by pikeperch for spawning. No significant differences were found between the eight trial nest types regarding their occupation. This result confirmed the very low availability of natural spawning substrates and supports that fish may use artificial substrates as spawning grounds. This project was supported by the "GINOP 2.3.2 -15-2016-00004: Establishing the sustainable angling-aimed management of Lake Balaton."; and the "EFOP-3.6.3-VEKOP-16-2017-00008" projects. Árpád Ferincz and Ádám Staszny was supported by the Bolyai János Postdoctoral Fellowship of the Hungarian Academy of Sciences.



A Nagydobronyi Vadvédelmi Rezervátum területéről származó tegzes (Trichoptera) fajok rajzási mintázatainak összehasonlítása

Szanyi Kálmán*, Szanyi Szabolcs

*Debreceni Egyetem, Evolúciós Állattani és Humánbiológiai Tanszék, Debrecen; *szanyikalman@gmail.com*

A tegzesek a vízi rovarok egyik fontos csoportja, melyek imágói - az akvatikus lárvális fejlődése után - szárazföldi életmódot folytatnak. Ebből adódóan a tegzesek életciklusának fontos részét képezik a rajzási periódusok, melyekben szezonális eltérés figyelhető meg. A tegzesfajok rajzása általában májustól október végéig zajlik, míg a nyári fajok tömeges rajzása általában június közepétől augusztus közepéig tart, de ezek a rajzásaktivitási mintázatok térben és időben változatos képet mutathatnak. Az imágók éjjel aktív életmódot folytatnak, és pozitív fototaxissal rendelkeznek, ezért tegzesfajok abundanciaviszonyainak és rajzási idejének megállapítására az egyik gyakran használt mintavételi eljárás a fénycsapdázás. Munkám során a Nagydobronyi Vadvédelmi Rezervátum területén két egymást követő évben fénycsapdával gyűjtött tegzes fajok tömeges rajzási idejében megfigyelhető rajzási mintázatait hasonlítottam össze. A mintavételeket 2015-ben, illetve 2016-ban júliustól novemberig tartó időszakban a rezervátum területén, a Latorca folyó közelében elhelyezett, Jermy típusú fénycsapdával végeztem. A két év között fajkészletbeli különbségek adódtak, illetve a tömegességi viszonyok is eltérőek, továbbá a rajzási mintázatokban is eltérések jelentkeztek. Egyik tegzes faj jelenlétét sem tudtuk kimutatni a mintavételi időszak teljes hosszában, több fajnak a rajzása lefutott szeptember végére, míg a Limnephilidae család fajainak éppen akkor indult meg a rajzásuk. A rajzási mintázatok általában csak egy csúcs volt megfigyelhető. Az eredményeink hozzájárulnak a Beregi-sík Kárpátaljához tartozó régiójának tegzes faunájának jobb megismeréséhez és segítenek feltárni a rajzás-mintázatok térbeli különbözőségeit. Szeretném megköszönni Boda Pálnak, hogy hasznos tanácsaival és útmutatásaival segítette a munkámat. Szanyi Szabolcs munkáját a Collegium Talentum 2017 program támogatta. A kutatás az Emberi Erőforrások Minisztériuma ÚNKP-17-2 kódszámú Új Nemzeti Kiválóság Programjának támogatásával készült.

Comparison of the swarming patterns of the caddisfly (Trichoptera) species from the area of the Wildlife Reserve of Nagydobrony

Caddisflies are an important group of aquatic insects, whose adults have terrestrial life stages after the development of their aquatic larvae. Therefore, the swarming periods are making an important part of their life cycle, in which seasonal differences can be observed. The adults are nocturnal and are attracted by light. Because of positive phototaxis, one of the most often used sampling method to investigate their abundances and swarming time is the light trapping. During my investigation I compared the observable swarming patterns of the caddisfly species which were collected with light trap in the area of the Wildlife Reserve of Nagydobrony in the years of 2015 and 2016. The sampling area was in the Reserve. The field sampling was carried out from the middle of July to early November in both years. I used a Jermy type light trap for the sampling which is placed near to the river Latorca. Between the two years there were differences in the species composition, in abundance and in the swarming patterns too. We could not detect the continuous presence of any species during the sampling period. The swarming period of most of the species ended by the end of September, while the swarming pattern of Limnephilidae started right then. Generally, only one peak can be observed in the swarming period for all species. Our results contribute to a better understanding of the fauna of the Transcarpathian region of the Bereg-plain and help us to reveal the spatial differences of the swarming patterns. I would like to thank you to Pál Boda for his useful advices and instructions. Szabolcs Szanyi was supported by the Collegium Talentum 2017. The research supported by the ÚNKP-17-2 New National Excellence Program of the Ministry Of Human Capacities.



Őseink nyomában az archeogenetika eszköztárával

Szeifert Bea^{1*}, Csáky Veronika², Pósa Annamária², Gerber Dániel^{1,2}

*¹Eötvös Loránd Tudományegyetem, Természettudományi Kar, Genetikai Tanszék, Budapest; ²Magyar Tudományos Akadémia, Bölcsészettudományi Kutatóközpont, Régészeti Intézet, Archeogenetikai Laboratórium, Budapest; *szeifert.bea@gmail.com*

A magyarok eredetéről és az Észak-Közép-Ázsiából Közép-Európába való migrációjukról számos különböző tudományos elmélet létezik. A magyar honfoglalók i.sz. 895-ben érkeztek a Kárpát-medencébe, vegyes etnikai összetételüket történelmi és régészeti források bizonyítják. A migráció kiindulási területe, iránya és kronológiája mindmáig nem tisztázott, a történészek, nyelvészek és régészek intenzív vizsgálatának tárgya. Kutatásaink során az archeogenetika módszereivel közelítjük meg ezen kérdéseket. A molekuláris populációgenetika egyik legfontosabb eszközét, az anyai leszármazási vonal azonosítására alkalmas mitokondriális DNS-t (mtDNS) vizsgáljuk, mely magas kópiaszáma miatt degradált szövetmintákból is hatékonyan kinyerhető. Kora középkori (6-10. század) populációkat elemzünk az Urál, a Kárpát-medence, ill. a feltételezett vándorlási útvonal jelentősebb állomásainak területéről. Jelenlegi vizsgálataink tárgya az ősi magyarság szempontjából egyik leginkább figyelemre méltó lelőhelyet - Bolsije Tigani - magába foglaló Volga-Káma régió. Munkánk az ásatag csontokból történő mintavételtől a teljes mitokondriális genom (mtGenom) szekvencia új-generációs szekvenálással való meghatározásáig és elemzéséig terjed. Az eredmények értelmezését nehezíti, hogy kevés a magyar őstörténet szempontjából releváns teljes mtGenom adat, a nemzetközi adatbázisokban található szekvenciák többsége csak a mtDNS hipervariábilis régióit tartalmazza. A modern és archaikus populációkból származó információkat a vizsgálataink során nyert teljes mtGenom adatokkal összevetve próbálunk közelebb jutni őseink vándorlásának feltérképezéséhez.

In steps of our ancestors with archaeological approaches

Different scientific theories exist about the origin of early Hungarians and their migration from North-Central Asia to Central Europe. The Hungarian conquerors arrived in the Carpathian Basin 895 AD, their mixed ethnic composition is proven by historical and archaeological sources. The exact origin, route and chronology of the migration is still unclear and intensively debated by historians, linguists and archaeologists. In our research, we are approaching these issues with archeogenetic methods. We analyse the mitochondrial DNA (mtDNA), which is one of the most important tools for molecular population genetics and the identification of maternal lineages. Also, it can be extracted efficiently from degraded tissues due to its high copy number. We investigate early medieval (6-10th century) populations from the Ural region, the Carpathian Basin and principal sites of the supposed migration route. Our current research focuses on the Volga-Kama region, which includes Bolsije Tigani, one of the most important quarries of the ancient Hungarians. Our work ranges from sampling from archaic bones to the determination and analysis of whole mitochondrial genome (mtGenome) by next generation sequencing. The interpretation of results is difficult because only a few complete mtGenomes exist in relevance to Hungarian prehistory, and databases mainly consist of mtDNA hypervariable data. We compare modern and ancient populations with our complete mtGenome sequences, thereby we aim to explore the migration of our ancestors.



A Közép-Dunai halfauna funkcionális diverzitása

Takács Péter^{1,*}, Bánó Bálint², Erős Tibor¹

¹MTA ÖK Balatoni Limnológiai Intézet (MTA ÖK BLI); ²Pannon Egyetem, Georgikon Kar, Keszthely;

*takacs.peter@okologia.mta.hu

Az egyes fajok viselkedése, külső anatómiai jegyei, stb. jól tükrözik élőlénytársulásukban betöltött szerepüket. Az egyes morfológiai, és anatómiai bélyegekből képzett funkcionális jegyek segítségével viszont már nem csak az egyes fajok társulásokban betöltött szerepe, hanem az adott élőlénytársulás komplexitása, illetve még az azt érő degradációs hatások foka is feltárható. Viszont ezekhez a vizsgálatokhoz egy a vizsgált fajok funkcionális jegyeit tartalmazó adatbázis szükséges. Jelen munkánkban bemutatjuk a Közép-Dunai vízrendszeren élő 73 halfaj morfometriai jegyeinek felhasználásával létrehozott, 15 funkcionális bélyeget tartalmazó adatbázisának felhasználási lehetőségeit, egyebek között például az inváziós fajok kiváltotta hatások jobb megértéséhez. Munkánkat a OTKA PD 115801 sz. pályázat támogatta.

Functional diversity of the Middle-Danubian fish fauna

The physical appearance and behaviour of each species reflects to its habitat preference, feeding habits, etc. Therefore by some appropriate life history and functional traits, we can describe the role of a certain species in the community, moreover the community complexity can be revealed appropriately also. The life history traits of the Middle-Danubian fish fauna has already been revealed, but there is no information published about the morphometry based functional traits of the species living in this area. Thus our primary aim is to explore functional diversity of the fish fauna of this area with special regard to the native and invasive fauna components. For this reason a database containing 15 functional traits describing the food acquisition and locomotion features of the analysed species was compiled. This database recently contains the functional trait data of 73 species can be found in the Middle-Danubian hydrosystem. By multivariate analyses of this dataset, the species' places in the functional trait space was defined, moreover the distribution of non-native species was revealed also. Our preliminary results show that the overall distribution of analysed 23 non-native species in the functional trait space show almost complete overlap with the native ones. Moreover several native-non-native species pairs with highly similar functional traits were revealed (e.g. *Rhodeus sericeus* and *Pseudorasbora parva*). These results can help to form reliable conservation plans. The database can provide the base for further investigations dealing with functional diversity. This work was supported by the "OTKA PD 115801" project.



A Vaccinia vírus genom és transzkriptom analízise hosszú-read szekvenálással

Torma Gábor*, Tombác Dóra, Prazsák István, Szűcs Attila, Boldogkői Zsolt

*Orvosi Biológiai Intézet, SZTE, Szeged; *philipmories@gmail.com*

A poxvírusok téglalakú, burkos vírusok, viszonylag nagyméretű, lineáris dupla-szálú DNS genommal rendelkeznek. E vírus örökítőanyaga - ellentétben a DNS vírusokkal - a fertőzött sejt citoplazmájában replikálódik, s nem a sejtmagban. A Vaccinia vírus (VV) orvostörténeti szempontból jelentős vírus: sikeresen használták a fekete himlő elleni vakcinázásra, melynek köszönhetően 1980-ra a kórokozót világszerte eradikálták. A VV genom körülbelül 190 kb, s nagyjából 220 fehérje kódoló génje van. Kutatásunkhoz a VV legvirulensebb törzset, a Western Reserve (WR) törzset használtuk. A cDNS szekvenáláshoz a jelenleg elérhető harmadik generációs (hosszú-read) szekvenátorokat használtuk: a Pacific Biosciences (PacBio) RSII és Sequel készülékeit, valamint a MinION-t az Oxford Nanopore Technologies-től. A WR törzset CV-1 sejtvonalon szaporítottuk. MRNS-t izoláltunk, majd cDNS-sé konvertáltuk. A PacBio Isoform Sequencing protokollját használtuk a PacBio szekvenálásokhoz, illetve a MinION szekvenáláshoz az ún. 1D cDNS protokollt. A megszekvenált törzs 194,888 bp-os, 33,3%-os G+C tartalommal. Ez a törzs 163 pont mutációban tér el a referencia genomtól. Emellett 18 inszerciót és négy deléciót detektáltunk. Eredményeink szerint a teljes vírus genomon komplex transzkripciósi aktivitás zajlik. Számos új transzkriptet és izoformát azonosítottunk, közte alternatív transzkripciósi start és stop helyeket. Olyan, úgynevezett bi- és policisztronos, valamint komplex transzkripteket azonosítottunk, melyek korábban ismeretlenek voltak a VV-nál. Ezek az RNS molekulák rendkívül hosszú transzkripciósi átfedéseket biztosítanak.

Transcriptomic and genomic analysis of Vaccinia virus by long read sequencing

Poxviruses are brick-shaped, enveloped viruses; they genome is relatively large, linear, double-stranded DNA. The poxviruses replicate their genome within the cytoplasm rather than in the nucleus of the infected cell. The Vaccinia virus (VV) is a historically significant virus; it has been successfully used as a vaccine for immunization against human smallpox, which had been eradicated in 1980 thanks to vaccination worldwide. The genome of the VV is approximately 190 kb in length and encodes for around 220 protein coding genes. The Western Reserve (WR) strain – which is the most virulent - was used for our research. The currently available third generation (long-read) sequencing platforms, the Pacific Biosciences (PacBio) RSII, Sequel and the MinION system from the Oxford Nanopore Technologies were used for cDNA sequencing. The WR strain was propagated on CV-1 cells. The mRNAs were isolated then converted to cDNA. The Isoform Sequencing protocol was used for the PacBio, and the 1D cDNA-seq for the MinION process. The complete genome sequence of this strain is composed of 194,888 bp, with an average G+C content of 33.3%. Our investigations revealed that the sequenced WR strain differs in 163 point mutations from the reference genome. Eighteen insertions and four deletions were also detected. Our results show a complex transcriptional activity across the entire viral genome. We have identified several novel transcripts and isoforms, including alternative transcriptional start/stop sites. No bi-, polycistronic, and complex transcripts have been described in VV before our study. These RNA molecules together represent very long transcriptional overlaps.



Atg9 gén szerepe az ecetmuslicák petefészkekben

Tóth Dávid^{1,*}, Kiss Viktória¹, Juhász Gábor^{1,2}

¹MTA Szegedi Biológiai Kutatóközpont, Genetika Intézet, Szeged; ²Anatómiai, Sejt- és Fejlődésbiológiai Tanszék, ELTE, Budapest; *dzsidzsi5@gmail.com

Az autofágia egy olyan intracelluláris degradációs mechanizmus, amely minden eukariota lényben előfordul. A folyamat sejt szintű válasz az éhezésre, a különféle stressz hatásokra, valamint fontos szerepet tölt be az egyedfejlődésben, sejt halálban, öregedésben, immunitásban és a rákos megbetegedésekben. Mi egy autofágia gén szerepét vizsgáltuk egy modellfaj, a muslica peték képződésében. Kísérleteinkben előbb mutáns lárvákból petefészkeket gyűjtöttünk, amelyeket aztán ép lárvákba ültettük: petefészkek kimerákat készítettünk. Azt vizsgáltuk, hogy miként „viselkednek” a mutáns petefészkek ép környezetben. Megállapítottuk, hogy a mutáns petefészkek ép környezetben is mutánsként „viselkednek”, jelezve, hogy az ép autofágia gén funkciójára szükség van petefészkekben. A funkcióképes autofágia gének bármelyikének hiányában a mutáns muslicáknak csak egyike-másika fejlődik imágóvá, és ők is jószíverrel sterilek. Vajon mi történik, ha a mutáns lárvák petefészket ép környezetbe helyezünk? Ha a mutáns petefészkek ép környezetben „meggyógyulnak” arra következtettünk, hogy (i) az ép autofágia gének nincsenek szerepe a petefészkek életében, vagy (ii) az ép környezet kipótolja a hiányzó génfunkciót. Mínt hogy a mutáció jellemzői az ép környezetben is kifejlődnek arra következtettünk, hogy az autofágia gének funkciójára a muslica petefészkekben is szükség van.

The role of the Atg9 in the *Drosophila melanogaster* ovary

Autophagy is an intracellular degradation process that takes place in eukaryotes. The process is a cellular response to starvation, stress effects, it is important during the development, cell death, aging, immunity, and cancer. We tested the role of one autophagy gene in *Drosophila* oogenesis. During our experiments, we collected larval ovaries from mutant larvae and then we transplanted them into host wild type larvae. We were interested in how the mutant ovaries behave in wild type environment. We showed that in autophagy competent environment the mutant ovaries showed mutant characteristics indicating that autophagy gene has an essential role in the *Drosophila* ovary. The lack of functional autophagy gene can cause developmental problems and sterility. What is happening if we transplant mutant larval ovaries into wild type environment? If the mutant ovaries can produce eggs and offspring in autophagy competent environment, we can conclude that (i) the Autophagy-related gene hasn't a role in the ovary or (ii) the healthy environment compensates the lacking gene function. The characteristics of the mutant cells developed in healthy environment suggested that the autophagy genes are necessary during *Drosophila* oogenesis.



Szarvasmarha legeltetés gyepértípus és legelés-intenzitásfüggő hatásai

Török Péter^{1,2,*}, Pénksza Károly³, Tóth Edina¹, Kelemen András⁴, Sonkoly Judit^{1,2}, Tóthmérész Béla^{2,5}

¹MTA-DE Lendület Funkcionális és Restaurációs Ökológiai Kutatócsoport, Debrecen; ²Debreceni Egyetem Ökológiai Tanszék, Debrecen; ³Szent István Egyetem Növénytan Tanszék, Gödöllő; ⁴MTA Posztdoktori Kutatói Program, MTA TKI, Budapest; ⁵MTA-DE Biodiverzitás Kutatócsoport, Debrecen; *molinia@gmail.com

A természetközeli állapotú, fajgazdag gyepterületek nagy részét alacsony intenzitású legeltetési rendszerekkel kezelik. Európa hegyvidéki régióiban az alulhasznosítás, a Mediterrán régióban vagy a síkvidéki gyepterületek többségén az intenzív hasznosítás vált meghatározóvá az utóbbi néhány évtizedben. A palearktikus sztyeppzónában a túllegeltetés az egyik fontos tényező, amely felelőssé tehető a gyepek biodiverzitásának csökkenéséért. A kedvezőtlen folyamatok megállításának érdekében végzett beavatkozások tervezése szempontjából kulcsfontosságú a biodiverzitás csökkenésének hátterében húzódó folyamatok megértése. Négy eltérő gyepértípusban (száraz rövidfűvű szikes gyep, löszgyep, nedves nem szikes- és nedves szikes gyep) vizsgáltuk a tradicionális szarvasmarha legeltetés gyepértípus- és intenzitásfüggő hatásait. Három hipotézist teszteltünk: (A) A legelési intenzitás hatása a faj- és funkcionális diverzitásra élőhely-függő. (B) A legelő állat szelektivitása csökken a legelési intenzitás növekedésével. (C) A növekvő legelési intenzitás növeli a gyepek egyenletességét. Eredményeink igazolták, hogy a legelési intenzitás hatása erősen gyepértípus-függő. A legelő állat szelektivitása csökkent a legelési intenzitás növekedésével, míg a legelési intenzitás egyenletességre gyakorolt hatása szintén erősen gyepértípus-függőnek bizonyult. Mindezek alapján hangsúlyozzuk, hogy a gyepkezelési tervek és döntések során kiemelt figyelmet kell szentelni a gyepértípusnak. Eredményeink szerint a löszgyepek a legelési intenzitás kismértékű növekedésére is erőteljesen csökkenő funkcionális diverzitással reagáltak, ami rámutat, hogy e gyepértípus kezelése igényli a legnagyobb körültekintést.

Grazing intensity and grassland type jointly shape grazing effects on grassland biodiversity

Low-intensity livestock grazing maintains high nature value grasslands with a remarkably high biodiversity worldwide. Grazing patterns are in dynamic transition: in mountainous regions of Europe the cessation of grazing is typical, but in the Mediterranean and in most lowland areas, overgrazing became typical. In the Palearctic steppe zone overgrazing became recently one of the most important drivers of declining grassland biodiversity. These trends underline the necessity of the functional evaluation of increased grazing pressure on crucial vegetation characteristics. We used a trait-based approach to analyse vegetation patterns in four types of grasslands (dry alkali short-grass steppes, dry loess steppes, non-alkali wet grasslands and alkali wet grasslands) along an intensity gradient of beef cattle grazing. We tested three hypotheses: A) 'Habitat-dependent effects of intensity' hypothesis: The effect of grazing intensity on species and functional diversity is habitat dependent. A) 'Intensity-dependent selectivity' hypothesis: The magnitude of diet selectivity of grazers is decreasing with increasing grazing intensity. C) 'Intensity-dependent evenness' hypothesis: Increasing grazing intensity increases evenness of the communities. Our results indicated that the effects of grazing intensity are strongly grassland dependent. This implies that overall management strategies and decisions cannot be recommended and actions should be fine-tuned at least at the level of grassland type. The species rich dry loess steppes were the most vulnerable even to the slightest increase of grazing intensity. We stress that the conservation of these types of grasslands need the most careful implementation and planning.



Csípőszúnyogok (Diptera, Culicidae) tenyészhelyek azonosítása és lárva-együtteseinek minőségi és mennyiségi felmérése Kolozsvár és környékének vizes élőhelyein, Románia

Ujvárosi Beáta-Lujza^{1,*}, Nemes Izabella-Mónika², Dénes Anna²,
Keresztes Lujza², Szabó László József, Török Edina^{2,3}

¹Debreceni Egyetem, Természettudományi és Technológiai Kar, Hidrobiológia Tanszék, Debrecen; ²Babeş-Bolyai Tudományegyetem, Biológia és Geológia Kar, Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, Kolozsvár;

³Román Akadémia, Biológia Intézet, Bukarest; *ujvarosibeata@gmail.com

A csípőszúnyogok (Diptera, Culicidae) által terjesztett betegségek globalizálódása előtérbe helyezte a fajok tenyészhelyeinek folyamatos monitorizálását. A hazai fajok többsége fontos komponensei a természetes vízi ökoszisztémák táplálkozási hálózatának, és csak néhány fajuk vesz részt komolyabb patogének terjesztésében (pl. nyugat nilusi vírus). A városok és környékének mesterséges vizei azonban számos invazív faj megtelepedését, és ezáltal súlyos betegségek potenciális megjelenését segíthetik. Kutatásunk során Kolozsvár és környékének csípőszúnyog lárva-együtteseinek minőségi és mennyiségi változásait vizsgáltuk 2017-ben, márciustól októberig, természetes és mesterséges vizek esetében. A lárvák tenyészhelyeit tipologizáltuk, és az élőhely fontosabb paramétereit rögzítettük (mélység, kerület, hőmérséklet, vezetőképesség, sótartalom, árnyékoltság). Összesen 1003 lárvát gyűjtöttünk 36 különböző tenyészhelyről, ahonnan 17 fajt azonosítottunk. Ez a hazai fajok 28,3%-a. A Bükk-i erdő időszakos tócsái bizonyultak a legdiverzebbeknek lárva-együtteseik alapján (Simpson=0,7, Shannon=1,6). A legváltozatosabb lárva-együtteseket május és június hónapokban azonosítottuk (Simpson=0,8, Shannon=1,8). Kimutattuk, hogy a lárva-együttesek mennyiségi és minőségi változásait leginkább az illető víztest árnyékoltságának foka határozza meg és nem találtunk szignifikáns összefüggést a víz kémiai paramétereit és a lárva-együttesek minőségi és mennyiségi változásai között. A csípőszúnyog lárva-együttesek tér és időbeli változásainak és a lárvák ökológiai igényeinek (élőhely, környezeti preferencia) tisztázásával egy környezet-tudatosabb szúnyogirtás megalapozásához járulhatunk hozzá.

Identifying breeding sites of mosquitoes (Culicidae, Diptera) and their qualitative and quantitative larvae composition from aquatic ecosystems in the area of Cluj, Romania

Mosquito species (Diptera, Culicidae) of our autochthonous fauna are important components of the aquatic ecosystems from here. Only a few species are involved in spreading more serious pathogens (e.g. West Nile Virus). Artificial waters in cities, however, may help to establish invasive species and thereby appearance of potential pathogens. Mosquito larvae community from Cluj-Napoca and surroundings were investigated by us in 2017, from March to October, in the case of both natural and artificial waters. The larvae breeding sites were typified and the parameters of the habitat were recorded (water depth, water body perimeter, temperature, conductivity, salt content, shading). A total of 1003 larvae were collected from 36 different breeding sites, from which 17 species were identified. This number represents 28.3% of the Romanian Culicidae fauna. Periodic ponds of the Bükk has the most divers larvae communities (Simpson=0,7, Shannon=1,6). The most divers larvae community were identified also in May and June (Simpson=0,8, Shannon=1,8). We have shown that the quantitative and qualitative changes in the larvae composition are mostly affected by the degree of shading of the respective water body and there is no significant correlation between the chemical parameters of the water and the quality and quantity changes on the larvae community. Our results on the spatial and temporal changes on the larvae communities, as well as on the ecological requirements of the larvae (habitat types, environmental preference) can further contribute to develop a more environmental-friendly mosquito control.



Az ubikvitin függő szelektív autofágia vizsgálata p62/Ref(2)P LIR mutáns *Drosophila* modellen

Ürmösi Adél^{1,*}, Bhattacharjee Arindam¹, Jipa András¹, Juhász Gábor^{1,2}

¹Szegedi Biológiai Kutatóközpont, Szeged; ²Eötvös Loránd Tudományegyetem, Anatómiai, Sejt- és Fejlődésbiológiai Tanszék, Budapest; *urmosiadel@gmail.com

Az autofágia (sejtes önméztés) során a sejt saját anyagait lizoszómák segítségével lebontja, és a felszabadult anyagokat újrahasonosítja. A p62/Ref(2)P egy szelektív autofágia receptor, melynek közvetítésével az ubikvitinált fehérjék és organellumok autofágia útján degradálódnak. A lebomlás során a p62/Ref(2)P az ubikvitin felismerő UBA (ubiquitin-interacting domain) doménjén keresztül kapcsolódik a degradálandó fehérjék poliubikvitin láncához, és a LIR (LC3-interacting region) motívum segítségével pedig az Atg8/LC3 autofág struktúrákhoz rögzült formájára horgonyzódik. Az Atg8/LC3 a formálódó autofagoszóma membránjában helyezkedik el, ezáltal lehetővé válik a lebontandó fehérje autofagoszóma kerületébe. Az autofagoszóma és a lizoszóma fúziójával az utóbbiban található hidrolitikus enzimek elvégzik a lebontást. A p62/Ref(2)P szerepének vizsgálatához CRISPR/Cas9 *in vivo* mutagenézissel létrehoztunk egy kettős aminosav cserét hordozó vonalat, amelyben a LIR motívum kulcsfontosságú triptofánját és izoleucinját alaninokra cseréltünk. A CRISPR/Cas9 egy szekvenca specifikus endonukleáz rendszer, amely a prokarióták adaptív immunrendszerét képezi. A rendszernek két fontos része van: a Cas9 endonukleáz és a célgen specifikus guide-RNS. A Cas9 endonukleáz a DNS gRNS által kijelölt helyén egy kettős szálú vágást ejt. Ezzel a módszerrel LIR domén mutáns vonalakat azonosítottunk, amelyeknél PCR technikával ellenőriztük a mutációk meglétét, és western blot technikával kimutattuk a p62/Ref(2)P lebontásának hiányát. A LIR mutációt hordozó törzs homozigóta állapotban életképes és fertilis, azonban p62/Ref(2)P felhalmozódás figyelhető meg különféle szövetekben. Ezenkívül megfigyelhető az adult állatok izom sejtjeiben (IFM) mitokondriális DNS (mtDNS) felhalmozódás, amely a szelektív mitokondrium autofágia (mitofágia) hibájára utal ezekben a mutánsokban.

Investigating the role of p62/Ref(2)P LIR mutation in ubiquitin-dependent selective autophagy in *Drosophila melanogaster* model

During autophagy (self-degradative process), several components of cells are degraded by autolysosomes. It provides sources of energy during development or under stress. A selective autophagy receptor, p62/Ref(2)P can mediate degradation of ubiquitinated proteins and organelles through the autophagic process. p62/Ref(2)P possesses a C-terminal ubiquitin-binding domain (UBA) and a short LIR (LC3-interacting region) sequence responsible for LC3/Atg8a interaction. LC3/Atg8a is a general component of the autophagic structures. After sequestration of the ubiquitinated proteins and p62/Ref(2)P, autophagosomes then fuse with acidic lysosomes and their cargo is degraded in the resulting autolysosomes by hydrolytic enzymes. To investigate the role of p62/Ref(2)P, we carried out a double amino acid replacement assay using CRISPR/Cas9 system, where the key Tryptophan and Isoleucine of LIR motif of p62/Ref(2)P were exchanged to Alanins. The CRISPR/Cas9 is a sequence specific endonuclease system which is a part of the adaptive immune system of prokaryotes. It has two basic components: the Cas9 endonuclease and two guide-RNAs being specific for the target gene/sequence. The Cas9 cuts the double-stranded DNA at the site assigned by the gRNAs. Using this method, we generated *Drosophila* lines carrying LIR mutation. We verified the presence of the above mentioned double amino acid replacements using PCR technique and the failure of p62/Ref(2)P degradation using western blot analysis. Flies, homozygous for LIR mutation are viable and fertile, but p62/Ref(2)P accumulation can be observed in various tissues. Moreover, we observed mitochondrial DNA accumulation in indirect flight muscle cells suggesting a malfunction of selective mitochondrial autophagy (mitophagy) in these mutants.



Széncinegék emberrel és karvallyal szembeni viselkedése városban és erdőben: általános vagy veszély-specifikus kockázatvállalási viselkedés?

Vincze Ernő^{1,*}, Bókony Veronika², Pipoly Ivett³, Seress Gábor³, Preiszner Bálint⁴, Papp Sándor⁵, Németh Brigitta⁶, Liker András^{1,3}

¹MTA-PE Evolúciós Ökológiai Kutatócsoport, Pannon Egyetem, Veszprém; ²Lendület Evolúciós Ökológiai Kutatócsoport, MTA ATK Növényvédelmi Intézet, Budapest; ³Limnológia Intézeti Tanszék, Pannon Egyetem, Veszprém; ⁴MTA ÖK Balatoni Limnológiai Kutatóintézet, Tihany; ⁵Balaton-felvidéki Nemzeti Park Igazgatóság, Csopak; ⁶ELTE TTK Környezettudományi Centrum, Budapest; *erno.vincze@gmail.com

Városi környezetben, a nagymértékű emberi zavaráshoz való alkalmazkodásként, az állatok gyakran kevésbé féltékeny viselkednek az emberrel szemben, mint természetesebb élőhelyeken élő fajtársaik. Habár az emberrel szembeni viselkedést gyakran tartják egyfajta ragadozóellenes viselkedésnek, keveset tudunk arról, hogy a városi állatok hogyan viselkednek más ragadozókkal szemben. Egyfelől az emberrel és más ragadozókkal szembeni viselkedések lehetnek egy „általános ragadozóellenes válasz” (viselkedési szindróma) különböző megnyilvánulásai, így korrelációt várnánk közöttük. Másfelől, mivel a különböző típusú ragadozók különböző mértékű veszélyt jelentenek, az állatoknak előnyös lehet eltérő, veszély-specifikus válaszokat adni rájuk. Emellett, mivel az egyes emberek is jelenthetnek különböző mértékű veszélyt, köztük is előnyös lehet különbséget tenni. Vizsgálatunkban városi és erdei élőhelyeken fészkelő széncinegék (*Parus major*) emberekre és természetes ragadozójukra, a karvalyra (*Accipiter nisus*) adott viselkedési válaszáat (zavarást követő visszatérési latenciáját és az odulátogatások számát) hasonlítottuk össze. Az egyik tesztben egy ismeretlen és egy ismerős, potenciálisan veszélyes ember tartózkodott 10-10 percig a fészekodú alatt, a másikban egy kitömött karvalyt, illetve kontrollként balkáni gerlét (*Streptopelia decaocto*) helyeztünk ugyanoda. Azt találtuk, hogy a városi cinegék kockázatvállalóbban viselkedtek mind az emberekkel, mind a karvallyal szemben, ám a két viselkedési válasz mégsem mutatott egymással korrelációt az egyedek szintjén semelyik élőhelyen. Az ismerős és ismeretlen emberrel szembeni viselkedés nem különbözött szignifikánsan egymástól semelyik élőhelyen. Az emberekre és a karvalyra adott válaszok közti korreláció hiánya ragadozó-specifikus viselkedési válaszokra utal; a városi cinegék nagyobb karvallyal szembeni kockázatvállalása feltehetőleg nem az emberi zavaráshoz való alkalmazkodásként lecsökkent általános ragadozóellenes válasz része, hanem vagy csökkent predációs kockázat, vagy más környezeti tényezők következménye.

Behavioural responses to human and sparrowhawk by great tits in urban and forest habitats: general or threat-specific risk-taking behaviour?

Urbanized animals often respond to human disturbance by behaving less fearfully towards humans than their non-urban conspecifics. Although behaviour towards humans is often considered as anti-predator behaviour, little is known about how urban animals behave towards non-human predators. Responses to humans and other predators may be part of a “general anti-predator response” (behavioural syndrome), thus likely correlate with each other. However, different types of predators mean different levels of threat, thus distinct, threat-specific responses to them may also be advantageous. Furthermore, individual humans may also be differently threatening, therefore distinguishing between them may also be beneficial. In our study, we compared responses (return latencies and nest visit rates) of urban and forest great tits (*Parus major*) to humans and to a natural predator, the sparrowhawk (*Accipiter nisus*). In one test, an unfamiliar and a familiar, potentially dangerous person stayed near the birds’ nest for 10 minutes each, whereas in another test, a mounted sparrowhawk and, as control, a collared dove (*Streptopelia decaocto*) was placed near the nest. We found higher risk-taking responses towards both sparrowhawk and humans in urban than in forest birds, but the two responses did not correlate within any habitat. Responses towards familiar and unfamiliar humans did not differ significantly in any habitat either. Lack of correlation between responses to humans and sparrowhawk indicates threat-specific behaviour: higher risk taking of urban great tits towards sparrowhawk is likely not due to reduced general anti-predator response, but rather lower predation risk or other environmental factors.



POSZTEREK

NYÁRÁDY ERAZMUS GYULA Tehetséggondozó Program középiskolás diákjai





Öreg fák felmérése fiatalok segítségével Tordán

Baciu Noémi*

*Jósika Miklós Elméleti Líceum, Torda; *baciunoemi122@gmail.com*

Az öreg fák számos esztétikai, kulturális és ökológiai értékkel rendelkeznek. A jelen kutatás célja Torda öreg fáinak a leltározása. Jelenleg 35 öreg fát azonosítottunk a helyi cserkészcsapat segítségével. A kutatást folytatjuk, fő célunk a legöregebb fák helyi szintű védettségének az elérése.

A kutatás az Apáthy István Egyesület Nyárády Erazmus Gyula tehetséggondozó program keretében készült. Egyetemi mentor: dr. Hartel Tibor docens. Középiskolai mentor: Vremir Magdolna.





Talajminőség vizsgálat Marosvásárhelyen és környékén

Benedek Bianka*

*Bolyai Farkas Elméleti Líceum, Marosvásárhely; *benedek.bianka@yahoo.com*

Kutatásunk célkitűzése a talajminőség vizsgálata Marosvásárhelyen és környékén. A talajmintákat hat pontból gyűjtöttük be: Marosvásárhely (kombinát és Somostető), Ákosfalva, Somosd, Lukafalva és Tereme. A talajminták fizikai-kémiai paramétereinek meghatározása érdekében ezeket laboratóriumban multiparaméteres méréseknek vetettük alá. A talajnak a növényekre gyakorolt hatását is kutattuk, így a talajmintákba salátamagot (10 mag/minta) ültettünk és követtük ezek fejlődését (levelek száma, palánta magassága) 2018. február 20. és március 23. között. A hat minta közül a somosdi mintában fejlődtek a legjobban a palánták (megmaradt mind a 10 palánta, levelek összáma 30, növények átlagmagassága 7 cm), az ákosfalvi mintában pedig elpusztult az összes növény. Továbbá ionkromatográfós méréseket is szeretnénk végezni a talajmintákon, hogy átláthatóbb képet kapjunk a talajminták minőségéről.

A kutatás az Apáthy István Egyesület Nyárády Erazmus Gyula tehetséggondozó program keretében készült. Egyetemi mentor: dr. Réti Kinga adjunktus. Középiskolai mentor: József Éva.



Illóolajok a csodabacilus ellen

Gergely Kinga^{1*}, Zalányi Eszter Boróka²

¹Jósika Miklós Elméleti Líceum, Torda; ²Bolyai Farkas Elméleti Líceum, Marosvásárhely;

*kingagergely@yahoo.com

Tanulmányunk során megfigyeltük bizonyos illóolajok és illóolaj kombinációk antibakteriális hatását a *Serratia marcescens* (csodabacilus) kifejlődésére és quorumsensing (QS) mechanizmusára. Vizsgálataink kiterjedtek a mikroorganizmus biofilmképző képességére is az illóolajok és kombinációik jelenlétében. Az illóolajok és illóolaj kombinációk fejlődés- és a QS rendszerekre kifejtett hatását korongdiffúziós módszer segítségével értékeltük, míg a QS által szabályozott biofilmképzés folyamatára gyakorolt hatást kristályibolya festéssel határoztuk meg. Eredményeink szerint a különféle vizsgált illóolajok és kombinációik más-más módon befolyásolják a *S. marcescens* fejlődését és biofilmképzését. Az oregánó, a kakukkfű és a fahéj illóolaja váltotta ki a legnagyobb antibakteriális és anti-QS hatást. A biofilmképzés esetén az oregánónak és a fahéjnak volt a legerősebb gátló hatása. Az illóolaj kombinációk közül a fahéj-eukaliptusz kombináció fejtette ki a legmagasabb fejlődés és QS gátló hatást, ugyanakkor a biofilm képző képességet is jelentősen csökkentette. Az oregánó-eukaliptusz, oregánó-fahéj, kakukkfű-szegfűszeg és eukaliptusz-szegfűszeg kombinációk szintén erős negatív hatást fejtettek ki a *S. marcescens* fejlődésére és QS által szabályozott biofilmképzésére.

A kutatás az Apáthy István Egyesület Nyárady Erazmus Gyula tehetséggondozó program keretében készült. Egyetemi mentor: dr. Papp Judit adjunktus. Középkolai mentorok: Vremir Magdolna, József Éva.

Essential oils against *Serratia marcescens*

In this study the antimicrobial potential of some essential oils (EOs) and their combinations against the development and quorum sensing (QS) mechanisms of the opportunistic bacterium *Serratia marcescens* was determined. The ability of biofilm formation in the presence of oils or oil combinations was also investigated. The growth and QS inhibitory potential was evaluated by paper disc diffusion assay. The effect of EOs and combinations on QS-regulated biofilm formation was measured by the crystal violet staining method. Results of our study indicated that the investigated EOs and their different combinations influenced in varying degrees the development and the biofilm forming ability of *S. marcescens*. Oregano, thyme and cinnamon oils showed the most pronounced antibacterial effect and had the strongest anti-QS potential. In the case of biofilm reduction capacity best results was achieved with oregano and cinnamon EOs. From the EO combinations the cinnamon and eucalyptus combination proved to be the most efficient growth and QS inhibitor and had the best anti-biofilm forming effect. Oregano-eucalyptus, oregano-cinnamon, thyme-clove and eucalyptus-clove combinations had also a strong negative influence on QS-based biofilm forming ability of *S. marcescens*.

The study was carried out in the frame of the Nyárady Erazmus Gyula Programme of the Apáthy István Association. University tutor: Judit Papp, PhD, lecturer. Highschool tutors: Magdolna Vremir, Éva József.



Fluocinolon-acetonid N kenőcs mellékhatása májban és vesében

Gerő Heléna Adrien*

*Horváth János Elméleti Líceum, Margitta; *G.Elena@gmail.hu*

A Fluocinolon-acetonid N kenőcs dermatológiában gyakran alkalmazott szintetikus glükokortikoid. Zsíroldékonysága miatt könnyen felszívódik és hosszan tartó kezelések során felhalmozódhat a szervezetben, felborítva a szervezet hormonháztartását. Számos kísérleti eredmény bizonyítja, hogy a glükokortikoid többlet felborítja a hipotalamo-hipofizeális-mellékvese tengely normális működését, ami különböző endokrin és metabolikus mellékhatások kialakulásához vezethet, mint magas vércukorszint, inzulinszint csökkenése, mellékvese és csecsemőmirigy atrófia. Kutatásunk fő célkitűzése az volt, hogy megvizsgáljuk, azt hogy a rövidtávú glükokortikoidos kezelés hatással van-e a máj és a vese szerkezetére, működésére. E célból 60 napos Wistar patkányokat kezeltünk Fluocinolon-acetonid N kenőccsel. A kezelést követően máj és vese szövetmintákat vizsgáltunk. A májszövet minimális elfajulást mutat, a lebenyezettség jól látható, viszont helyenként lipidózis és hiperemia figyelhető meg. A veseszövet lényeges eltérést mutat a Fluocinolonnal kezelt állatokban, nefritisz jellegű disztrófia látható. A vesetestecskék száma jelentősen lecsökkent, a vesecsatornácskák falában helyenként nekrozis figyelhető meg. Akárcsak a májban, a veseszövetben is hiperemia alakul ki, ami a glükokortikoidok érszűkítő hatásával hozható összefüggésbe. Kísérleti eredményeink alapján levonható az a következtetés, hogy a Fluocinolon-acetonid N kenőcs alkalmazása során kialakuló glükokortikoid többletnek szövetkárosító hatása jelentős.

A kutatás az Apáthy István Egyesület Nyárády Erazmus Gyula tehetséggondozó program keretében készült. Egyetemi mentor: dr. Kis Erika adjunktus. Középkolai mentor: Balla Sándor.



Eltér-e egymástól a különböző hangyafajok felszíni gombaflórája?

Pálosi Réka^{1,*} János Patrik²

¹Bolyai Farkas Elméleti Líceum, Marosvásárhely, ²Simion Bărnuțiu Nemzeti Kollégium, Szilágysomlyó;
*rekapalosi@gmail.com

A gombák minden élettérben megtalálhatók. A talajban, a tengerekben, az édesvizekben, az élő és az elhalt szervezetekben, sőt még a levegőben is előfordulnak. Gyors növekedésük és lebontóképességük révén óriási a jelentőségük az élővilágban. Ahogy mindenfelé megtalálhatók a gombák, így a hangyák testfelszínén is, habár erről, egyelőre, keveset tudunk. Kutatásunk célja az volt, hogy megvizsgáljuk a különböző hangyafajok testfelszínén található gombaflórát, valamint, hogy kiderítsük, ez a gombaflóra eltér-e a különböző hangyafajok esetében. Vizsgálataink három hangyafajra terjedtek ki: a *Formica pratensis* (réti vöröshangya), a *Myrmica scabrinodis* és a *Lasius niger* (fekete fahangya) gombaflóráját vizsgáltuk. A hangyákat a gombák fejlődésének kedvező táptalajba oltottuk be, majd a kifejlett gombákból mintát vettünk és mikroszkóp segítségével beazonosítottuk a fajokat. Vizsgálatunk eredményeként kiderült, hogy a különböző hangyafajok gombaflórája eltérő, de az azonos fajhoz tartozó egyedek esetében is tapasztaltunk eltéréseket.

A kutatás az Apáthy István Egyesület Nyárády Erazmus Gyula tehetséggondozó program keretében készült. Egyetemi mentorok: Szabó Ágota, dr. Markó Bálint docens. Középiskolai mentorok: József Éva, Kovács Zoltán.



A szagok varázsa a hangyák életében

Kelemen Atilla Botond^{1,*}, Lukács Andrea²

¹Bolyai Farkas Elméleti Líceum, Marosvásárhely; ²Jósika Miklós Elméleti Líceum, Torda;

*kelemenab@freemail.hu

Számunkra a vizuális jelek nagyon fontosak az egyedfelismerésben, illetve a különböző tárgyak felismerésében. A rovaroknál, s ezen belül a hangyáknál a vizuális jelek mellé felzárkóznak a szagok is. Kutatásunk célja az volt, hogy meghatározzuk, hogy vajon mennyire fontosak a szagok *Myrmica scabrinodis* hangyafaj esetében a kolóniatárs vagy a táplálék felismerésében. A vizsgálat keretében első lépésben egy adott kolóniából hangyákat vettünk ki is megfigyeltük, hogyan reagálnak saját fészektárs és egy idegen fajtárs tetemére, illetve egy táplálékként szolgáló magra, feljegyezve egy megadott idő alatt megfigyelt viselkedéstípusokat és azok számát. A következő lépésben ugyanezt vizsgáltuk, de előtte hexánnal lemostuk a szagokat a tetemekről és a magokról, majd az utolsó lépésben a lemosott szagokat felvittük előzetesen hexánnal lemosott tetemekre. Minden megfigyeléstípus háromszor végeztünk el. Az eredmények azt mutatják, hogy a *Myrmica scabrinodis* valóban különbséget tesz a fészektárs, az idegen és a táplálékkul szolgáló magok között, ugyanakkor az esetek többségében csak semlegesén reagál a szagmentesített alanyokra, ami arra utal, hogy a szag fontos információhordozó. Ezt erősíti meg az a tény, hogy a hangyák reakciói nagyon hasonlóak voltak az első és a harmadik lépésben, amikor átvittük a szaganyagot. Ebben az esetben például a magok szagával beoltott tetemre is magként reagáltak. A következtetésünk tehát az, hogy a hangyák egyedfelismerésében a szagok nagyon fontos szerepet játszanak, annyira fontosat, hogy a látást majdnem teljesen jelentéktelenné teszik.

A kutatás az Apáthy István Egyesület Nyárady Erazmus Gyula tehetséggondozó programja keretében készült. Egyetemi mentorok: Szennyes Márta, Farkas Boglárka, dr. Markó Bálint docens. Középiskolai mentorok: József Éva, Vremir Magdolna.



A csábítás diszkrét bája: szárny-interferencia mintázatok (SZIM) vizsgálata kétszárnyúaknál (Insecta, Diptera)

Nagy Erzsébet^{1,*}, Posta Csanád²

¹Bolyai Farkas Elméleti Líceum, Marosvásárhely; ²Tamási Áron Elméleti Líceum, Székelyudvarhely;
*nagyerzsebet2001@gmail.com

A szárny interferencia minták (SZIM) kistermetű hártýásszárnyúak (Hymenoptera) és kétszárnyúak (Diptera) szárnyának háttér-megvilágítás függő, sötét háttér ellenében látható stabil és feltűnő szín-mintázata. A SZIM nagy eltérést mutat különböző taxonok esetében, sőt különböző nemeknél is igen eltérő lehet, ami azt mutatja, hogy a SZIM biológiai jelentősége elsősorban vizuális szignál és része az illető rovarok szaporodási rendszerének. A taxonfüggő jellegzetes mintázat függ a szárnyak vastagságától, felületének egyenetlenségeitől, pigmentátságától, szőrözöttségétől, erezettségétől, melyet a szárny felületének mikrostrukturái stabilizálnak, és átfogóbban ecetmuslicáknál (*Drosophila*) tanulmányoztak. Jelen tanulmányunkban különböző Diptera csoportok SZIM-jét hasonlítottuk össze. A szárnyakról készült fényképeket Cannon 500D kamerával készítettük, melyet egy Olympus SZX16 nagyítóra illesztettünk. A képeket Zerene Stacker programmal illesztettük és Adobe Photoshop CS3-al dolgoztuk fel. Eredményeink azt mutatják, hogy a SZIM alkalmas a különböző kétszárnyú taxonok elkülönítésére. Az általunk vizsgált csoportok kifejtettjei leginkább az árnyékolt helyeket keresik, ahol a SZIM érvényesülhet. Ellenben a nappal aktív és nagyobb termetű böglyök (Tabanidae) esetében hasonló SZIM nem mutatható ki a szárnyakon.

A kutatás az Apáthy István Egyesület Nyárády Erazmus Gyula tehetséggondozó program keretében készült. Egyetemi mentorok: dr. Keresztes Lujza docens, Török Edina. Középiszkolai mentorok: József Éva, Simó Réka Katinka.

The discreet charm of seduction: a comparative study on wing interference patterns (WIPs) in dipterans (Insecta, Diptera)

Wing interference patterns (WIPs), the striking and stable structural features on the transparent wings of small Hymenoptera and Diptera against various backgrounds with different light properties are highly different between taxonomic groups or even between different sexes, suggesting that the biological significance of WIPs are involved basically in visual signalling and mating systems. Taxon-specific colour pattern are formed by uneven membrane thickness, pigmentation, venation and hair placement, and stabilized by microstructures of the wing, as it was suggested by various groups of Diptera, ex. *Drosophila*. In the present study we compare WIPs of different dipteran taxa. Photographs were taken with a Cannon 500D camera mounted on an Olympus SZX16 stereomicroscope. The images processing software used were Zerene Stacker and Adobe Photoshop CS3. Our result suggest that WIPs are useful to discriminate between major taxonomic group of Dipterans investigate by us, however in the case of the daily active and big-sized Tabanidae wings display no such WIPs pattern, only in the case of small-sized dipterans from shaded environments.

The study was carried out in the frame of the Nyárády Erazmus Gyula Programme of the Apáthy István Association. University tutors: Assoc. Prof. Lujza Keresztes, PhD, Edina Török. Highschool tutors: Éva József, Réka Katinka Simó.



Öreg fák feltérképezése városi környezetben: előtanulmány Margittáról

Szabó Barta Péter*

*Horváth János Elméleti Líceum, Margitta; *szabo.peter19@yahoo.com*

A zöldsévek kiemelkedően fontosak a városi környezet fenntarthatóságában. Az öreg fák magas természeti értékkel bírnak, mert számos élőlény számára élőhelyet biztosítanak. A kutatásom célja Margitta öreg fáinak a feltérképezése. Az előtanulmány során 20 fát azonosítottam, jórészt gesztenyét (*Castanea* sp.) és tölgyet (*Quercus* sp.). A legnagyobb fa törzskerülete 610 cm (fűz – *Salix* sp.) volt. A kutatást folytatni akarom a helyi iskolák bevonásával is, annak érdekében, hogy létrehozzuk Margitta öreg fáinak térképét. Jelen kutatással a városi öreg fák védelméhez szeretnék hozzájárulni.

A kutatás az Apáthy István Egyesület Nyárady Erazmus Gyula tehetséggondozó program keretében készült. Egyetemi mentor: dr. Hartel Tibor docens. Középiskolai mentor: Balla Sándor.





Az Erdélyi-medence paleogén *Nummulites perforatus* és *N. fabianii*-együtteseinek összehasonlító biometriai vizsgálata

Szöcs Hanna¹, Takács Dénes²

¹Szent György Technológiai Líceum, Erdőszentgyörgy; ²Horváth János Elméleti Líceum, Margitta

A recens és fosszilis nagyforaminiferák fajszinten való meghatározásában hangsúlyos szerepet játszanak a vázak biometriai adatai. A recens nagyforaminiferákon végzett legújabb biometriai és ökológiai összehasonlító kutatások arra mutattak rá, hogy a vázak bizonyos paraméterei (pl. vastagság, átmérő stb.) a nagyforaminiferák életterének egyes ökológiai paramétereit tükrözhetik. Így recens analógiákra, valamint a vázak biometriai paraméterei támaszkodva elvileg lehetséges a már kihalt nummuliteszek paleoökológiai értékelésének pontosítása. A fenti elvek alapján két paleogén nummulitesz-együttest vizsgáltunk az Erdélyi-medencéből és a biometriai adatokra támaszkodva arra a következtetésre jutottunk, hogy a paleogén különböző rétegtani szintjeiben előforduló *Nummulites perforatus* és a *N. fabianii* egyedek eltérő tengeri környezetben élhettek. Megfigyeléseinket az vizsgált foraminifera vázak eltérő megtartás módja is alátámasztja.

A kutatás az Apáthy István Egyesület Nyárády Erazmus Gyula tehetséggondozó program keretében készült. Egyetemi mentorok: Kövecsi Szabolcs, dr. Silye Lóránd adjunktus. Középiskolai mentorok: Szatmári Borbála, Balla Sándor.

Comparative biometrical studies on the Paleogene *Nummulites perforatus* and *N. fabianii* assemblages from the Transylvanian Basin

The identification on species level of the extant and extinct larger benthic foraminifera (LBF) is mainly based on the biometrical parameters of their tests. However, the recent comparative biometrical and ecological studies on the recent LBF assemblages pointed out, that several parameters of the LBF's test i.e. thickness, diameter correlates with some environmental parameters. This suggests that the paleoecological interpretation of the extinct *Nummulites* can be further constrained, based on the recent analogies and the biometrical parameters. Therefore, we performed biometrical studied two Paleogene *Nummulites*-assemblages from the Transylvanian Basin, and our results show that the *Nummulites perforatus* and *N. fabianii*-assemblages not only occur in two different stratigraphic levels, but they also lived in two distinct environments. Our results are supported by data on the preservation of the studied *Nummulites* specimens.

The study was carried out in the frame of the Nyárády Erazmus Gyula Programme of the Apáthy István Association. University tutors: Szabolcs Kövecsi, Lóránd Silye, PhD, lecturer. Highschool tutors: Borbála Szatmári, Sándor Balla.



Az exogén glükokortikoidok mellékhatásai a pajzsmirigyben és a mellékvesében

György Tamás*

*Bolyai Farkas Elméleti Líceum, Marosvásárhely; *gyorgyotomims@gmail.com*

A dolgozatban a Fluocinolon-acetonid N, egy szintetikus mellékvesekéreg hormon származék tartalmú kenőcs mellékhatásait vizsgáljuk Wistar patkány pajzsmirigyében és mellékveséjében. Hatása gyulladáscsökkentő, viszketéssel és fokozott elszarusodással társuló heveny és súlyos, száraz bőrgyulladások helyi kezelésére alkalmazzák, mint például atópiás ekcémára, seborrhoeás bőrgyulladásra, durva, viszkető bőrre, súlyos bőrgyulladásra. A bőrön történő külsőleges alkalmazása gyulladáscsökkentő, viszketéscsillapító, allergia ellenes, érösszehúzó hatású. Tartós használat esetén a nemkívánatos mellékhatások gyakorisága növekedhet. A dolgozat célja, hogy megvizsgáljuk, hogy a Fluocinolon-acetonid N kenőcs által kiváltott glükokortikoid többlet hatással van-e az anyagcserében fontos szerepet játszó szervek, a mellékvese és a pajzsmirigy szerkezetére, működésére, illetve, hogy a rövidtávú kezelés milyen változásokat képes okozni a cukoranyagcserében és, hogy a glükokortikoid többlet befolyásolja-e az állatok növekedési, fejlődési ritmusát. A fluocinolon kezelés a hormonegyensúly felbomlásához vezet, ami első sorban az alapanyagcseré megváltozásában, a testtömeg visszaesésében és a szervek tömegének csökkenésében nyilvánul meg. A kezelés hatására az állatok pajzsmirigye jelentős szerkezeti és funkcionális változást mutat, a normálshoz képest. A glükokortikoid többlet a tireotrop sejtek révén hat a pajzsmirigy működésére, megváltoztatja a pajzsmirigy hormontermelésének szabályozását. A csökkent hormontermelést bizonyítja a glükokortikoid többlet által okozott szignifikáns súlycsökkenés is. A kezelés a mellékvese kéreg állományát is érinti, így ennek mérete jóval kisebb, és a szövettani szerkezete is megváltozik. Az exogén glükokortikoid többlet gátolja a sejtek differenciálódását, ezáltal a fluocinolon kezelés a kéregállomány atrofikus elváltozását okozza.

A kutatás az Apáthy István Egyesület Nyárády Erazmus Gyula tehetséggondozó program keretében készült. Egyetemi mentor: dr. Kis Erika adjunktus. Középiskolai mentor: József Éva.

The side-effects of the exogenous glucocorticoids on the thyroid and adrenal cortex

In the paper we are analysing the side-effects of the Fluocinolone-acetonide N, an ointment containing synthetic adrenocortical hormone derivatives, in the Wistar rat's thyroid and adrenal. It is used because of its anti-inflammatory effects on acute and severe dry skin inflammation, associated with itching and increased cornification such as atopic eczema, seborrheic dermatitis, rough, itchy skin and severe skin inflammation. Its external application to the skin has anti-inflammatory, itchiness soothing, anti-allergic and vasoconstrictive effects. The sustained use of it can increase the frequency of undesirable side effects. The purpose of the paper is to examine whether the glucocorticoid excess, caused by the Fluocinolone-acetonide N ointment, affects the structure and operation of the adrenal and thyroid, which play an important role in the body's metabolism, and to find out the degree of change in the sugar metabolism caused by the short-term treatment, and the fact that glucocorticoid excess can whether affect animal growth and development. The fluocinolone treatment leads to the disintegration of the hormone balance, which is mainly reflected in the change of the basal metabolism, and this is manifested in the loss of body weight and the loss of organs' weight. Under the effect of the treatment the thyroid of the animals showed significant structural and functional changes compared to the normal one. The glucocorticoid excess affects the thyroid by the operation of the thyroid cells, changes the control of the thyroid hormone production. The decreased hormone production is also demonstrated by the significant weight loss, caused by the glucocorticoid excess. The treatment affects the adrenal cortex too, so its size is much smaller, and its histological structure is also changed.

The study was carried out in the frame of the Nyárády Erazmus Gyula Programme of the Apáthy István Association. University tutor: Erika Kis, PhD, lecturer. Highschool tutor: Éva József.

