

## **Molekuláris biodiverzitás: taxonómia, filogenetika, filogeográfia**

**Magyar Tudomány Ünnepe,**

**az MTA Biológiai Tudományok Osztálya és az MTA DAB Biológiai és**

**Környezettudományi Szakbizottsága közös rendezvénye**

**Debrecen, DAB Székház, Bognár Rezső Terem, 2016. november 22.**

**Megnyitó: Dévai György professor emeritus, a DAB Biológiai és Környezettudományi Szakbizottságának tiszteletbeli elnöke (9:00-9:10)**

### **Molekuláris taxonómia, filogenetika és filogeográfia – módszerek és lehetőségek**

**Kis Olga**, Felföldi Tamás, Gyulavári Hajnalka Anna, Szalay Petra Éva, Miskolczi Margit, Szabó László József, Márialigeti Károly, Dévai György: A molekuláris vonalkódolás és a morfometriai elemzés viszonya a szitakötőkénél. (9:10-9:30)

**Tóth János Pál**, Varga Zoltán, Bereczki Judit: Hogyan segítheti a mito-nukleáris diszkordancia és a Wolbachia fertőzöttség vizsgálata a filogeográfiai kutatásokat? (9:30-9:50).

**Bereczki Judit**, Pecsénye Katalin, Váradi Alex, Varga Zoltán és Tóth János Pál: A fajképződés eltérő fokozatai két *Maculinea* faj példáján (9:50-10:10)

**Diszkusszió** (10:10-10:20)

### **Sztyeppei fajok molekuláris taxonómiája és filogeográfiája**

Barina Zoltán, **Pifkó Dániel**, Somogyi Gabriella: Sztyeppei növényfajok nyugati perempopulációinak taxonómiai helyzete.(10:20-10:40)

**Sramkó Gábor**: Sztyeppei növények filogeográfiája -- előrs vagy hátvéd? (10:40-11:00)

**Fehér Zoltán**, Sramkó Gábor, Tóth János, Deli Tamás, Lukasz Kajtoch: A Pannon csiga (*Caucasotachaea vindobonensis*) glaciális refugiumterületeinek és elterjedés-történetének feltárása (11:00-11:20)

**Rác Rita**, Tóth János Pál, Bereczki Judit, Sramkó Gábor, Fülöp Attila, Barta Zoltán: Genetikai differenciálódást befolyásoló tényezők egy röpképtelen bogárfaj, a nagyfejű csajkó (*Lethrus apterus*) esetében. (11:20-11:40)

**Németh Attila**, Bárány Annamária, Csorba Gábor, Pazonyi Piroska, Magyar Enikő, Pálffy József: Elvesztett sztyeppei emlősfajaink -A Kárpát-medence sztyeppei ökoszisztémájának változásai a holocén során.(11:40-12:00)

Cserkész Tamás, **Laczkó Levente**, Tóth János Pál, Sramkó Gábor: A csíkos szöcskegér fajcsoport eurázsiai filogeográfiája (12:00-12:20)

**Diszkusszió** (12:20-12:30)

### **Szünet**

### **Molekuláris diverzitás a kárpáti-balkáni régióban, taxonómia, filogenetika, filogeográfia**

**Barina Zoltán**, Pifkó Dániel & Somogyi Gabriella: Balkáni endemizmusok eredete és taxonómiája. (13:30-13:50)

György Zsuzsanna és **Höhn Mária**: Refúgiumok nyomai két alpesi faj molekuláris mintázatában? (13:50-14:10)

**Tóth Endre György**, Vendramin Giovanni Giuseppe, Bagnoli Francesca, Köbölkuti Zoltán Attila, Höhn Mária: Filogeográfiai és adaptációs mintázat a közép-kelet-európai erdeifenyő (*Pinus sylvestris* L.) populációkban. (14:10-14:30)

**Németh Csaba**, Papp Nóra, Jana Bílá, Höhn Mária: *Sorbus* fajkeletkezés triparentális hibridizációval a Déli-Kárpátok és az Erdélyi-szigethegység területén. (14:30-14:50)

**Pecsenye Katalin**, Tóth János, Bereczki Judit, Szolnoki Noémi, Varga Zoltán: A genetikai variabilitásra ható evolúciós erők eltérő időskijai. Esettanulmány a *Parnassius mnemosyne* kárpát-medencei populációiról. (14:50-15:10)

**Antal László**, László Brigitta, Petr Kotlík, Mozsár Attila, Czeglédi István, Oldal Miklós, Kemenesi Gábor, Jakab Ferenc, Nagy Sándor Alex: Bihari márna (*Barbus biharicus*) a Kárpát-medence új halfaja. (15:10-15:30)

**Vörös Judit**: A Kárpát-medence, mint jégkorszaki menedékterület farkos kétéltűek számára. (15:30-15:50)

**Németh Attila**, Varga Zoltán, Homonnay Zalán, Krizsik Virág, Czabán Dávid, Csorba Gábor: Jégkorszaki klímaváltozások okozta fajképződés és adaptív radiáció: A Kárpát-medence és a Balkán földikutyáinak filogeográfiája. (15:50-16:10)

**Diszkusszió** (16:10-16:20)

**Varga Zoltán professor emeritus, az MTA BTO diverzitásbiológiai bizottságának elnöke: Zárszó** (16:20-16:30)

## Az előadások összefoglalói

**Kis Olga**, Felföldi Tamás, Gyulavári Hajnalka Anna, Szalay Petra Éva, Miskolczi Margit, Szabó László József, Márialigeti Károly, Dévai György:

A molekuláris vonalkódolás és a morfometriai elemzés viszonya a szitakötőknel

Meggyőződésünk szerint a fajok, sőt gyakran az alfajok pontos azonosítása képezi a kiindulópontját és az alapját a szünbiológiának, s így a biodiverzitás feltárására és megőrzésére irányuló munkának. A magyarországi szitakötő-fauna revíziója során néhány nemzetség, faj és alfaj esetében kétségek merültek fel besorolásuk helyességét illetően. Taxonómiai helyzetük tisztázására törekedve a hagyományos morfometriai és az új DNS vonalkódolásos eljárások együttes alkalmazásával igyekeztünk megoldást keresni a besorolás vitatott kérdéseire. Ennek a populációs szintű feltáró-elemző munkának a tanulságait kívánjuk előadásunkban bemutatni, elsősorban a *Chalcolestes* nemzetség és két hazai képviselője (*C. parvidens*, *C. viridis*), ill. a sávós szitakötő (*Calopteryx splendens*) esetében végzett vizsgálataink példáján.

**Tóth János Pál**, Varga Zoltán, Bereczki Judit:

Hogyan segítheti a mito-nukleáris diszkordancia és a *Wolbachia* fertőzöttség vizsgálata a filogeográfiai kutatásokat?

A biogeográfia eszköztára jelentősen bővült az elmúlt évtizedekben. A modern DNS-alapú filogeográfia, a sokváltozós morfometria, a távérzékeléses módszerek és az elterjedés modellek kombinálása egyre pontosabb és részletesebb ismeretekhez vezetnek a fajok elterjedésének törvényszerűségeivel és azok történetiségével kapcsolatban. A magi és a mitokondriális DNS-ben mutatkozó eltérő mintázatok sokszor megnehezítik a vizsgált objektum történetének rekonstruálását és rámutat arra hogy miért szükséges magi és mitokondriális régiók együttes vizsgálata. Ráadásul a mito-nukleáris diszkordancia jelenségét számos tényező okozhatja. Ilyen pl. a mitokondriális DNS adaptív introgressziója, a hibridizáció elmozgása, *Wolbachia* fertőzés, a néhány leggyakoribbat említve. Azonban olyan esetekben amikor a fennálló ellentmondás oka tisztázható, segítheti a múltban lejátszódott események rekonstruálását.

Az utóbbi években intenzív vizsgálatok folytak a *Melitaea phoebe* fajcsoport kapcsán, amelynek köszönhetően számos korábban vitatott kérdésre kaptunk választ. A fajcsoport taxonómiájának tisztázása megnyitotta az utat a rejtett fajok biológiájának megismeréséhez. A *Melitaea ornata* és *M. phoebe* palearktikus léptékű, többszintű genetikai vizsgálata meglepő eredményekkel zárult. Bár ezek a fajok nem a legközelebbi rokonok a fajcsoporton belül, ennek ellenére a DNS-ben mutatkozó mito-nukleáris diszkordancia egyértelműen bizonyítja a két faj ősi hibridizációjára, ugyanakkor világossá teszi azt is, hogy jelenleg nincsen génáramlás közöttük. A jelenleg folyó hibridizáció hiányát a két faj drasztikusan eltérő *Wolbachia* fertőzöttségi szintje is alátámasztja. Eredményeink azt mutatják, hogy a két faj az utolsó glaciális után eltérő refugiális területekről népesítette be újra a Kárpát-medencét: a *M. ornata* az Appennini-félszigetről, míg a *M. phoebe* a Balkán-félszigetről. A *M. ornata* esetében éppen a mito-nukleáris diszkordancia jelensége teszi különösen robusztussá a jelen vizsgálat eredményit.

**Bereczki Judit**, Pecsénye Katalin, Váradi Alex, Varga Zoltán és Tóth János Pál:  
A fajképződés eltérő fokozatai két *Maculinea* faj példáján

Számos fajnak vannak ökotípusai illetve földrajzi rasszai. A rovarok esetében ezeknek a megléte összefügghet a különböző tápnövény- vagy gazdahasználattal, ami eltérő élőhely preferenciával illetve fenológiával párosulva stabilizálódhat, és tartós elszigeteltség esetén fajkeletkezéshez vezethet. Ezeknek a fajok belüli dinamikus egységeknek az azonosítása természetvédelmi szempontból is jelentős, egyben rendkívül nehéz feladat is, és kizárólag különböző módszerek együttes alkalmazásával lehetséges. Ilyen komplex vizsgálatokat végeztünk a szociálp parazita életmódú *Maculinea* hangyaboglárkák két faja esetében. Régóta vitatott kérdés, hogy a *Maculineaalcon* eltérő tápnövényeket használó, ebből adódóan eltérő élőhely preferenciájú illetve fenológiájú formái milyen szinten különülnek el egymástól, a fajkeletkezésnek milyen szintjén állnak. A *Maculinea arion* szintopikusán is előforduló fenológiai formái esetében hasonló kérdés merül fel. Ezt a problémát jártuk körül részletes genetikai, morfometriai és ökológiai vizsgálatok révén, kiegészítve azokat a hangyaboglárkákban is előforduló intracelluláris baktériumok tanulmányozásával, melyek a rovar evolúció új távlatát nyitják meg. Kutatásunk alapján kiderült, hogy a vizsgált fajok a speciáció eltérő stádiumait képviselik: míg a *Maculineaalcon* eltérő formái megmaradnak az ökotípusok szintjén, addig a *Maculinea arion* fenológiai formáira vonatkozó vizsgálati eredmények folyamatban levő fajkeletkezési eseményre utalnak.

**Barina Zoltán, Pifkó Dániel, Somogyi Gabriella:**

Sztyepei növényfajok nyugati perempopulációinak taxonómiai helyzete

Munkánk során olyan széles elterjedésű, diszjunkt arával rendelkező fajsoportokat vizsgáltunk, melyeknek a kelet-európai sztyepp zónán kívül, elszigetelt balkáni és alpesi populációi vannak.

A *Gymnospermium* nemzetség dombvidéki, alacsony hegyvidéki fajokat foglal magában, melyek Kelet-Ázsiától Dél-Európáig elterjedtek. Európában rendkívül ritkák, a Kaukázusban, a Fekete-tenger mellékén és a Balkán-félszigeten fordulnak elő elszigetelt populációkban, melyeket harmadidőszaki reliktumoknak tartanak. Az ismert európai populációkat eleinte a *G. altaicum*-mal azonosították, majd az izolált előfordulások mind-mind új neveket kaptak. A morfológiai alapon elkülönített *G. scipetarum* és *G. maloi* populációi egyetlen morfológiai bélyegben vagy bélyegkombinációban sem különülnek el egymástól, melyet AFLP-eredményeink is megerősítenek. ITS és plaztid szekvenciák alapján két leszármazási fővonal különíthető el, egyikben a kaukázusi *G. smirnovii* és a Nyugat-balkáni *G. scipetarum*, másikban a Dél-ukrajnai *G. odessanum* és a peloponnészoszi *G. peloponnesiacum* található. Utóbbi ág tartalmazza a Közép-Ázsiai *G. altaicum*-ot is. A két ág 3,8 millió éve vált el egymástól azon belül a tárgyalt európai taxonok 1,7 illetve 2,6 millió éve fejlődnek külön. A *G. odessanum* és *G. peloponnesiacum* elválása csak 0,4 míg a *G. scipetarum* és *G. maloi* elválása 0,2 millió évre datálható. Mindez összhangban áll a nemzetség vizsgált taxonjain belül kimutatható teljes morfológiai homogenitással: különbség csak a *G. scipetarum* és *G. smirnovii* vonal egyedeinek robusztusságában található, szemben a *G. peloponnesiacum* és *G. odessanum* alacsony termetével, míg a vizsgált populációk minden minőségi bélyegben megegyeznek. Mindezek alapján el kell vetnünk azt a feltételezést, hogy a *Gymnospermium* előfordulások Európában harmadidőszaki reliktumok lennének, jelenlétük ennél sokkal fiatalabb és a populációk elszigetelődése a pleisztocén időszakára tehető.

A *Chamaecytisus* nemzetségen belül, mely az európai erdős-sztyepp zónában általánosan elterjedt három egymástól elszigetelt, endemikusnak tartott faj rokonsági viszonyait

vizsgáltuk. Morfológiai vizsgálataink alapján feltételeztük, hogy a nyugat-pontuszi sztyeppterületen élő *Ch. graniticus*, az Alpok előterének xerotherm gyepeiben gyakori *Ch. purpureus*, és az észak-albán szerpentin-sztyepp vegetációban előforduló *Ch. mitrushi* egymással közel rokon taxonok. AITS-vizsgálatok ezt a feltételezést megerősítették: a *Ch. purpureus*-t és a *Ch. mitrushi*-t egy pontmutációválasztja el egymástól a *Ch. graniticus*-t pedig 4, illetve 5 pontmutációválasztja el a másik két taxontól. A vizsgált fajok között jelentős morfológiai és molekuláris eltérések nem mutathatóak ki, morfológiai alapon csak a *Ch. graniticus* különíthető el a másik két fajtól. Ezzel szemben ez a három faj jól elkülöníthető a *Chamaecytisus* nemzetség más fajaitól, melyekkel természetes körülmények között hibridképződést se figyeltek meg, így ez a három taxon önálló csoportot alkot a *Chamaecytisus* nemzetségben belül. A fajcsoport diszjunktareával rendelkezik. A vizsgált taxonok speciális szituációkban, endemizmusokban és sztyepei elemekben gazdag társulásokban fordulnak elő.

### **Sramkó Gábor:**

Sztyepei növények filogeográfiája -- előrs vagy hátvéd?

Az eddigi tudásunk szerint a sztyepei élővilág – követve a fajgazdagság keletről nyugati irányba történő csökkenését – egy kelet–nyugati irányú terjedést mutatott, azaz keleti refúgiumból kerültek sztyepei fajok a Kárpát-medence flórájába, és váltak itt féltett sztyepp-reliktumainkká. Az MTA Bolyai pályázatomban ezt a feltételezést szerettem volna tesztelni több sztyepei növényfaj filogeográfiai mintázatának összehasonlításával. Eddig a volgamenti hérics (*Adonis vernalis*), a tatógó kökörtűz (*Pulsatilla patens*) és a bókoló zsálya (*Salvia nutans*) előzetes eredményei váltak ismertté, melyek azonban ellent mondanak a fenti, széles körben elfogadott flórafajlódási hipotézisnek. A volgamenti hérics négy DNS-lókuszon alapuló filogeográfiai képe két nagy csoportot mutat az áréán: egy nyugati és egy keleti, melyek között kb. a Don-Volga menté jelenti a választóvonalat. A nyugati csoporton belül a Kárpát-medencei minták kissé elkülönülnek a pontuszi sztyeppokról (Ukrajna, Moldávia, Románia) származó mintáktól. A tatógó kökörtűz plasztisz miniszatellitjein (ún. VNTR-markeren) alapuló genotipizálása azt mutatta, hogy az erdélyi (reliktum) populációk messze felülmúlják változatosságban a pontuszi és baltikus áréáról származókat, mely utóbbiakat egy közös, nagy elterjedésű haplotípus ural. Végezetül a bókoló zsálya öt populációjának mikroszatellit lókuszon alapuló vizsgálata azt mutatta, hogy a Kárpát-medencéből származó populációk populációgenetikai jellemzői összevethetőek az áréa központi részéről származó orosz populációéval, sőt, a „hátsó széli” (rear edge) populációk jellegzetességeit mutatják. Mindezen eredmények arra engednek következtetni, hogy a Kárpát-medence jelentős szerepet játszhatott, mint a sztyepei növények refúgiuma, és – legalábbis a sztyeppzóna nyugati felében – fontos szerepet játszhatott ennek a biogeográfiai zónának a kolonizációjában.

A Bolyai János Kutatási Ösztöndíj (BO/00001/15) támogatásával készült.

### **Fehér Zoltán, Sramkó Gábor, Tóth János, Deli Tamás, Lukasz Kajtoch:**

A Pannon csiga (*Caucasotachaea vindobonensis*) glaciális refugiumterületeinek és elterjedéstörténetének feltárása

A sztyepplakó gerinctelen közösségek elterjedéstörténetéről meglehetősen keveset tudunk. A meglévő kevés ismeretünket is leginkább rovarok (főleg bogarak és lepkék) révén szereztük, miközben más csoportok, többek között a puhatestűek is erősen alulkutatottak, annak ellenére,

hogy néhány nagy fajszerű családjuk révén a csigák jelentősen hozzájárulnak a sztyepplakó közösségek diverzitásához.

Az elterjedése és habitat preferenciája alapján tipikus sztyepplakónak gondolt pannon csiga (*Caucasotachea vindobonensis*) egyike a legszélesebb elterjedésű eurázsiai csigafajoknak. Elterjedési területe a Német-Lengyel síkságtól és a Keleti-Alpoktól egészen az Észak-Kaukázusig terjed és a szűkebb értelemben vett sztyepp- és erdősztyepp területeken kívül patak- és folyóvölgyek mentén a Kaukázus, a Kárpátok, a Dinári-hegység és a Keleti-Alpok hegylábi területére is behatol. A pillanatnyi areája és területi gyakoriságai alapján pannon vagy nyugat-podóliai eredetűnek gondolták, ugyanakkor a legközelebbi rokonai mind a Kaukázus területéről ismertek. Maximum entrópián (Maxent) alapuló elterjedés modellel három potenciális refugiális terület sikerült azonosítanunk: egyet a Balkán nyugati részén, egyet a Fekete-tengertől nyugatra és egyet a Kaukázus környékén. A mitokondriális citokróm oxidáz (COI) génfragment alapján rekonstruált törzsfá legbizálisabb szétválása molekuláris óra becsléssel 100–150 ezer évvel ezelőttre, nagyjából a Riss–Würm interglaciális idejére tehető. A maximum likelihood módszerrel alapuló elterjedéstörténet rekonstrukció szerint ezek a genetikai vonalak a Würm eljegesedést külön refúgiumokban vészelték át, melyek közül az egyik szinte biztosan a Balkánon volt, a másik pedig vagy a Balkán egy másik részén vagy a Kárpát-medencében lehetett. A feltételezett refúgiumterületek ennél pontosabb lokalizációja azért nem lehetséges, mert a csigákhoz képest viszonylag nagy vagilitásuknak köszönhetően az intraspecifikus diverzitás térbeli mintázata eléggé összemósódott a holocén expanzió alatt, sőt ezt feltételezhetően később még ember-általi transzlokációk is tetézték.

Az azonban nagy bizonyossággal kizárható hogy a pannon csiga elterjedéstörténete a sztyepplakó növényfajok közül sokakra jellemző *glaciális expanzió – interglaciális kontrakció* modellt követné, és azt is jó okkal feltételezhetjük, hogy glaciális refúgiumai egyáltalán nem sztyeppi élőhelyek, hanem hegylábi területek patak- és folyóvölgyei voltak. Az, hogy jelenleg jobbra sztyeppi élőhelyeken találjuk meg azért lehet, mert tág ökológiai tűrőképességének köszönhetően ezeket az élőhelyeket is be tudta népesíteni holocénkori area expanziója során. Vagyis, eredményeink alapján úgy néz ki, hogy ellentétben a korábbi vélekedéssel, ez a faj nem tekinthető elsődlegesen sztyepplakónak.

**Rácz Rita**, Tóth János Pál, Bereczki Judit, Sramkó Gábor, Fülöp Attila, Barta Zoltán:  
Genetikai differenciálódást befolyásoló tényezők egy röpképtelen bogárfaj, a nagyfejű csajkó (*Lethrus apterus*) esetében.

A Geotrupidae családba tartozó nagyfejű csajkó (*Lethrus apterus*) agenusz többi tagjával ellentétben nagy elterjedési területű faj. Kelet-Európától egészen a Don folyóig megtalálható, elterjedésének nyugati határát Magyarországon éri el. A nagyfejű csajkó korábban gyakori volt hazánkban, és kártevőként tartották számon, azonban az egyre intenzívebbé váló mezőgazdasági tevékenységnek köszönhetően egykori élőhelyei jelentősen feldarabolódtak. A fragmentált táj egyes élőhelyfoltjai csak kis létszámú állományokat képesek fenntartani, ami a genetikai változatosság csökkenésének irányába hat. Ugyanakkor az egymástól elszigetelt élőhely foltok közötti génáramlás esélyét csökkenti, hogy a faj limitált diszperziós képességű, röpképtelen, ami viszont a populációk közötti különbségek felhalmozódásához, azaz genetikai differenciálódáshoz vezethet. Éppen ezért vizsgálataink során variábilis mikroszatellit lokuszok segítségével tárjuk fel a genetikai változatosság mértékét, illetve a populációstruktúrát befolyásoló tényezőket. Eredményeink nagymértékben hozzájárulhatnak ennek a Magyarországon nemrégiben védetté nyilvánított fajnak a megőrzését célzó természetvédelmi kezelések megalapozásához.

**Németh Attila**, Bárány Annamária, Csorba Gábor, Pazonyi Piroska, Magyarai Enikő, Pálffy József:

Elveszett sztyeppe-i emlősfajaink -A Kárpát-medence sztyeppe-i ökoszisztémájának változásai a holocén során

Az ökoszisztémák átalakulása és a fajok eltűnése alapvetően természetes folyamat, mely a pleisztocén (jégkorszak) sorozatos globális klímaváltozásai során többször bekövetkezett a Kárpát-medencében. Számos kutatás irányul például a pleisztocén-holocén átmenete során végbement „megafauna-kihalás” tanulmányozására. Azonban a holocén (földtörténeti jelenkor) emlősközösségek változásai sokkal kevésbé kutatottak. A szakirodalom áttekintésén alapuló vizsgálatunk során első ízben ötvöztük az archaeozoológia és a paleontológiai eredményeit, a történeti források adataival, hogy minden eddiginél átfogóbb képet kapjunk a holocén során a Kárpát-medencében bekövetkezett emlős kihalásokról. Az így összeállított adatbázis alapján, a holocén során mintegy tucat emlősfaj tűnt el a Kárpát-medencéből; zavarásra érzékeny sztyeppe-i kisemlősök, nagytestű növényevők és nagyragadozók. Mivel kihalásuk időpontjai semmiféle ismert klimatikus vagy vegetációs változással nem mutatnak egyezést, ugyanakkor az emberi történelem változásaihoz jól kapcsolhatók, feltételezzük az emberi hatás elsődleges szerepét. A térségből kihalt fajok zöme a nyílt, füves élőhelyekhez köthető. A sztyeppe-i ökoszisztéma karakterisztikus fajainak több mint a fele kipusztult a rézkor-bronzkor átmenetének időszakában, ami a Kárpát-medence füves ökoszisztémáinak drámai átalakulását vonta maga után. Az eredmények rávilágítanak arra, hogy ökológiai szempontból nézve, milyen drasztikus mértékben alakult át a Kárpát-medence természetes ökoszisztémája a holocén során, valamint, hogy a prehistorikus civilizációk milyen jelentős szerepet játszottak e változások során.

Cserkész Tamás, **Laczkó Levente**, Tóth János Pál, Sramkó Gábor:

A csíkos szöcskegér fajcsoport eurázsiai filogeográfiája

Az eurázsiai csíkos szöcskegér fajcsoport (*Sicista subtilis* s.l.) elterjedése végighúzódik az eurázsiai sztyeppzóna középső és nyugati részén; a Bajkál-tó melletti enklávét nem tekintve az Altáj-hegységtől húzódik a Kárpát-medencéig, mindvégig a sztyeppe-i övezetben maradván. Emiatt ideális modellszervezet a sztyeppe filogeográfiai viszonyainak megértéséhez. Az utóbbi években sikerült mintát gyűjtenünk a fajcsoport teljes áréájáról, melyet molekuláris filogenetikai megközelítésből vizsgáltunk. Két genomból származó DNS-régiót szekvenáltunk: a mitokondriumban kódolt teljes citokróm-b (*CytB*) gént és az ahhoz kapcsolódó kontroll régió (CR) első felét; valamint a sejtmagban kódolt *IRBP*-gént. Ezen génszakaszok molekuláris filogenetikai elemzésével, ideértve molekuláris datálást is, felderíthető volt az áréa filogeográfiai szerkezete és hozzávetőleges időbelisége. A legfontosabb elválás a fajcsoporton belül két nagy részre osztja a taxonokat: egy nyugati részre, mely hazánktól a Donig tart, és ahová a magyar szöcskegér (*Sicista trizona*) és Nordmann-szöcskegegere (*S. nordmannii*) tartozik, illetve egy keleti részre, amely a Donon túli területektől az Altáj-hegységig húzódik, és Severtzov-szöcskegerét (*S. severtzovi*) és a csíkos szöcskegeret (*S. subtilis* s.str.) foglalja magában. Ez a legfőbb elválás kb. 3,8 millió éves lehet, ami a sztyeppe-i áréán belüli nagyon régi elkülönülésre utal. A nyugati vonalon is igen régi a két faj elkülönülése, ami kb. 3 millió éve következett be, míg a keleti vonalon fiatalabb az elkülönülés (kb. 1,2 millió éves). További érdekességet jelent, hogy a minták szigorú nyugat-keleti irányú elkülönülés mentén helyezkednek el az alcsoportokon belül, ami összességében nyugat-keleti irányú terjedést valószínűsít. Ez alapján feltételezhetjük, hogy a

fajcsoport közös őse valahol az área nyugati végén alakult ki, és egy jelentős, akkor fennálló földrajzi akadály két oldalán izolálódott egymástól. A nyugati fajok két csoportja közül az egyik a Kárpát-medencében, a másik az attól keletre létrejött sztyeppen kolonizált. A keleti fajok pedig – esetleg a Kaukázus É-i előteréből – a Volga jobb, majd bal parti sztyeppéit népesítették be nyugatról keletre haladva.

SG munkáját a Bolyai János Kutatási Ösztöndíj (BO/00001/15) támogatta.

**Barina Zoltán**, Pifkó Dániel & Somogyi Gabriella:

Balkáni endemizmusok eredete és taxonómiája

A Balkán mint glaciális reliktumterület és biodiverzitási gócpont kiemelkedik endemizmusainak nagy számával. Nehéz azonban maguknak az endemizmusoknak a körülhatárolása is, így lehetséges, hogy különböző megközelítések alapján a Görögországban előforduló endemikus növényfajok nagy szórást mutatnak (419–1462).

Munkánk során számos, a Balkán területéről leírt, igen szűk elterjedésű, hiányosan ismert növényfaj leszármazási viszonyait tártuk fel, tisztázva ezzel csoporton belüli pozíciójukat és általános érvényű információkat nyerve a balkáni endemizmusok kialakulásának folyamataira; ezek közül mutatunk be néhányat.

Legkönnyebb dolgunk látszólagos endemizmusok esetében van, amik olyan, a tudomány számára leírt növényfajok, melyekről pusztán típusanyaguk vizsgálata alapján nagy bizonyossággal állíthatjuk, hogy nem lokális endemizmusok, hanem szélesebb elterjedésű fajok populációi, esetleg szokatlan megjelenésű egyedei; így világítottunk rá, hogy az *Achillea lurenensis*, *Campanula latifolioides*, *Genista albanica*, *Medicago coerulescens* and *Seseli angustum* mind korábban is ismert fajok szinonim elnevezései.

Egy olasz kertész, P. L. Giuseppi 1929-ben és 1930-ban kertekben meghonosítható hegyvidéki növények után kutatott Albániában. Az ő gyűjtéséből írta le W. B. Turrill új fajként a *Scilla albanica*-t 1932-ben, amiről a későbbiekben nem hallunk, taxonómiai helyzetéről csak találgatások vannak, többnyire a Peloponnészosz déli részén endemikus *S. messeniaca* szinonimjának tartják. Vizsgálataink kimutatták, hogy a *Scilla albanica* Észak-Albánia szerpentin hegyvidékeinek egy morfológiailag és genetikailag is jól elkülönülő endemizmusa, mely a Nyugat-balkáni *Scilla litardierei*-vel mutat rokonságot.

Hasonlóan a feledés homályába merült a *Chrysanthemum albanicum*, melyről 1931-es leírása óta nem tudtunk semmit; sőt, a faj egyetlen példánya megsemmisült a II. világháborúban. Hovatartozásával kapcsolatban már a leíró, Friedrich Markgraf is bizonytalan volt, ugyanis jellemezése szerint egy *Chrysanthemum*, amely úgy néz ki, mint egy *Achillea*. Annyit lehetett róla sejteni a nemzetség későbbi revíziója alapján, hogy biztosan nem a *Chrysanthemum* nemzetségbe tartozik, amiben az egyéves, ép levelű fajok maradtak. 2011-ben F. K. Meyer egy másik albán hegységből leírt egy új növényfajt, *Achillea lurenensis* néven. Ekkor már ismerve a „*Chrysanthemum*” *albanicum*-ot, feltűnő volt a kettő közötti hasonlóság. Megmintázva mindkét faj populációit kiderült, hogy azok egyazon fajhoz tartoznak. Ugyanakkor egyik ismert nemzetséghez való tartozásuk támogatottsága sem volt megalapozott, ezért új nemzetség leírása vált szükségessé.

Az egyetlen ismert példány megsemmisülése miatt szintén csak találgatások láttak napvilágot a *Carex markgrafii* hovatartozásával kapcsolatban. Ez egy Közép-Albánia egyetlen mészkőhegyén egyetlen alkalommal gyűjtött növény, melyet a leírás alapján a *Carex montana*-val rokonítottak, illetve vélték azonosnak. Vizsgálataink alapján a Mitratae szekcióba tartozó, a Európában Spanyolországtól a Kaukázusig előforduló, a Balkánon igen ritka *Carex depressa*-val rokon, de attól világosan elkülönülő faj.

Eredményeink azt mutatják, hogy a Balkán területéről ismert endemizmusok igen változatos eredetűek és változatos rokonsággal bírnak, kritikai kezelésükben a molekuláris és klasszikus



módszerek együttes alkalmazása vezethet eredményre, ugyanakkor számos esetben az egyszerűbb (és olcsóbb) módszerek is elegendőek taxonómiai helyzetük tisztázásához.

**György Zsuzsanna és Höhn Mária:**

Refúgiumok nyomai két alpesi faj molekuláris mintázatában?

Filogeográfiai vizsgálatok az európai artikus-alpin elterjedésű lágyszárú évelő fajok több refúgiumát mutatták ki. Az Alpok térségének peremi területein bizonyíthatóan több fajnak maradtak fennreliktum populációi, melyek a felmelegedést követően egyrészt a visszahúzódó gleccserek által felszabadított alpesi élőhelyeket kolonizálták, másrészt az északi arktikus tájakon terjedtek el. Az egyes fajok genetikai mintázata azonban arra is felhívta a figyelmet, hogy léteztek északi refúgiumok is, így az észak-európai területeket nemcsak délről, hanem keleti, észak-keleti irányból is kolonizálhatták.

A rózsagyökér (*Rhodiola rosea* L.) cirkumpoláris artikus-alpin elterjedésű faj, melynek kis populációi az Alpok-Kárpátok térségének erdőhatár feletti sziklás élőhelyeiről ismertek, de északon ez a faj nagy területeken megtalálható a Brit-Szigetek és Skandináviától Szibérián át az észak-amerikai kontinensig. Fontos gyógynövény és bár Európa több országában védett fajnak számít, az északi és ázsiai populációkat jótékony hatású glikozidjai miatt gyűjtik. Kedélyjavító és antidepresszáns hatása az északi és keleti népeknél jól ismert, hagyományosan fontos gyógynövénynek tartották és tartják számon.

Munkánk során nukleáris mikroszatellitokkal értékeltük 16 európai magashegységi és skandináviai populáció mintázatát valamint a trnL-Fkloroplasztisz régió szekvencia analízisét végeztük el 44 élőhelyről származó mintán, melyet összevetettünk a Genebank adatbázisban szereplő szekvenciákkal. A populációk mikroszatellit alapú molekuláris mintázatában markánsan elkülönült a Svájci Alpok térsége és egy közös, Kelet Alpok - Kárpáti refúgium létét feltételezzük. Reliktum helyzetű populációra utal továbbá az olaszországi Dolomitok térségében található többlettől teljesen eltérő populációmintázat. A kloroplasztisz régió szekvencia variabilitása alapján a kelet Alpok térség refúgium jellegét meg tudtuk erősíteni és igazoltuk a *Rhodiolarosea* esetében is az ún. QTP (Qinghai-Tibetian Plateaux) felőli magashegységi láncolaton át húzódó migrációs útvonalat Európa felé, melyet korábban több magashegyi fajnál korábban leírtak.

**Tóth Endre György, Vendramin Giovanni Giuseppe, Bagnoli Francesca, Köbölkuti Zoltán Attila, Höhn Mária:** Filogeográfiai és adaptációs mintázat a közép-kelet-európai erdeifenyő (*Pinus sylvestris* L.) populációkban.

A periférián élő izolált populációk genetikai differenciáltsága nemcsak sztochasztikus események, mint például alapító hatás, drift vagy bottleneck láncolataként jöhet létre, hanem az adaptív variabilitáson bekövetkező természetes szelekció hatására is.

Vizsgálatunk során elszigetelt és extrém helyzetű (tőzeglápi és sziklai) közép-kelet európai természetes erdeifenyő (*Pinus sylvestris* L.) állományok populációgenetikai mintázatát elemeztük, nagy polimorfizmust mutató kloroplasztisz (cpSSR) és nukleáris (nSSR) mikroszatellit markerek segítségével. Továbbá a lokális adaptációra utaló jeleket stressztoleranciában szerepet játszó génjelöltek egy pontos nukleotid-polimorfizmusának (SNP) elemzésével vizsgáltuk.

A mikroszatellit markerek (cp és nSSR) AMOVA vizsgálata magas (93%) populáción belüli és alacsony (7%) populációk közötti varianciát mutatott. A genetikai mintázat vizsgálatában alkalmazott STRUCTURE és BAPS analízis mindkét markertípus esetében a Kárpátok

populációinakszegregálódását mutatta. Az Északi- és a Keleti-Kárpátok állományainak elválása mellett, egyes tőzeglápi populációk, mint a szlovákiai Medzi Bormi illetve az erdélyi Fenyőkút szignifikánsan elkülönültek. A populációk SNP vizsgálata során 10 populációban (9-10 egyed/populáció) és a 12 kiválasztott génjelöltben, egyedenként 6128 bázis szűrésével 260 szubsztitúciós pozíciót detektáltunk.

BAYESCAN és ARLEQUIN szoftverekkel kiugró  $F_{ST}$  értékek, ún. outlierok analízise (21 és 23) szignifikáns frekvenciájú SNP-t határozott meg 10 génjelöltben. A génszintű szelekció tesztelésére alkalmazott (Tajima D., Fu és Li D, valamint  $F$ ) neutralitás tesztek az *erd3* és *rd21A* gének esetében szignifikáns negatív értéket mutattak. A szignifikáns outlier SNP-k STRUCTURE elemzése részben alátámasztotta a korábbi nem-kódoló SSR markerek eredményét, elkülönítve a fent említett két tőzeglápi populációt.

**Németh Csaba, Papp Nóra, Jana Bílá, Höhn Mária:**

*Sorbus* fajkeletkezés triparentális hibridizációval a Déli-Kárpátok és az Erdélyi-szigethegység területén.

A *Sorbus* nemzetség alakgazdagságának hátterében az erőteljes hibridizációs hajlam, a poliploidizáció és az apomixis jelenségei állnak. Az európai hibridizációs *hot spot*-okban rendkívül variábilis *S. aria*-csoport (Subg. *Aria*) lokálisan endemikus, intraszubgenerikus hibridizációk sorozatával létrejövő, poliploid alakjai kereszteződnek a diploid, ivaros szaporodású *S. torminalis*-szal (Subg. *Torminaria*), illetve *S. aucuparia*-val (Subg. *Sorbus*), a magashegységek alhavasi régióiban pedig adiploid és poliploid citotípusokkal egyaránt reprezentált *S. chamaespilus*-szal (Subg. *Chamaespilus*). A létrejövő hibridogén taxonok rendszerint biparentálisak, génállományuk az *Aria*-genom mellett a fenti három faj egyikének genetikai örökségét is hordozza. Az ilyen kétszülős taxonok három különböző hibridogén alnemzetségbe csoportosulnak (Nothosubg. *Soraria* = *S. aria* agg.  $\times$  *S. aucuparia*; Nothosubg. *Tormaria* = *S. aria* agg.  $\times$  *S. torminalis*; Nothosubg. *Chamaespilaria* = *S. aria* agg.  $\times$  *S. chamaespilus*). Ritkán azonban valamely biparentális eredetű hibrid tovább kereszteződik egy harmadik „alapfaj” genomjatis magába olvasztva. Az így létrejövő alakok két hibridogén alnemzetség valamelyikébe sorolhatók (Nothosubg. *Chamsoraria* = *S. aria* agg.  $\times$  *S. aucuparia*  $\times$  *S. chamaespilus*; Nothosubg. *Triparens* = *S. aria* agg.  $\times$  *S. aucuparia*  $\times$  *S. torminalis*). Előbbi csoportból kilenc, az Északi-Kárpátokból, illetve az Alpokból leírt taxon, utóbbiból pedig összesenként taxon ismert, a skandináv-balti elterjedésű, díszfaként Európa számos országában ültetett, helyenként naturalizálódó *S. intermedia*, továbbá a *S. aucuparia*-val visszakereszteződött hibridje, a *S.  $\times$  liljeforsii*. Levél- és termés morfológiai bélyegekre alapozva, kemotaxonómiai (nagy teljesítményű folyadékkromatográfiás (HPLC) eljárással, flavonoid markerekkel) és molekuláris módszerekkel (kloroplasztisz mikroszatellit markerekkel), további három, ezidáig biparentális eredetűként (*S. aria* agg.  $\times$  *S. aucuparia* vagy *S. aria* agg.  $\times$  *S. torminalis*) értelmezett tetraploid, apomiktikus taxon triparentális eredetű (*S. aria* agg.  $\times$  *S. aucuparia*  $\times$  *S. torminalis*) sikerült igazolnunk a Déli-Kárpátok, az Erdélyi-szigethegység és a Krím-félsziget területéről. Így a bánási, Cserna-hegységi bennszülött *S. paxiana*-val, az erdélyi, Torockói-hegység sztenoendemizmus *S. dacica*-val, valamint a krími Ai-Petri hegyen élő *S. tauricola*-val a *Triparens* alnemzetséghez tartozó ismert taxonok száma ötre emelkedett. E háromszülős fajokban a *S. torminalis* genetikai anyagának jelenlétére az apigenin O-glükózid flavonoid utal, a *S. aucuparia* részvételét a hibridizációkban pedig az *aucuparia*-típusú kloroplasztisz DNS jelzi. Ez utóbbi anyai ágontörténi öröklődése arra is rámutat, hogy a fenti esetekben a fertilizációk során a *S. aucuparia* volt a pollen akceptor, vagyis az anyai szülő. A *S. aucuparia*  $\times$  *S. torminalis*, valamint reciprok keresztezése totális inkompatibilitást mutat, a közöttük fennálló genetikai

barrier feloldása, a két genetikai anyag intranukleáris találkozása csak egy közbülső, *S. aria* s.l. hibridizáción keresztül lehetséges. Ez a hibridizációs esemény a vizsgált fajok levélmorfológiai paramétereiben is tetten érhető.

A terepi megfigyelések, morfológiai-, molekuláris- és kemotaxonómiai vizsgálatok azt is igazolták, hogy a tradicionálisan *S. dacica*-ként értelmezett faj valójában két, jól körülhatárolható, eltérő evolúciós utat bejárttaxont takar: a triparentális eredetű (*S. aria* agg. × *S. aucuparia* × *S. torminalis*) *S. dacica* s.s.-t, valamint egy biparentális származású (*S. aria* agg. × *S. aucuparia*) alakot, mely, mint új faj, *S. transsylvanica* néven kerül leírásra.

**Pecsenye Katalin**, Tóth János, Bereczki Judit, Szolnoki Noémi, Varga Zoltán:

A genetikai variabilitásra ható evolúciós erők eltérő idősíkjai. Esettanulmány a *Parnassius mnemosyne* kárpát-medencei populációiról.

Egy lepkefaj genetikai variabilitásának a szerkezetét részben a történeti múlt, részben pedig a jelenben zajló evolúciós változások határozzák meg. Így munkánk során két célt tűztünk ki: (a) hogy az enzim polimorfizmus tanulmányozása révén megállapítsuk a genetikai differenciálódás mintázatát a kis Apolló lepke kárpát-medencei populációiban; (b) és hogy ezt a mintázatot összehasonlítsuk a délkelet-európai populációk mtDNS haplotípus hálózatával. Az enzim polimorfizmust 4 régió 22 populációjában elemeztük: Északi-középhegység, Dunántúli-középhegység, Körösök vidéke és a Szatmár-Beregi-sík – Erdélyi-szigethegység – Keleti-Kárpátok régiókban. A Bayes-féle klaszteranalízis 3 genetikai klaszter jelenlétét támogatta a Kárpát-medencében, melyek közül az egyik elsődlegesen a Körösök vidékére volt jellemző, egy másik a dunántúli populációkban volt gyakori, míg a harmadik elsősorban az Északi-középhegység populációiban fordult elő. A Szatmár-Beregi-sík – Erdélyi-szigethegység – Keleti-Kárpátok régióban pedig mind az Északi-középhegységre, mind pedig a Körösök vidékére jellemző klaszterek megjelentek. A mtDNS haplotípusok megoszlása azonban csak részben mutatott hasonlóságot az enzim polimorfizmus eredményeivel. A Dunántúli-középhegységben három klád találkozott: a peri-Alpin, a nyugat-balkáni és a kelet-balkáni kládok. A többi régióban azonban csak a kelet-balkáni klád haplotípusait sikerült kimutatni. A két marker segítségével kapott eredmények ellentmondásait az általuk reprezentált időskála különbségével lehet magyarázni. A mtDNS haplotípus hálózat egyértelmű bizonyítékát adta annak, hogy a Kárpát-medence kis Apolló lepke állománya elsősorban a kelet-, illetve nyugat-balkáni ágból származott. A két klád a középhegységi régióban egy keveredési zónát alkotott, felvetve azt a lehetőséget, hogy a *P. mnemosyne* ezen a területen túlélhette az utolsó eljegesedést. .

**Antal László**, László Brigitta, Petr Kotlík, Mozsár Attila, Czeglédi István, Oldal Miklós, Kemenesi Gábor, Jakab Ferenc, Nagy Sándor Alex:

Bihari márna (*Barbus biharicus*) a Kárpát-medence új halfaja.

A pataki márnák Kárpát-medencei képviselőit századunk elejéig egyetlen fajként, Petényi-márnaként ismerte a tudomány. A Petényi-márnát (*Barbus petenyi*) 1852-ben Heckel írta le elsőként. Rendszertani besorolás tekintetében mozgalmasan alakult a Petényi-márna további sorsa, ugyanis a XX. században előbb az itáliai *B. meridionalis*, majd a balkáni *B. peloponnesius* alfajává minősítették. Majd 2002-ben Kotlík és munkatársai DNS-vizsgálatokkal bizonyították, hogy a Petényi-márna önálló faj, továbbá kimutatták, hogy külön fajként a kárpáti márna (*B. carpathicus*), valamint a balkáni márna (*B. balcanicus*) is honos a Kárpát-medencében.

Munkánk során célul tűztük ki a hazai pataki márnák genetikai vizsgálatát. A begyűjtött egyedek mitokondriális citokrom-b gén DNS-szekvenciájának vizsgálata alapján bebizonyosodott, hogy a Felső-Tiszában, valamint az Ipoly, a Sajó és a Bodrog vízrendszerében a kárpáti márna él, azonban a Sebes-Körösben élő populáció faji azonosításához további két génszakasz vizsgálatára volt szükség. Az újabb vizsgálatok alátámasztották, hogy a Sebes-Körös vízrendszerében élő példányok egy korábban nem ismert, új fajt képviselnek, mely a bihari márna (*B. biharicus* Antal, László & Kotlík 2016) nevet kapta.

### **Vörös Judit:**

A Kárpát-medence, mint jégkorszaki menedékterület farkos kétéltűek számára.

A nagyjából két évtizede kezdődő filogeográfiai szakirodalomban Európa élővilágának Pleisztocén eljegesedések utáni vándorlási útvonalairól sokat változott a felfogás. Sokáig kizárólag a dél-európai, mediterrán félszigeteket – Ibériai-, Appennin- és Balkán-félsziget - jelölték meg menedékterületeknek, ahonnan az élőlények újranevesítették Közép- és Észak-Európát. Az elmúlt néhány év kutatásai azonban megmutatták, hogy többek között a Kárpát-medence, mint extra-mediterrán menedékterület fontos szerepet játszott a kontinentális fajok európai biogeográfiájában. Mitokondriális DNS-fragmentek és mikroszatellita régiók vizsgálatával három farkos kétéltűfaj, a *Salamandra salamandra* (foltos szalamandra), *Ichthyosaura alpestris* (alpesi götte) és a *Triturus dobrogicus* (dunai tarajosgötte) Pleisztocén utáni evolúciós történetét tártuk fel. Középhegységeink magasabb régióiban a *S. salamandra* és az *I. alpestris* elszigetelt populációi élnek, míg a *T. dobrogicus* egy tipikus síkvidéki faj, és a Duna és mellékfolyói mentén fordul elő. Eredményeink azt mutatják, hogy az *I. alpestris* egy állománya a Bakony-hegység vonulataiban, a *T. dobrogicus* pedig a Kárpát-medence délnyugati (Száva mente) és északnyugati régiójában vészelhette át legalább az utolsó eljegesedést. Kimutattuk továbbá, hogy a *S. salamandra* egyes állományai valószínűleg az Északi-középhegység erdeiben élték túl a hideget. A három farkos kétéltű elterjedéstörténete is megerősíti azt a tényt, hogy a Kárpát-medence – főként a peremterületei – fontos északi menedékterületként szolgált az elmúlt egymillió év során.

**Németh Attila**, Varga Zoltán, Homonnay Zsolt, Krizsik Virág, Czabán Dávid, Csorba Gábor:

Jégkorszaki klímaváltozások okozta fajképződés és adaptív radiáció: A Kárpát-medence és a Balkán földikutyáinak filogeográfiája.

A jégkorszak alatt sorozatosan bekövetkező globális klímaváltozások számos faj esetében a genetikai változatosság drasztikus csökkenését okozták, a kihalási, majd azt követő újbóli kolonizációs események következtében. Azonban a rágcsálók egy egyedülálló csoportja merőben eltérő evolúciós utat járt be az elmúlt 2 millió év klímaváltozásainak eredményeként. Az európai földikutyákon lefolytatott minden eddiginél átfogóbb vizsgálat ugyanis meglepő eredményeket hozott. A Balkánon és a Kárpát-medencében honos földikutyák molekuláris biológiai vizsgálata nem csupán populációk elszigetelődését és fajképződését tárta fel, de fajképződési gócot és párhuzamos adaptív radiációk sorozatát azonosította. A vizsgálat során tíz a nyugati földikutya fajcsoportba tartozó kromoszómális faj molekuláris törzsfája készült el. Nem csupán a nyugati földikutya fajcsoport eddig ismert legrészletesebb törzsfáját ismerhettük meg, de a csoport mindaddig ismeretlen komplex belső szerkezete is feltárult. A fajcsoporton belül a fajok ugyanis további csoportokba rendeződnek, mely evolúciós

múltjukat tárja elénk. A csoportok meglepő filogenetikai mintázata alapján feltételezhető, hogy a kedvezőtlen időszakokat a földikutyák a Balkán hegyvidékein vészelték át. Az egymástól elszigetelt refúgiumokban az állományok elkülönültek egymástól, azonban a körülmények ismét kedvezőbbé válása során nemcsak, hogy nem keveredtek többé egymással, de valamennyi refúgiumból egy-egy önálló adaptív radiáció indult el és további fajok sorozata jött létre. Ily módon a balkáni refúgiumok fajképződési góccokká váltak, amelyekből kiindulva a különböző leszármazási vonalak képviselői ismét meghódították korábbi síkvidéki élőhelyeiket.