



14.
Kolozsvári Biológus Napok
14th Biology Days

Kivonatfüzet

Abstracts

Kolozsvár
Cluj-Napoca

2013

április 12-14.

14. KOLOZSVÁRI BIOLÓGUS NAPOK

Kivonatfüzet



Kolozsvár
2013
április 12-14.

Szervezők/Organizers:



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



Apáthy István
Egyesület
Apáthy István Society

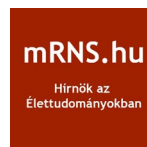


Kolozsvári Akadémiai Bizottság
Biológiai Szakosztálya
Regional Committee of the Hungarian
Academy of Sciences in Kolozsvár,
Biology Section

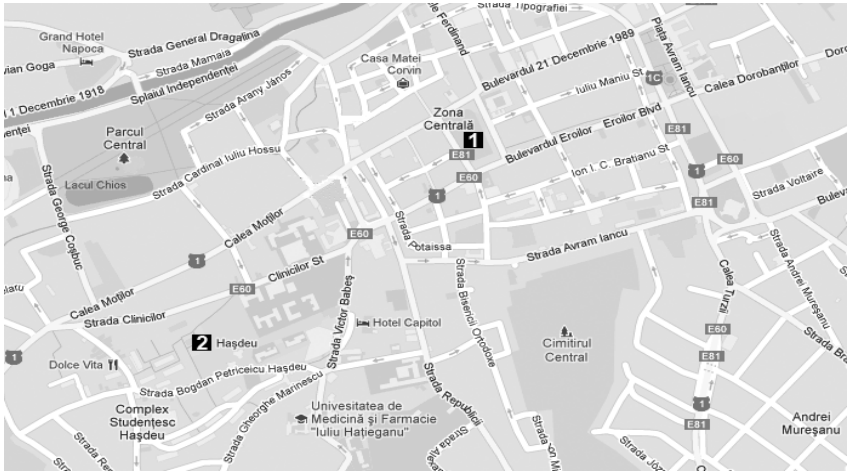
Támogatók/Supporters:



Médiapartnerek/ Communication partners:



Borítókép: Vágási I. Csongor



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).



Tartalomjegyzék / Contents

A konferencia programja / Conference program

7

Kivonatok / Abstracts

Bárbos Lőrinc, Vágási I. Csongor, Osváth Gergely, Marton Attila, Sándor Krisztina, Vincze Orsolya, Pap Péter László: A madártoll szerkezetének változatossága a viselkedési és ökológiai jellemzők függvényében	12
Bartha László, Sramkó Gábor: A kakasmandikó fehér virágszínű változatának (<i>Erythronium dens-canis</i> L. var. <i>niveum</i> Baumg.) molekuláris taxonómiai vizsgálata	13
Benkő Zoltán, Gábos Ede, Kiss István, Osváth Gergő, Szabó D. Zoltán: Madártani felmérés a Túrmenti Védett Területeken	14
Boross Nóra, Markó Gábor, Laczi Miklós, Garamszegi László Zsolt, Hegyi Gergely, Herényi Márton, Kiss Dorottya, Nagy Gergely, Rosivall Balázs, Szöllösi Eszter, Török János: A hematokrit szezonális mintázata és kapcsolata az egyedi minőséggel örvös légykapónál (<i>Ficedula albicollis</i>)	15
Bücs Szilárd, Jére Csaba, Csósz István, Barti Levente, Bartha Csaba, Jakab Endre, Szodoray-Parádi Farkas: Az Erdélyi Szigethegység barlangi denevérfaunájának aktuális helyzete	16
Buczko Krisztina, Magyarai Enikő: Kovaalga alapú vízszint rekonstrukciók nyílt és zárt hegyi tavakban a negyedidőszak végén	17
Császár Péter, Gallé Róbert, Maák István, Szpisjak Nikolett, Torma Attila: Futóbogár-együttesek (Coleoptera: Carabidae) szerveződését befolyásoló tényezők Maros menti élőhelyen – előzetes eredmények	18
Csatári Gábor, Müller Viktor: A HIV-1 fertőzés betegségprogressziója: egy új hipotézis matematikai modellezése	19
Czekes Zsolt, Ferencz Márta, Molnár Gyöngyvér, Markó Bálint: Eltérő peterakási stratégia a szürkés (<i>Maculinea alcon alcon</i>) és a karszti hangyaboglárkánál (<i>Maculinea alcon xerophila</i>) (Lepidoptera: Lycaenidae)	20
Dénes Avar-Lehel, Kolcsár Levente Péter, Keresztes Lujza: A <i>Pedicia staryi</i> fajcsoport (Diptera, Pediciidae) mitokondriális filogenetikája: a Kárpátok vízi élőhelyeinek komplex evolúciója	21
Farkas Anita, Nagy Gábor, Papp Tamás, Vágvölgyi Csaba: A <i>Mucor circinelloides</i> HMG-KoA reduktáz géneinek kifejeződése különböző környezeti hatásokra	22
Farkas János, Pokorni Flóra, Kulcsár Árpád, Cserkész Tamás: A vadriasztás gyakorlati lehetőségei autópályák és egyéb utak mentén, vadak távoltartása mezőgazdasági és erdészeti területektől	23
Fazakas Csilla, Wilhelm Imola, Végh Attila Gergely, Molnár Judit, Haskó János, Nyúl-Tóth Ádám, Váró György, Krizbai István: Rho-kinázok szerepe a melanóma agyi áttétképzésében	24
Ferencz Márta, Molnár Gyöngyvér, Czekes Zsolt, Vizauer Tibor Csaba: Egy védett lepkefaj, a <i>Maculinea alcon</i> 'xerophila' (Lepidoptera: Lycaenidae) torockói populációjának felmérése	25
Fodor Eszter Klára, Pákáski Magdolna, Sántha Petra, Sántha Miklós, Janka Zoltán, Kálmán János: Immobilizációs stressz hatása a β -aktin citoskeletonra vad típusú és apoB transzgenikus egér agyban	26
Fodor Izabella Enikő, Kuhn Thomas, Kondics Beatrix Emese, Fenesi Annamária, Ruprecht Eszter: A hősokk hatása mérsékelt-övi gyepi és gyomfajok magvainak csírázására	27
Fülöp András, H. Herman, C. Popa, M. Rosu, A. Hermenean: A kriszin szerepe a CCl ₄ okozta máj- és vesekárosodás megelőzésében	28
Fülöp Attila, Vágási I. Csongor, Czirják Gábor Árpád, Bárbos Lőrinc, Pap Péter László: Tollminőséget jelző változók és tollbontó baktériumok általi terheltség közötti kapcsolat vizsgálata házi verebeknél (<i>Passer domesticus</i>)	29



Horváth Orsolya, Lukács Balázs András, Tóth János Pál, Molnár V. Attila: Három amfibikus <i>Elatine</i> faj elárasztás indukált fenotipikus plaszticitása: Használhatók-e a vegetatív jellegek a taxonómiájukban?	30
Imecs István, Nagy András Attila: A Csíki-medence halfaunájának áttekintése és kiértékelése	31
Janovics Róbert, Bihari Árpád, Papp László, Dezső Zoltán, Major Zoltán, Sárkány-Kiss Endre, Bujtás Tibor, Veres Mihály, Palcsu László: <i>Tricium</i> 60CO és 137CS monitoring vizsgálat a paksi atomerőmű (Magyarország) melegvíz kibocsátó csatornája környékén	32
Jére Csaba, Bücs Szilárd, Csósz István, Barti Levente, Szodoray-Parádi Farkas: Elszigetelt populációk vagy rejtett kapcsolatok: a <i>Blasius patkósdenevér</i> (<i>Rhinolophus blasii</i>) jelenléte a Királyerdő hegységben	33
Kelemen András, Török Péter, Valkó Orsolya, Deák Balázs, Migléc Tamás, Tóthmérész Béla: Hortobágyi szikes és löszgyepek rekonstrukciójának tapasztalatai	34
Keresztes Zsolt Gyula, Felföldi Tamás, Somogyi Boglárka, Nagy Erika, Bartha Csaba, Székely Gyöngyi, Vörös Lajos: Tengeri algák az Erdélyi-Medence sós tavaiban	35
Kiss Márton, Kelemen-Valkony Ildikó, Kiss András, Radics Mónika, Császár Katalin, Mink Mátyás: A muslica mint a COL4A1 és COL4A2 IV-es típusú kollagének mutációihoz kapcsolódó emberi megbetegedések állati modellje	36
Kolcsár Levente Péter, Erős Katalin, Csata Enikő, Német Enikő, Markó Bálint: A vaslábi Fenék rétláp és a Borzonti Nyíres láp állapotfelmérése a Gyergyói-medencében	37
Komlósi Gergely, Rózsa Márton, Oláh Szabolcs, Molnár Gábor, Barzó Pál, Tamás Gábor: Emberi agykérgi idegsejt hálózatok működésének vizsgálata	38
Kondics Beatrix Emese, Fodor Izabella Enikő, Kuhn Thomas, Fenesi Annamária, Ruprecht Eszter: Az égetés hatása mérsékelt-övi lágyszárú fajok magvainak csírázására	39
Kovács Aranka Stella, Juhász Hajnalka, Kristó Edit Kata, Szekeres András, Bencsik Ottó, Nyilasi Ildikó, Papp Tamás, Vágvölgyi Csaba: ω -6 és ω -3 zsírsavak termelésének vizsgálata a <i>Mortierellales</i> renden belül	40
Kovács Levente, Nagy Olga, Pál Margit, Octavian Popescu, Deák Péter: Ubikvitin stress és apoptózis <i>Drosophila</i> -ban	41
Kovács Szilárd, Endre Gabriella, Lhotsky Barbara: A homoki ternye (<i>Alyssum tortuosum</i>) magyarországi populációinak vizsgálata RAPD markerek segítségével	42
Maák István, Somogyi Anna, Kovács Judit: Mit jeleznek a hangyatelemek a rabszolgatartó <i>Formica sanguinea</i> hangyafajnak és rabszolgájának?	43
Marosi Albert Béla, Ioan V. Ghira, Alfred-Ştefan Cicort-Lucaciu, Severus-Daniel Covaciu-Marcov, Sas István, Octavian Popescu: <i>Mesotriton alpestris</i> refugium a Nyugati Szigethegységben	44
Molnár Gyöngyvér, Ferencz Márta, Czekes Zsolt, Markó Bálint: A hangyaközösség szerkezetének vizsgálata a szürkés hangyaboglárka (<i>Maculinea alcon xerophila</i>) szintopikus és nem szintopikus populációinak élőhelyén	45
Mosolygó Ágnes, Surányi Gyula, Sramkó Gábor: A <i>Pulsatilla patens</i> filogeográfiája a Kárpát-medencében	46
Nagy András Attila: Natura 2000-es területek kijelölése halak védelme érdekében Romániában: a második biogeográfiai szeminárium következtetései	47
Nagy Csaba, Markó Viktor, Jerry V. Cross: A fekete fáhangya, <i>Lasius niger</i> (L.) aktivitásának csökkentése a lombkoronában, mint a fekete cseresznye-levéltetű, <i>Myzus cerasi</i> (Fabricius) elleni közvetett biológiai védekezés alternatív lehetősége	48
Német Enikő, Markó Bálint: Hangyaközösségek szerkezetének rövidtávú változása felhagyott mezőségi szántóföldeken	49
Oláh Zita, Pákáski Magdolna, Tóth Melinda E., Zvara Ágnes, Klivényi Péter, Ivitz Eszter, Sántha Miklós, Vécsei László, Janka Zoltán, Kálmán János: Potenciális Alzheimer-kórra jellemző biomarkerek azonosítása	50
Ónodi Gábor, Csörgő Tibor: A szukcesszió és a harkály közösség kapcsolata	51



Osváth Gergely, Vágási István Csongor, Szép Tibor, Vincze Orsolya, Nagy Károly, Veres-Szászka Judit, Pap Péter László: Az élettani stressz és a populációcsökkenés közötti kapcsolat európai madárfajok esetében	52
Sándor Dorottya, Geréd Júlia, Fenesi Annamária, Ruprecht Eszter: A transzgenerációs plasztikusság szerepe az inváziós növények sikerében	53
Sántha Petra, Veszelka Szilvia, Kiss Lóránd, Walter Fruzsina, Oláh Zita, Tóth Andrea, Bocsik Alexandra, Pákáski Magdolna, Kálmán János, Kittel Ágnes, Deli Mária: Stressz hatása a vér-agy-gátra: mikroszkópos vizsgálatok patkány agymetszeteken	54
Schwéger Szabina, Bihari Péter, Bozsó Miklós, George Melika, Péntes Zsolt: Inkvilin gubacsdarazsak (Hymenoptera, Cynipidae, Synergini) filogenetikája	55
Sike Ádám, Nagy Enikő, Boros Imre: Az ABCB1 transzporterek expressziójának szabályozásában számos mechanizmus szerepet játszik drog-rezisztens patkány sejtekben	56
Szabó D. Zoltán, Domşa Cristian, Kovács István, Gábos Ede, Nagy H. Beáta, Fenesi Annamária: Hat év tojáshéjban: Mindennapi Madarak Monitoringja Romániában 2006-2012 között	57
Szerémy Péter, Makai Ildikó, Jani Márton, Gedey Szilvia, Tauberné Jakab Katalin, Márky-Zay János: Emberi gyógyszer transzporterek és antimalarialis szerek kölcsönhatás vizsgálata <i>in vitro</i> rendszerekben	58
Talapka Petra, Nagy Lajos, Pál Alexandra, Poles Marietta, Puskás G. László, Bagyánszki Mária, Fekete Éva, Bódi Nikolett: Strukturális és molekuláris változások Crohn-beteg patkányok bélidegrendszerében	59
Tóth Eszter Judit, Csernetics Árpád, Bencsik Ottó, Szekeres András, Vágvölgyi Csaba, Papp Tamás: Heterológ eredetű xantofill bioszintézis gének kifejeztetése <i>Mucor circinelloides</i> -ben	60



A BBTE Magyar Biológiai és Ökológiai Intézete, az Apáthy István Egyesület
és a MTA Kolozsvári Akadémiai Bizottság (KAB) Biológiai Szakbizottsága szervezésében

XIV. KOLOZSVÁRI BIOLÓGUS NAPOK

PROGRAM

2013. április 12-14

helyszín:

Biológia és Geológia Kar, Gerinctelen Állattani Előadóterem (SZN),
Mikó-kert, Clinicilor (Mikó) u. 5–7, Kolozsvár

Péntek, április 12.

8:50 – **Köszöntő**

PLENÁRIS ELŐADÁSOK

9:00 – **Podani János** (Növényrendszertani, Ökológiai és Elméleti Biológiai Tanszék, Eötvös Loránd Tudományegyetem, Budapest): Rendszertan versus evolúció: az érem két oldala (Darwin kontra Linné)

9:40 – **Deák Péter** (Genetikai Tanszék, Szegedi Tudományegyetem, Szeged): Civilizációs betegségek és az evolúció kapcsolata

10:20 - 10:30: SZÜNET

KISELŐADÁSOK

10:30 - **Horváth Orsolya, Lukács Balázs András, Tóth János Pál, Molnár V. Attila**: Három amfibikus *Elatine* faj elárasztás indukált fenotipikus plaszticitása: Használhatók-e a vegetatív jellegek a taxonómiájukban?

10:45 - **Kelemen András, Török Péter, Valkó Orsolya, Deák Balázs, Migléc Tamás, Tóthmérész Béla**: Hortobágyi szikes és löszgyepek rekonstrukciójának tapasztalatai

11:00 - **Bartha László, Sramkó Gábor**: A kakasmandikó fehér virágszínű változatának (*Erythronium dens-canis* L. var. *niveum* Baumg.) molekuláris taxonómiai vizsgálata

11:15 - **Mosolygó Ágnes, Surányi Gyula, Sramkó Gábor**: A *Pulsatilla patens* filogeográfiája a Kárpát-medencében

11:30 - **Kovács Szilárd, Endre Gabriella, Lhotsky Barbara**: A homoki ternye (*Alyssum tortuosum*) magyarországi populációinak vizsgálata RAPD markerek segítségével

11:45 - 12:00: SZÜNET

KISELŐADÁSOK

12:00 - **Kondics Beatrix Emese, Fodor Izabella Enikő, Kuhn Thomas, Fenesi Annamária, Ruprecht Eszter**: Az égetés hatása mérsékelt-övi lágyszárú fajok magvainak csírázására

12:15 - **Fodor Izabella Enikő, Kuhn Thomas, Kondics Beatrix Emese, Fenesi Annamária, Ruprecht Eszter**: A hősokk hatása mérsékelt-övi gyepi és gyomfajok magvainak csírázására

12:30 – **Sándor Dorottya, Geréd Júlia, Fenesi Annamária, Ruprecht Eszter**: A transzgenerációs plasztikusság szerepe az inváziós növények sikerében

12:45 – **Német Enikő, Markó Bálint**: Hangyaközösségek szerkezetének rövidtávú változása felhagyott mezősségi szántóföldeken



13:00-13:15: SZÜNET

KISELŐADÁSOK

- 13:15 - **Jére Csaba, Bücs Szilárd, Csósz István, Barti Levente, Szodoray-Parádi Farkas:** Elszigetelt populációk vagy rejtett kapcsolatok: a Blasius patkódenevér (*Rhinolophus blasii*) jelenléte a Királyerdő hegységben
- 13:30 - **Bücs Szilárd, Jére Csaba, Csósz István, Barti Levente, Bartha Csaba, Jakab Endre, Szodoray-Parádi Farkas:** Az Erdélyi Szigethegység barlangi denevérfaunájának aktuális helyzete
- 13:45 - **Osváth Gergely, Vágási István Csongor, Szép Tibor, Vincze Orsolya, Nagy Károly, Veres-Szászka Judit, Pap Péter László:** Az élettani stressz és a populációcsökkenés közötti kapcsolat európai madárfajok esetében
- 14:00 - **Marosi Albert Béla, Ioan V. Ghira, Alfred-Ştefan Cicort-Lucaciu, Severus-Daniel Covaciu-Marcov, Sas István, Octavian Popescu:** *Mesotriton alpestris* refugium a Nyugati Szigethegységben

14:15 - 15:20: EBÉDSZÜNET

PLENÁRIS ELŐADÁS

- 15:20 - **Csernák Erzsébet** (Országos Onkológiai Intézet, Budapest): Molekuláris biológiai módszerek alkalmazása a patológiai diagnosztikában

KISELŐADÁSOK

- 16:00 - **Csatári Gábor, Müller Viktor:** A HIV-1 fertőzés betegségprogressziója: egy új hipotézis matematikai modellezése
- 16:15 - **Szerémy Péter, Makai Ildikó, Jani Márton, Gedey Szilvia, Tauberné Jakab Katalin, Márky-Zay János:** Emberi gyógyszer transzporterek és antimalarialis szerek kölcsönhatás vizsgálata *in vitro* rendszerekben
- 16:30 - **Kiss Márton, Kelemen-Valkony Ildikó, Kiss András, Radics Mónika, Csiszár Katalin, Mink Mátyás:** A muslica mint a COL4A1 és COL4A2 IV-es típusú kollagének mutációihoz kapcsolódó emberi megbetegedések állati modellje

16:45 – 17:00: SZÜNET

KISELŐADÁSOK

- 17:00 – **Fodor Eszter Klára, Pákáski Magdolna, Sántha Petra, Sántha Miklós, Janka Zoltán, Kálmán János:** Immobilizációs stressz hatása a β -aktin citoskeletonra vad típusú és apoB transzgenikus egér agyban
- 17:15 – **Kovács Levente, Nagy Olga, Pál Margit, Octavian Popescu, Deák Péter:** Ubikvitin stressz és apoptózis *Drosophila*-ban
- 17:30 - **Fazakas Csilla, Wilhelm Imola, Végh Attila Gergely, Molnár Judit, Haskó János, Nyúl-Tóth Ádám, Váró György, Krizbai István:** Rho-kinázok szerepe a melanóma agyi áttétképzésében
- 17:45 - **Sike Ádám, Nagy Enikő, Boros Imre:** Az ABCB1 transzporterek expressziójának szabályozásában számos mechanizmus szerepet játszik drog-rezisztens patkány sejtekben

18:00 – 18:15: SZÜNET



KISELŐADÁSOK

- 18:15 - **Komlósi Gergely, Rózsa Márton, Oláh Szabolcs, Molnár Gábor, Barzó Pál, Tamás Gábor:** Emberi agykérgi idegsejt hálózatok működésének vizsgálata
- 18:30 - **Sántha Petra, Veszelka Szilvia, Kiss Lóránd, Walter Fruzsina, Oláh Zita, Tóth Andrea, Bocsik Alexandra, Pákáski Magdolna, Kálmán János, Kittel Ágnes, Deli Mária:** Stressz hatása a vér-agy-gátra: mikroszkópos vizsgálatok patkány agymetszeteken
- 18:45 - **Farkas Anita, Nagy Gábor, Papp Tamás, Vágvölgyi Csaba:** A *Mucor circinelloides* HMG-KoA redukált géneinek kifejeződése különböző környezeti hatásokra
- 19:00 - **Fülöp András, H. Herman, C. Popa, M. Rosu, A. Hermenean:** A kriszin szerepe a CCl4 okozta máj- és vesekárosodás megelőzésében
- 19:15 - **Oláh Zita, Pákáski Magdolna, Tóth Melinda E., Zvara Ágnes, Klivényi Péter, Ivitz Eszter, Sántha Miklós, Vécei László, Janka Zoltán, Kálmán János:** Potenciális Alzheimer-kórra jellemző biomarkerek azonosítása
- 20:00 - beszélgetés a Bulgakov kávézóban

Szombat, április 13.

PLENÁRIS ELŐADÁS

- 9:20 - **Nagy Nándor** (Humánmorfológiai és Fejlődésbiológiai Intézet, Semmelweis Egyetem, Budapest): A Hirschsprung-kór fejlődésbiológiai alapjai

KISELŐADÁSOK

- 10:00 - **Tóth Eszter Judit, Csernetics Árpád, Bencsik Ottó, Szekeres András, Vágvölgyi Csaba, Papp Tamás:** Heterológ eredetű xantofill bioszintézis gének kifejeztetése *Mucor circinelloides*-ben
- 10:15 - **Kovács Aranka Stella, Juhász Hajnalka, Kristó Edit Kata, Szekeres András, Bencsik Ottó, Nyilasi Ildikó, Papp Tamás, Vágvölgyi Csaba:** ω -6 és ω -3 zsírsavak termelésének vizsgálata a Mortierellales renden belül
- 10:30 - **Talapka Petra, Nagy Lajos, Pál Alexandra, Poles Marietta, Puskás G. László, Bagyánszki Mária, Fekete Éva, Bódi Nikolett:** Strukturális és molekuláris változások Crohn-beteg patkányok bélidegrendszerében
- 10:45 - 11:00: SZÜNET
- 11:00 - **Janovics Róbert, Bihari Árpád, Papp László, Dezső Zoltán, Major Zoltán, Sárkány-Kiss Endre, Bujtás Tibor, Veres Mihály, Palcsu László:** Tritium 60Co és 137CS monitoring vizsgálat a paksi atomerőmű (Magyarország) melegvíz kibocsátó csatornája környékén
- 11:15 - **Dénes Avar-Lehel, Kolcsár Levente Péter, Keresztes Lujza:** A *Pedicia staryi* fajcsoport (Diptera, Pediciidae) mitokondriális filogenetikája: a Kárpátok vízi élőhelyeinek komplex evolúciója
- 11:30 - **Keresztes Zsolt Gyula, Felföldi Tamás, Somogyi Boglárka, Nagy Erika, Bartha Csaba, Székely Gyöngyi, Vörös Lajos:** Tengeri algák az Erdélyi-Medence sós tavaiban
- 11:45 - **Buczkó Krisztina, Magyarai Enikő:** Kovaalga alapú vízszint rekonstrukciók nyílt és zárt hegyi tavakban a negyedidőszak végén

12:00-13:20: EBÉDSZÜNET



PLENÁRIS ELŐADÁS

13:20 – **Oborny Beáta** (Növényrendszertani, Ökológiai és Elméleti Biológiai Tanszék, Eötvös Loránd Tudományegyetem, Budapest): Kritikus küszöbök az ökológiában

KISELŐADÁSOK

14:00 – **Nagy András Attila**: Natura 2000-es területek kijelölése halak védelme érdekében Romániában: a második biogeográfiai szeminárium következtetése

14:15 – **Imecs István, Nagy András Attila**: A Csíki-medence halfaunájának áttekintése és kiértékelése

14:30 – **Szabó D. Zoltán, Domşa Cristian, Kovács István, Gábos Ede, Nagy H. Beáta, Fenesi Annamária**: Hat év tojáshéjban: Mindennapi Madarak Monitoringja Romániában 2006-2012 között

14:45 – **Benkő Zoltán, Gábos Ede, Kiss István, Osváth Gergő, Szabó D. Zoltán**: Madártani felmérés a Túr Menti Védett Területeken

15:00 - 15:15: SZÜNET

KISELŐADÁSOK

15:15 – **Boross Nóra, Markó Gábor, Laczi Miklós, Garamszegi László Zsolt, Hegyi Gergely, Herényi Márton, Kiss Dorottya, Nagy Gergely, Rosivall Balázs, Szöllősi Eszter, Török János**: A hematokrit szezonális mintázata és kapcsolata az egyedi minőséggel örvös légykapónál (*Ficedula albicollis*)

15:30 – **Fülöp Attila, Vágási I. Csongor, Czirják Gábor Árpád, Bärbos Lőrinc, Pap Péter László**: Tollminőséget jelző változók és tollbontó baktériumok általi terheltség közötti kapcsolat vizsgálata házi verebeknél (*Passer domesticus*)

15:45 – **Bärbos Lőrinc, Vágási I. Csongor, Osváth Gergely, Marton Attila, Sándor Krisztina, Vincze Orsolya, Pap Péter László**: A madártoll szerkezetének változatossága a viselkedési és ökológiai jellemzők függvényében

16:00 – **Ónodí Gábor, Csörgő Tibor**: A szukcesszió és a harkály közösség kapcsolata

16:15 – **Farkas János, Pokorni Flóra, Kulcsár Árpád, Cserkész Tamás**: A vadriasztás gyakorlati lehetőségei autópályák és egyéb utak mentén, vadak távoltartása mezőgazdasági és erdészeti területektől

16:30 - 17:00: SZÜNET

KISELŐADÁSOK

17:00 – **Nagy Csaba, Markó Viktor, Jerry V. Cross**: A fekete fáhangya, *Lasius niger* (L.) aktivitásának csökkentése a lombkoronában, mint a fekete cseresznye-levéltetű, *Myzus cerasi* (Fabricius) elleni közvetett biológiai védekezés alternatív lehetősége

17:15 – **Czekes Zsolt, Ferencz Márta, Molnár Gyöngyvér, Markó Bálint**: Eltérő peterakási stratégia a szürkés (*Maculinea alcon alcon*) és a karszti hangyaboglárkánál (*Maculinea alcon xerophila*) (Lepidoptera: Lycaenidae)

17:30 – **Ferencz Márta, Molnár Gyöngyvér, Czekes Zsolt, Vizauer Tibor Csaba**: Egy védett lepkefaj, a *Maculinea alcon 'xerophila'* (Lepidoptera: Lycaenidae) torockói populációjának felmérése

17:45 – **Molnár Gyöngyvér, Ferencz Márta, Czekes Zsolt, Markó Bálint**: A hangyaközösség szerkezetének vizsgálata a szürkés hangyaboglárka (*Maculinea alcon xerophila*) szintopikus és nem szintopikus populációinak élőhelyén

18:00 – 18:15: SZÜNET



KISELŐADÁSOK

- 18:15 - **Maák István, Somogyi Anna, Kovács Judit:** Mit jeleznek a hangyatelemek a rabszolgatartó *Formica sanguinea* hangyafajnak és rabszolgájának?
- 18:30 - **Császár Péter, Gallé Róbert, Maák István, Szpisjak Nikolett, Torma Attila:** Futóbogár-együttesek (Coleoptera: Carabidae) szerveződését befolyásoló tényezők Maros menti élőhelyen – előzetes eredmények
- 18:45 - **Schwéger Szabina, Bihari Péter, Bozsó Miklós, George Melika, Péntes Zsolt:** Inkvilin gubacsdarazsak (Hymenoptera, Cynipidae, Synergini) filogenetikája
- 19:00 - **Kolcsár Levente Péter, Erős Katalin, Csata Enikő, Német Enikő, Markó Bálint:** A vaslábi Fenék rétláp és a Borzonti Nyíres láp állapotfelmérése a Gyergyói-medencében
- 19:15 – Apáthy díj átadása
-

Juhász Ágota és Demeter László dokumentum filmje: Hegyi kaszálók - Biodiverzitás és hagyományos gazdálkodás (60') – a filmet mindkét nap az ebédszünetben az Állattani Múzeumban levetítjük.

21:00 óra: BIOLÓGUS BULI Helyszín: Agape pince. Jegyek a buli helyszínén vásárolhatók.



A madártoll szerkezetének változatossága a viselkedési és ökológiai jellemzők függvényében

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

Evolúciós Ökológia Csoport, Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, Babeş-Bolyai Tudományegyetem,
Clinicilor 5-7, Kolozsvár, Románia, lorincxxl@gmail.com

A madarak tollazatának fontos szerepe van a repülésben, hőszigetelésben és a kommunikációban. A szárnyon található evezőtollak biztosítják a hajtóerőt, ami elengedhetetlen a repüléshez, a farktollak pedig a kormányzásért felelnek. Egy evezőtoll csévéből és tollszárból áll. Utóbbiról indulnak az ágak, amelyek kilépési helyet biztosítanak az ágacska számára. Előző vizsgálatunkban kimutattuk, hogy a fertőzött madarak rövidebb és könnyebb tollakat növesztenek, melyeknek tollszára vékonyabb, ág- és ágacska denzitása pedig nagyobb. A fertőzöttség tehát jelentősen meghatározza a madarak életét, és negatívan hat a tollazat minőségére. A tollazat mikrostruktúráját, így a tollazat minőségét továbbá befolyásolja a vedlés ideje alatt fellépő stresszhatás (pl.: táplálékhiány) vagy a környezeti tényezők is. Legjobb tudomásunk szerint fajok között meglévő tollszerkezetbeli eltéréseket még nem vizsgálta senki. Egy összehasonlító vizsgálat keretében 128 madárfaj 546 egyedétől gyűjtöttünk tollakat, amelyeken a következő paramétereket mértük: tollhossz, tolltömeg, tollszár vastagság, ág- és ágacska sűrűség. Arra próbáltunk választ adni, hogy az egyes fajok ökológiai jellemzői, hogyan befolyásolják a tollazat mikroszerkezetbeli sajátosságait. Előzetes eredményeink azt mutatják, hogy a vízi madarak nehezebb és magasabb ágacska sűrűségű tollakat növesztenek. A telelő területen vedlő fajok sűrűbb szerkezetű tollazatot képesek fejleszteni, amely a tollak magas ágsűrűségében jelentkezik. A fehérjében gazdag táplálékot fogyasztó fajok kisebb ág denzitású tollakkal rendelkeznek. Vizsgálatunk szerint a fajok életmenet tulajdonságai fontos szerepet játszanak a tollstruktúra változatosságának a kialakításában.

Feather structure variation in relation to behavioural and ecological traits in European birds

Feathers play a key role in flight, insulation and communication. While the retrices (tail feathers) are responsible for steering, the remiges (wing feathers) provide the thrust for the uplift. These feathers are constructed of a quill or calamus and a vane (the body of the feather). The calamus continues in the shaft, which holds the densely packed barbs with the barbules on them. Our previous studies showed that birds infested with coccidians grew feathers of inferior quality, which were shorter and lighter, with a thinner rachis and higher barb- and barbule density. Further more, feather microstructure is determined also by the stress factors (e.g. nutritional deficiency) or by environmental factors. To the best of our knowledge, there are no studies regarding differences in feather microstructure between species. We conducted a comparative analysis on 128 European bird species (a total of 546 individuals), measuring feather length and mass, rachis width, barb- and barbule density, and examined how the ecological traits of different taxa determine feather microstructure. Our primary findings show that waterfowl grow heavier feathers with higher barbule density, birds molting on their wintering grounds also grew denser feathers. Lower barb density was found in species with protein-rich diet. Our results underpin the theory that ecological traits have a key role in the development of structural variation of feathers.



**A kakasmandikó fehér virágszínű változatának (*Erythronium dens-canis* L. var. *niveum* Baumg.)
molekuláris taxonómiai vizsgálata**

Bartha László, Sramkó Gábor

Laboratory of Molecular Environmental Biology, Institute for Interdisciplinary Research in Bio-Nano-Sciences, Babeş-Bolyai University, 42 A. Treboniu Laurean Street, 400271 Cluj-Napoca, Romania, barthal19@yahoo.com

Az *Erythronium* nemzetség eurázsiai monofiletikus vonala négy hagyományosan elfogadott taxont foglal magába: *E. japonicum*, *E. sibiricum*, *E. caucasicum* és *E. dens-canis*. A korábbi molekuláris filogenetikai vizsgálatok igazolták, hogy ezek a fajok evolúciósan a fenti sorrendben ágaznak le (egy kelet-nyugati irányú migrációt sugallva Eurázián belül). Ezek a vizsgálatok, azonban, mellőzték az európai elterjedésű kakasmandikó (*E. dens-canis*) fehér virágszínű „változatát” (var. *niveum*). Ez a látszólag „csak” színváltozat eredetileg Románia területéről lett leírva, később, azonban megtalálták a szomszédos országok közül Bulgáriában, Szerbiában és Ukrajnában. Az *E. dens-canis* var. *niveum* taxonómiájának és filogenetikai helyzetének vizsgálatára potenciálisan alkalmas markerek kiválasztása céljából megszekvenáltuk a sejtmagi riboszomális ITS (nrITS) és néhány nem kodoló plasztisz régiót egy kezdeti mintakészletből. Az nrITS nem bizonyult használhatónak, mivel olvashatatlan (direkt) szekvenciákat eredményezett (valószínű, egyeden belüli eltérő paralógok miatt). Egy kivételével a kipróbált plasztisz régiók sem adtak felbontást (nem voltak állően variábilisak). Az rpl32-trnL intergenerikus spacer (IGS) régió viszont, egy, öt nukleotid különbség által meghatározott genetikai szétválását mutatta a vizsgálatokba eddig bevont mintáknak. Ennek megfelelően két Kárpát-medence-i „*E. niveum*” minta csoportosul egy olteni „*E. niveum*” és három, a következő földrajzi régiókból származó *E. dens-canis* s.str. mintákkal szemben: Ibériai-félsziget, nyugat Magyarország és Kárpátok. Annak eldöntésére, hogy ez a meglepően „nagy” genetikai elkülönülés taxonómiai vagy filogeográfiai jelentőséggel bír, további vizsgálatok szükségesek. Az ugyancsak fehér virágú *E. caucasicum* bevonása a tanulmányba ebből a szempontból nélkülözhetetlen.

**Towards clarifying the taxonomy of *Erythronium dens-canis* L. var. *niveum* Baumg. (Liliaceae) using
DNA sequences**

The genus *Erythronium* is represented in Eurasia by four traditionally accepted taxa: *E. japonicum*, *E. sibiricum*, *E. caucasicum*, and *E. dens-canis*. Among these *E. dens-canis* is confined to Europe. Previous molecular phylogenetic studies agreed in the succession of these species within phylogenies in the above order. These studies neglected, however, the white-flowered ‘variety’ of *E. dens-canis* which was originally described from Romania but later its presence had been confirmed from a part of the neighbouring countries (Bulgaria, Serbia, Ukraine). We sequenced the nuclear ribosomal ITS and a few non-coding plastid regions in a subset of *E. dens-canis* s.l. samples in order to find a suitable marker which can potentially be used for the study of taxonomy and phylogenetic position of *E. dens-canis* var. *niveum*. The nuclear ribosomal ITS region turned out to be largely unsuitable for the investigations because it provided unreadable sequences. Most of the tested plastid regions provided little resolution (because of lack of sequence variation) except for rpl32-trnL IGS which was selected for subsequent use. This marker uncovered a surprising genetic split within the already investigated samples (supported by five nucleotide substitutions). Accordingly, ‘*E. niveum*’ samples from the Carpathian Basin are grouped together as compared with *E. dens-canis* s.str. samples from Iberian Peninsula, Western Hungary, Carpathians and one ‘*E. niveum*’ sample from Oltenia (Romania). Whether this highly supported genetic split is taxonomically or phylogeographically meaningful, will be hopefully revealed by further researches. On-going inclusion of *E. caucasicum* into the investigations is crucial in this respect.



Madártani felmérés a Túr Menti Védett Területeken

Benkő Zoltán, Gábos Ede, Kiss István, Osváth Gergő, Szabó D. Zoltán

Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, Babeş-Bolyai Tudományegyetem, Clinicilor 5-7, Kolozsvár, Románia, benkozoli@gmail.com

A Túr Menti Védett Területek az ország északnyugati részén helyezkednek el, a román-ukrán-magyar hármashatár térségében, a Túr folyó 43 kilométere mentén. Az 20241 hektáros terület három egymásra tevődő, különböző védettségi szinttel rendelkező területből áll: egy kisebb, nemzeti jelentőségű természetvédelmi-, és két nagyobb, Európa szinten jelentős Natura2000-es területből. A terület kezelője, az Erdélyi Kárpát Egyesület - Szatmárnémeti, által 2010-ben indított nagyszabású program lehetővé tette egy nagyméretű madártani felmérés kivitelezését. A felmérések elsődleges célja 34 védett madárfaj elterjedésének és állomány nagyságának a becslése volt, azonban a munkálatok során alkalmazott 10 módszer számos más madárfajt is érintett. A terepen tett megfigyelések lehetővé tették a különböző élőhelyeket, és az azokhoz kötődő madárfajok állományait veszélyeztető tényezők azonosítását. A felmérések során gyűjtött ismeretek alapját képezik a kezelési tervnek is, ami a következő években biztosítja vizsgált terület természeti értékeinek megfelelő védelmét. Előadásomban az alkalmazott módszerekről, eredményeinkről és tapasztalataink alapján a hasonló felmérések jelentőségéről számolok be.

Survey of protected bird species in the Tur River Natural Reserve

The Tur River Nature Reserve is situated along the Romania-Ukraine-Hungary state border, following the course of the Tur River along 43 stream-kilometers. The total area of 20241 ha is formed by three different protected areas: one smaller of national category, and two larger, which are part of the Natura2000 network. The manager of the study area, the Transylvanian Carpathian Society Satu Mare, has started a large project in 2010. This project granted the opportunity for the census of 34 protected bird species, by 10 survey methods. Furthermore the observations made during the fieldwork made possible the identification of several threatening factors, which could lead to the decline of the target species populations and their habitats on the study area. The information gathered during this census will be integrated in the nature reserve's management plan which will be implemented to ensure the status of the target species and their habitats. In my talk, I would like to present the used survey methods, our results, and about the importance of such projects in the conservation of natural resources in Romania.



**A hematokrit szezonális mintázata és kapcsolata az egyedi minőséggel örvös légykapónál
(*Ficedula albicollis*)**

Boross Nóra, Markó Gábor, Laczi Miklós, Garamszegi László Zsolt, Hegyi Gergely, Herényi Márton,
Kiss Dorottya, Nagy Gergely, Rosivall Balázs, Szöllösi Eszter, Török János

Eötvös Loránd Tudományegyetem, Természettudományi kar, Állattrendszertani és Ökológiai Tanszék,
1117, Budapest, Pázmány Péter sétány 1/C, borossnori@yahoo.com

A vér hematokritértéke az egyed fiziológiai állapotáról nyújt információt. A magas hematokritszint feltehetőleg jó egészségi állapotot tükröz, mivel a vörösvérsejtek megemelkedett szintje nagyobb oxigénfelvételi kapacitást és hatékonyabb oxigénszállítást tesz lehetővé a szövetekhez, ami az egyed jobb teljesítőképességét eredményezi. A Pilisben mesterséges odútelepeken költő örvös légykapókon vizsgáltuk három évben (2008-2010) a hematokritérték évek és ivarak közötti eltérését, továbbá hímeknél az udvarlás és fiókanvelés stádiumában mért mintázatát. A hematokrit és az egyedi minőséget jelző változók (kondíció, homlokfolt és szárnyfolt mérete, kor, oxidatív állapot) valamint a fészekalj nagyság kapcsolatát elemeztük. A hematokrit és a minőségjelző változók évek közötti eltéréseinek kapcsolatát is vizsgáltuk. Továbbá számoltuk az egyedek hematokritértékének évek közötti repetabilitását. A hematokritértékek évek között több esetben eltértek. A hímek udvarlás alatti hematokritszintje magasabbnak bizonyult, mint fiókanvelés alatt. Az egyedek jellemzésére használt változók és a fészekalj nagysága nem mutatott kapcsolatot a hematokritértékkel. A hematokrit évek közötti eltérése azonban az egyedek kondíciójának változásával pozitív összefüggésben állt. Az egyedek hematokritértékeit évek között magas repetabilitás jellemezte. Az évek közötti varianciát az eltérő környezeti feltételek okozhatták. Az udvarlás alatt mért magas hematokritszint a megelőző vonulás nagy energiaigényének következménye lehet. Az egyedi változókkal végzett elemzések alapján a hematokrit értéke az egyed minőségének más aspektusait jelezheti, mint az általunk használt egyéb minőségjelző változók. Az egyedi hematokritértékek évek közötti repetabilitása lehetővé teszi, hogy a jelleg az egyed aktuális állapota mellett általános egészségi állapotáról is informáljon.

**Variation in haematocrit in relation to seasons and individual fitness in collared flycatchers
(*Ficedula albicollis*)**

The haematocrit rate of the blood shows the physiological state of an individual. As the haematocrit grows, the higher erythrocyte number results in more efficient oxygen uptake capacity which can lead better performance and probably better survival of an individual. We studied a wild collared flycatcher population during a period of three years (2008-2010). We measured the difference in haematocrit between years, sexes and breeding stadiums (after arriving from migration and when fledglings were about 6 days old in the nests). The haematocrit values differed between most years, between sexes in 2009 and during the breeding period. We tried to elucidate the relationship between the haematocrit value and the measured fitness related traits of individuals. Haematocrit of birds were unrelated to age, wing patch size, forehead patch size, body condition and clutch size. Analysing the changes between two years, there was a positive relationship between changes in condition index and haematocrit of individuals. Between years, the haematocrit values of an individual showed repeatability. The different environmental effects and energy demands of individuals may be the driving force behind the observed changes in haematocrit level. As the haematocrit value shows no correlation with the studied fitness related traits, it might indicate a different aspect of individual's quality. The repeatable haematocrit level of individuals suggests that haematocrit may inform us about the individual's general health state instead only its current status.



Az Erdélyi Szigethegység barlangi denevérfaunájának aktuális helyzete

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

Romániai Denevérvédelmi Egyesület, 440014 Szatmárnémeti, I.B. Deleanu 2, Románia,
szilard_bux@yahoo.com

Románia legnagyobb és legfontosabb denevér kolóniái a Királyerdő, Bihar és Torockói hegység karsztvidékeinek barlangjaiban találhatóak. 2010 január és 2013 márciusa között 114 barlangi élőhelyet látogattunk meg, adatokat gyűjtve a nyári, őszi és téli periódusokban. A romániai denevérfauna 31 fajának mintegy kétharmadát azonosítottuk. A leggyakoribb fajok a nagy patkósdenevér, a kis patkósdenevér, a nagy *Myotis*-ok és a hosszúszárnnyú denevér. A legnépesebb téli kolóniákat a hosszúszárnnyú denevér, a nagy *Myotis*-ok és a törpedenevér, míg a legnagyobb szülőkolóniákat a hosszúszárnnyú denevér és a nagy *Myotis*-ok alkotják. A legnépesebb denevérfauna a Szolcsvai Búvópatakban található, megközelítőleg 100.000 denevérral. Kisebb egyedszámú, de szintén jelentős téli kolóniák találhatóak a Les völgyi vizesbarlangban és a Mézgedi Cseppkőbarlangban, melyek magas fajdiverzitással is rendelkeznek. A legnagyobb szülőkolóniák (>5.000 denevér) az Esküllői Vizesbarlangban, a Csigla barlangban és a Betfia zombolyban találhatóak. Jelentős nászbarlangok a Les Völgyi Vizesbarlang, a Szénaverősi barlang, az Întorsuri barlang és a Gálosházi barlang. A barlangokban azonosított veszélyeztető tényezők alapján, illetve a hosszútávú denevérvédelem érdekében, a Szigethegység 40 legfontosabb barlangjában konkrét denevérvédelmi beavatkozásokra került sor.

Actual status of the cave-dwelling bat fauna in the Romanian Western Carpathians

The limestone regions of the Pădurea Craiului, Bihor and Trascău Mountains are home to the largest and most important bat aggregations from Romania. Between 2010 January and 2013 March we visited 114 caves, collecting data during the summer, autumn and winter periods. We identified two third of the 31 species of the Romanian bat fauna. Most frequent species are *R. ferrumequinum*, *R. hipposideros*, large *Myotis*, and *M. schreibersii*. Largest winter aggregations belong to *M. schreibersii*, large *Myotis*, and *P. pipistrellus*, with *M. schreibersii* and large *Myotis* having also the largest maternity colonies. The cave with the largest winter aggregation is Huda lui Papară, with nearly 100.000 bats hibernating. Similarly important are the winter aggregations from Peștera cu Apă din Valea Leșului and Peștera Meziad, they also having great diversity. Largest maternity colonies (>5,000 bats) are found in Peștera de la Aștileu, Peștera Țiclului and Avenul de la Betfia. Important swarming sites are at Peștera cu Apă din Valea Leșului, Peștera de la Fânațe, Peștera de la Întorsuri and Peștera de la Gălășeni. Based on the main threats identified in relation to caves and to ensure the long term protection of resident bats, a series of concrete conservation actions were undertaken in the most important 40 caves from the region.



Kovaalga alapú vízszint rekonstrukciók nyílt és zárt hegyi tavakban a negyedidőszak végén

Buczko Krisztina, Magyari Enikő

Magyar Természettudományi Múzeum, 1088 Budapest Baross utca 13, krisztina@buczko.eu

A zárt tavakban felhalmozódó üledékek ideális lehetőséget kínálnak a klimatikus és emberi hatásra bekövetkező változások tanulmányozására. A zárt tavaknak nincs felszíni befolyásuk, míg a nyílt tavakat patakok táplálják és vezetik el vizüket. A Déli-Kárpátok Retezat hegységében három gleccsertó kovaalga közösségei alapján rekonstruáltuk az elmúlt, mintegy 16000 év alatt történt változásokat. Az OTKA (83999 és 101362) támogatta munkánk során arra kerestük a választ, hogy klíma hatására bekövetkező változások, vagy az áramló víz határozza-e meg a kovaközösség összetételét. A Retezat hegységben, a Brazi-tó egy zárt tó (45°23'47"N, 22°54'06"E; 0.5 ha; 1,740 m a.s.l.; 1 m mély) míg a Gales tó (45°23'6"N, 22°54'33"E; 3.68 ha; 2,040 m a.s.l.; 20 m mély) és a Lia tó (45°35'30"N, 22°87'87"E, 1.38 ha; 1910 m a.s.l.; 4.7 m mély) nyílt tavak. Áramló/folyóvízi (lotikus) indikátornak a *Diatoma mesodon/hyemale*; *Meriodion circulare* és a *Hannaea arcus*-t tekintettük. A vízszintre a planktonikus/tychoplanktonikus fajok relatív gyakoriságából következtettünk. A Brazi tóban a lotikus fajok csak a későglaciálisban fordultak elő, akkor is nagyon kis gyakorisággal. A két nyílt tóban a későglaciálisban és a kora Holocénben 20-30%-ot is elért a lotikus fajok gyakorisága. A Holocén klímaoptimum (HCO) idején a Galesban (amikor alacsony vízszintet feltételezünk) magasabb volt a lotikus fajok aránya (~20-30%), később, a magasabb tó vízszint mellett arányuk ~10% körülre csökkent. A Liában a Holocén ideje alatt folyamatos vízáramlásra következtettünk. Kvantitatív pH és foszfor rekonstrukciók, és a kovaalgák életformáinak változásaiból is következtettünk a vízszint változásaira.

Late-Quaternary diatom-based lake level reconstruction in closed and open montain lakes

Lacustrine deposits of closed lakes are ideal objects for assessing the climatic changes and human impacts. Closed lakes have no inflows (brooks, creeks), while open lakes have inflows and outflows. Environmental history of the last 16,000 years was reconstructed on the basis of diatom assemblages from three glacial lakes in the Southern Carpathians, in the Retezat Mountains. The objective of this study was to assess the influence of running water and climate on the diatom assemblages. Lake Brazi is a closed lake (45°23'47"N, 22°54'06"E; 0.5 ha; 1,740 m a.s.l.; 1 m water depth) while lake Gales (45°23'6"N, 22°54'33"E; 3.68 ha; 2,040 m a.s.l.; 20 m water depth) and Lake Lia (45°35'30"N, 22°87'87"E, 1.38 ha; 1910 m a.s.l.; 4.7 m water depth) are open lakes. *Diatoma mesodon/hyemale*; *Meriodion circulare* and *Hannaea arcus* were regarded as lotic indicators. The relative abundance of planktonic/tychoplanktonic diatoms was informative for lake level changes. In the closed Lake Brazi the occurrence of lotic taxa was mainly restricted to the lateglacial (before 11,500 years), and it was sporadic. In the open lakes (Gales and Lia) the relative abundance of lotic taxa reached the 20-30%. During the Holocene Climate Optimum (HCO), when low lake level was reconstructed, the relative abundances of lotic diatoms were high (20-30%) in Lake Gales. After the HCO, during the neoglacial cooling, the lake level was higher and the relative frequency of lotic taxa was around 10%. In Lake Lia the permanent presence (5-10%) of lotic taxa refers to the running water during the Holocene. Quantitative pH and phosphorous reconstructions, as well as the analysis of life form changes of diatoms support our lake level reconstruction.



Futóbogár-együttesek (Coleoptera: Carabidae) szerveződését befolyásoló tényezők Maros menti élőhelyen – előzetes eredmények

Császár Péter, Gallé Róbert, Maák István, Szpisjak Nikolett, Torma Attila

SZTE, Ökológiai Tanszék, H-6726 Szeged, Közép fasor 52, csaszsi124@gmail.com

Az izeltlábú-együttesek szerveződésére az élőhely és a táj jellemzői egyaránt hatnak. Vizsgálatunk célja az volt, hogy megállapítsuk mely élőhelyi és táji változók befolyásolják a futóbogár együttesek fajgazdagságát és fajkompozícióját ártéri élőhelyeken. Vizsgálatainkat a Maros Pécskához (Pecica) közeli szakaszán végeztük. A folyóparton és szigeteken összesen 30 mintavételi helyet jelöltünk ki. A mintavételezés talajcsapdákkal történt; 5-5 csapdával minden mintavételi helyen, 2011-2012. években. Az élőhelyet jellemző változókat (sziget vagy part, lombkorona zártsága, növényzet magassága és százalékos borítása, az avartakaró százalékos borítása, szabad talajfelszín aránya) helyben felvételeztük, a táji változók számolása térinformatikai szoftverek segítségével még folyamatban van. Előzetes eredményeinkben ezért csak a lokális változók és a mintavételi évek hatásáról és az egyedek nagy részén észlelt gombás fertőzésről számolhatunk be. A két évben a gyűjtött futóbogár fajok abundanciája, frekvenciája nagyon eltérő volt. Kevert lineáris modellek alapján az össz fajszámot elsősorban az élőhely: sziget vagy part határozta meg. Mellette a lombkorona zártságának és a növényzet százalékos borításának volt hatása. Az erdei specialista fajok számára csak az élőhely volt hatással. Mind az össz fajszám, mind az erdei specialista fajok száma alacsonyabb volt a szigeteken. A csapdák 70%-ban találtunk gombával fertőzött egyedeket, és az összegyűjtött (1758 egyed) 27,4 %-a volt fertőzött. A fertőzöttség leginkább egy fajt (*Limodromus assimilis* (Pontoppidan, 1763)) érintett, ami egyben a leggyakoribb faj volt. A gombával való fertőzöttség lényegesen nem tért el a sziget és parti élőhelyek között. Vizsgálatainkat a HURO/0901/205/2.2.2 project keretében végeztük.

Factors influencing ground beetle assemblages (Coleoptera: Carabidae) in the floodplain area of the River Maros – Preliminary results

Arthropod assemblages are influenced by both habitat and landscape level factors. The main goal of present study was to reveal the factors influenced the ground beetle assemblages in floodplain habitats. The study was carried out in a floodplain area of Maros near to Pécska (Pecica) village. Altogether, 30 sample sites including both river bank and island habitats were selected for study. We applied 5 pitfall traps in each site in the years of 2011-2012, and the following habitat parameters were recorded: location (island vs. bank), vegetation coverage, leaf litter and bare soil, average height of herbaceous vegetation, canopy closure. As the landscape parameters were not calculated up to now, we discussed only the effects of habitat factors, sampling years and fungal infection on ground beetles. The abundance and frequency of collected species differed between the two sampling years. According to mixed effect models, the habitat location (island vs. bank), canopy closure and the vegetation coverage influenced the species richness of ground beetles. Both the total number and the number of forest specialist species were higher in bank than in island habitats. 27.4 % of the collected specimens were infected by fungus. The most infected species was *Limodromus assimilis* (Pontoppidan, 1763), which was the most frequent species, too. The present study was supported by the HURO/0901/205/2.2.2 project.



A HIV-1 fertőzés betegségprogressziója: egy új hipotézis matematikai modellezése

Csatári Gábor, Müller Viktor

Eötvös Loránd Tudományegyetem, Természettudományi Kar, Növényrendszertani, Ökológiai és Elméleti Biológiai Tanszék, gcsatari@yahoo.com

A HIV-fertőzést az immunrendszer állapotának lassú romlása jellemzi: a folyamat (betegségprogresszió) rendszerint gyógyszeres kezelés nélkül is sok (átlagosan 8-10) évig tart. Noha számos hipotézis létezik, máig sem tudjuk bizonyosan, miért romlik a betegek állapota (mi „hajtja” a betegségprogressziót), a legtöbb elmélet nem képes megmagyarázni, miért ilyen lassú a folyamat. További nehézség, hogy az idő előrehaladtával a vírus fő célsejtjeinek (CD4+ T sejtek) szintje csökken, a vérbeli vírusszint viszont – a fertőzhető sejtek fogyása ellenére – növekedni tud. Kutatásunk során a betegségprogresszió egy kevésbé ismert hipotézisét vizsgáltuk meg matematikai modellezés segítségével. A nyirokszövetek létfontosságú fenntartó környezetet biztosítanak a CD4+ T sejtek számára, ugyanakkor antigén csapdázó képességük révén megkötik a HIV-1 vírusrészecskéket. HIV-1 fertőzés során a nyirokszövet szerkezete fokozatosan károsodik így ez a kettős funkciója is romlik. Megvizsgáljuk, hogy a nyirokrendszer leépülése képes-e egyidejűleg magyarázni, hogy betegségprogresszió során a CD4+ T sejtek száma csökken (a csökkenő eltartóképesség miatt), a vérbeli vírusszint pedig emelkedik (a csökkenő visszatartó képesség miatt). Mivel a leépülés sok év alatt játszódik le, a hipotézis a betegségprogresszió lassúságát is megmagyarázhatja. A hipotézist matematikai modellek segítségével vizsgáltuk, a szervezeten belüli folyamatokat leíró vírudinamika korábbi modelljeinek bővítésével. A vizsgált modellváltozatok egy része képes volt visszaadni a betegségprogresszió kettős folyamatát (célsejtek fogyása vírusszint emelkedés mellett), tehát a nyirokrendszer leépülése valóban lehet a HIV betegségprogresszió hajtóereje. A modellek szisztematikus vizsgálatával a hipotézis érvényességi körét is behatároltuk (meghatároztuk, mely feltételek teljesülése esetén lehet érvényes).

Modelling a new hypothesis of HIV-1 disease progression

HIV-1 infection is characterized by the slow degradation of the immune system: this process (disease progression) usually lasts for many years even without antiviral treatment. The mechanisms of disease progression are not fully understood and most theories cannot account for the slowness of the process. It is also difficult to explain how the level of virus in the blood can increase while the main target cells of the virus (CD4+ T cells) are progressively lost. We used mathematical modelling to investigate an alternative hypothesis of disease progression. The cellular architecture of lymphoid tissues has a dual role in HIV infection: it constitutes an essential microenvironment for CD4+ T cells and it is also the main reservoir of viral particles, which are trapped on the surface of lymphoid cells. During HIV-1 infection the lymphoid system undergoes a progressive structural disruption. We hypothesize that this degradation can explain the simultaneous decline of CD4+ T cells (due to decreasing carrying capacity) and increase of blood viral levels (due to increasing release to the blood). As this process takes a long time our hypothesis could also explain the slowness of disease progression. Using the framework of within-host virus dynamics, we demonstrate that the deterioration of the lymphoid system may indeed act as the main driving force of HIV-1 disease progression, and explain both of its characteristic processes. A systematic analysis of model variants also allowed us to define under which assumptions our hypothesis can be valid.



Eltérő peterakási stratégia a szürkés (*Maculinea alcon alcon*) és a karszti hangyaboglárkánál (*Maculinea alcon xerophila*) (Lepidoptera: Lycaenidae)

Czekes Zsolt, Ferencz Márta, Molnár Gyöngyvér, Markó Bálint

Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, Babeş-Bolyai Tudományegyetem, Clinicilor 5-7, Kolozsvár, Románia, czekes@yahoo.com

Az obligát élősködő hangyaboglárkák (*Maculinea spp.*) életmódja rendkívül sajátos. A specifikus tápnövényre rakott petékből kikelő lárvák a tápnövény magkezdeményeivel táplálkoznak, majd a harmadik vedlés után elhagyják a növényt, ezt követően bizonyos vörös bütyköshangya fajok (*Myrmica spp.*) adoptálják őket. A lárvák a hangyák fészkeiben fejlődnek 10-11 hónapon át, itt bábozódnak be és itt is kelnek ki. Ilyen szociálp parazita életmód jellemző a általunk kutatott két, kakukk-stratégiát folytató (hangyák által aktív módon etetett) lepke, a szürkés (*Maculinea alcon alcon* [Denis & Schiffermüller], 1775) és a karszti hangyaboglárka (*M. alcon xerophila* Berger, 1846) hernyójára. A *Maculinea a. alcon* petéit kornistárnicsra (*Gentiana pneumonanthe*) rakja, míg a *M. a. xerophila* a Szent-László tárnicsot (*G. cruciata*) használja peterakásra. A peterakási preferencia rendkívül fontos lehet, ugyanis a petéből kikelő láva számára szükséges a kellő mennyiségű és minőségű táplálék, ugyanakkor az intraspecifikus kompetíció elkerülése és a megfelelő hangyagazda fajhoz tartozó kellő számú egyed jelenléte is létfontosságú. A *Maculinea alcon* két ökotípusának petézési stratégiáját, valamint a két stratégia között mutatkozó különbségeket vizsgáltuk kilenc Erdélyi populáció esetében. A *Maculinea a. alcon* és a *M. a. xerophila* tápláléknövényeinek más-más részét használta petézés számára, előbbi elsősorban a növény csészeleveleire, utóbbi inkább a levelekre helyezte a petéinek nagyrészét. A két ökotípus esetében az egyes tényezők részben hasonlóan, részben eltérő módon befolyásolták a növényekre helyezett peték számát, a tápnövény és a környező növényzet magassága negatívan befolyásolta a *M. a. alcon* de pozitívan a *M. a. xerophila* peterakását.

Differences in egg laying strategies between the Alcon blue (*Maculinea alcon alcon*) and the Mountain alcon blue (*Maculinea alcon xerophila*) (Lepidoptera: Lycaenidae)

The lifestyle of the obligate parasite *Maculinea* species is highly specific. They lay their eggs on specific host plants. Larvae emerging from these eggs feed on plant tissue until the fourth instar larvae leave the plant and are being adopted by *Myrmica* ants. These larvae develop in the ant nest for the next 10-11 months after which they pupate, and emerge as adults. This parasitic lifestyle characterizes our two studied butterflies, *Maculinea alcon alcon* (Denis & Schiffermüller, 1775) and *M. alcon xerophila* Berger, 1846, the larvae of which are fed by ant workers. Females of *M. a. alcon* lay their eggs on *Gentiana pneumonanthe* while *M. a. xerophila* uses *G. cruciata* for egg laying. Biases in the egg laying pattern of females are of great importance, as the availability of qualitatively and quantitatively sufficient food source is essential for the larvae, as well as the avoidance of intraspecific competition and the presence of host ant individuals around the host plant. The egg laying strategy of the two ecotypes was studied in nine butterfly populations in Transylvania. The two ecotypes preferred different parts of their host plants for egg laying; females of the former laid most of their eggs on the sepals while those of the latter on leaves. Some of the different environmental factors influenced the egg laying of the two ecotypes in similar manner, while others in a different way, the height of the host plants and that of the surrounding vegetation influenced negatively the egg laying of *M. a. alcon*, but positively, the egg laying of *M. a. xerophila*.



A *Pedicia staryi* fajcsoport (Diptera, Pediciidae) mitokondriális filogenetikája: a Kárpátok vízi élőhelyeinek komplex evolúciója

Dénes Avar-Lehel, Kolcsár Levente Péter, Keresztes Lujza

Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, Babeş-Bolyai Tudományegyetem, Clinicilor 5-7, Kolozsvár, Románia, avar_lehel@yahoo.com

A Kárpátok térsége az európai vízi élőhelyek biodiverzitásának fontos forrása és diverzifikációs központja. Ennek ellenére az itt található bennszülött fajok fajképződési folyamatairól és genetikai strukturálódásáról kevés információval rendelkezünk. Jelen tanulmányunkban a Kárpátokban endemikus, szűk elterjedési területtel rendelkező szőrösszemű iszapszúnyog fajok (Diptera, Pediciidae) standard DNS szekvenciáit (mtDNS COI) hasonlítottuk össze így vizsgálva a populációk (61 egyed, 13 populáció) genetikai szerkezetét és filogeográfiai mintázatát. A genetikai strukturák divergenciája azt mutatja, hogy a *P. staryi* fajcsoporton belül elkülöníthető egy 3 fajból álló evolúciós egység (*Pedicia apusenica*, *P. lobifera*, *P. staryi*), melyek kizárólag a Kárpátok karsztforrásai mentén találhatók. A genetikai távolság a legközelebbi rokon fajktól (*P. straminea*, *P. spinifera*) 12,3%, ami egy igen mély szétválásra utal és nagy valószínűséggel kapcsolatba hozható a Kárpátok karsztvidékeinek egyedülálló Miocén-Pliocén kori fejlődéstörténetével. Az egyes fajok haplotípusainak a száma alacsony (*P. apusenica* - 1, *P. lobifera* - 3, *P. staryi* - 7) és szigetszerű elterjedést mutat a Kárpátokban, ami hangsúlyozza a fajok reliktum jellegét, és allopatrikus fajképződési folyamatokra utal. Az egyes fajokhoz tartozó haplotípusok között átfedéseket nem tudunk kimutatni ami a fajok közti génáramlás megszűnésére utal. A *P. staryi* rendelkezik a legnagyobb elterjedési területtel, két elszigetelt populációja a Radnai és a Bucegi hegységből is előkerült. E faj esetében aktív fajképződési folyamatokat mutattunk ki, a genetikai strukturálódás a két csoport között jelentős (9,8%), kriptikus taxonok jelenlétére utal. Ez a genetikai strukturálódás azonban nem járt jelentős morfológiai szétválással.

Mitochondrial phylogeny of *Pedicia staryi* species group (Diptera, Pediciidae): the complex evolution of aquatic habitats in the Carpathians

The Carpathian Area is recognized as one of the most important hotspot for aquatic biodiversity in Europe. However data on the age and origin of its endemic fauna is highly neglected. In the present study we analyzed the phylogeography and population genetic structures of three range-restricted endemic dipteran species (*P. apusenica*, *P. lobifera*, *P. staryi*) from the Carpathians and a wide-spread species (*P. straminea*) belonging to the staryi group, using a mitochondrial DNA marker (mtCOI). Our data based on the mtCOI sequences of the 61 individuals from 13 populations shows that the three endemic species (*P. apusenica*, *P. lobifera*, *P. staryi*) are highly distant from the fourth member of this group (*P. straminea*), and reveals highly divergent patterns (12,3% sequence divergence), that are closely related to the complex evolution of the karst areas in the Carpathians during the Miocene-Pliocene period. The number of haplotypes for each species is low (*P. apusenica* - 1, *P. lobifera* - 3, *P. staryi* - 7) and shows a island-like presence, which emphasises the species relict nature and indicates allopatric speciation processes. We didn't find any overlapping haplotypes, which indicates that there is no gene flow between the species. *P. staryi* has the largest area of distribution, with two isolated populations in the Rodnei and Bucegi mountains. We detected active speciation processes in the case of this species, with significant genetic structuring (9,8%) between the two groups, which indicates the presence of cryptic taxa.



A *Mucor circinelloides* HMG-KoA reduktáz génjeinek kifejeződése különböző környezeti hatásokra

Farkas Anita, Nagy Gábor, Papp Tamás, Vágvolgyi Csaba

Szegedi Tudományegyetem, Természettudományi és Informatikai Kar, Mikrobiológiai Tanszék, 6726 Szeged, Közép fasor 52, bioanita88@gmail.com

A *Mucor circinelloides* a járomspórás gombák közé tartozó karotinoid termelő gomba, mely a karotinoid bioszintézis genetikai és biokémiai hátterének tanulmányozásában fontos szerepet tölt be, mint modellorganizmus. A karotinoidok terpenoid típusú vegyületek, melyek képződésének közös útvonala az úgynevezett acetát-mevalonát út, melynek központi lépését a HMG-KoA reduktáz katalizálja. A *M. circinelloides* genomja három HMGR gént kódol (hmgR1, hmgR2, hmgR3). Munkánk célja a három hmgR gén kifejeződésének és funkciójának vizsgálata. Ennek érdekében megvizsgáltuk a gének kifejeződését a tenyésztési idő alatt a spórák csírázásának megindulásától. Vizsgáltuk a különböző hőmérséklet, a sóstressz, valamint egyes szénforrások hatását a gének kifejeződésére. A *M. circinelloides*-re jellemző a morfológiai dimorfizmus, az a képesség hogy az egyébként fonalas gomba bizonyos körülmények között (pl. magas glükóz koncentráció, anaerob környezet) élesztőszerű növekedésre is képes. Ezért megvizsgáltuk a gének kifejeződését anaerob környezetben is. Ezzel párhuzamosan megkezdtük az egyes hmgR gének poszt-transzkripciós csendesítését, antiszensz RNS technikát alkalmazva. Az eddigi eredményeink azt mutatják, hogy mindhárom gén kifejeződik, de különböző mértékben. A vizsgált körülmények között a hmgR1 minden esetben alacsony expressziós szintet mutatott. Aerob körülmények között a hmgR2 fejeződik ki a legerősebben és valószínűleg fontos szerepet tölt be az általános izoprenoid bioszintézisben. A hmgR3 magas relatív transzkripciós szintet mutat anaerob körülmény között és fontos szerepet tölt be a fonalas növekedésben is.

Expression of HMG-CoA reductase genes under different effects in *Mucor circinelloides*

Mucor circinelloides (Mucoromycotina) is a carotene producing fungus, which has been used as a model organism in the study of the carotene biosynthesis. Carotenoids are terpenoids, and synthesized in the acetate-mevalonate pathway. The central step in this pathway is catalysed by the HMG-CoA reductase. The genome of *M. circinelloides* has three HMGR genes (hmgR1, hmgR2, hmgR3). Our aim was to study the expression and function of the three hmgR genes in *M. circinelloides*. We examined the expression of the genes during the cultivation period, from the start of the germination of spores, at different temperatures and on different carbon sources. We studied also the effect of NaCl on the expression of genes. Morphological dimorphism is a characteristic feature of *M. circinelloides*. In the absence of oxygen and/or at high glucose concentration in the medium, filamentous growth of the fungus switches to a yeast-like form. Therefore, we examined the changes in the relative-transcription levels of the genes under aerobic and anaerobic conditions. At the same time, we started to post-transcriptional gene silencing of the hmgR genes with antisense RNS technique. Our results show, that all three genes are expressed, but in varying degrees. The hmgR1 had very low transcription level in each experiment. The hmgR2 had the highest expression level under aerobic growth than hmgR1 and hmgR3 and may play an important role in the isoprenoid metabolism. In contrast the transcription level of hmgR3 was higher than the other two genes under anaerobiosis and seems to have important role in the mycelial development.



A vadriasztás gyakorlati lehetőségei autópályák és egyéb utak mentén, vadak távoltartása mezőgazdasági és erdészeti területektől

Farkas János, Pokorni Flóra, Kulcsár Árpád, Cserkész Tamás

ELTE Útökológiai Munkacsoport (Állatrendszertani és Ökológiai Tanszék), 1117 Budapest, Pázmány P. sétány 1-c, farkasj@elte.hu

Az autópályákat és a vasutakat nagyrészt hosszú, zavarásmentes sáv kíséri, ahol változatos élőhelyeken sok állatfaj talál menedéket. Az idillinek tűnő „együttélést” az egyre gyakrabban bekövetkező gázolásokról tényre feketíti be. Európában becslések szerint évente 500.000 nagyvad-gázolás történik, 30.000 ember sérül meg és ebből 300 halálos. A vadelutések megelőzése tehát fontos feladat, az úttesttől minden elérhető és hatékony eszközzel távol kell tartani az állatokat. Munkánkban összefoglaljuk a legújabb vadelutés mérési módszereket. A téma azért is fontos, mivel Romániában az autópályák napjainkban egyre nagyobb ütemben épülnek. Az autópályák mentén leggyakrabban alkalmazott módszer a védőkerítések telepítése. A védőkerítés hatékony megoldás az elutések csökkentésére, amennyiben megfelelő a kialakításuk és a karbantartásuk. Vizsgálataink szerint az elutések túlnyomó többsége ott történik ahol hibás a kerítés, illetve a csomópontokban, ahova a fel- és levezető ágaknál nem lehet kerítést építeni. Ezeket a kritikus helyeket többféle vadriasztó módszert teszteltünk. Ilyenek az optikai prizmák, akusztikus reflektorok, ultrahangos és akusztikus eszközök, kémiai vadriasztók és az elektromos kerítés. Ezekről általánosan elmondható, hogy nem hatékonyak. Probléma, hogy az általuk kibocsátott inger nem elég erős, valamint az állatok hamar megszokják. További, hatásos módszerek fejlesztésével is foglalkoztunk, ezek közé tartoznak az INKE akusztikus vadriasztók. Az eszközt az állat mozgása aktiválja és az ember által is hallható hangot bocsát ki. Vizsgálataink szerint hatékonyan bizonyult a leggyakoribb állatfajok esetében is. A riasztó hatására az állatok nem csak elmenekültek a területéről, hanem idővel elkerülték azt. Jelenleg vizsgáljuk, hogy a módszer hogyan lehetne hasznosítható a mezőgazdaságban, illetve egyéb, riasztó szaganyagokon alapuló megoldások kidolgozása és tesztelése is folyamatban van.

The possibilities to repel wildlife from highways and other roads, agricultural fields and forests in practice

Along the motor- and railways we can often find good and quiet habitat for many animal species. However the wildlife-vehicle collisions (WVCs) cause serious traffic safety and conservation problems. By estimations in Europe the number of WVCs is approximately 500.000. 30.000 people get injured in these accidents and 300 people die. The reduction of the WVCs therefore is an important objective and in our study we present the newest solutions for that. The topic is also important in Romania where nowadays the constructions of the highways increase. A popular method for prevent WVCs are wildlife fences. Fences are effective if their construction is good and they are well maintained. According to our study the most WVCs happens where the fences are wrong or near the interchanges where animals can easily get up thru the slip roads to the highways. We tested several wildlife repellents in the hot spots. These were optical, acoustic reflectors, ultrasonic and chemical animal repellents. In general these methods are not efficient because their signal is not drastic enough and animals can get used to it quickly. We developed other solutions like the INKE acoustic wildlife repellent. The tool is activated by the movements of the animals and gives a very strong acoustic signal. It is effective for the most popular game species. Animals not just ran way but they changed the way of their movements. Nowadays we examine how the method can be used in agriculture and also we test other chemical animal repellents.



Rho-kinázok szerepe a melanóma agyi áttétképzésében

Fazakas Csilla, Wilhelm Imola, Végh Attila Gergely, Molnár Judit, Haskó János, Nyúl-Tóth Ádám,
Váró György, Krizbai István

MTA Szegedi Biológiai Kutatóközpont Biofizikai Intézet, Szeged 6726 Temesvári Krt.62,
fazakas.csilla@brc.mta.hu

Az agyszövetbe való eljutáshoz az áttétképző sejteknek át kell törniük az agyi kapillarisokat bélelő endotélsejteken, amelyek a vér-agy gát legfontosabb alkotóelemei. Ez a folyamat az agyi áttétek kialakulásának egyik kulcsfontosságú lépése. A tumorsejtek közül a melanómasejtek rendelkeznek a legnagyobb központi idegrendszeri affinitással. Keveset tudunk azonban a melanómasejtek és agyi endotélsejtek közötti kölcsönhatásról. Kísérleteinkben egy in vitro modellrendszer segítségével vizsgáltuk a melanómasejtek-endotélsejtek közötti kölcsönhatásokat a tumorsejtek kitapadása és vér-agy gáton történő átjutása során. A tumorsejtek kétféle mozgástípussal képesek vándorolni: a mezenchimális típussal, amelyben a Rac és az extracelluláris proteolízis játszik szerepet, illetve az amöboid típusal, amely a Rho/Rho-kináz útvonal aktiválásával és az aktin citoskeleton kontraktilitás növelésével jár. Megvizsgáltuk, hogy milyen szerepe van ezen útvonalaknak a melanómasejtek vér-agy gáton való átjutásában. A Rho-kinázok gátlása a melanómasejtek mezenchimális mozgását idézte elő; a sejtek alakja megnyúlt, számos aktinban gazdag lamellipodiumot figyeltünk meg. Ugyanakkor megnövekedett az endotéliumhoz kitapadt melanómasejtek száma is. Atom erő mikroszkóp (AFM) alkalmazásával megmértük a melanóma- és endotélsejtek között fellépő adhéziós erőt, és azt tapasztaltuk, hogy a Rho-kináz gátlása jelentősen növelte az adhéziós erőt. Transzmigrációs kísérleteinkben a Rho-kináz gátlása növelte az endotélreágen átvándorolt melanómasejtek számát. Az endotélsejtekben és a melanómasejtekben szelektíven gátolva a Rho/Rho-kináz útvonalat kimutattuk, hogy a fokozott transzmigrációért a melanómasejtek Rho/Rho-kináz útvonal gátlása a felelős. Azt is kimutattuk, hogy ha az endotélsejteket heparinnal előkezeljük, csökken az átvándorló melanómasejtek száma. Ezen eredmények szelektin-dependens mechanizmusokat valószínűsítenek. Eredményeink arra utalnak, hogy a melanómasejtek főként a mezenchimális mozgás által jutnak át a vér-agy gáton.

Role of Rho kinases (ROCK) in melanoma brain metastases formation

During brain metastasis formation melanoma cells have to migrate through cerebral endothelial cells, which form the morphological basis of the blood-brain barrier (BBB). Although melanoma has the highest propensity to metastasize to the central nervous system, the mechanisms of interaction of melanoma cells with endothelial cells of the blood-brain barrier are incompletely understood. Tumor cells are able to migrate using both the Rac-driven elongated, mesenchymal-type of invasion and the ROCK-dependent rounded, amoeboid invasion. In our study we have investigated the role of Rho/ROCK inhibition-induced mesenchymal invasion in the transmigration of melanoma cells through the blood-brain barrier. ROCK inhibition induced a shift of melanoma cells to the mesenchymal phenotype characterized by an elongated cell morphology with large actin-rich protrusions. Inhibition of ROCK raised the number of melanoma cells adhering to and migrating through of the brain endothelial monolayer. Atomic force microscopy measurements have revealed an increase in the binding forces between individual melanoma cells and endothelial cells in response to ROCK inhibition. By selectively inhibiting the Rho/ROCK pathways in melanoma and endothelial cells, respectively, we have shown that the Rho/ROCK signalling of melanoma cells is responsible for the significant increase in the number of tumor cells migrating through the endothelium. On the other hand, pretreatment of endothelial cells with heparin decreased the number of adherent melanoma cells. These findings suggest that adhesion of melanoma cells to brain endothelial cells is selectin-dependent. Our results indicate that induction of the mesenchymal phenotype in melanoma cells potentiates their migration through the blood-brain barrier.



Egy védett lepkefaj, a *Maculinea alcon* 'xerophila' (Lepidoptera: Lycaenidae) torockói populációjának felmérése

Ferencz Márta, Molnár Gyöngyvér, Czekes Zsolt, Vizauer Tibor Csaba

Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, Babeş-Bolyai Tudományegyetem, Clinicilor 5-7, Kolozsvár, Románia, ferenczke@hotmail.com

A populációméretükben Európa-szerte csökkenő tendenciát mutató obligát parazita hangyaboglárkák (*Maculinea* spp.) egyedfejlődése a *Myrmica* nemzetségbe tartozó hangyafajok általi adaptáláshoz kötött, a lepkelárvák kezdeti fejlődésének elengedhetetlen feltétele ugyanakkor a megfelelő mennyiségű és minőségű tápnövény jelenléte is. Populációméretük csökkenésének oka elsődlegesen élőhelyeik fokozatos leromlásában és feldarabolódásában keresendő, mivel, speciális életciklusuknak köszönhetően, rendkívül érzékenyen reagálnak a környezetüket ért változásokra. A vizsgálatunk tárgyát képező, Romániában eddig kevésbé kutatott *Maculinea alcon* 'xerophila', ernyő- és indikátorfaj lévén, kiemelt jelentőséggel bír a természetvédelemben, élőhelyei védelme által számos más faj is védelem alá kerül. Kutatásunk során a torockói *Maculinea alcon* 'xerophila' populációját tanulmányoztuk, a jelölés-visszafogás módszerével vizsgáltuk a populáció méretét, a nemek közötti arányt, az egyedek túlélési rátáját, a populáció aktivitási periódusát, valamint a populációt alkotó egyedek diszperziós távolságát. A lepkék június közepe és július között repültek, egy nagyobb, korai és egy kisebb késői csúccsal. A nőtény egyedek első hetekben csak esetlegesen jelentek meg, a nemek aránya csak a két csúc közötti aktivitási hullámvölgyben bizonyult megközelítően azonosnak. A teljes repülési periódus alatt jelölt him egyedek száma meghaladta a nőtényekének kétszeresét, összesen 241 lepkét jelöltünk meg, ami egy életképes, erős populációra utal.

Estimation of the population size of *Maculinea alcon* 'xerophila' (Lepidoptera: Lycaenidae) in Rimetea

Species of the obligate parasite *Maculinea* butterfly genus have decreasing population size all over Europe. These obligate myrmecophile butterflies have special life cycle: their caterpillars live in the inflorescence of specific host plants until the last larval stage, when they are adopted by ants of the genus *Myrmica*. Lately these butterfly species have become seriously endangered due to habitat fragmentation and loss. There is little information available on Romanian populations of the studied butterfly *Maculinea alcon* 'xerophila' although it is considered to be an umbrella and indicator species, therefore studying could have important implications in conservation biology, through the conservation of this species, many others could gain protection. During our study of a *Maculinea alcon* 'xerophila' near Rimetea (Alba county, Romania), we collected data using the method of Mark-Release-Recapture. The flight period of the butterflies started in mid June and lasted until mid July, with a high early and a lower late peak. Females only occurred incidentally in the first weeks, the number of males and females was close to equal only between the two peaks. The number of males marked during the whole flight period was more than double the females number, we marked a total number of 241 butterflies.



Immobilizációs stressz hatása a β -aktin citoskeletonra vad típusú és apoB transzgénikus egér agyban

Fodor Eszter Klára, Pákási Magdolna, Sántha Petra, Sántha Miklós, Janka Zoltán, Kálmán János

Szegedi Tudományegyetem, Általános Orvostudományi Kar, Pszichiátriai Klinika, 6725, Szeged, Kálvária sugárút. 57, fodor.eszter.85@gmail.com

Immobilizációs stressz hatása a β -aktin citoskeletonra vad típusú és apoB transzgénikus egér agyban. Az Alzheimer-kór (AK) kialakulásának valószínűségét mind az ateroszklerózis, mind pedig a krónikus stresszhatás is növeli. AK-ban a klinikai tünetekért részben a szinaptikus plaszticitás gyengülése lehet felelős. A szinapszisok és dendrittüskék felépítésében és működésében a β -aktin dinamikának és az aktin-kötő fehérjéknek kulcsfontosságú szerepük van. Az ateroszklerózis állatmodelljében a humán apoB-100 túlzott kifejeződése jelentős mértékben megváltoztatja az agyi fehérje profilt, valamint elősegíti a neuronális apoptózist és degenerációt. Jelen kísérletünk célja a stresszhatás és az ateroszklerózis aktin citoskeletonra gyakorolt hatásának vizsgálata volt. Az akut (3 nap) és krónikus (7, 14 és 21 nap) immobilizációs stresszt naponta 5 órán keresztül alkalmaztuk vad típusú és apoB-100 transzgénikus egér törzseken. Célkitűzésünknek megfelelően a β -aktin, a cofilin és a mitogén aktivált protein-kináz 1 (MAPK1) mRNS expresszióját real-time-PCR-rel, fehérje kifejeződését western blot technikával vizsgáltuk hippokampuszban és frontális kortextben vad típusú és apoB-100 transzgénikus egereknél. A β -aktin és cofilin mRNS expressziója a 3. npra szignifikánsan emelkedett a stressz hatására a hippokampuszban, majd a 21. npra lecsökkent az transzgénikus állatoknál. Hasonló irányú változások jellemezték a MAPK1 mRNS kifejeződés idő-kinetikáját nemcsak a hippokampuszban, hanem a kortextben. A vizsgált fehérjék kifejeződésében szintén megfigyelhető az emelkedés, majd csökkenés az idő függvényében. Az eredmények alapján valószínűsíthető, hogy az ateroszklerózisnak szerepe lehet a stressz indukált citoskeletonális változások módosításában. A citoskeletonális mRNS és fehérje fordított U-alakú görbével jellemezhető expresszió változása a krónikus stressz által aktiválódó adaptációs mechanizmust feltételez.

The effect of immobilization stress on the β -actin cytoskeleton in wild type and apoB transgenic mice brain

Both atherosclerosis and chronic stress influence the onset of Alzheimer's disease (AD). Impairment of synaptic plasticity is partially responsible for clinical symptoms of AD. β -actin dynamics and actin-binding proteins have a key role in forming synapses and dendrite spines. Overexpression of human apoB-100 in transgenic mouse model alters protein profile in the brain significantly and facilitates neuronal apoptosis and neurodegeneration. Our aim was to study the effect of immobilization stress and atherosclerosis on the actin cytoskeleton. We applied acute (3 day) and chronic (7, 14, 21 day) immobilization stress (IS) for 5 hours daily in wild type and apoB-100 transgenic mice strains. We examined the mRNA expression of β -actin, cofilin and mitogen-activated protein kinase 1 (MAPK1) with real-time-PCR and the protein expressions with western blot in hippocampus and frontal cortex of wild type and apoB-100 transgenic mice. The IS induced significant elevated β -actin and cofilin expression on day 3 and it was decreased on day 21 in the hippocampus. We found similar changes in the expression of MAPK1 in both hippocampus and cortex. The levels of examined protein also increase and later decrease with the time. Our results indicated that the atherosclerosis have a role in the modification of the stress-induced cytoskeletal alterations. The changes of mRNA and protein expressions follow reverse-U-shaped curve, which presumed an adaptation mechanism induced by chronic stress.



A hősokk hatása mérsékelt-övi gyepi és gyomfajok magvainak csírázására

Fodor Izabella Enikő, Kuhn Thomas, Kondics Beatrix Emese, Fenesi Annamária, Ruprecht Eszter

Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, Babeş-Bolyai Tudományegyetem, RO-400015 Kolozsvár,
Republicii utca 42, fodor_nk@yahoo.com

A tűznek, mint természetes zavarási tényezőnek, kulcsfontosságú szerepe van a biodiverzitás fenntartásában számos ökoszisztéma esetében. Romániában az égetés a gyepeknek egy új tájhasználati típusává vált az utóbbi 10 év során. Kutatásunk célja, hogy megtudjuk hogyan hat ezen zavaró tényező gyepeink növényeinek csírázókéességére. A tűz magvakra gyakorolt közvetlen hatásai a magas hőmérséklet és az égés során képződött füst és hamu, utóbbiak az ezekben található kémiai komponenseknek köszönhetően. Kísérletünkben mi csupán a hőhatást vizsgáltuk. Hipotéziseink szerint a növények filogenetikai hovatartozásuk, illetve élőhelytypusuk alapján eltérően reagálhatnak az égés során keletkező magas hőmérsékletekre. Kísérletünkben 16 gyepi és gyomnövény magvaival dolgoztunk, amelyek négy családba tartoznak (pillangósvirágúak, fészekvirágzatúak, ajakosvirágúak, pászitfűfélék). A teletetési időszak után a magvak különböző hősokk kezeléseknél részesültek: 60, 80, 100, 120°C-os hőhatás 1 percig, illetve 60 és 100°C-on 5 percig. Voltak kontroll magvak is, melyek nem estek át semmilyen kezelésem. A kezeléseket követően a magvakat a kolozsvári Botanikus Kertben cserépekben csíráztattuk és csírázási arányt számoltunk. Eredményeink alapján elmondhatjuk, hogy a növényfajok több mint fele negatívan reagál az 5 percig tartó 100°C-os hősokk kezelésre. A gyepi- és gyomfajok csírázási válaszai között nem volt különbség. A családok eltérően reagáltak a kezelésekre, a pillangósvirágúak legtöbb esetben pozitívan, a többi három család pedig többnyire negatívan. Ezek alapján elmondható, hogy a tűz serkentő lehet a pillangósvirágúak magvainak csírázására, ezáltal ezek elszaporodását válthatja ki az égetett területeken, továbbá a tűz negatívan befolyásolja a fészekvirágzatúakat és ajakosvirágúakat, és a gyepek domináns és meghatározó fajait, a pászitfűféléket. Az égetések tehát átalakulásokat eredményezhetnek a gyepek fajösszetételében, ezek pedig a fajgazdagságot negatívan befolyásolhatják.

Effect of heat shock on seed germination of grassland and ruderal species from temperate regions of Europe

Fire is a widespread natural disturbance on a global scale. In the last decade, there was an increase in grassland-burning activities in Romania. Therefore, the aim of our study was to assess the effect of heat shock on the seed germination of native grassland and ruderal species, which are not adapted to fire. Our hypotheses were that species will react to heat shock based on their phylogeny and habitat affiliation (grassland vs. ruderal species). We involved in our study 16 herbaceous plant species, belonging to four families (Fabaceae, Asteraceae, Lamiaceae, Poaceae). After stratification we applied different heat shock treatments of 60, 80, 100, and 120°C for 1 minute and 60, 100°C for 5 minutes to seeds. After the treatments seeds were put to germinate in pots. Then we recorded cumulative germination of seeds. Our results indicate that 10 species reacted negatively to the heat shock of 100°C for 5 min. The response of ruderal and grassland species to heat shocks did not differ. The reaction of the species belonging to the Asteraceae, Lamiaceae, Poaceae families was mostly negative to higher temperatures (heat shocks of 100°C for 5 min). Only species belonging to the Fabaceae family reacted without any negative consequence or rather positively to our treatments. These results suggest that burning activities can increase the abundance of the Fabaceae species, and decrease the members of the Poaceae, Asteraceae, Lamiaceae families. Such compositional changes of our grasslands as a consequence of anthropogenic fire can have serious consequences on their biodiversity.



A kriszin szerepe a CCl₄ okozta máj- és vesekárosodás megelőzésében

Fülöp András, H. Herman, C. Popa, M. Rosu, A. Hermenean

Vasile Goldis Western University of Arad, Str. Liviu Rebreanu Nr. 86, Arad, andreey77@yahoo.com

A kriszin (5,7-dihydroxyflavon) egy természetes flavonoid, mely nagy mennyiségben megtalálható a mézben, a propoliszban illetve számos növényi kivonatban. Farmakológiai hatását számos tanulmány vizsgálta, mely során antioxidáns, allergia ellenes, gyulladáscsökkentő és a rák megelőzésben betöltött szerepet is leírták. Munkánk során azt találtuk, hogy a kriszin, a CCl₄ indukálta máj és vesekárosodásra jellemző morfo-patológiai elváltozásokat jelentős mértékben csökkentette, megelőzte. A kriszint (50mg/kg) 7 napon keresztül per os juttattuk be Swiss típusú egerekbe, majd a 8-ik napon intraperitoneálisan 1.0 ml/kg CCl₄ fecskendeztünk. A máj és vesekárosodást hisztopatológiai vizsgálatot a toxin bejutását követően, 24 óra elteltével végeztük. A CCl₄ adagolást követően, 24 óra elteltével megfigyelhetőek voltak a májsejtek nekrotikus elváltozásai, a vakuoláris degradáció, sejtmag piknozis, és a nekrozis. A nekrozis a centilobularis régióban volt a legkifejezettebb, mely régióban a gyulladással járó sejtek infiltrációja és a májsejtek makro és mikrovezikuláris steatozisa is megfigyelhető. A kriszin preventív alkalmazását követően, a CCl₄-al kezelt egerekben csak az enyhe és közepes mértékű máj- és vesekárosodáshoz tartozó morfológiai elváltozásokat voltak megfigyelhetőek, a kizárólag CCl₄ kezelt állatokhoz képest, ahol a súlyos máj- és vesekárosodásra jellemző morfológiai elváltozások domináltak. A vese hisztopatológiai vizsgálata azt mutatta, hogy ezen flavonoid markánsan csökkentette a CCl₄ toxikus hatását, megőrizve a veseszövet normális szerkezetét. Eredményeink azt sugallják, hogy a kriszin preventív alkalmazása megelőzi a CCl₄ máj- és vesekárosító hatását.

Protective effects of chrysin against carbon tetrachloride - induced hepato-renal damage in mice

Chrysin (5,7-dihydroxyflavone) is a natural flavonoid and is present at high levels in honey, propolis and many plant extracts. It has been extensively investigated for its pharmacological activities, including antioxidant, anti-allergic, anti-inflammatory, anti-cancer properties. The present study describes the prevention of liver and kidney morphological changes through chrysin administration, on CCl₄-induced hepato-renal injury in mice. Chrysin (50mg/kg b.w.) was administered orally to Swiss mice for 7 days, followed by a single i.p. of 1.0 ml/kg CCl₄ on the 8th day. Liver and kidney histopathological investigations were performed 24 hours after toxic administration. After 24 hours of CCl₄ exposure, necrotic changes of hepatocytes including vacuolar degeneration, nuclear pyknosis and necrosis were observed. The necrosis was more pronounced in the centrilobular area with infiltration of inflammatory cells, sinusoid congestion, macro- and microvesicular steatosis of hepatocytes. Pre-treatment with chrysin showed mild to moderate hepatocellular CCl₄ morphological alteration. The histopathological studies in the kidney of mice also showed that flavonoid markedly reduced the toxicity of CCl₄ and preserved the normal architecture of the renal tissue. Taken together our results suggest that preventive administration of chrysin prevents structural hepato-renal damages induced by CCl₄.



Tollminőséget jelző változók és tollbontó baktériumok általi terheltség közötti kapcsolat vizsgálata házi verebeknél (*Passer domesticus*)

Fülöp Attila, Vágási I. Csongor, Czirják Gábor Árpád, Bărbos Lőrinc, Pap Péter László

Evolúciós Ökológia Csoport, Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, Babeş-Bolyai Tudományegyetem, Clinicilor 5-7, Kolozsvár, Románia, fafeldolgozo@gmail.com

A tollbontó baktériumok a legtöbb madárfaj tollzatán jelen vannak és jelentős szelekciós nyomást képviselnek azáltal, hogy a tollak β -keratinját bontják le. A madarak részben a faroktömirigyük váladékával védekezhetnek a tollbontó baktériumokkal szemben. Kevésbé ismert azonban a tollroncsoló baktériumok hatása a tollzat minőségére és a faroktömirigy esetleges közvetítő szerepe. Kutatásunkban a repülőtollak minősége, a tollbontó baktériumok abundanciája és a faroktömirigy mérete közötti viszonyt vizsgáltuk házi verebeknél (*Passer domesticus*) az év két különböző időszakában: költéskor, valamint teelés alatt. A repülőtollak minőségét a toll-lyukak- és a tollhibák számával, valamint a tollak kopásának mértékével jellemeztük. Kutatásunk legfontosabb eredményei a tollbontó baktériumok hatására vonatkozóan a következők: (i) a tollbontó baktériumok abundanciája pozitívan korrelált a toll-lyukak számával a költési időszakban a tojó madaraknál, (ii) a tollbontó baktériumok mennyisége pozitív összefüggésben állt a tollhibák számával a költési időszak alatt és (iii) a tollbontó baktériumok abundanciája pozitívan korrelált az evezőtollak kopásával a költési időszakon kívül. Ugyanakkor, a faroktömirigy tollminőségre gyakorolt jelentősebb hatásai a következők voltak: (i) a faroktömirigy mérete negatív összefüggésben állt a toll-lyukak számával, (ii) a mirigy mérete és a tollhibák száma között negatív viszony volt a költési időszakon kívül, valamint (iii) az evezőtollak kopása negatív összefüggésben állt a faroktömirigy méretével. Eredményeink azt sugallják, hogy a tollbontó baktériumok befolyásolhatják a repülőtollak minőségét házi verebeknél és ezen összefüggések közvetítésében a faroktömirigy szerepet játszhat.

Feather quality and feather-degrading bacterial loads are related in house sparrows (*Passer domesticus*)

Feather-degrading bacteria (FDB) are widespread microorganisms on bird's plumage, exerting a serious evolutionary pressure on their hosts by decomposing the β -keratin, the principal component of the feathers. It has been suggested that birds partly defend themselves against these malicious effects by the secretions of the uropygial gland (UG). Yet, it is little known about how FDB might affect feather quality and whether such potential effects are mediated by the UG. In the present study we analyzed the relationship between the quality of the flight feathers, the abundance of FDB and the size of the UG in house sparrows (*Passer domesticus*) in two different periods: during breeding and during wintering. We characterized the quality of the flight feathers through the number of feather holes and fault bars, and the degree of feather wear. We found that (i) the number of feather holes was significantly positively related to FDB loads during breeding in case of females, (ii) there was a significant positive correlation between the number of fault bars and abundance of FDB during breeding and (iii) the abundance of FDB was positively related to the wear of wing feathers during wintering. Focusing on the size of the uropygial gland we found that (i) UG size was negatively related to the number of feather holes and (ii) to the number of fault bars during wintering, and (iii) UG size was negatively correlated with the wear of wing feathers as well. Our results suggest that FDB may influence flight feather quality and these associations could be mediated by the UG.



Három amfibikus *Elatine* faj elárasztás indukált fenotipikus plaszticitása: Használhatók-e a vegetatív jellegek a taxonómiájukban?

Horváth Orsolya, Lukács Balázs András, Tóth János Pál, Molnár V. Attila

Debreceni Egyetem, 4032 Debrecen Egyetem tér 1, horsolya@gmail.com

Az *Elatine* nemzetség taxonómiájában használnak bizonyos vegetatív jellemzőket is, annak ellenére, hogy ezeknek az amfibikus fajoknak e bélyegei nagy változatosságokat mutatnak, nem csupán fajok, hanem a vízi és szárazföldi alakok között is. Három faj (*Elatine hungarica*, *E. hydropiper*, *E. triandra*) esetében tanulmányoztuk a magok és a vegetatív jellemzőik változatosságát, hogy feltárjuk a fenotipikus plaszticitás mértékét és ezáltal megbízható jellemzőkre találjunk a fajok azonosítását illetően. Laboratóriumi tenyészetekben fenntartott növényeket használtunk, melyeket vízi és szárazföldi körülmények között neveltünk. 50 vízi és 50 szárazföldi természetes hajtáson hat vegetatív karaktert (hajtások hossza, internódiomok hossza, levéllemez hossza és szélessége, levélnyel hossza, kocsány hossza) mértünk. Fajonként és termőhelyi alakonként 50–50 magot négy szempont (görbület, gödörkék számát soronként, 'hossz' és 'szélesség') alapján jellemeztük. Az adatok értékelése során Kanonikus Variancia Analízist és MANOVA-t használtunk. Az összes tanulmányozott bélyeg jelentős különbségeket mutat a fajok között. Majdnem az összes vegetatív jellemzőben eltérés mutatkozott a különböző ökotípusok között, de a Jackknife elemzés megmutatta, hogy csak a magok jellemzői használhatók megbízhatóan a fajok elkülönítésére. Összegzésként kijelenthetjük, hogy a magok jellemzői egyrészt állandóak a fajokon belül, másrészt jól használhatóak a különböző fajok elkülönítésére.

Flood induced phenotypic plasticity of three amphibious *Elatine* species: are useful vegetative traits in their taxonomy?

Vegetative characters are generally used in the taxonomy of the amphibious *Elatine* species however these traits showed great variation not just between species but among its aquatic and terrestrial forms. We study the phenotypic plasticity of seed and vegetative traits in three *Elatine* species (*E. hungarica*, *E. hydropiper*, *E. triandra*) to reveal the extension of plasticity and to obtain reliable characters for identification. We used cultivation of plantlets that are exposed to aquatic and terrestrial environment. We measured six vegetative characters (length of stem, length of internodium, length of lamina, width of lamina, length of petioles, length of pedicel) and four seed characters (curvature, number of pits / lateral row, 1st and 2nd dimension) on 50–50 fruiting stems of both aquatic and terrestrial forms. We used Canonical Variate Analysis (CVA) and MANOVA to unravel the differences between aquatic and terrestrial forms. Species have significantly differed according to all the studied traits of aquatic or terrestrial forms. However, nearly all traits shows significant differences between aquatic and terrestrial forms, the Jackknife grouping clearly indicated that only seed characters are valuable for taxonomy purposes and vegetative characters are suitable only to differentiate the different forms. In sum, laboratory cultivation of three *Elatine* species demonstrated that only seed characters are constant within a species and do not differs between aquatic and terrestrial forms.



A Csíki-medence halfaunájának áttekintése és kiértékelése

Imecs István, Nagy András Attila

ACCENT GeoÖkológiai Szervezet, 535100, Tusnádfürdő, Csukás utca 62/A, Hargita Megye, Románia,
imecs.istvan17@gmail.com

Átfogó halfaunisztikai vizsgálatot végeztünk a Csíki-medencében a meglévő szakirodalm, a legfrissebb felmérésünk (összesen 33 faj) és a hivatalosan nyilvántartott halastavak adatai alapján (20 faj). Összevetve a 2008-2012 és az 1894-1999 közötti fajlistákat kiderült, hogy az utóbbi négy évben 13 halfajjal többet sikerült kimutatni, de három halfajt nem találtunk (*Rhodeus amarus*, *Carassius carassius*, *Silurus glanis*) a medence természetes vizeiben. Két Natura 2000 területet jelöltek ki a medencében többek között halak alapján is: ROSCI0007 (*Cottus gobio*) és ROSCI0323 (*Cottus gobio*, *Eudontomyzon danfordi*). Célunk az volt, hogy megvizsgáljuk a közösségi jelentőségű halfajok elterjedését a medencében a legfrissebb adatok alapján azért, hogy megtaláljuk a legjobb esernyőfajokat közülük. Az elmúlt négy évben összesen hét közösségi jelentőségű halfajt sikerült kimutatni a Csíki-medencében: *Eudontomyzon danfordi*, *Aspius aspius*, *Barbus petenyi*, *Misgurnus fossilis*, *Cobitis elongatoides*, *Sabanejewia aurata* és *Cottus gobio*. Elterjedésük azt mutatta meg, hogy a *Cottus gobio* lehet a legjobb esernyőfaj a természetmegőrzési intézkedések során, hisz az ő elterjedése fedi le legjobban a medence vízhálózatát. Megfelelő adatok hiányában kevés halfaj került bele a meglévő SCI-k Standard Adatlapjaiba és ezek a területek nem is fedik le megfelelő mértékben ezen fajok elterjedését.

The review and evaluation of the fish fauna of the Ciuc Basin

Comprehensive ichthyofaunistic analysis was made in the Ciuc Basin with the help of available data from the literature, our latest survey (total: 33 species), and the data from the officially registered ponds of the Basin (20 species). Comparing the fish fauna lists from 2008-2012 and 1894-1999 we found that in the last four years we detected with 13 species more, but we did not find three species (*Rhodeus amarus*, *Carassius carassius*, *Silurus glanis*). In the Ciuc Basin two Natura 2000 sites were designated based on fish species (among others): ROSCI0007 (*Cottus gobio*) and ROSCI0323 (*Cottus gobio*, *Eudontomyzon danfordi*). We aimed to present the distribution of community interest fish species, within and next to the existing Natura 2000 sites in Basin, based on the most recent available data and to identify the best umbrella species out of these for the local ichthyofauna. In the last four years seven community interest fish species were identified in the Ciuc Basin: *Eudontomyzon danfordi*, *Aspius aspius*, *Barbus petenyi*, *Misgurnus fossilis*, *Cobitis elongatoides*, *Sabanejewia aurata* and *Cottus gobio*. Their distribution showed that *Cottus gobio* is the most widespread in the Basin and it can act as the best umbrella species during conservation measures for other fish species. Due to the lack of proper information few fish species were included in the Standard Data Forms of the existing SCIs which does not cover properly the distribution area of community interest fish species.



Tricium 60CO és 137CS monitoring vizsgálat a paksi atomerőmű (Magyarország) melegvíz kibocsájtó csatornája környékén

Janovics Róbert, Bihari Árpád, Papp László, Dezső Zoltán, Major Zoltán, Sárkány-Kiss Endre, Bujtás Tibor, Veres Mihály, Palcsu László

Apáthy István Egyesület, Marosvásárhely, Hargita u. 6, esarkany@gmail.com

A tanulmány vizsgálatának tárgyát képezték a Duna folyam vize, üledéke és különböző vízi szervezetek (csigák, kagylók, ragadozó és mindenevő halak). A mintákat a Paksi Atomerőműből kiáramló hűtővíz csatorna felett (háttér minta) és alatt gyűjtöttük be. Mértük a gamma kibocsájtásból származó triciumot, a szövetekben szabadon található (TFWT) víz tricium tartalmát és az össz szervesen megkötött triciumot (T-OBT). A vízminták esetében a természetes tricium koncentrációjához képest (háttér) jelentéktelen növekedést észleltünk az atomerőmű melegvízes csatornája alatt. Az üledék szintén magas tricium koncentrációt mutatott, valamint kimutatható mennyiségű ^{60}Co -ot a folyam hosszában. A biota minták esetében TFWT nagyon csekély differencia volt kimutatható a Duna vízéhez képest, viszont a OBT sokkal magasabb volt mint a Duna vízében, függetlenül a minta eredetétől. A teljes adatsor felhasználható a dózis kalkulációban és hozzájárul az ERICA adatbázis fejlesztéséhez.

Monitoring of tritium, ^{60}Co and ^{137}Cs in the vicinity of the warm water outlet of Paks Nuclear Power Plant, Hungary

In this study, Danube water, sediment and various aquatic organisms (snail, mussel, predatory and omnivorous fish) were collected upstream (at a background site) and downstream of the outlet of the warm water channel of Paks Nuclear Power Plant. Gamma emitters, tissue free water tritium (TFWT) and total organically bound tritium (T-OBT) measurements were performed. Slight contribution of the power plant to the natural tritium background concentration can be measured on the Danube section downstream the warm water channel in case of water samples. Sediment samples also contain elevated tritium concentration, along with a detectable amount of ^{60}Co . In case of biota samples, TFWT exhibited only a very slight difference compared to the tritium concentration of the Danube water, however, the OBT was higher than the tritium concentration in the Danube, independently of the origin of the samples. The elevated OBT concentration in the mollusc samples downstream of the warm water channel may be attributed to the excess emission of the nuclear power plant. The whole data set obtained is used for dose calculation and will be contributed to the development of the ERICA database.



Elszigetelt populációk vagy rejtett kapcsolatok: a *Blasius* patkósdenevér (*Rhinolophus blasii*) jelenléte a Királyerdő hegységben

Jére Csaba, Bücs Szilárd, Csősz István, Barti Levente, Szodoray-Parádi Farkas

Romániai Denevérvédelmi Egyesület, 440014 Szatmárnémeti, I.B. Deleanu 2, Románia,
jerecsaba@yahoo.com

A Romániában előforduló közepeméretű patkósdenevérek közül a kereknyergű patkósdenevér (*R. euryale*) és a *Blasius* patkósdenevér (*R. blasii*) elterjedési területe jelentős mértékben átfed, illetve gyakran alkotnak vegyes kolóniákat. Ez utóbbi elsősorban az ország délnyugati részén elterjedt. A rendelkezésre álló adatok alapján a legészakibb jelzései néhány Maros menti barlangból, illetve a Torockói hegység déli részéből származnak. 2012 januárjától kezdve, a Királyerdő északi részén található Gálosházi barlangban számos kutatási módszer alapján (hibernáló egyedek, rögzített ultrahangok, hálózás során befogott egyedek, elpusztult példány) azonosítottuk a fajt. Az eredmények azt mutatják, hogy a barlangban jelenlevő vegyes kolóniában (*R. euryale* és *R. blasii*) az utóbbi faj egyedei vannak többségben. A nyár folyamán egy 60-90 egyedből álló kolónia található a barlangban, míg a hibernálási periódus előtt az állomány felduzzad, valószínűleg más közeli szálláshelyekről érkező egyedek által (max. 195 hibernáló egyed). Az állomány jelentős mértékű ingadozása, illetve az a tény, hogy a faj nem vándorol nagy távolságra (a téli és nyári szálláshelyek néhány 10 km távolságra találhatóak), arra utal, hogy a *Blasius* patkósdenevér eddig még ismeretlen szálláshelyeken is jelen van a kutatott területen. További kutatások és genetikai vizsgálatok hivatottak azt eldönteni, hogy egy kis egyedszámú, elszigetelt populáció fordul elő a Királyerdőben, vagy még ismeretlen szálláshelyeken keresztül ez az állomány kapcsolatban áll a déli törzsszállománnyal.

Isolated populations or hidden connections: the presence of *Blasius*'s Horseshoe Bat (*Rhinolophus blasii*) in the Pădurea Craiului Mountains

The Romanian distribution areas of medium-sized horseshoe bats *R. euryale* and *R. blasii* overlap significantly, and they often form mixed colonies. *R. blasii* is mainly present in the south-western part of the country. Available data suggest that the northernmost roosts of the species are in the caves situated along the Mureş River, and in the southern part of the Trascău Mountains. Since January 2012 we identified *R. blasii* using different methods (observations of hibernating bats, ultrasound recordings, captured individuals, dead specimen) in the Gălăşeni Cave, situated in the northern part of the Pădurea Craiului Mountains. Results indicate that the mixed colony (*R. euryale* and *R. blasii*) located in the cave is predominantly formed by *R. blasii*. During the summer, a colony of 60-90 individuals roosts in the cave, while, before the hibernation period this number increases, probably due to individuals arriving from other roosts situated nearby (max. 195 hibernating animals). The considerable variation in colony size and the sedentary character of the species (with seasonal migrations of short distances of a few ten kilometres), suggests that *R. blasii* is probably present in other, undiscovered roosts in the study area. Further research, including genetic studies are needed to determine whether a small, isolated population occurs in the Pădurea Craiului Mountains, or there are unknown roosts, which serve as stepping stones and provide the connection to the southern core population.



Hortobágyi szikes és löszgyepek rekonstrukciójának tapasztalatai

Kelemen András, Török Péter, Valkó Orsolya, Deák Balázs, Miglécz Tamás, Tóthmérész Béla

Debreceni Egyetem, Ökológiai Tanszék, H-4032 Debrecen, Egyetem tér 1, kelemen.andras12@gmail.com

Európa-szerte, így Magyarországon is jellemző a gyeppek degradálódása, diverzitásuk csökkenése, a korábban összefüggő élőhely-rendszerek fragmentálódása. Vizsgálati területünkön, Egyek-Pusztakócs térségében is jellemzőek voltak ezek a kedvezőtlen folyamatok. A térség rehabilitációja nem sokkal a védetté nyilvánítást követően, 1976-ban elkezdődött, melynek elsődleges célja az optimális vízutánpótlás visszaállítása mellett a mocsarak degradálódásának megállítása volt. A mezőgazdasági művelés során alkalmazott vegyszerek, a mocsarakba mosódva gyorsították azok eutrofizációját. A hosszútávú tájrehabilitációs program sikere érdekében elengedhetetlen volt tehát az ezeken a mezőgazdasági művelésű területeken korábban jellemző gyepterületek helyreállítása. Alacsony diverzitású magkeverék vetésével 760 ha, egykori mezőgazdasági terület gyepesítése történt meg. Kutatásaink során a gyepesítés sikerét, egyéb kiegészítő gyeprekonstrukciós módszerek (pl. szénaráhordás) alkalmazhatóságát és az utókezelés (kaszálás) hatását vizsgáltuk. Alacsony diverzitású magkeverék vetésével már 3 év alatt a természetes gyeppekhez igen hasonló gyeppek keletkeztek szerkezetük és dominanciaviszonyaik tekintetében. A természetes gyeppekre jellemző kisérfajok betelepülésének határfoka viszont alacsony volt. A kisérfajok megtelepedését elősegítheti a gyepesített területekre természetes gyepkekről való széna ráhordása. A gyepesített területek további, például kaszálással való kezelése is szükséges, bár ez csak a kialakult vegetáció degradálódásának megakadályozása miatt fontos, önmagában kevés a távlati restaurációs célok eléréséhez.

Practical lessons learned during a large-scale grassland restoration

The restoration of grasslands on former agricultural fields offers a great opportunity to mitigate or stop the processes that damage overall biological diversity. We studied the success of grassland restoration on 'Egyek-Pusztakócsi-mocsarak' marsh and grassland complex (Hortobágy National Park, Hungary). The hydrological restoration of the marshes took place between 1976 and 1996, which resulted in the revitalisation and regeneration of the extensive wetlands. The second phase of the landscape-level restoration programme (2004–2008) aimed to restore grasslands (cca. 760 ha) on former arable land to eliminate the negative effects of agricultural cultivation (water retention, agricultural pollution from infiltration of fertilizers and pesticides, habitat fragmentation) on the marshes. We studied the success of restoration using low-diversity seed mixtures, and we assessed the effect of hay-transfer and post-restoration management (mowing). Our results showed that in just three years vegetation dominated by perennial grasses has developed. However, the developed dense perennial grass cover and the accumulated litter may hamper the immigration of specialist species characteristic to reference grasslands. Therefore, the restoration of species-rich grasslands requires the facilitation of the immigration of grassland specialist species by further management for example hay-transport. The permanent mowing is also important in the maintenance of the restored grasslands. Although mowing can maintain a relatively favourable condition on the restored grasslands, it is not enough to reach further restoration goals.



Tengeri algák az Erdélyi-Medence sós tavaiban

Keresztes Zsolt Gyula, Felföldi Tamás, Somogyi Boglárka, Nagy Erika,
Bartha Csaba, Székely Gyöngyi, Vörös Lajos

Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, Babeş-Bolyai Tudományegyetem, Kolozsvár, Románia,
kereszteszsgy@gmail.com

Az Erdélyi-Medence sós tavai sóbányászat nyomán jöttek létre az elmúlt századokban. Keletkezésüknek megfelelően kis felülettel és nagy mélységgel rendelkeznek, általában vízutánpótlásuk csapadék útján történik és nem rendelkeznek sem befolyóval sem kifolyóval. Sókoncentrációjuk a felszíntől a fenék irányába fokozatosan növekszik, a mélyebb rétegekben vizük sóval telített (~ 350g NaCl L⁻¹). A hideg időszakban határozott, kettős, inverz rétegződés alakul ki bennünk, mélységi klorofill és oxigén csúcsokkal, egyes esetekben megfigyelhető a heliotermia jelensége. Nyáron az intenzív fürdőzés (1200 fürdőző/ha) következtében ezen tavak erős emberi zavarás alatt állnak, rétegződésük megszűnik, vizük eutrófnak illetve hipertrofnak minősül. A fitoplankton összetételét *Dunaliella* és *Cryptophyta* taxonok továbbá piko méretű zöldalgák és pikocianobaktériumok jellemzik. A nanoplankton és pikoplankton egymást váltva uralja a víztestet. Gyakran megfigyelhető a pikofitoplankton dominancia mely során részesedésük a biomasszából eléri a 99,5%-ot, hipertróf viszonyok mellett is, ami nagyon ritka jelenség, a világon alig akad egy-két ilyen példa. Molekuláris biológiai módszerekkel (PCR-DGGE, szekvenciaelemzés) vizsgáltuk Erdély tíz sós tavának fitoplankton összetételét, mely során tizenegy algataxont azonosítottunk. Megállapítást nyert, hogy a sós vizekben általánosan előforduló algák mellett (pl.: *Dunaliella* sp.), tengeri nanoalgák (*Isochrysis* sp.) és tengeri pikocianobaktériumok (*Synechococcus* marine clade VIII), illetve piko-eukarióta algák (*Picochlorum*) alkotják ezen sós tavak algaközösségeit. A tengeri algák jelenlétére magyarázat lehet a szél illetve a madarak általi terjesztés, esetleg a sózárványokba ragadt sejtek revitalizációja. A kutatást a CNCSIS PN II. Grant nr: TE 306/70; Collegium Talentum, Bethlen Gábor Alap; OTKA (OTKA K 73369); POSDRU/88/1.5/S/60185 támogatta.

Marine algal species in the salt lakes of the Carpathian Basin

The saline lakes of the Carpathian Basin were emerged in the last century from the flooding of abandoned salt mines. In accordance to their formation, they have a small surface and a great depth, usually the inflow water is mainly rain water and they do not have any influent or effluent water. The concentration of salt gradually increases with depth, in the deeper layers being nearly saturated. In the cold period, a definite dual inverse stratification can occur, with chlorophyll and oxygen peaks in the depths, in some cases, the phenomenon called helioterma can be observed. In summer, due to the intensive bathing (1200 bathers/ha), these lakes are under high human impact, their stratification disappears and the water is considered to be eutrophic and hypertrophic. The composition of the phytoplankton is characterized by *Dunaliella* and *Cryptophyta* taxa, furthermore by pico-sized (0.8-3 µm) green algae and picocyanobacteria. The nanoplankton and picoplankton dominates the water body alternatively. During the picophytoplankton predominance their contribution to the total phytoplankton biomass can reach 99.5 % even in hypertrophic conditions, which is a very uncommon phenomenon. Molecular biology techniques (PCR, DGGE, sequencing) were applied for the identification of phytoplankton taxa. We found eleven algal taxa in the Transylvanian saline lakes and these taxa were related mainly to marine or hypersaline species. Picophytoplankton was represented by the marine picophytoplankton clade of *Synechococcus* (Cyanobacteria) and the marine/hypersaline genus *Picochlorum* (Chlorophyta). The presence of the identified marine and hypersaline species could be explained by wind, precipitation or waterfowl transfer or with revitalization from salt inclusions. The research was financed by: CNCSIS PN II. Grant nr: TE 306/70; Collegium Talentum, Bethlen Gábor Fund; POSDRU/88/1.5/S/60185, Hungarian Scientific Research Fund (OTKA K 73369).



A *muslica* mint a COL4A1 és COL4A2 IV-es típusú kollagének mutációihoz kapcsolódó emberi megbetegedések állati modellje

Kiss Márton, Kelemen-Valkony Ildikó, Kiss András, Radics Mónika, Csiszár Katalin, Mink Mátyás

SZTE TTIK Genetikai Tanszék, 6726 Szeged, Közép fasor 52, kiss.marton@stud.u-szeged.hu

Érdeklődésünk középpontjában olyan, a közelmúltban felfedezett emberi megbetegedések állnak, melyek a IV-es típusú kollagén gének (COL4A1, COL4A2) mutációihoz köthetők. A megfelelő fehérjék az alapmembrán alapvető építőkövei. A betegségek tünetei a perinatális agyvérzés és a porenkefália, a HANAC-tünetegyüttes esetén az angiopátia, nefropátia, aneurizmák és izomgörcsök, illetve a Walker-Warburg szindróma tünetei. Ezeken felül az egérmódelben szemfejlődési rendellenességeket és miopátiát észleltek. A mutációk tehát pleiotróp hatásúak, szisztémás szöveti károsodáshoz vezetnek. Domináns hőmérsékletérzékeny kondicionális *col4a1* mutánsaink súlyos miopátiában szenvednek, ami a petevezetőn és a bélen érhető tetten. Az allélsorozat összes tagjában a Col4a1 fehérje kollagén doménjét érinti a glicin aminosav cseréje. Az izomfehérjék lebomlásának dinamikájában különbséget figyeltünk meg az allélek között: az N-terminális mutációk gyorsan, a C-terminálisak lassabban progrediálnak, ami morfológiai eltérésekben is megmutatkozik. Feltételezzük, hogy a degenerálódó sejtekből szabaddá váló anyagok krónikus gyulladást idéznek elő az állatokban. Ezt támasztja alá microarray kísérletünk is, ami az antimikrobiális peptidok megemelkedett expresszióját jelzi.

An animal model for novel human diseases associated with mutations of type IV collagen COL4A1 and COL4A2

We are focusing on the recently discovered human diseases in patients carrying mutations in type IV collagen genes COL4A1 or COL4A2. The corresponding proteins are basic constituents of the ubiquitous basement membrane. The clinical manifestations include perinatal cerebral hemorrhage and porencephaly, hereditary angiopathy, nephropathy, aneurysms, and muscle cramps (HANAC), and Walker-Warburg Syndrome. Additionally, ocular dysgenesis and myopathy were noted in mice. The latest reports show systemic tissue degeneration and pleiotropy of the mutations. We have recently identified conditional, dominant temperature-sensitive mutations in an allelic series of the type IV collagen gene, *col4a1* in *Drosophila*, causing severe myopathy in striated muscles of the oviduct, and visceral myopathy in smooth muscles of the gut. These results support our hypothesis that *col4a1* gene mutations result in muscular dystrophy in *Drosophila*. In our experiments we determined the mutation sites that were all glycine substitutions within the collagenous domain of the COL4A1 protein. We observed allelic heterogeneity of muscle fiber degeneration: The N-terminal mutations trigger at fast, whereas the C-terminal lesions cause myopathy at low progression with marked differences in the morphology of the muscle fibers. These results collectively suggested a systemic disorder affecting multiple tissues and organs. We anticipated that the exposed cytoplasm of the degenerating cells triggers a chronic inflammation in the mutant flies. Indeed, in our microarray-aided transcriptional profiling experiments remarkable upregulation of genes encoding antimicrobial peptides (Diptericin, Metchnikov, Attacin) suggested a robust immune reaction.



A vaslábi Fenék rétláp és a Borzonti Nyíres láp állapotfelmérése a Gyergyói-medencében

Kolcsár Levente Péter, Erős Katalin, Csata Enikő, Német Enikő, Markó Bálint

Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, Babeş-Bolyai Tudományegyetem, Clinicilor 5-7, Kolozsvár, Románia, kolcsar.peter@gmail.com

A Gyergyói-medence földrajzi valamint klimatológiai jellemzői és bőséges vízellátottsága tette lehetővé a múltban a medence nagy kiterjedésű láprétegeinek kialakulását. A lápos élőhelyek nagy biodiverzitásának fennmaradásához hozzájárult a vidékre jellemző tradicionális tájhasználat. A medence lápjaira vonatkozóan a közelmúltban nem történtek felmérések, kivéve a vaslábi Fenék rétlápot (ROSCI0113), ahol Mátis és mtsai. végeztek növényteni felmérést 2011-ben, valamint elkészítették a terület vegetáció térképét is. A lápot felölölő Natura 2000-es védett terület kijelölésekor értékes lápos területeket maradtak ki, ezeket jártuk be és térképeztük fel értékeit. Értékes tőzegmohás élőhelyeket azonosítottunk, ahol a szibériai hamuvirág (*Ligularia sibirica*), a kereklevelű harmatfű (*Drosera rotundifolia*), a jogaros kakastaréj (*Pedicularis sceptrum-carolinum*) és a kék csatavirág (*Polemonium caeruleum*) kisebb-nagyobb állományokat képez, valamint a *Formica exsecta* hangyafaj által létrehozott, Európában egyedülállóan hatalmas méretű, többfészkes rendszer is a közelben található egy kiszáradó kékerperjés réten. A közeljövőben szeretnénk kiterjeszteni a Natura 2000-es terület határát. A Borzonti Nyíres (ROSCI0279) egy előrehaladott szukcessziós állapotban lévő lápi élőhely-komplexum, nagy részét nyíres ligetek borítják, ahol nagyméretű szibériai nőszirm (*Iris sibirica*) állományt, valamint a szibériai cickafarkot (*Achillea impatiens*) és egy csak itt élő hibridjét a *Achillea x girgioensis (impatiens x ptarmica)* találjuk. A két láp eltérő szukcessziós állapotban lévő élőhelyekkel rendelkezik, más és más reliktum növényfajokkal és ezek állományméreteivel jellemezhetőek. A kutatást a Bethlen Gábor Alap támogatta.

Vegetation survey of the Mlaştina după Luncă and the Borzont protected marshlands in Giurgeu Depression (Romania)

The geographical and climatological characteristics of Giurgeu Depression and the high water table resulted in the development of large fen and marshland areas in this depression long time ago. The rich biodiversity of these habitats has been supported by traditional land use strategies. In the past decade however, only scarcely has been studies carried out regarding these habitats, only the protected area of the *Mlaştina după Luncă* was surveyed in 2011. During our study we surveyed and mapped the vegetation and populations of relict plant species in two protected marshlands of the depression, which are currently Natura 2000 sites and are in relatively good condition. We elaborated vegetation maps, too. During the designation of the *Mlaştina după Luncă* Natura 2000 protected area valuable habitats with *Sphagnum* spp. and with *Molinia caerulea* were left out, where important populations of *Ligularia sibirica*, *Drosera rotundifolia*, *Pedicularis sceptrum-carolinum*, *Polemonium caeruleum* are present, and a Europe-wide unique, large multi-nest system of the *Formica exsecta* ant species is also located here. We also surveyed these areas and based on our results we are preparing the documentation for the widening of the protected area so as to include these sites as well. The *Borzont* fen is made of a habitat complex in successional advanced state, covered mostly by light birch forests, and large populations of *Iris sibirica*, in addition *Achillea impatiens* can be found here too, as well as the unique hibrid *Achillea x girgioensis (impatiens x ptarmica)*. The study was supported by the Bethlen Gábor Fund.



Emberi agykérgi idegsejt hálózatok működésének vizsgálata

Komlós Gergely, Rózsa Márton, Oláh Szabolcs, Molnár Gábor, Barzó Pál, Tamás Gábor

Szegedi Tudomány Egyetem, TTIK, Élettani Szervezetani és Idegtudományi Tanszék, 6726, Szeged,
Középfasor 52, komlosigergely@gmail.com

Számos kognitív folyamathoz, mint az érzékeléshez, gondolkodáshoz, vagy az emlékezés bizonyos formáihoz az agykérgi idegsejtek összehangolt működése szükséges. Az idegsejt-hálózatok felépítésére és működésére vonatkozó ismereteink túlnyomórészt állatkísérletekből származnak. Előadásomban arról lesz szó, milyen szembetűnő különbségek tapasztalhatóak egyetlen sejtnek a hálózat működésére gyakorolt hatásában emberi illetve rágcsálókérgből származó agykérgi mintákban. Továbbá miért is jelenthet előnyt a depresszió illetve más pszichiátriai betegségek kutatásának területén az emberi agykérgi minták elektrofiziológiai vizsgálata.

Neuronal circuit operation in the human cerebral cortex

The cooperative activity of neurons in the cerebral cortex is essential for several cognitive functions such as perception, thinking or memory. Our knowledge about the structure and function of cortical networks is mainly derived from animal experiments. In this talk, I present data that single cortical neurons in human neocortical slices exert much more influence on network activity than their counterparts in rodents. I also show why the direct investigations of human cortical network function could be important in the research of psychiatric disorders such as depression.



Az égetés hatása mérsékelt-övi lágyszárú fajok magvainak csírázására

Kondics Beatrix Emese, Fodor Izabella Enikő, Kuhn Thomas, Fenesi Annamária, Ruprecht Eszter

Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, Babeş-Bolyai Tudományegyetem, RO-400015 Kolozsvár,
Republicii utca 42, mesi456@yahoo.com

A tűz egy gyakori zavarási tényező bizonyos növények életében, amely földrajzi elterjedéstől és növényfajtól függően pozitívan vagy negatívan befolyásolja például a növények reprodukcióját. A tüzeknek két típusát különíthetjük el: természetes és ember által okozott tüzek. Azokban a biogeográfiai régiókban, ahol természetes tüzek nem fordulnak elő, vagy ezek ritkák, a növények nem tudtak alkalmazkodni a tűzhöz, így az égetéseknek káros hatása lehet ezekre a közösségekre. Romániában, új tájhasználati módként, egyre gyakrabban használják az égetést gyepek és parlagok karbantartására. A kontrollálatlan, magvak csírázása előtti égetések felvetik a kérdést, hogy milyen módon hat az égetés nyílt területeken élő fajok magvainak csírázására, ezáltal hosszú-távú fennmaradására. Kísérletünkben 16 fajjal dolgoztunk, melyek gyepekben vagy gyomközösségekben gyakoriak és négy családba tartoznak (Poaceae, Fabaceae, Asteraceae, Lamiaceae). A magvakat kísérleti égetésnek vetettük alá, melynek során a magvakat a talaj felszínére vagy 1 cm-es mélységbe helyeztük el cserepekben. Eredményeink szerint; ha a magvakat a talaj felszínén érte a tűz, a pillangósvirágúak családjába tartozó fajok pozitívan reagáltak a tűzre vagy tolerálták azt, a többi család képviselői nagy részben negatívan válaszoltak, kivéve az ajakosvirágúak családját, ahol több faj tolerálta az égetést, hiszen csírázását nem befolyásolta. Az 1 cm-es mélységben elhelyezett magvak csekély hőmérséklet-emelkedésnek voltak kitéve, csírázásukat valószínűleg sokkal inkább befolyásolta a füst és a keletkező korom. Ez a kezelés két pillangósvirágú gyomfaj magvait csírázásra serkentette és egy pázsitfűféle magvainak csírázását enyhén gátolta. Következésképpen, a tavasszal alkalmazott égetés a pázsitfűfélék és fészekvirágzatúak családjába tartozó fajok magvainak csírázását negatívan befolyásolja, ezért az égetés nem tekinthető egy megfelelő alternatív kezeléstípusnak természetvédelmi szempontból értékes nyílt növényközösségekben.

Fire influences seed germination of open habitat species from temperate regions of Europe

Fire is an important disturbance factor, which can influence positively or negatively the reproduction of many plant species. We can distinguish between two types of fire: natural and anthropogenic fires. In those biogeographical regions, where natural fire does not exist or is rare, plants could not adapt to fire. In these ecosystems fire might have a negative effect. In the last decade there was an increase in anthropogenic fires in Romania, which took place before most of the species germinate. We wanted to find out how anthropogenic fire influences seed germination of open habitat species from temperate Europe. In our study we worked with 16 common grassland and ruderal species, belonging to four families (Fabaceae, Asteraceae, Lamiaceae, Poaceae). Seeds were subjected to experimental fire while they were placed on the soil surface in pots or dug in soil at 1 cm depth. After that, seeds were put to germinate. According to our results, the germination of all the four members of the Poaceae, Asteraceae families was negatively affected, seeds of the Lamiaceae, Fabaceae tolerated fire or their germination was positively affected while seeds were on the soil surface. Seeds dug in soil experienced a very low temperature increase, and were rather affected by the smoke and ash, with two ruderal species reacting positively and one negatively. As a consequence, fire cannot be considered a proper alternative management in open habitats, since it has a negative influence on the seed germination of at least two important plant families: Poaceae and Asteraceae.

 **ω -6 és ω -3 zsírsavak termelésének vizsgálata a *Mortierellales* renden belül**

Kovács Aranka Stella, Juhász Hajnalka, Kristó Edit Kata, Szekeres András,
Bencsik Ottó, Nyilasi Ildikó, Papp Tamás, Vágvölgyi Csaba

SZTE TTIK Mikrobiológiai Tanszék, 6726 Szeged, Közép fasor 52, Hungary, tobie116@gmail.com

A *Mortierellales* rendbe főként talajból izolálható járomspórás gombák tartoznak, melyek jellegzetessége a többszörösen telítetlen zsírsavak termelése. Ezek alapvető szerkezeti és funkcionális komponensei a biológiai membránoknak, emellett számos metabolit prekurzorai. Az egészségre gyakorolt kedvező hatásuk miatt egyes ω -6 és ω -3 zsírsavak kiemelkedő szereppel bírnak. A *Mortierella alpina* az egyik legfontosabb ipari zsírsavtermelő mikroorganizmus, amely többféle többszörösen telítetlen zsírsav termelésére képes. Számos tanulmányban vizsgálták a *M. alpina* törzsek zsírsavtermelését, feltárták a zsírsav-bioszintézis enzimatikusságát, illetve azonosították az enzimeket kódoló géneket. A *Mortierellales* rend többi tagjának zsírsavtermeléséről azonban kevés információval rendelkezünk. Célul tűztük ki a *Mortierella* és rokon nemzetségek zsírsavtermelésének és zsírsavprofiljának vizsgálatát, új ω -6 és ω -3 zsírsavtermelő törzsek azonosítását, illetve a zsírsavtermelési *Mortierellales* renden belüli diverzitásának tanulmányozását. Terveink közt szerepelt a zsírsav-bioszintézisben szerepet játszó $\Delta 9$ desaturáz enzim kódoló gén azonosítása is a zsírsavtermelő izolátumokban. Munkánk során megvizsgáltuk 67 *Mortierella* és rokon izolátum zsírsavtermelését és zsírsavösszetételét HPLC analízissel. Számos többszörösen telítetlen zsírsavtermelő törzset azonosítottunk, a törzsek zsírsavprofiljában és a termelt zsírsavak mennyiségében jelentős különbségeket tapasztaltunk. A zsírsavtermelési eredményeket korábbi filogenetikai eredményeinkkel összevetve megállapítottuk, hogy a *Micromucor/Umbelopsis* és a *Mortierella* fajok zsírsavtermelésük alapján is két csoportot alkotnak. Megállapítottuk, hogy a *Mortierella* fajok főleg arachidonsavat termelnek, míg a legnagyobb hozammal rendelkező *Micromucor/Umbelopsis* fajok fő terméke a γ -linolénsav, a linolsav, az olajsav és a palmitinsav. Ezzel párhuzamosan megkezdtük a zsírsavtermelésben szerepet játszó $\Delta 9$ desaturáz kódoló gén azonosítását a zsírsavtermelő izolátumokban. Ez a munka a PD 101613 posztdoktori OTKA pályázat támogatásával készült.

Investigation of the production of ω -6 and ω -3 fatty acids in *Mortierellales*

Members of *Mortierellales* are Zygomycetes fungi, which are particularly active in polyunsaturated fatty acid (PUFA) synthesis. PUFAs are elemental structural and functional components of biological membranes and they are precursors of certain metabolites. *Mortierella alpina* is an important industrial PUFA producer able to produce various ω -3 and ω -6 PUFAs, which have beneficial effects on human health. The lipid production and PUFA biosynthesis in *M. alpina* is extensively examined, however the diversity of the lipid production within *Mortierellales* is poorly explored. The aims of our work were to investigate the PUFA production of different *Mortierella*-related strains in order to identify new PUFA-producers and investigate the diversity of PUFA production in *Mortierellales*. Our plan was also the examination of genes encoding $\Delta 9$ desaturase participating in the fatty acid biosynthetic pathway. In our study 67 *Mortierella*-related strains were screened and their lipid yield and composition were investigated with HPLC analysis. Several good PUFA producers were identified, however significant differences were observed in their lipid composition and the amount of the produced fatty acids. PUFA productions were compared to phylogenetic data, which also confirmed the separation of *Umbelopsis/Micromucor* and *Mortierella* isolates. *Mortierella* species were observed to produce mainly arachidonic acid, whilst the main products of *Umbelopsis/Micromucor* species were γ -linolenic acid, linoleic acid, oleic acid and palmitic acid. Identification of the gene encoding $\Delta 9$ desaturase, which participate in PUFA production was began. This research was supported by the grant of the Hungarian Scientific Research Fund (PD OTKA 101613).



Ubikvitin stress és apoptózis *Drosophila*-ban

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

SZTE TTIK Genetikai Tanszék, Szeged, Középfasor 52, levekov@gmail.com

Az ubikvitin molekuláknak a célfehérjéről történő eltávolítását a ún. dezubikvitiláló enzimek (DUB-ok) végzik. Ezen enzimosztály tagjai a célfehérje és az ubikvitin, illetve a poliubikvitin lánc egyes ubikvitinjei közötti izopeptid kötés hasítását katalizálják. Habár a DUB-ok vizsgálata felfokozódott az utóbbi években, konkrét biológiai funkciójuk kevésbé ismert. E fehérjéket kódoló gének elemzése egy genetikailag jól jellemzett modell organizmusban, a *Drosophila melanogaster*ben mélyebb betekintést enged az enzimek szerepébe. Kutatócsoportunk célja a dezubikvitiláló enzimek azonosítása és szerepük tisztázása a *Drosophila melanogaster*ben. Ezeket az evolúciósan konzervált szerkezetű enzimeket bioinformatikai módszerekkel azonosítottuk. A homológia szűrés alapján megállapítottuk, hogy 40 *Drosophila* fehérje nagymértékű szekvencia homológiát mutat ismert élesztő és humán DUB-okkal. P elem inserciós és transzgénikus RNS interferencia vonalak fenotípusának elemzése alapján 23 DUB nélkülözhetetlennek bizonyult a *Drosophila* egyedfejlődéséhez. Ezek az eredmények a potenciális DUB gének további funkcionális vizsgálatát ösztönözhetik. A CG12082 *Drosophila* DUB gén nagymértékű szekvencia homológiát mutat a humán Usp5-el és az élesztő Ubp14-el. E fehérjék közötti funkcionális homológiát heterológ komplementációs kísérlettel igazoltuk. A *Drosophila* gén indukált transzgénikus RNSi és null mutáns alléljai lárvá letalitást mutatnak, felhalmozódnak bennük a poliubikvitin láncok, erős az apoptotikus fenotípusuk és az agyukban megemelkedik a p53, reaper és a hid apoptotikus marker gének expressziója. Az Ubp6 gén expressziójának megemelkedése a mutásokban fellépő ubikvitin stresszre utal. Az Ubp6 gén mutációja himsterilitást okoz. Ez a fenotípus az Ubp6 spermatogenezisben játszott szerepére utal. Kísérleteink alapján az Usp5 gén szerepet játszik az apoptózisban és az ubikvitin homeosztázis fenntartásában. Az ubikvitin homeosztázis felborulása az Ubp6 gén indukációjához vezet.

Ubiquitin stress and apoptosis in *Drosophila*

Removal of ubiquitin from poly-ubiquitylated proteins is performed by deubiquitylating enzymes (DUBs) that catalyze the cleavage of isopeptide bonds between target proteins and ubiquitin or between ubiquitins in a polyubiquitin chain. Although the study of DUBs intensified in the last few years, understanding of their functions remains considerably limited. Genetic analysis of mutant phenotypes in *Drosophila melanogaster* can provide important information to elucidate the function of DUBs. From a genome-wide search using bioinformatics techniques, we identified 40 *Drosophila* genes sharing high sequence homology with known human and yeast DUBs. Analyses of P element insertion mutants and/or transgenic RNA interference (RNAi) knockdown lines suggest that the function of 23 of them is essential in the development of *Drosophila*. These results can stimulate further functional studies of potential DUB genes in this model organism. One of the identified *Drosophila* DUB genes, CG12082 encodes the ortholog of human USP5 and yeast UBP14 deubiquitylating enzymes. A heterologous complementation assay supports the functional homology between these proteins. The RNAi knockdown and null mutant alleles of this gene cause larval lethality, accumulation of poly-ubiquitin chains and show a high number of apoptotic cells. The apoptotic phenotype is accompanied by an increase in p53, reaper and hid pro-apoptotic gene expression. The elevation of Ubp6 gene expression indicates a severe ubiquitin stress response in CG12082 mutants. Knock-down of Ubp6 leads to male sterility. Based on these results we conclude that *Drosophila* USP5 is involved in regulation of ubiquitin homeostasis and regulates apoptosis.



A homoki ternye (*Alyssum tortuosum*) magyarországi populációinak vizsgálata RAPD markerek segítségével

Kovács Szilárd, Endre Gabriella, Lhotsky Barbara

MTA Szegedi Biológiai Kutatóközpont, kovacs.szilard@mailbox.hu

A homoki ternye (*Alyssum tortuosum*) hegyi és homoki populációit vizsgáltuk és arra próbáltunk fényt deríteni, hogy az emberi zavarásnak kitett populációk mennyiben különböznek a szentély jellegű populációktól a genetikai állományukban, illetve a két különböző élőhely közötti genetikai különbségekre is fényt akartunk deríteni. Vizsgálataink során több mint száz stabil RAPD markert vizsgáltunk, és legnagyobb részük polimorfizmust mutatott a populációk között, azonban a populáción belüli polimorfizmusok aránya sokkal kisebb volt. UPGMA és Neighbour joining analíziseket végeztünk el, illetve PCO (Principal Coordinate analysis) tesztet a populációk kapcsolatának vizualizálására. Eredményeink alapján elmondható, hogy a zavarásnak kitett és populációméretükben lecsökkent területek elkülönülnek a szentély jellegű területektől, illetve a degradált populációk egymáshoz is közelebb állnak. Mantel tesztel nem sikerült pozitív korellációt kimutatni a direkt fizikai és a genetikai távolság között. Továbbá elmondható, hogy a hegyen élő populációk határozott elkülönülést mutatnak a homokon élő populációktól.

Investigation the populations of *Alyssum tortuosum* in Hungary with random amplified polymorphic DNA (RAPD)

We analysed mountain and sandy dune populations of *Alyssum tortuosum* with RAPD method and try to find out how differ a small population exposed human disorder from a big one without human impact and examine the differences between population in the mountain and sandy dune. During our examination we have detected more than a hundred RAPD markers and most of them display polymorphism among populations. There were fewer polymorph fragment ratio was less within a population. We made UPGMA, Neighbour Joining dendrogram to compare populations and did PCO (Principal Coordinate analysis) test. The result: the sancturay areas was differentiate from the areas with human disturbance and the degraded populations got closer to each other in every case. To examine geographical and genetical correlation we used MANTEL test and did not point out positive correlation to affirm that the disturbed and the undisturbed population differentiate in genetically. And the mountain population separated from the sandy dune population in every case.



Mit jeleznek a hangyatelemek a rabszolgatartó *Formica sanguinea* hangyafajnak és rabszolgájának?

Maák István, Somogyi Anna, Kovács Judit

Szegedi Tudományegyetem, 6726 Szeged, Közép fasor 52, bikmakk@gmail.com

A tetemek felhalmozódása a hangyakolonóriákban hozzájárulhat egyes patogének megtelepedéséhez, amelyek a kolónián belül uralkodó körülményeknek köszönhetően gyorsan elszaporodhatnak, így jelenlétük negatív hatással lehet a dolgozók, és ezáltal a kolónia életére. Ezen hatásokat elkerülendő számos szociális védekezési stratégia jött létre hangyáknál, amelyek közül a legfontosabb a tetemek szemétkupaon való felhalmozása. Egyes kutatások rávilágítottak arra, hogy a tetemeknek ugyanakkor interspecifikus jelzés értéke is lehet, gátolva egyes fajok egyedeinek aktivitását, de ezen felvetéssel nem foglalkoztak behatóbban. Vizsgálatainkat összetett rabszolgatartó-rabszolga rendszerben végeztük. Megfigyeltük, hogy a különböző eredetű hangyatelemek milyen reakciókat váltanak ki a *Formica sanguinea* rabszolgatartó és *F. fusca* rabszolga egyedeinél. Összesen 10-10 fagyasztással megölt rivális, a hangyaközösségben előforduló hangyafaj tetemére adott válaszokat vizsgáltuk, így: fajtárs *F. sanguinea*-t és ennek rabszolgáját; szubmisszív, nem rabszolga *F. fusca*-t; valamint territoriális *F. polyctena*-t. Kontrollként fészektárs *F. sanguinea*-t kontrollként, és ennek rabszolgáját használtuk. Lejegyeztük e tetemek elszállítási idejét, irányát, az általuk kiváltott reakciót, és a tetemek körül megjelenő egyedszámokat, mind a rabszolga, mind a rabszolgatartó esetében. A hangyák leggyorsabban a *F. polyctena* tetemekeket szállították el, illetve ez esetben a tetemek által kiváltott negatív viselkedések mennyisége tetemszám-függőnek bizonyultak. A legkedvezőtlenebb reakciót a fajtárs *F. sanguinea* és rabszolgája idézték elő. A *F. fusca* tetemek által kiváltott reakció átmeneti intenzitásának bizonyult a territoriális faj és a saját tetemek között. A kiváltott reakciók jelzés értékkel bírhatnak a különböző fajok és a *F. sanguinea* közötti kapcsolat intenzitása vonatkozóan.

What can corpses signal to the slavemaker ant *Formica sanguinea* and its slave?

The accumulation of corpses in ant colonies can help the appearance of various pathogens. These can then spread inside a colony easily through the intensive interactions among members, having negative influence on workers and colony, ultimately. In order to avoid these effects, corpses are eliminated with the help of several defensive mechanisms, as collective disposal on so called "waste yards" or "ant-cemeteries". On the basis of some later findings, corpses can also have signal properties too in ants, but there is little experimental evidence to that. We carried out our investigations in a slave-maker ant species and its slave. We checked the reactions of *Formica sanguinea* and its *F. fusca* slave to corpses of different species from its ant community: non-nest mate *F. sanguinea* and its *F. fusca* slave, the submissive *F. fusca* and the territorial *F. polyctena*. *F. sanguinea* nest mate corpses and its *F. fusca* slave ant's corpses were applied as controls. We recorded differences in amount of adverse reactions, worker number, transport speed and direction. Corpses of the territorial *F. polyctena* were carried significantly sooner inside the nests, and its corpses elicited corpse number dependent adverse reactions. The most numerous adverse reactions were elicited by corpses of non-nest mate *F. sanguinea* and its slave species. The reactions to corpses of different species could signal the nature of *F. sanguinea*'s relationship with these species.



***Mesotriton alpestris* refugium a Nyugati Szigethegységben**

Marosi Albert Béla, Ioan V. Ghira, Alfred-Ștefan Cicort-Lucaciu, Severus-Daniel Covaciu-Marcov,
Sas István, Octavian Popescu

Universitatea de Științe Agricole și Medicină Veterinară Cluj-Napoca, Calea Mănăștur 3-5, 400372
Cluj-Napoca, Romania, marosib@yahoo.com

Az alpesi götte (*Mesotriton alpestris*) nagyobb genetikai variabilitást mutat a Nyugati Szigethegységben mint a Déli Kárpátokban. A Nyugati Szigethegységben 4 haplotípust, míg a Déli Kárpátokban csak egy haplotípust sikerült azonosítanunk. A nagyobb genetikai variabilitás glaciális refugium jelenlétét feltételezi az adott régióban. A csökkent variabilitás pedig a posztglaciális expanzió és alapító hatás eredménye a Déli Kárpátokban.

Genetic proof of a glacial refugium of *Ichthyosaura (Mesotriton) alpestris* in Apuseni Mountains, Romania

The alpine newts from Apuseni Mountains (western Romania) present a higher genetic diversity in relation to the ones from the Southern Carpathians. Thus, 4 haplotypes were identified in Apuseni Mountains, while only one haplotype in the Southern Carpathians. The high genetic diversity of the alpine newts from Apuseni Mountains sustains the presence of a glacial refuge in this massif. The group from the Southern Carpathians is genetically less diverse, being a result of a founder effect during postglacial expansion. The genetic differences between the two populations of *Ichthyosaura (Mesotriton) alpestris* underlines the importance of the populations from Apuseni Mountains, which therefore represent a different evolutionarily significant unit that must benefit from independent conservation management.



A hangyaközösség szerkezetének vizsgálata a szürkés hangyaboglárka (*Maculinea alcon xerophila*) szintopikus és nem szintopikus populációinak élőhelyén

Molnár Gyöngyvér, Ferencz Márta, Czekes Zsolt, Markó Bálint

Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, Babeş-Bolyai Tudományegyetem, Clinicilor 5-7, Kolozsvár, Románia, gyongyos_vera@yahoo.com

A Lycaenidae családba tartozó, veszélyeztetett helyzetű és obligát parazita hangyaboglárka (*Maculinea spp.* = *Phengaris spp.*) fajok életmódja speciális. A lepkehernyók először egy adott tápnövény magkezdeményeivel táplálkoznak, majd a harmadik lárvastádium után elhagyják a növényt, és *Myrmica* hangyafajok fészekébe férkőznek be, ahol további 10-11 hónapon át fejlődnek, itt bábozódnak be, és itt is kelnek ki. Ilyen szociálpazsita életmód jellemzi az általunk kutatót, kakukk-stratégiát folytató (hangyák által aktív módon táplált) lepkefajt, a karszti hangyaboglárkát (*Maculinea alcon xerophila*), amelynek tápnövénye a Szent-László tárnics (*Gentiana cruciata*). Habár a lepkefajról elég sok mindent tudnak, a gazdaként szolgáló hangyafajokról, és különösen azok hangyaközösségi viszonyairól nagyon kevés adat áll rendelkezésre, holott egy megfelelő természetvédelmi kezelés kidolgozásához ennek ismerete elengedhetetlen. Ennek megfelelően kutatásunk célja a Kendilóna (Luna de Jos) mellett a *M. a. alcon*-al szintopikusan előforduló, és a Torockó mellett nem szintopikusan megtalálható *M. a. xerophila* populációk hangyaközösségeinek felmérése volt. A felmérés során, a torockói területen 20, míg a kendilónai területen 11 hangyafajt azonosítottunk. Mindkét területen potenciális hangyagazda a *Myrmica scabrinodis* gyakoriságát tekintve. Diverzitásukat tekintve szignifikáns eltérést találtunk a két közösség között. Ugyanakkor a torockói nem szintopikus populációban a magas fajszámmal nagy egyedszám párosult, ellentétben a kendilónai közösséggel.

The study of ant community structure in syntopic and non-syntopic *Maculinea alcon xerophila* populations

The butterfly of the endangered obligate parasite *Maculinea* genus (Lepidoptera: Lycaenidae) have a specific lifestyle. Their larvae feed on specific host plant tissue in the first part of their life, and after the third moulting they leave the plant and are being adopted by ants of the genus *Myrmica*, where they grow for the next 10-11 months, on the end of which they impupate and emerge as adults. This social-parasitic lifestyle characterizes the butterfly of our study *Maculinea alcon xerophila*, which uses *Gentiana cruciata* for host plant. Data about populations of this butterfly are broadly available, but the ant community of their habitats hasn't been analyzed, although this would be important for the elaboration of conservation measures for these populations. Considering the above mentioned, the aim of our study was the survey of the ant communities of two *Maculinea alcon xerophila* populations, one living syntopically with *M. a. alcon* (Luna de Jos, Cluj county) and the other without nearby *M. a. alcon* population (Rimetea, Alba county). During our study, we identified 20 ant species at Rimetea, and 11 at Luna de Jos. The potential host ant species occurring most frequently was *Myrmica scabrinodis*. We found significant differences in the diversity of the two ant communities. The ant community of was Rimetea not only one of high ant diversity, but the number of individuals of most species was considerably higher than the one at Luna de Jos.



A *Pulsatilla patens* filogeográfiája a Kárpát-medencében

Mosolygó Ágnes, Surányi Gyula, Sramkó Gábor

Debreceni Egyetem TTK Növénytani Tanszék, 4032, Debrecen Egyetem tér 1, mosiagi86@gmail.com

A tatógó kökörcsin (*Pulsatilla patens*) az Európai Unió egyik legveszélyeztetettebb növényfaja. Magyarországon már csak egyetlen lelőhelyre, a bátorligeti Nagy-legelőre szorult vissza, ahol a kipusztulás veszélye fenyegeti. A faj megőrzése érdekében rendkívül fontos, hogy alapvető információkat szerezzünk a populációk genetikai viszonyairól. Vizsgálataink alapvető célja a Kárpát-medencei populációk genetikai jellemzése és rokonsági kapcsolatainak vizsgálata. A populációk közötti és populáción belüli genetikai diverzitás megállapítására 7 (egy szlovák, két magyarországi kerti és négy erdélyi) populációt tanulmányoztunk AFLP technikával és kloroplaszt szekvencia elemzéssel. A plasztisban kódolt accD-pszal IGS régió (cpIGS) hipervariábilisnak találtuk, és ez lehetővé tette a populációk haploid genetikai diverzitásának és populációi közötti rokonsági viszony feltárását, valamint alapvető filogeográfiai vizsgálatok elvégzését. A cpIGS-ben 7 különböző haplotípust különböztettünk meg. A legmagasabb haplotípus diverzitás (Hd) és nukleotid diverzitást (Pi) a székelykői populációban találtuk, míg a legalacsonyabbat Rétyen, noha ezt alig előzik meg a kerti állományok. A populációk közti genetikai távolságok alapján készített szomszéd-összevonó („neighbour joining”) fa feltárta a populációk közötti rokonsági viszonyt, melyben – meglepő módon – a székelykői populáció elkülönült a többi erdélyi állománytól; még a szlovákiai állomány is közelebb áll hozzá, mint pl. a kolozsvári! A Nei-féle genetikai diverzitás (GST) és a Pons & Petit-féle filogeográfiai struktúrát megállapítani. Ugyanakkor SAMOVA módszerrel tesztelhetőek voltak a populációk közti csoportok, és Akaike információs kritérium (AIC) értelmében öt olyan csoportot találtunk, mely maximalizálja a csoportok közti genetikai diverzitást: szlovákiai, kerti, torockói, kolozsvári, és kelet erdélyi csoport létét igazoltuk. Eredményeink azt is megmutatták, hogy a magyarországi kerti egyedek jelentős része a Székelykőről származik, ami megkérdőjelezi használhatóságukat a bátorligeti állomány megerősítésére.

The phylogeography of *Pulsatilla patens* in the Carpathian Basin

Pulsatilla patens is the one of the most endangered plant of the European Union. In Hungary, only one habitat remained for this species near to Bátorliget where it is in at risk of extinction. In order to conserve the species is extremely important to obtain basic information about the genetic relationships of populations. The aim of this study is the investigation of genetic characterization and relationship of the populations in Carpathian basin. To test the genetic diversity within and among populations we investigated 7 populations (one from Slovakia, two from Hungarian garden and four from Transylvania) with amplified fragment length polymorphism (AFLP) technique and chloroplast sequence analysis. We found the plastid-encoded accD-pszal IGS region (cpIGS) hypervariable and that could be to development the relationship among population and haploid genetic diversity of populations. Further we created phylogeography study based on this region, which resulted 7 different haplotypes. The highest haplotype diversity (Hd) and nucleotide diversity (Pi) were found in population from Torocko and the lowest the population from Hungarian garden and Réty. Based on the population pairwise F_{st} we constructed neighbour joining tree. This result showed that the population from Torocko is distinct from other populations from Transylvania. Further we compared another two metrics of population differentiation (Gst, Nst). Based on the connection of these metrics can not be statistically meaningful phylogeographical structure determined. In addition, spatial analyses of molecular variance (SAMOVA) was used to investigate the population structure and genetic differentiation among groups, among populations and within population. According to Akaike information criterion (AIC) we found five groups that maximized the genetic diversity between groups: Slovakian, garden, Torocko, Kolozsvár, East-Transylvanian groups confirmed. In all, based on highly variable of chloroplast marker accD-pszal we could constructed a population genetic analyses of this species in Carpathian Basin. Our results also showed that a significant part of the Hungarian garden individuals come from Torocko which calls into question their usefulness in strengthening Bátorliget population.



Natura 2000-es területek kijelölése halak védelme érdekében Romániában: a második biogeográfiai szeminárium következtetései

Nagy András Attila

„Milvus Csoport” Madártani és Természetvédelmi Egyesület, Crinului utca, 22, Marosvásárhely,
andrasattila.nagy@milvus.ro

Az Európai Unióhoz való csatlakozás után Romániának kötelezően létre kellett hoznia az úgynevezett Natura 2000-es hálózatot, ami az Európai Unió legfőbb természetvédelmi eszköze. Célja a biológiai sokféleség megőrzése a tagállamok területén, védett terület-hálózatok kialakításával és azok kezelésével. Miután 2007 novemberében összesen 273 közösségi jelentőségű terület (SCI) lett elfogadva (nem mindegyik a halak védelme érdekében), következett az első biogeográfiai szeminárium (Nagyszében, 2008 június), amelyen ezen területjelölések kiértékelése történt. A következtetés nagyon sok halfaj esetében (elsősorban a kontinentális és a sztyeppi biogeográfiai régiók esetében) egyértelmű volt: újabb Natura 2000-es területek kijelölése szükséges a halfajok hosszútávú fennmaradásának biztosítása érdekében. 2008–2012 között újabb területek lettek jelölve, viszont a 2011 őszén benyújtott állami javaslatcsomag csak 135 új SCI-t tartalmazott, melybe a civil szféra által a halak védelmére javasolt területeknek csak kis százaléka került be. Mivel úgy tűnt, hogy ezen területek még mindig nem tudják kellőképpen biztosítani a fajok és élőhelyek hosszútávú fennmaradását, 2012 októberében Bukarestben sor került a második biogeográfiai szeminárium megrendezésére, ahol kiderült, hogy elég sok területnek az adatlapja hiányos, a területen jelenlévő (hal)fajok egy része nem szerepel az adatlapokon, így ezek kiegészítése szükséges. A halványfoltú küllő (*Gobio albipinnatus*), balin (*Aspius aspius*) és a szívárványosm ökle (*Rhodeus amarus*) esetében újabb Natura 2000-es területek kijelölése és elfogadása szükséges elsősorban a Maros középső szakaszán és az egyesült Szamoson. Ezenkívül több faj helyzete tisztázatlan bizonyos területeken, ennek tisztázására újabb kutatások szükségesek és amennyiben a kérdéses helyeken igazolódik a fajok jelenléte, újabb Natura 2000-es területeket kell jelölni.

Designating the Natura 2000 network for the protection of fish species in Romania: conclusions of the second biogeographic seminar

After accession to the European Union, Romania had to establish its own Natura 2000 network which is the EU's main tool for biodiversity conservation through protected site designation and management. In November 2007, 273 Romanian Sites of Community Importance (SCIs) were designated, however, not all of them for protection of fish. These designations have been evaluated at the first biogeographic seminar (Sibiu, June 2008). Conclusions showed that the long term survival of several fish species (especially those of continental and steppic distribution) needs new Natura 2000 sites. Between 2008–2012 new sites have been proposed for designation, but the new governmental proposal package (adopted in autumn 2011) contained only 135 new SCIs. Among these only a few were selected out of those proposed by NGOs for fish protection. Since these sites were still unable to ensure the long term survival of species and habitats, a second biogeographic seminar (October 2012, Bucharest) was needed. During this seminar it turned out that the data sheets of several Natura 2000 sites were incomplete (i.e. existing fish species not listed), and argued for completion. In case of species *Gobio albipinnatus*, *Aspius aspius* and *Rhodeus amarus* new Natura 2000 sites are required especially on the middle section of the Mureş River and the united Someş River. Moreover, further research is needed on those species whose presence at certain sites is ambiguous. In cases when presence of such species is confirmed new Natura 2000 sites have to be designated.



A fekete fahangya, *Lasius niger* (L.) aktivitásának csökkentése a lombkoronában, mint a fekete cseresznye-levéltetű, *Myzus cerasi* (Fabricius) elleni közvetett biológiai védekezés alternatív lehetősége

Nagy Csaba, Markó Viktor, Jerry V. Cross

Eötvös Loránd Tudományegyetem, Állattrendszertani és Ökológiai Tanszék, 1117 Budapest, Pázmány Péter sétány 1/c, bigjabba@gmail.com

A fekete cseresznye-levéltetű, *Myzus cerasi* (Fabricius) a cseresznye fontos kártevője, és gyakran létesít mutualista kapcsolatot a fekete fahangya, *Lasius niger* (L.) egyedeivel. A délkelet-angliai East Mallingi Kutatóintézet két fiatal cseresznyeültetvényében (Sweetheart fajta) két éven át (2011, 2012) tartó terepi vizsgálatunk során azt teszteltük, hogy a hangyaaktivitás csökkentése a lombkoronában eredményesen javíthatja-e a levéltetű populációk természetes ellenségek általi szabályozásának hatékonyságát, illetve hogy hogyan befolyásolja mindezt a fák alatti gyepevegetáció (és a fűvek gyökerén élő gyökértetvek (elsősorban *Forda sp.*) megléte (gyep), illetve hiánya (ugar). A hangyákat egyrészt kizártuk a fákról a törzs alsó harmadában elhelyezett, nem száradó ragasztóval bekent szigetelőszalag-gyűrűk segítségével, másrészt a fák tövéhez alternatív cukorforrásként szacharóz oldatot helyeztünk el az erre a célra kialakított etetőkből, míg a kontrollként használt fákat kezelés nélkül hagytuk. Az ugaros parcellákban a fák alatti gyepevegetációt gyomirtó szerrel kiirtottuk, míg a füves parcellákban azt meghagytuk. A cukoretetés a kezeletlen kontrollhoz képest mindkét gyümölcsösben jelentősen visszaszorította a levéltetű populációk növekedését. A fizikai hangyakizárás hatására az ugaros parcellákban szintén lelassult a levéltetű populációk növekedése, bár jóval kisebb mértékben, mint a cukoretetés hatására. A füves parcellákban viszont a ragacos hangyakizárás nem vagy csak igen kis mértékben volt képes visszafogni a levéltetű populációk növekedését. A gyepe eltávolítása pozitívan hatott a hangyák aktivitására a lombkoronában. A módszer gyakorlati alkalmazhatóságának kidolgozása folyamatban van.

Reducing the activity of the common black ant, *Lasius niger* (L.) in the tree canopy, as an alternative opportunity for indirect biological control against the black cherry aphid, *Myzus cerasi* (Fabricius)

The black cherry aphid, *Myzus cerasi* (Fabricius), is a serious pest of cherry and commonly establishes a mutualistic relationship with the common black ant *Lasius niger* (L.). An orchard experiment was conducted in two young cherry orchards (cv. Sweetheart) at East Malling Research (UK) in 2011 and 2012 to determine whether reducing the ant activity in the tree canopy, can lead to better predation of *M. cerasi* by predators in the presence or absence of grass (likely to be infested with grass roots aphids including *Forda sp.*) under the trees. Ants were either excluded from trees with a sticky barrier band around, or provided with a sucrose feeder at the base of the trunk. Trees without manipulation were used as controls. Grass was killed by using herbicide treatments in herbicide plots and left untreated in grass plots. In both orchards, sucrose feeding through keeping ants on the ground greatly reduced aphid populations' growth compared to untreated controls where ants defended the aphids against predators. Ant exclusion also reduced the aphid population growth in herbicide plots, but not to the same level as sucrose feeding. Ant exclusion had a lesser or no reducing effect on aphid population growth in grass plots. Removing the ground herbage had a positive effect on ant attendance. The implications of these results for management of aphids in cherry orchards are discussed.



Hangyaközösségek szerkezetének rövidtávú változása felhagyott mezőségi szántóföldeken

Német Enikő, Markó Bálint

Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, Babeş-Bolyai Tudományegyetem, Clinicilor 5-7, Kolozsvár, Románia, nemeteniko@yahoo.com

A hangyák nagy egyedsűrűségben fordulnak elő szinte minden szárazföldi élőhelytípusban, így kiváló alanyai lehetnek biomonitring jellegű vizsgálatoknak. Vizsgálatunk során, az Erdélyi Mezőségeen mezőgazdasági művelésből kiiktatott szántóföldeken végbemenő hangyaközösségi szukcessziót tanulmányoztunk, választ keresve arra, hogy a felhagyás után milyen módon változik a hangyaközösségek szerkezete és mely tényezők befolyásolják alakulásukat. Négy különböző korú parlagot vontunk be vizsgálatunkba (egy-, nyolc-, tizenhat- és harmincéves), illetve két végstádiumnak tekintett területet (gyep és cserjés) Magyarorszávtól közelében, ahol talajcsapdás mintavételezést alkalmaztunk 2006, 2008 és 2010 őszén. Összesen 18 hangyafajt azonosítottunk a vizsgált területeken. A leggyakoribb faj a zavarástűrő *Lasius paralienus*, *L. niger* és *Tetramorium cf. caespitum* fajok voltak. A hangyák fajszáma nem mutatott jelentős növekedést a parlagok korosodásával. Az egyéves parlagon a vizsgálati periódusban a hangyaközösség diverzitása növekedett. Habár a vizsgált stádiumok a különböző vegetációs paraméterek alapján egyértelműen elkülönültek, a hangyaközösségek ezeket a különbségeket nem mutatták olyan markánsan. A vizsgálati területeket összehasonlítva szignifikáns különbséget találtunk a területek hangyaközösségei között, viszont különböző évek között nem találunk szignifikáns eltérést.

Short-term changes in ant community structure on abandoned Transylvanian old fields

Ants are present in high densities in almost every type of terrestrial habitats, therefore they can be used efficiently for biomonitoring studies. We studied epigeic ant communities of abandoned old-fields in order to elucidate how these communities change structurally in time, and which factors could determine these changes. Pitfall traps were applied in four different old-fields (1-, 8-, 16-, 30 years old) as well as on two control sites (reference grassland and a shrub-land) in Transylvania. Collections were carried out for 10 days in autumn 2006, 2008 and 2010. We found a total of 18 ant species in all the studied sites. The most abundant ant species were the disturbance-tolerant *Lasius paralienus*, *L. niger*, and *Tetramorium cf. caespitum*. The diversity of the ant community increased only at the 1-year old field during the study period. The old-fields of different ages are clearly distinguishable based on vegetation structure, but they do not differ significantly when comparing their ant communities. Based on our study, we can state, that the communities of the old-fields did not change significantly, except for the 1-year old-field, where changes were recorded in diversity.



Potenciális Alzheimer-kórra jellemző biomarkerek azonosítása

Olah Zita, Pákáski Magdolna, Tóth Melinda E., Zvara Ágnes, Klivényi Péter, Ivitz Eszter, Sántha Miklós, Vécsei László, Janka Zoltán, Kálmán János

Department of Psychiatry, Faculty of Medicine, University of Szeged, Szeged, Hungary, 6725, 57 Kálvária Avenue, olah.zita.87@gmail.com

Az Alzheimer-kór (AK) diagnosztikájában a liquor β -amiloid(1-42), tau és foszfo-tau szintek és hányadosaik meghatározása egyre nagyobb jelentőséggel bír. Az újabb klinikai farmakológiai vizsgálatokban bevételek követelményként is alkalmazzák őket, bár pozitív prediktív értékük alacsony, különösen prodromális AK-ban. Az AK-val foglalkozó kutatás egyik legnagyobb kihívása, a leginkább specifikus és szenzitív biomarkerek azonosítása. Kutatásunk célja tehát az volt, hogy AK-s betegek liquorából új, patogén fehérje biomarkereket azonosítsunk. A kísérlet sorozat első lépéseként ELISA assay technikával meghatároztuk a β -amiloid(1-42), tau és foszfo-tau szinteket, hogy megerősítsük a korábbi klinikai AK diagnózist, vagy kiszűrjük a kontroll jelölteket. Az eredmények alapján 15-15 AK-s beteg és kontroll személyt vontunk be vizsgálatunkba. 6 darab ultraszenzitív, duplikátumban, 653 antigént tartalmazó fehérje chipet használtunk. Az AK és a kontroll csoport esetében is 3-szor 5 különböző mintát vontunk össze. Eredményeink szerint 35 fehérje mutatott változást 2 chip pár összehasonlításakor. 3 chip pár összehasonlítása után azt találtuk, hogy 4 változást mutató fehérje az apoptózis gátlásáért felelős, míg 4 pedig olyan immunfehérje, mely az AK-val során kialakuló gyulladásban is szerepet játszik. Eredményeink alapján elmondhatjuk, hogy ezen 8 fehérje specifikus lehet az AK-ra. Specifitásuk megerősítésének céljából további 2-dimenziós elektroforetikus és tömegspektrometriás vizsgálatoknak vetjük alá mintáinkat.

Identification of potential protein biomarkers of Alzheimer's disease

To determine b-amyloid 1-42 (Ab), tau and phospho-tau (P-tau) and their ratio are gaining growing importance in setting up the correct clinical diagnoses of Alzheimer's disease (AD). Recently these biomarkers are also widely used as inclusion criteria in pharmacological studies, but their positive predictive value is still low especially in prodromal stages of AD. Therefore to identify even more specific and sensitive biomarkers is one of the most challenging aims in clinical AD research. The purpose of this study was to identify new pathognostic proteins in cerebrospinal fluid (CSF) of AD patients. ELISA assay of CSF samples was performed to determine the concentrations of Ab, tau and P-tau to confirm the previous clinical diagnoses of AD patients or to select the control probands. Based on its results 15-15 AD patients and control persons have been involved into the study. We used ultrasensitive 6 slides of peptide microarrays with 653 antigens in duplication on each slide. We used in pooled CSF samples of 3x5 AD patients and 3x5 controls. According to our results the concentrations of 35 proteins changed in comparison of two chip pairs. In the comparison of three chip pairs we identified four proteins that play role in inhibition of apoptosis and four immunoproteins due to the inflammation associated with AD. The results suggest that these 8 proteins may be specific to AD. To evaluate their specificity further 2-dimension-electroforesis and mass-spectrometry will be performed.



A szukcesszió és a harkály közösség kapcsolata

Ónodi Gábor, Csörgő Tibor

Eötvös Loránd Tudományegyetem, Természettudományi Kar, Biológia Intézet, Anatómiai, sejt- és Fejlődésvirológiai tanszék, 1117 Budapest, Pázmány Péter sétány 1/c, gagacrocuta@citromail.hu

Vizsgálatunkat a Duna-Ipoly Nemzeti Parkhoz tartozó Ócsai Tájvédelmi Körzetben végeztük. Az 1978-ig zajló tőzgebányászat befejezése és a terület védetté nyilvánítása után kezdődő szukcesszió hatására mára mozaikos, fás vegetáció borítja a mintegy 30 hektáros terület kétharmadát. Fő faállományát nyárfa és fűzfa fajok alkotják, szórányosan számos más fafaj is jelen van. Mivel a legtöbb harkályfaj a nagy kiterjedésű, zárt állományú erdőségeket preferálja, ez az élőhely számukra szuboptimális, ám mégis a hazánkban előforduló 9 fajból 8 már előfordult a területen. Közülük a következő 6-ot vizsgáltuk: nagy, kis, közép, balkáni fakopáncs, zöld küllő, fekete harkály. Munkánkban az Ócsai Madárvárta Egyesület által fenntartott madárvárta működési területén, standard helyeken felállított, japán típusú függönyhálókkal 1983-2010 között befogott és meggyűrűzött madarak adatait dolgoztuk fel. A fás vegetáció borítottság értékének változását 5 archiv légifotó (1979, 1992, 2000, 2005, 2010) alapján állapítottuk meg. Vizsgáltuk, hogy az egyes fajok milyen éves fogási mintázatokat mutatnak, hogyan oszlanak meg a különböző fajok egyedei fogásszám szerint, milyen összefüggés van a szukcesszió során növekvő fás borítottság mértéke és a harkály fajok egyedszámának növekedése között, és összehasonlítottuk a különböző fajok egyedszám növekedési tendenciáit. Minden vizsgált faj egyedszáma júliustól októberig, a diszperziós időszakban volt a legnagyobb. Az év többi részében főként csak a rezidens egyedek voltak jelen. A legtöbb egyednek nem volt visszafogása. Nagyon kevés madár tartózkodott a területen több éven át, sok visszafogással. Az összes vizsgált faj egyedszámának növekedése pozitívan korrelált a szukcesszió alakulásával. A legnagyobb egyedszám növekedést a nagy fakopáncs mutatta. Ettől kisebb mértékben, de az előző fajjal legszorosabb összefüggésben a kis fakopáncs egyedszáma nőtt.

Relation between forestation and the woodpecker community

This conference material is based on a research done in Hungary, (Ócsa, 47°29' N 19°20' E) in a postglacial, relic bog between 1983-2010. Secunder succession of vegetation begun in the area after the peat mining ceased: a mosaical, wooded association evolved consisting of several tree species. Eight of the nine woodpecker species occurring in Hungary live in the studied area. The most common is the Great-spotted woodpecker (*Dendrocopos major*). The Lesser-spotted (*Dendrocopos minor*), Green (*Picus viridis*) and Black woodpeckers (*Dryocopus martius*) are also often observed however less frequently, the Syrian and Middle-spotted woodpeckers are rarely found species. We used the data of mistnetted birds in Ócsa Bird Ringing Station. The change in the vegetation succession is based on the aerial photos made in 1979, 1992, 2000, 2005, 2010. The aims of this work were to detect the changes of the abundance of woodpecker species related to the forestation; to examine the seasonal patterns of different species' abundances, and to reveal the correlation between the population changes. The growth rates of each species were characterized by linear regression. Spearman analysis was used on pairs of tendencies of the species. All of the studied species exhibited population growth in correlation with the forestation, although in varying degrees. The population growth of the Great-spotted woodpecker and the Lesser-spotted woodpecker were the most significant. Most of the other species appeared only in the dispersal period. The value of the Spearman rank correlation was highest between the population increase of the Great- and Lesser-spotted woodpecker.



Az élettani stressz és a populációcsökkenés közötti kapcsolat európai madárfajok esetében

Osváth Gergely, Vágási István Csongor, Szép Tibor, Vincze Orsolya,
Nagy Károly, Veres-Szászka Judit, Pap Péter László

Evolúciós Ökológia Csoport, Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, Babeş-Bolyai Tudományegyetem,
Clinicilor 5-7, Kolozsvár, Románia, osvathgergely@gmail.com

A biodiverzitás csökkenését, fajok kihalását számos tényező befolyásolhatja, mint például az élőhely megszűnése, feldarabolódása vagy leromlása. Kevésbé ismert azonban a környezeti tényezők által kiváltott stressz és a különböző fajok populációcsökkenése közötti kapcsolat. A krónikus élettani stressz lehet az egyik ok, mely fontos szerepet játszhat az állománycsökkenésben, ugyanis ennek közvetlen hatása az alacsonyabb reprodukciós és túlélési ráta. Az élettani stressz egyik indikátora a vérképből meghatározott heterofil granulociták számának a limfocitaszámhoz viszonyított aránya. Vizsgálatunk során 67 közönséges madárfaj vérképét elemeztük, melyek populációra vonatkozó, 1999-2011 közötti adatai is ismertek. Eredményeink alapján, a mezőgazdasági területeken költő és a hosszútávú vonuló madarak állománycsökkenése kihangsúlyozottabb, míg azok a fajok, melyek populációi csökkenő trendet követnek, magas heterofil/limfocita aránnyal rendelkeznek. E kapcsolat más populációméret változásáért felelős tényező figyelembevétele után is megmaradt. Mindezek alapján elmondhatjuk, hogy az egyes közönséges európai madárfajok állománycsökkenésének egyik lehetséges oka az élőhely megváltozása, leromlása által kiváltott élettani stressz.

Populations of European bird species that are physiologically more stressed are declining

Habitat loss, fragmentation and degradation are major drivers of biodiversity loss, however the relative role of species' response to environmental stress remains poorly understood. One mechanism that might play a role in large-scale population declines is the physiological stress response because animals that experience chronic stress might show reduced rates of reproduction and survival. The heterophil to lymphocyte (H/L) ratio is particularly useful indicator in the field of conservation physiology because it is a composite measure of the stress response and can directly predict the fecundity and ultimately the change at the population level. In the present study, we used the data of leukocyte profile of 67 common European bird species of which demographic traits were available for the period 1999–2011 collected in Hungary, the nearest country where the samples were collected for physiological stress measures (Romania). We found that species with high H/L ratio are characterized with declining populations. This relationship remained highly significant after controlling for a large number of potentially confounding variables. Our results support the proposition that the continent-wide decline of the European common bird species can be related to the physiological stress of breeding individuals caused by habitat change and degradation. We suggest that the stress during the breeding season is the main cause of population decline because the H/L ratio measures acute stress.



A transzgenerációs plasztikusság szerepe az inváziós növények sikerében

Sándor Dorottya, Geréd Júlia, Fenesi Annamária, Ruprecht Eszter

Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, Babeş-Bolyai Tudományegyetem, RO-400015, Republicii 42, Kolozsvár, Románia, sandor_dorottya@yahoo.com

A környezeti tényezőkhöz való, egy generáción belüli nagyfokú alkalmazkodást (fenotípusos plasztikusság) sok esetben hozták összefüggésbe az inváziós növényfajok sikerességével. Ezzel szemben, a már két generációt érintő alkalmazkodást, mely során az anyanövény „felkészíti” az utódokat az általa tapasztalt környezeti stresszhatásokra (transzgenerációs plasztikusság, TGP) szerepe az idegenhonos fajok térhódításában kevésbé kutatott. Épp ezért kutatásunkban az anyai hatás lehetséges inváziót elősegítő szerepét vizsgáltuk, választ keresve a következő kérdésekre: (1) milyen módon segítheti a TGP az inváziós fajok sikerét? (2) jelentősebb hatása van-e a TGP-nek inváziós fajok esetén, meghonosodott, de nem inváziós fajokkal szemben? Kísérletünkhöz négy adventív növényfajt választottunk, amelyek közül két faj inváziós (*Galinsoga parviflora*, *Amaranthus retroflexus*), a másik kettő pedig idegenhonos, de nem inváziós faj (*Galinsoga ciliata*, *Amaranthus albus*). A kísérlet két szakaszban zajlott. A szülői generációban a négy faj magjait, majd az ezekből kifejlődött egyedeket három szintű víz- és nitrogén-gárdiáns mentén csíráztattuk és neveltük termésérésig. A begyűjtött magokat a következő évben (utódgeneráció) ugyanezen kezeléseknél vetettük alá, és csírázási, fejlődéskori és felnőttkori ökológiai tulajdonságokat mértünk rajtuk, mint például a csírázási arány, hajtás/gyökér tömegarány 4 hét után és kifejlett állapotban, magok száma (*Amaranthus*), illetve fészkek száma (*Galinsoga*). Eredményeinkből kitűnik, hogy az anyai hatás a növény egész élete során érvényesül, de különbözőképpen nyilvánul meg az egyes fajok és kezelések esetében, illetve a növényegyedek élete során. A legfontosabb eredményünk, hogy a két inváziós faj esetén, szemben a nem sikeres meghonosodott fajokkal, az TGP hozzájárul a nagyobb reprodukciós sikerhez, ami jól tükrözi, hogy a jelenség pozitívan befolyásolhatja a fajok inváziós térhódítását.

The role of transgenerational plasticity in the success of invasive plants

Among the biological traits that were proven to help the spread of the invasive species, the high phenotypic plasticity is among the most cited ones. While phenotypic plasticity is a within-generation adjustment to current conditions, trans-generational plasticity (TGP) is a mechanism by which parental responses may pre-condition offspring for the environment they are most likely to encounter. The importance of TGP in the invasion process has been neglected until now. Therefore, we investigated the role of TGP in the invasion process, trying to answer the following questions: (1) how can the TGP contribute to the success of invasive plants (2) is TGP more accentuated in the case of invasive species, contrary to naturalized, but non-invasive species? We have chosen four adventive plant species to answer these questions: two invasive (*Galinsoga parviflora*, *Amaranthus retroflexus*) and two non-invasive adventive species (*Galinsoga ciliata*, *Amaranthus albus*). First, species were reared under three leveled water and nitrogen gradients. In subsequent year (offspring generation), we subjected the seeds from parental generation to the same treatments, reared the plants and measured several ecological traits, e.g. germination rate, shoot-root ratio, number of seeds or calathids. Our results show that the maternal effect prevails during the plants' whole life, but it shows different patterns according to the identity, treatment and life-stage of the species. The most important finding was that the TGP helped the invasive species, but not the non-invasive naturalized ones, to improve their reproductive success, which underlines the importance of the phenomenon during biological invasions.



Stressz hatása a vér-agy-gátra: mikroszkópos vizsgálatok patkány agymetszeteken

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

MTA Szegedi Biológiai Kutatóközpont, Biofizikai Intézet, Szeged, 6726 Szeged, Temesvári krt. 62, santha.petra@gmail.com

Az Alzheimer-kór a leggyakoribb demenciával járó, progresszív neurodegeneratív betegség, melynek kialakulásához a krónikus és átmeneti stresszhatások is hozzájárulnak. Alzheimer-kórban a neuronpusztulás mellett a vér-agy-gát működésének zavara is bizonyított. Korábbi eredményeink igazolták, hogy immobilizációs stresszt követően a neurális degenerációban szerepet játszó β -aktin és cofilin citoskeletális fehérjék mRNS és fehérje expressziós szintje is megemelkedik patkányok hippocampus régiójában. Jelen kísérleteinkben patkányokon végzett akut (1 és 3 napos) és krónikus (21 napos) immobilizációs stressz kezelést követően vizsgáltuk a citoskeletális változásokat a neurovaszkuláris egység sejteiben immunhisztokémiát követően konfokális mikroszkópiával. A frontális kérgi és hippocampális mintákat agyi endothélsajt (klaudin-5, glükózttranszporter-1 és caveolin-1), pericyta (PDGFR- β) és astroglia (GFAP) marker fehérjékre festettük. A citoskeletális markerek közül a β -aktin kolokalizálódott az agyi endothélsajtokban a glükózttranszporter-1 festéssel és az immunfestés intenzitása krónikus stressz kezelés hatására a hippocampális területeken megemelkedett a korábbi adatokkal egybevágóan. A caveolin-1 festés intenzitása megváltozott, míg a citoskeletális cofilin és a nem foszforilált ERK1/2 festés esetében nem láttunk intenzitásbeli különbséget a neurovaszkuláris egység sejteiben a kezelt állatokban a kontrollhoz viszonyítva. Eredményeink igazolták a citoskeletális β -aktin fehérje és a caveolin-1 stressz-függő változását a vér-agy gát sejteiben. Ezek a változások részt vehetnek Alzheimer-kór esetében a kognitív funkciók romlásában. Munkánk az Társadalmi Megújulás Operatív Program (TÁMOP-4.2.2.A-11/1/KONV-2012-0052, TÁMOP 4.2.2.A-11/16KONV-2012-0052, 4.2.2./B) pályázat támogatásával készült.

Effects of stress on the blood-brain-barrier: microscopic studies on rat brain sections

Alzheimer's disease is the most common dementia-associated progressive neurodegenerative disorder. Chronic and transient stress types also contribute to its development. In Alzheimer's disease, in addition to neuronal death, dysfunction of the blood-brain barrier has been demonstrated. In our previous study immobilization stress induced elevation in both the transcription and protein translation of the main cytoskeletal component β -actin and its regulatory protein cofilin in the rat hippocampal region. In the present work changes in the main cytoskeletal components of the cells of the neurovascular unit were examined with confocal microscopy after acute (1 and 3 days) and chronic (21 days) immobilization stress in Wistar rats. Samples from the frontal cortex and hippocampus were immunostained for brain endothelial cell (claudin-5, glucose transporter-1 and caveolin-1), pericyte (PDGFR- β) and astroglia (GFAP) markers. Among the cytoskeletal proteins, β -actin was shown to colocalize with glucose transporter-1 staining in brain endothelial cells. Chronic stress increased the intensity of immunostaining of β -actin in the hippocampal region, in agreement with our previous Western-blot data. Stress changed the intensity of caveolin-1 staining, but cytoskeletal cofilin and non-phosphorylated ERK1/2 immunolabelling did not differ in the cells of the neurovascular unit of the treated animals when compared to the control. Our results demonstrated stress-dependent alterations in β -actin and caveolin-1 in the cells of the blood-brain barrier. These changes may participate in the progression of cognitive dysfunction in Alzheimer's disease. This study was supported by The Ministry of Education and Culture (grant nos.: TÁMOP-4.2.2.A-11/1/KONV-2012-0052, TÁMOP 4.2.2.A-11/16KONV-2012-0052, 4.2.2./B).



Inkvilin gubacsdarazsak (Hymenoptera, Cynipidae, Synergini) filogenetikája

Schwéger Szabina, Bihari Péter, Bozsó Miklós, George Melika, Péntes Zsolt

Szegedi Tudományegyetem, Ökológiai Tanszék, 6726 Szeged, schwegerszabina@gmail.com

Az inkvilin gubacsdarazsak gubacsindukciós képességüket elveszítették. Három fő leszármazási soruk monofiletikus eredete kérdéses, a morfológiai és molekuláris filogenetikai eredmények ellentmondóak. A leszármazási sorok egyike a *Synophrus-Saphonecrus-Synergus-Ufo* csoport (Synergus komplex). Célunk a főbb csoportok elkülönítése, leszármazási kapcsolataik tisztázása. A leszármazási kapcsolatokat a 28S D2 és a citokróm oxidáz 1 génszekvenciák alapján Bayes rekonstrukcióval becsültük. A Synergus komplexen (*Synophrus-Saphonecrus-Synergus-Ufo*) belül a filogenetikai vizsgálataink támogatják a *Synophrus* és az *Ufo* klád monofiletikusságát. A *Synergus* klád a palearktikus fajok alapján monofiletikus, azonban az egyes fajhatárok közötti bizonytalanságok és a nearktikus fajok jelen vizsgálatai alapján ez még nem egyértelmű. A *Saphonecrus* klád esetén a molekuláris filogenetikai és a morfológiai vizsgálatok sem támasztják alá a csoport monofiletikusságát. A kelet palearktikumból származó minták bevonásával három leszármazási vonal különült el.

Phylogeny of inquiline gallwasps (Hymenoptera, Cynipidae, Synergini)

The inquiline gallwasps have lost the ability to induce their own galls. The monophyletic origin of their three main lineages is questioned as the morphological data and molecular phylogenies are inconsistent. One of the main lineages within Synergini is the *Synophrus-Saphonecrus-Synergus-Ufo* group (called as the *Synergus* complex of genera). In the present investigation our goal is to separate the main units within the *Synergus* complex, and clarify their evolutionary relationships. Molecular phylogenies are reconstructed using the Bayesian method from a segment of 28S D2 and cytochrome oxidase I gene sequences. The phylogenetic analyses within the *Synergus* complex of genera support the monophyly of *Synophrus* and *Ufo*. The *Synergus* clade appeared to be monophyletic but only in the case of Palaeartic species. However the uncertainty of limits between species and involving of currently examined Nearctic species might be change this view. Neither molecular phylogenetic nor morphological data support the maintenance of *Saphonecrus* as a monophyletic group. With involving Eastern Palearctic species showed that tribe is divided into three distinct lineages.



Az ABCB1 transzporterek expressziójának szabályozásában számos mechanizmus szerepet játszik drog-rezisztens patkány sejtekben

Sike Ádám, Nagy Enikő, Boros Imre

SZTE TTIK Biokémiai és Molekuláris biológiai tanszék, 6726 Szeged, Közép fasor 52,
sike.adam@gmail.com

A tumor sejtek úgynevezett multidrog-rezisztens (MDR) fenotípusának fő okozója az ABC transzporterek drog-kipumpáló képességének jelentős megemelkedése, ami igen komoly problémát okoz a kemoterápiás kezelések sikerességében. Munkám során arra a kérdésre kerestem a választ, hogy vajon a drog-transzporter gének expressziójában különböző epigenetikai mechanizmusok által okozott változások tükröződnek-e a drog-rezisztens sejtek MDR fenotípusának változásában. A kérdés megválaszolásához egy drog-szenzitív patkány hepatoma szülői sejtvonalat (D12) és ennek közepesen (col500) valamint erősen drog-rezisztens (col1000) leszármazottjait használtam. Eredményeim alapján elmondható, hogy a rezisztens sejtekben a 3 fő transzportert kódoló gének (Abcb1a, Abcb1b, Abcc1) közül szignifikánsan csak az Abcb1b aktivitása emelkedett meg. A magasabb expresszióért elsősorban a gén transzkripciójának aktivációja tehető felelőssé. Ezt követően megvizsgáltam egy epigenetikai tényező, a hiszton acetiláció lehetséges szerepét a megfigyelt fokozottabb génátírásban. Az Abcb1a és Abcb1b gének szabályozó régióiban a hiszton acetiláció szintjének mesterséges megemelése eltérően hat a génekről képződött mRNS-ek mennyiségére: a megemelkedett hiszton 3 lizin 9 acetilációt Abcb1a esetében transzkripció intenzitásának csökkenése, míg Abcb1b esetében annak növekedése követi. A drog-kipumpáló képesség azonban nem követi szorosan a drog-transzporter gének transzkripció-aktivitását. Eredményeink rámutatnak a hiszton modifikáció, a drog-transzporter expresszió és a drog-rezisztens fenotípus közötti ok-okozati kapcsolatok alapos és körültekintő vizsgálatának szükségességére. Jelen kutatási eredmények megjelenését „Az SZTE Kutatóegyetemi Kiválósági Központ tudásbázisának kiszélesítése és hosszútávú szakmai fenntarthatóságának megalapozása a kiváló tudományos utánpótlás biztosításával” című, TÁMOP-4.2.2/B-10/1-2010-0012 azonosítószámú projekt támogatja. A projekt az Európai Unió támogatásával, az Európai Szociális Alap társfinanszírozásával valósul meg.

Expression of ABCB1 transporters is regulated by different mechanisms in drug-resistant rat hepatoma cells

The multidrug-resistant phenotype of tumor cells is acquired via an increased capability of drug efflux by ABC transporters and causes serious problems in cancer treatment. With the aim to uncover whether changes induced by epigenetic mechanisms in the expression level of drug transporter genes correlates with changes in the drug resistance phenotypes of resistant cells, we studied the expression of drug transporters in rat hepatoma cell lines. We found that of the three major rat ABC transporter genes Abcb1a, Abcb1b and Abcc1 the activity of only Abcb1b increased significantly in colchicine-selected, drug-resistant cells. Increased transporter expression in drug-resistant cells results primarily from transcriptional activation. A change in histone modification at the regulatory regions of the chromosomally adjacent Abcb1a and Abcb1b genes differentially affects the levels of corresponding mRNAs. Transcriptional up- and down-regulation accompany an increase in acetylation levels of histone H3 lysine 9 at the promoter regions of Abcb1b and Abcb1a, respectively. Drug efflux activity, however, does not follow tightly the transcriptional activity of drug transporter genes in hepatoma cells. Our results point out the need for careful analysis of cause-and-effect relationships between changes in histone modification, drug transporter expression and drug resistance phenotypes. The presentation is supported by the European Union and co-funded by the European Social Fund. Project title: “Broadening the knowledge base and supporting the long term professional sustainability of the Research University Centre of Excellence at the University of Szeged by ensuring the rising generation of excellent scientists.” Project number: TÁMOP-4.2.2/B-10/1-2010-0012.



Hat év tojáséjában: Mindennapi Madarak Monitoringja Romániában 2006-2012 között

Szabó D. Zoltán, Domşa Cristian, Kovács István, Gábos Ede, Nagy H. Beáta, Fenesi Annamária

Magyar Biológiai és Ökológiai Intézet, Babeş-Bolyai Tudományegyetem, Clinicilor 5-7, Kolozsvár, Románia, szabodz@hasdeu.ubbcluj.ro

A romániai Mindennapi Madarak Monitoringja program 2006-ban indult. Célja a gyakori madárfajok állományában bekövetkező változások követése. A felmérést önkéntes felmérők végzik, akik kezdetben lakóhelyük közelében jelölnek meg egy 10x10 km-es nagyságú négyzetet amiből véletlenszerűen választunk egy 2x2 km-es területet, ahol évente két alkalommal, 10 ponton jegyzik fel a hallott vagy látott fajokat. A programba eddig összesen 185 felmérő regisztrált, de ezek közül évente átlagosan mintegy 30-an végzik el rendszeresen a megfigyeléseket. Az ország területi lefedettsége aránytalan, főleg a déli megyékből hiányoznak a rendszeresen látogatott négyzetek. Az élőhelyek kellő arányban képviselve vannak, enyhén több mezőgazdasági- és kevesebb erdei élőhellyel. Összesen 39 faj esetében számolhattuk ki a 2007-2011 időszakra az állományváltozások mértékét. Ezek szerint 3 faj állománya határozottan, 5 fajt enyhén növekedett. Határozott csökkenést mutatott egy faj, enyhén csökkent 3 faj, stabilnak tekinthető állománya egyiknek sem volt, míg 32 faj esetében bizonytalan a trend. A nagy számú bizonytalan becslés fő oka a sorozatosan felmért négyzetek kis száma. A program során gyűjtött adatokat felhasználtuk egyes fajok elterjedésének és relatív sűrűségének modellezésére illetve a mezőgazdasági területeken költő fajok mutatójának kidolgozására is. Az önkéntes felmérők toborzása és megtartása bizonyult a program egyik legkomolyabb kihívásának, amit a rendszeresen megtartott éves találkozók és az ország különböző pontjaiban rendezett felkészítők révén próbáltunk erősíteni.

Six years in an eggshell: Romanian Common Bird Monitoring between 2006 and 2012

The Romanian Common Bird Monitoring project started in 2006. The main goal of the project is to follow the population trends of the widespread bird species. The survey is done by volunteer observers. At the beginning they have to indicate a 10x10 km square from which we select randomly a 2x2 km square where they have to note on 10 observation points the species seen or heard. A total of 185 people registered in the project, but there are only about 30, who repeat annually the observations. The area coverage of the country is not complete, with large areas in the south uncovered. Habitats are evenly represented with a slight bias towards agricultural habitats and with less forests. We calculated trend indices for 39 species for the 2007-2011 period. Three species showed a strong increase and 5 species a moderate increase. One species is in a steep decline, 3 species in moderate decline. The trends of the remaining 32 species are uncertain and none was classified as stable. The large number of uncertain trends is due mainly to the small number of repeatedly surveyed monitoring squares. The data gathered through this project was also used to model the distribution and relative abundance of certain species and to calculate the Farmland Bird Index. One of the main challenges of the project was to recruit and keep the volunteer observers. To achieve this, we organised an annual general meeting every year and several training weekends at different regions of the country.



Emberi gyógyszer transzporterek és antimaláriás szerek kölcsönhatás vizsgálata *in vitro* rendszerekben

Szerémy Péter, Makai Ildikó, Jani Márton, Gedey Szilvia, Tauberné Jakab Katalin, Márky-Zay János

Szegedi Tudományegyetem Általános Orvostudományi Kar, Dóm tér 9. H-6720 Szeged, Magyarország, odonka@gmail.com

A malária terjedésének megelőzése egyre nehezebb napjainkban, mivel megjelentek több gyógyszerre is rezisztens parazita törzsek, ezért az új malária ellenes szerek kifejlesztése égetőbb mint valaha. Az állatkísérletek túl drágák és munkaigényesek nagyszámú molekula farmakokinetikai vizsgálatához. A beadott gyógyszer sorsa nagyban függ, mennyire hat kölcsön membrán transzporterekkel, melyek jelen vannak a szervezet győgszertanilag fontos határfelületein. Továbbá a transzporterek felelősek a Plasmodium törzsek győgszertanilag fontos rezisztenciájának jelentős részéért. A tanulmány fő célja annak eldöntése, hogy a nagy áteresztő képességű (HTS) membrán preparátum alapú vizsgálatok alkalmasak-e győgszertanilag jelölt molekulák és a győgszertanilag transzporter kölcsönhatások vizsgálatára és az állatkísérletek kiváltására. Számos referencia antimaláriás szer kölcsönhatását megvizsgáltuk ABC transzporterekkel, mint MDR1, MRP1, BCRP a SOLVO PredEasy ATPase kiteset használva, míg az SLC felvevő transzporter család tagjait (OCT1 és OCT2) sejtes rendszerben mértük. Az így kapott IC₅₀ és EC₅₀ értékeket összevetettük a klinikumban mért adatokkal. Sok esetben a mi adataink az első bizonyíték, hogy a malária ellenes szerek kölcsönhatnak a membrán transzporterekkel és ezek az adatok egybevágóak a klinikai eredményekkel is.

Investigation of human transporter interactions of antimalarials using *in vitro* assays

Options to control spread of malaria are increasingly limited due to emergence of parasites resistant to widely used antimalarials, therefore discovery of novel antimalarials appears crucial more than ever. Animal experiments are too expensive and laborous for the pharmacokinetic characterization of large number of compounds. The fate of administered drugs may largely depend on their interactions with transporter proteins, which are present in all major pharmacologically relevant barriers. Furthermore, transporters are key determinants of antimalarial drug resistance of plasmodiums as well. The aim of this study was to examine whether the high-throughput (HTS) membrane-based transporter assays can be applied to characterize the transporter interactions of candidate antimalarials instead of animal models. Reference antimalarials have been tested for their interaction with the ABC-transporters MDR1, MRP1 and BCRP using the Solvo PredEasy ATPase kits and the interaction with the SLC family members OCT1 and OCT2 uptake transporters in cell-based assay. Measured IC₅₀ and EC₅₀ values were correlated with the clinical observations on the tested antimalarials. In many cases our data are the first proof for transporter interaction of these clinically important drugs. These results corresponded exactly to the clinical data on the antimalarials tested.



Strukturális és molekuláris változások Crohn-beteg patkányok bélidegrendszerében

Talapka Petra, Nagy Lajos, Pál Alexandra, Poles Marietta, Puskás G. László, Bagyánszki Mária, Fekete Éva, Bódi Nikolett

Szegedi Tudományegyetem Természettudományi és Informatikai Kar; Élettani, Szervezettani és Idegtudományi Tanszék, H-6726 Szeged, Közép fasor 52, talapka.petra@gmail.com

A Crohn-betegség (CD) olyan krónikus bélgyulladás, amely a bélfal minden rétegét érinti. A gyulladás mértéke bélszakaszonként eltérő. A betegeknel a súlyosabb vagy enyhébb gyulladásos folyamatok tünetmentes periódusokkal váltakozhatnak. A CD legsúlyosabb szövödménye a bélszűkületek kialakulása, mely bélelzáródáshoz vezet. A bélszűkületek kialakulásának pontos patomechanizmusáról nem állnak rendelkezésünkre irodalmi adatok. Célunk egy olyan patkánymodell előállítás volt, mely alkalmas a CD-re jellemző gyulladásos és tünetmentes periódusok váltakozását kísérő folyamatok tanulmányozására. Kíváncsiak voltunk arra, hogy a myentericus neuronok kvantitatív, morfológiai vagy molekuláris paramétereiben vannak-e olyan változások, amelyek összefüggésbe hozhatók a bélszűkületek kialakulásával. A bélgyulladást lokálisan a vastagbélben 2,4,6-trinitrobenzénszulfonsavval (TNBS) indukáltuk. A gyulladásos és tünetmentes periódusok váltakozását ismételt TNBS kezelésekkel modelleztük. A 120 napig tartó krónikus bélgyulladás különböző időpontjaiban a vastagbél fekélyes, illetve attól proximálisan és disztálisan elhelyezkedő területeiről szövettmintákat vettünk, amelyeket fény- és elektronmikroszkópos immunhisztokémiai valamint real-time PCR vizsgálatokhoz készítettünk elő. A kezelt állatokból származó mintákat az azonos korú kontroll állatokból nyert mintákkal hasonlítottuk össze. Eddigi eredményeink alapján megállapítottuk, hogy a bélszűkületek kialakulásának hátterében a myentericus neuronok, a bél simaizomsejtek és egyes gyulladásos markerek összehangolt változása áll. Az ismételt TNBS kezelések után a nyálkahártya fekélyesedése mind enyhébb és kisebb kiterjedésű volt. Ez arra utal, hogy a CD kialakulásával párhuzamosan érvényesül egy nyálkahártya védő, prekondicionáló hatás. Kvantitatív vizsgálataink szerint ez a védőhatás a bélidegrendszerben nem érvényesül. Morfológiai mérésekkel igazoltuk, hogy a gyulladás krónikus fázisában a simaizomsejtek fokozott apoptózisa és az ECM kóros felhalmozódása miatt megnőtt a simaizomsejtek és az idegvégződések közötti távolság, aminek meghatározó szerepe lehet a simaizomsejtek innervációjának sérülésében, s így a szűkületek kialakulásában.

Structural and molecular changes of the enteric nervous system in rats with Crohn's disease

Crohn's disease (CD) is a multifactorial, relapsing disorder with chronic inflammation involving all layers of the gut wall. The development of obstructive strictures associated with CD causes major complications in patients. Our aim was to develop a rat model suitable to investigate the chronic recurring periods of recrudescence and remission in CD. Colitis was induced by an enema of 2,4,6-trinitrobenzenesulfonic acid (TNBS). Recurrence of the inflammation was mimicked by repeated TNBS treatments. Intestinal samples derived from the inflamed segment, and also proximal and distal to the inflamed segment of the colon were collected from rats treated with TNBS once, twice and three times and age-matched controls at different time points of the 120-day experimental period. Tissue samples were prepared for quantitative immunohistochemistry, electronmicroscopic morphometry and real-time PCR. Our preliminary findings indicate that aligned alteration of enteric neurons, smooth muscle cells (SMCs) and different inflammatory markers have a critical role in the development of intestinal strictures. After repeating TNBS treatments, decreased extension of mucosal inflammation was observed when compared to rats treated with TNBS only once. Therefore, a preconditioning effect of repeated TNBS treatment was suggested. Based on the evaluation of quantitative properties of the enteric neurons seemed that this preconditioning did not evolve in the enteric neurons. Ultrastructural morphometry revealed an increased amount of extracellular matrix deposition and increased number of SMCs with proapoptotic markers. Consequently, the distance between SMCs and myenteric ganglia increased, which might be responsible for the default innervation of SCMs and the formation of intestinal strictures.

**Heterológ eredetű xantofill bioszintézis gének kifejeztetése *Mucor circinelloides*-ben**

Tóth Eszter Judit, Csernetics Árpád, Bencsik Ottó, Szekeres András, Vágvolgyi Csaba, Papp Tamás

SZTE TTIK Mikrobiológiai Tanszék, 6726 Szeged, Közép fasor 52, forimistio@gmail.com

A *Mucor circinelloides* egy β -karotin termelő járomspórás gomba, mely régóta használt modellorganizmus a fonalas gombákkal kapcsolatos genetikai, valamint molekuláris és sejtbiológiai kutatásoknak. A β -karotin származékai a xantofillok (pl. asztaxantin, kantaxantin, zeaxantin, β -kriptoxantin), amelyek keto-, illetve hidroxil-csoportokat hordoznak, kiváló antioxidánsok, ezért az emberi és állati egészségre kedvező hatással rendelkeznek és értékes komponensei különböző takarmány, élelmiszeripari, kozmetikai és gyógyszeripari terméknek. Napjainkban, az iparban túlnyomóan szintetikus úton előállított karotinoidokat használnak, de egyre nagyobb igény mutatkozik a biológiai eredetű pigmentek iránt. Kutatásunk célja a β -karotin továbbalakítására alkalmas enzimeket kódoló gének kifejeztetése *M. circinelloides*-ben, hogy megvizsgáljuk a xantofilltermelés lehetőségét és biológiai feltételeit ebben a gombában. Ezért transzformációs kísérleteket végeztünk vad típusú és kantaxantin termelő mutáns *M. circinelloides* törzsekkel. Vektorokon bejuttattuk a *Xanthophyllomyces dendrorhous* asztaxantin-termelő bazidiomycetes gomba β -karotin oxidázt (crtS) és a *Paracoccus sp.* N81106 asztaxantin-termelő tengeri baktérium β -karotin hidroxilázt (crtZ) kódoló génjeit és elemeztük az így nyert transzformánsok karotinoid termelését. A transzformánsok karotinoid összetételét különböző szénforrást tartalmazó táptalajokon és különböző tenyésztési hőmérsékleten is megvizsgáltuk. A crtS gén által kódolt enzim esetében a β -karotin hidroxiláz aktivitás mellett ketoláz aktivitást is sikerült kimutatnunk. A crtS és a bakteriális eredetű β -karotin ketolázt kódoló crtW géneket is hordozó transzformánsokban a keto-származékok közül a kantaxantin mennyisége volt a legnagyobb. A crtZ és a crtW géneket hordozó transzformánsok esetében sikerült meghatároznunk olyan tenyésztési körülményeket, amelyekkel fokozható a hidroxilált és ketolált β -karotin származékok mennyisége.

Expression of heterologous xanthophyll biosynthesis genes in *Mucor circinelloides*

Mucor circinelloides is a β -carotene producing fungus, which has been used as a model organism in genetic, molecular and cell biological studies of filamentous fungi. Xanthophylls such as astaxanthin, canthaxanthin, zeaxanthin and β -cryptoxanthin contain keto- and hydroxyl groups. These pigments act as powerful antioxidants so have beneficial effects on human and animal health; they are used in nutraceuticals, medicinals, cosmetics and as feed ingredients. Nowadays industrial carotenoids are primarily synthesized chemically, but there is an increasing interest in source of these pigments from biological origin. Aim of our study was to express the genes of β -carotene modifying enzymes in *M. circinelloides* to examine the possibility and biological conditions of xanthophyll biosynthesis in this fungus. Transformations of the wild-type and canthaxanthin producing mutant *M. circinelloides* strains were performed with the β -carotene oxidase (crtS) of the astaxanthin producing basidiomycetes yeast *Xanthophyllomyces dendrorhous* and β -carotene hydroxylase (crtZ) of the astaxanthin producing marine bacterium *Paracoccus sp.* N81106, respectively. The carotenoid composition of the resulting transformants were analysed. Beside of its β -carotene hydroxylase activity, the ketolase activity of the crtS gene was verified. Expression of this gene together with crtW, encoding a bacterial β -carotene ketolase increased the keto-carotenoid (especially canthaxanthin) content of the fungus. Culturing conditions, where production of the ketolated and hydroxylated derivatives of β -carotene can be increased in the transformants, were identified.

