

ZÁRÓJELENTÉS – KH130360 SZÁMÚ OTKA PÁLYÁZAT

INNOVATÍV SZISZTEMATIKA: GENOMIKA, MIKRO-CT ÉS BIOAKUSZTIKA VESZÉLYEZTETETT

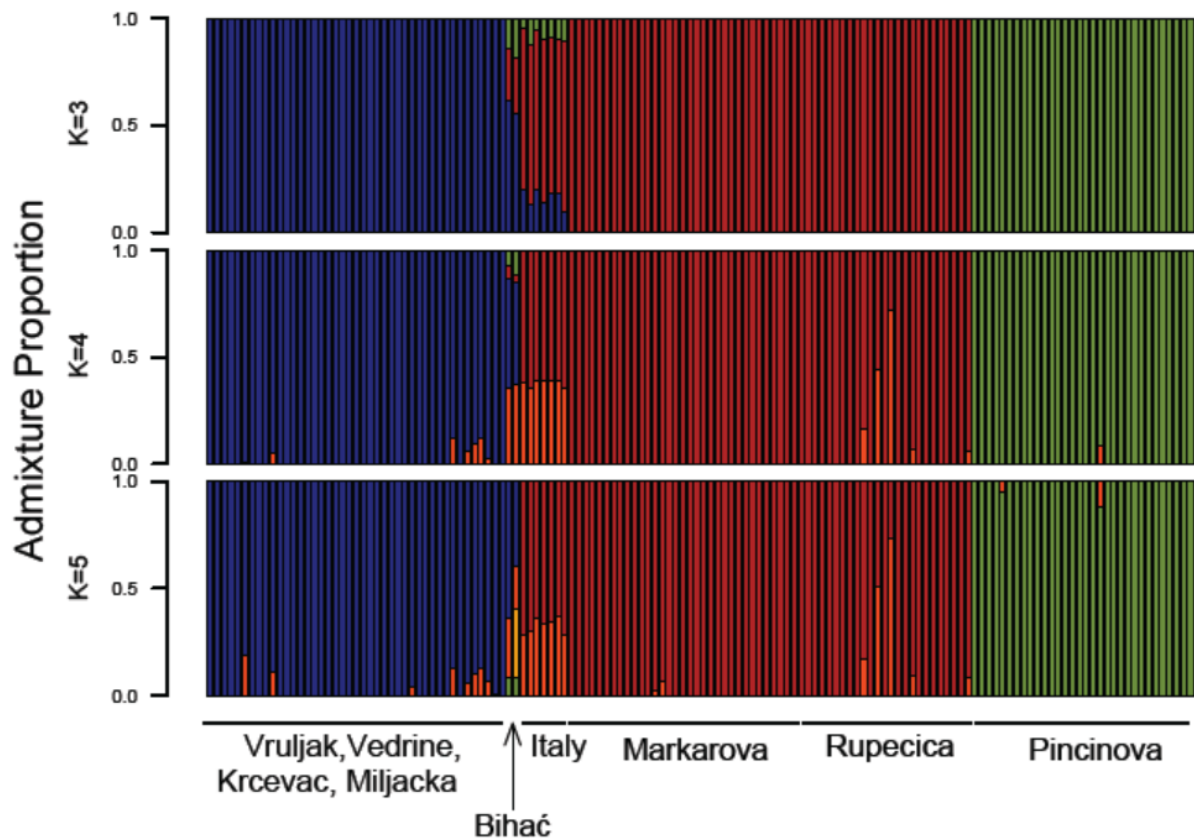
GERINCESEK BIODIVERZITÁSÁNAK FELTÁRÁSÁBAN

BARLANGI VAKGÖTE KONZERVÁCIÓGENETIKÁJA A BALKÁNON

A herzegovinai *Proteus anguinus* állomány mikroszatellita és környezeti-DNS alapú vizsgálatát a Magyar Természettudományi Múzeum Molekuláris Taxonómiai Laboratóriumában végeztük el. A fajra kifejlesztett és a Balkánon más állományokon alkalmazott tíz mikroszatellita a genetikai változatosság teljes hiányát mutatta. Eredményeinket az Evolutionary Ecology folyóiratban közzétettük (Balázs et al 2020), majd bemutattuk a 9. Herpetológiai Világkongresszuson Új-Zélandon, előadás formájában.

A barlangi vakgöte teljes elterjedési területéről gyűjtött minták (sikerült új mintákat hozzátennünk Olaszországból és Boszniából) és a Bécsi Természettudományi Múzeum Kétéltű- és Hüllőgyűjteményében őrzött *P. anguinus* típuspéldányaiból izolált DNS-minták újgenerációs szekvenálással történt feldolgozása Illumina platformon lefutott a Texas State University laboratóriumában (Genome Sequencing and Analysing Facility – GSAF), Prof. Chris Nice együttműködésével. Mivel a múzeumi minták elemzése nem hozott sikert, a laboratóriumi feldolgozást a kinti partner megismételte, de sajnos ez a második futtatás sem adott értékelhető eredményt, így az arche minták nélkül elemeztük tovább a kapott eredményeket. Terveink szerint Vörös Judit szeretett volna Texas-ba utazni, hogy az Illumina platformon kapott populáció-genomikai adatok elemzését (De Novo Assembly, Variant Calling, Entropy modelling, statisztikai elemzések) megtanulja az ottani szakemberektől, de a járványhelyzet miatt ez meghiúsult, így online konzultációval dolgoztuk fel az adatokat a texasi szakemberek segítségével.

Az Entropy szoftvert (Gompert et al. 2014) használtuk a minták klaszterezéséhez (mintánként átlagosan 1,8 millió read). A model hasonló illeszkedést hozott ki a $K=3$, $K=4$ és $K=5$ csoportosításra, $K=5$ feletti csoportokra a model már nem talált új strukturát (1. ábra). Három fő klaszter alakult ki, ami nagy valószínűséggel három taxont jelent. Egyik a dél-balkáni klaszter (Herzegovina, Dél-Horvátország), másik a közép-horvátországi (Rupećica és Markarova), harmadik pedig az Isztriai-félsziget (Pincinova). A K emelkedésével az olaszországi minták strukturája lett változatosabb, azt mutatva, hogy a környező állományokkal valamiképpen kapcsolatban áll. Az észak-bosnyák minták (Bihac) szintén tovább strukturálódtak, $K=5$ -nél egy új genetikai elemmel bővülve.



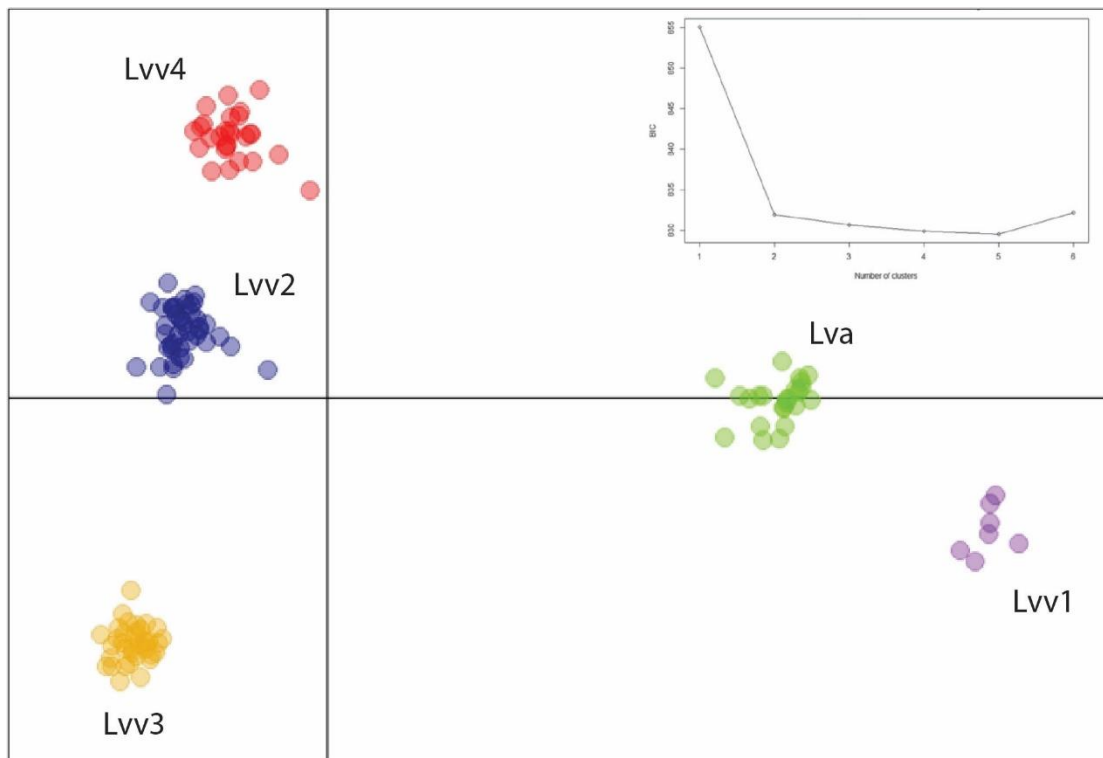
1. ábra A vizsgált *P. anguinus* populációk klaszterezése az Entropy szoftver használatával

A barlangi vakgőtéről szerzett ismereteinket beépítettük az Európai kétéltű-hüllő fajlistát közlő tanulmányunkba, amit az Amphibia-Reptilia folyóiratban publikáltunk az Európai Herpetológiai Társaság Taxonómiai Bizottságával (Speybroeck et al. 2020). Ennek a publikációnak a köszönetnyilvánításába nem került bele a projekt és az NKFIH, mivel a sok szerzőre tekintettel az volt a megállapodás, hogy nem növeljük a cikk hosszát a támogatók listázásával.

A pályázat lehetőséget adott, hogy a *Proteus* mintáinkkal részt vegyünk egy együttműködésben, ami a Szalamandrafélék (Salamandridae) MHC-I Class I és antigénfeldolgozó gének koevolúciójára kereste a választ. Eredményeinket a rangos Molecular Biology and Evolution folyóiratban közzétük le (Palomar et al. 2021).

A PETTYES GÖTE MOLEKULÁRIS TAXONÓMIÁJA ÉS FILOGEOGRÁFIÁJA MAGYARORSZÁGON

Hazánk területéről 15 lelőhelyről összesen 100 *Lissotriton vulgaris* szövev mintát gyűjtöttünk a Global Genome Biodiversity Network (GGBN) sztenderdjei szerint. A mintákból a DNS-t a Magyar Természettudományi Múzeum Molekuláris Taxonómiai Laboratóriumában izoláltuk, az izolátumot újgenerációs szekvenálásra küldtük Lengyelországba a Jagellói Egyetemre (Molecular Inversion Probe módszer (MIP) alkalmazására). Az adatainkat kiegészítettük lengyel partnereink már publikált adataival (Wielstra et al 2018), hogy a minták jól lefedjék a két alfaj (*L. vulgaris vulgaris* és *L. vulgaris ampelensis*) kárpát-medencei előfordulását. A MIP összesen 1234 gént amplifikált. A DAPCs elemzés (Discriminant Analysis of Principal Components) 5 csoportot határozott meg (2. ábra), egyértelműen elkülönítve a két alfajt (Lvv=*Lissotriton vulgaris vulgaris*, Lva=*Lissotriton vulgaris ampelensis*) és tovább strukturálva a nominotipikus alfajt négy különböző alcsoportra.



2. ábra A *Lissotriton vulgaris* (pettyes göte) állományok csoportosítás a DAPCs módszerrel.

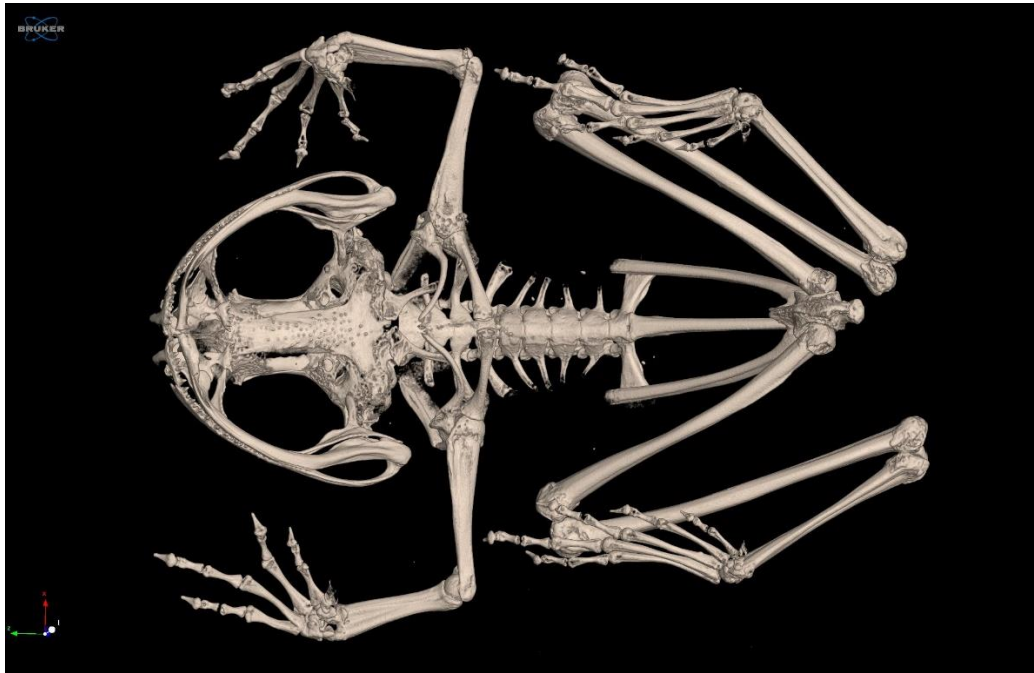
A genetikai csoportok földrajzi elhelyezkedése azt mutatta, hogy a Tisza mentén és attól keletre Magyarországon a *L. v. ampelensis* alfaj genetikailag tiszta vagy a *L. v. vulgaris* alfajjal hibrid állományai találhatóak. A többi csoport a Tiszától nyugatra fordul elő, a Felső-Duna, Középső-Duna, Dráva+Száva+Alsó-Duna, és az Északi-középhegység mentén rendeződve. Ezzel megerősítette azt az elméletet, miszerint a nagy folyók és vízgyűjtők fontos szerepet játszanak

a fajok/alfajok elterjedés történetében. Az eredményekből elkészült kézirat a társszerzőknél van véleményezésre, és hamarosan benyújtásra kerül a *Zoologica Scripta* folyóirathoz.

A pályázat lehetővé tette, hogy egy rokon faj, az alpesi göte (*Ichthyosaura alpestris*) molekuláris taxonómiáján és filogeográfiáján is dolgozhassunk. Ennek eredményeként újra leírtuk az *Ichthyosaura alpestris bakonyiensis* (Dely, 1964) alfajt az Őrségből és a Bakony hegységből, és a faj genetikai változatosságát a Kárpát-medencében. Eredményeinket az *Acta Zoologica Academiae Scientiarum Hungaricae* folyóiratban közzeltük le (Vörös et al 2021).

LEVELIBÉKÁK DIVERZITÁSA BRAZÍLIA ATLANTI ESŐERDEIBEN

Vörös Judit 2019 októberében egy hónapra Brazíliába utazott, ahol az Universidade Estadual de Santa Cruz Egyetemen végezte a *Phyllodytes* nemzetség taxonómiai vizsgálatait. Ennek során sikerült azonosítani a korábban leírt *Phyllodytes amadoi* békafaj ebihalát, és konzerválni annak néhány példányát; az ebihalak morfológiai leírása a *Salamandra* folyóiratban nyomtatásban van (Vörös et al. in press). Az egy hónapos tanulmányút alatt elkezdte egy eddig azonosítatlan *Phyllodytes*-faj leírását, de a pandémia miatt kialakult helyzetben a brazil kollégák a mai napig nem tudták elküldeni a leíráshoz szükséges további példányokat. Részt vett továbbá a kinti partner ökológiai vizsgálataiban is, amely a *Phyllodytes*-fajok táplálékbázisát kutatja. A bromérialakó kétélűfajoknak kiemelt jelentősége lehet a szúnyoglárvák mennyiségének csökkentésében, ami a trópusi országokban a szúnyogok által terjesztett betegségek miatt kiemelten fontos, és ráirányíthatja figyelmet a kétélűek védelmére. Az ebből született eredmények közzlése folyamatban van (Solé et al in prep). A Bahia államban előforduló *Phyllodytes*-fajok (*Phyllodytes wuchereri*, *P. praeceptor*, *P. melanomystax*, *P. luteolus*, *P. tuberculosus*, *P. amadoi*) mikro-CT felvételei elkészültek (3. ábra) a bonni Alexander Koenig Múzeumban (Claudia Koch együttműködésével), azonban a képek kiértékelése a brazil fél miatt félbeszakadt. Brazíliát különösen súlyosan érintette a pandémia, és ebből sajnos nem volt kivétel a partner egyetem sem (UESC). A kollégák most térhetnek csak vissza az egyetemre és kapnak lehetőséget a gyűjteményekben tevékenykedni. Reményeink szerint hamarosan megkapjuk a szükséges szakmai információt a brazil féltől és ezt a projektrészt is leközzölhetjük. A *Phyllodytes*-fajok változatosságáról és ökológiai hasznáról előadást tartottunk az Európai Herpetológiai Kongresszuson, Milánóban, 2019 szeptemberben.



3. ábra *Phyllodytes melanomystax* mikro-CT felvétele

A STRABOMANTIDAE BÉKACSALÁD INTEGRATÍV TAXONÓMIÁJA A PODOCARPUS NEMZETI PARKBAN, ECUADORBAN

2020. március 3-án Vörös Judit a terv szerint Ecuadorba utazott, hogy a dél-ecuadori Podocarpus Nemzeti Park kriptikus diverzitásának feltárásában részt vegyen. Egy rövid, Loja melletti és egy déli (perui határ melletti) gyűjtőút meg is valósult, de a zord időjárás miatt a Podocarpus Nemzeti Parkba tervezett expedíciót csak március 16-i kezdéssel tudtuk a kinti kollégákkal megszervezni. Közben viszont a vírus-helyzet fokozódásával Magyarország és Ecuador is lezárta a határait, így gyorsan, 2020. március 18-án el kellett hagyni az országot és visszatérni, sajnos a tervezett munka elvégzése nélkül. Az ecuadori kollégák egészen 2020 decemberéig nem jutottak el a Podocarpus Nemzeti Parkba, de a mostani expedíciójukon sikerült izgalmas új taxonokat gyűjteniük. A genetikai vizsgálatokban azonban a Magyar Természettudományi Múzeum Molekuláris Taxonómiai Laboratóriumának bevonásával részt vettünk. Ennek következményeként leírtunk egy új *Pristimantis* békafajt (*Pristimantis lojanus*) amelyet Loja városában gyűjtöttek a kollégák, és eredményeinket a neves PLoS One folyóiratban közzétük le (Szekely et al. 2021) (4. ábra). Ugyan a pandémia miatt egy újabb expedíció már nem volt lehetséges, az együttműködés folytatódik, és a közeljövőben egy újabb *Pristimantis*-faj leírását tervezzük.



4. ábra *Pristimantis lojanus* sp. nov. Fotó: Paul Székely

A pályázat támogatásából honlapot építettünk, amelyen a pályázatban elért, kétéltű-kutatási eredményeket rendszeresen közzéteszük. A honlap elérhetősége: herpetology.nhmus.hu

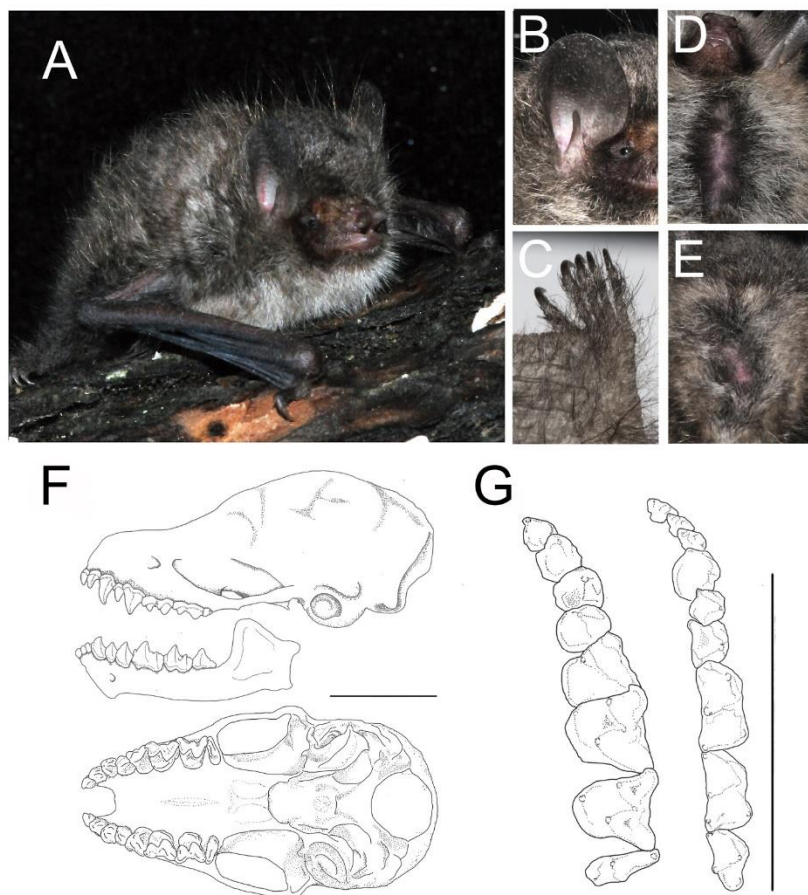
MÚZEUMI TÍPUSPÉLDÁNYOK GENETIKAI TIPIZÁLÁSA

A pályázat megvalósítása során a későbbiekben tárgyalt kutatásokhoz szükséges mintákból izoláltunk DNS-t, speciális, degradált mintákra is alkalmazható kit-tel. Fontos szempont volt a vizsgálni kívánt lókuszoknál, hogy 1) filogenetikailag informatívak legyenek 2) a GenBank-ban elérhetőek legyenek olyan szekvenciák, melyekkel összehasonlítva megalapozott eredményeket kapunk. Ezek figyelembevételével választottunk ki 2 mitokondriális és három nukleáris markert, melyekre primereket és PCR protokollokat fejlesztettünk, majd teszteltük azok univerzális felhasználhatóságát.

VESZÉLYEZTETETT TRÓPUSI BIODIVERZITÁS: EGY KRIPTIKUS FAJOKBAN GAZDAG DENEVÉRC SOPORT FILOGENETIKÁJA

A Murininae alcsaládba tartozó fajok mintáiból megtörtént a kiválasztott mitokondriális gének szekvenálása. A degradáltabb, és ezért rövidebb szakaszokat tartalmazó minták szekvenálásánál használtuk a pályázatban kifejlesztett új primereket is, hogy az alcsalád minél

több tagja reprezentálva legyen. A Magyar Természettudományi Múzeum Emlősgyűjteményében nem megtalálható, de a vizsgálatba bevonandó fajok mintáit együttműködő partnereinktől kaptuk meg. A mitokondriális gének alapján meghatározott különböző OTU-k (operative taxonomic unit) esetében elvégeztük a nukleáris intronok szekvenálását is. Az így kapott törzsfák alapján sikerült meghatározni a Murinae alcsaládba tartozó három nemzetség (*Harpiola*, *Harpiocephalus* és *Murina*) egymáshoz viszonyított helyzetét, potenciális mtDNS introgressziót a *Murina feae/cineracea/jaintiana* komplex esetében, valamint feltárni az alcsalád leszármazási kapcsolatait. Az alcsalád vizsgálata során kínai együttműködőkkel írtunk le egy új fajt, mely cikk a Zoological Research nevű folyóiratban jelent meg (Yu et al. 2020).



5. ábra A *Murina jinchui* sp.n. morfológiai bélyegei

VESZÉLYEZTETETT TRÓPUSI BIODIVERZITÁS: TOVÁBBI DENEVÉRCSOPORTOK TAXONÓMIAI-SZISZTEMATIKAI ÉS FILOGENETIKAI VIZSGÁLATA

A támogatásnak és széleskörű együttműködéseinknek köszönhetően több más, a pályázat témájába szervesen illeszkedő kutatást is végeztünk, melyekből rangos folyóiratokban jelentek meg cikkek.

Molekuláris biológiai és morfológiai módszerekkel tisztáztuk a *Rhinolophus macrotis* fajkomplex taxonómiai viszonyait, melyről szóló cikkünk a neves Molecular Phylogenetics and Evolution folyóiratban jelent meg (Liu et al. 2019).

Szintén a program keretében végeztük el a genetikai elemzéseket a *Mirostrellus* nevű új denevérnemzetség leírásához. Átlagosan kb. háromévente írnak le új emlősnemzetséget, melynek megfelelően a nagy presztízsű Journal of Mammalogy című folyóiratban tudtuk megjelentetni tanulmányunkat (Görföl et al. 2020).



6. ábra *Mirostrellus joffrei* gen. nov. Fotó: Estók Péter

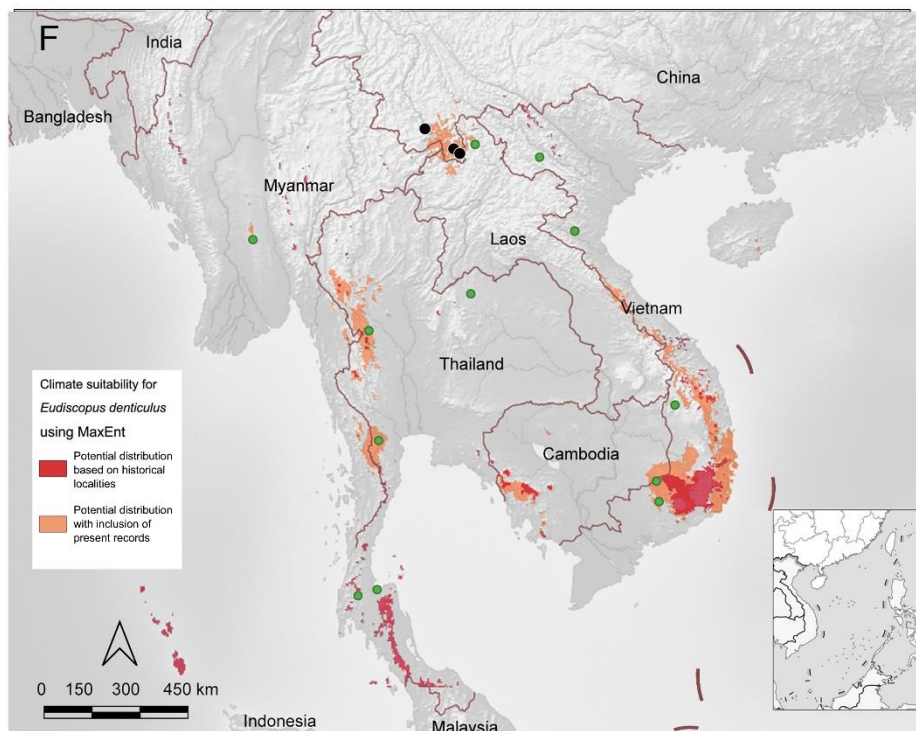
A hazánkban is honos hosszúfülű-denevér (*Plecotus*) nemzetség első délkelet-ázsiai előfordulásáról és az ahhoz kapcsolódó taxonómiai, kariológiai és akusztikai eredményekről számoltunk be az Acta Chiropterologia szaklapban (Fukui et al. 2020).

A Zootaxa folyóiratban jelent meg a kipusztultnak vélt és eddig bizonytalan rendszertani helyzetű *Pipistrellus sturdeeii* nevű törpedenevér faji önállóságáról szóló cikkünk (Görföl et al. 2020).

A Himalájában előforduló „kis *Myotis*” fajok morfológiai revíziója és filogenetikai rekonstrukciója több fontos új eredményt hozott, melyet a *Mammalian Biology* folyóiratban közzeltünk le (Ruedi et al. 2021).

Integratív taxonómiai módszerrel revideáltuk a *Scotophilus* nemzetséget. A két ide tartozó faj gyakori Ázsiában, szisztematikai viszonyaikat sikerült tisztázni a *Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research* folyóirat hasábjain (Tu et al. 2021).

Két cikkünk is foglalkozik a ritka és különleges életmódú *Eudiscopus denticulus* faj két hatalmas ország, India és Kína területére új előfordulásaival, a nemzetség filogenetikai helyzetével, és potenciális elterjedési területével (Yu et al. 2021, Saikia et al. 2021).

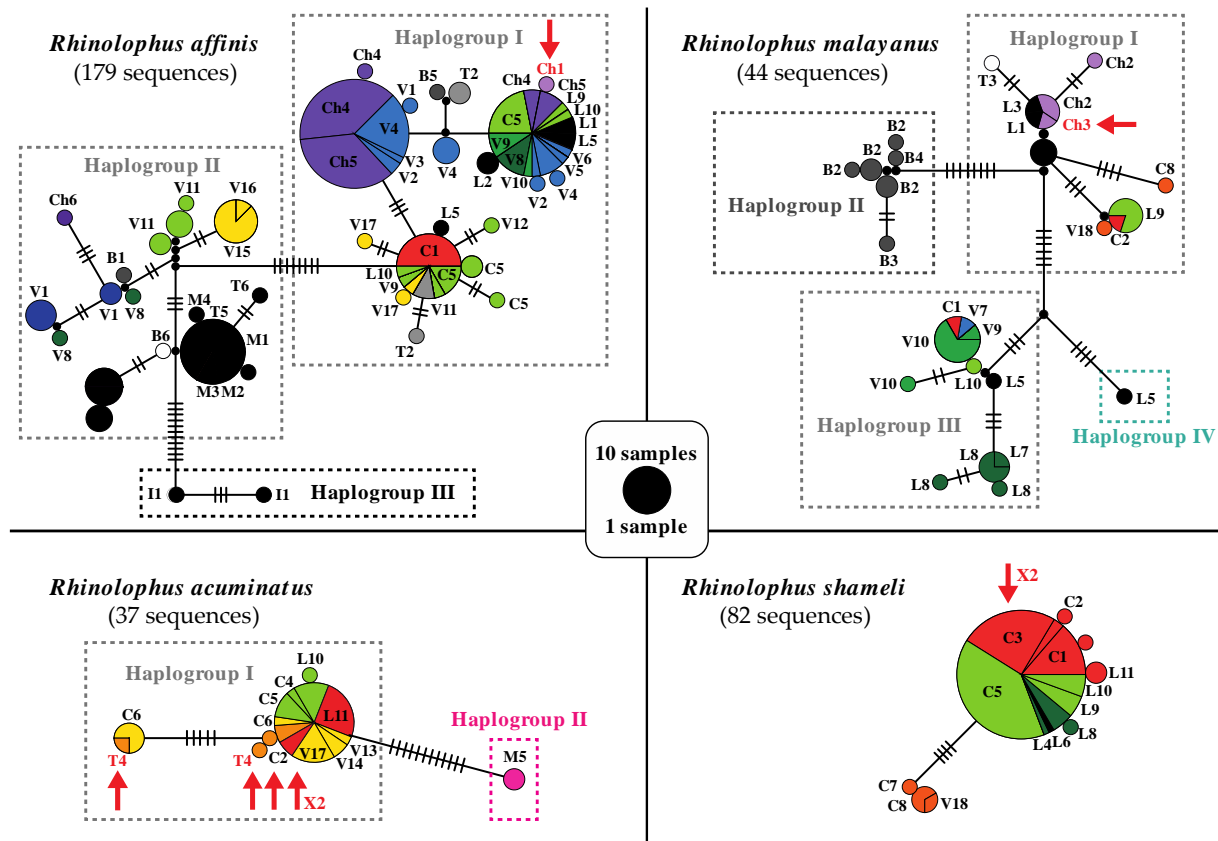


7. ábra. Az *Eudiscopus denticulus* denevérfaj potenciális elterjedési területe a MaxEnt program alapján

Morfológiai és genetikai információk alapján különítettünk el egy Sri Lankán és Dél-Indiában honos új hosszúszárnyúdenevér-fajt; a publikáció hamarosan megjelenik az *Acta Chiropterologica* szaklapban (Kusuminda et al. accepted).

Kambodzsa még sok meglepetést tartogat a denevércutatók számára. A legújabb értekezésben több ritka denevérfaj első kambodzsai előfordulását közöltük le (Furey et al., accepted); egy régebben gyűjtött kambodzsai egérfülű-denevér példány vizsgálata pedig bebizonyította, hogy egy új, eddig csak Phnom Penh-ből ismert faj egyetlen példányát őrizzük a Magyar Természettudományi Múzeumban (Csorba & Furey, accepted).

Rendkívül kurrens téma a COVID-19 járványt okozó koronavírus származási helyére vonatkozó információ. A Scientific Reports-ban megjelent cikk az eddig azonosított potenciális gazdafajok filogenetikai mintázatából következtet arra, hogy a SARS-koronavírussal ellentétben a SARS-CoV-2-koronavírushoz közeli vírusok eredeti elterjedési területe valószínűleg nem Kína, hanem inkább Délkelet-Ázsia (Hassanin et al. 2021).



8. ábra. A SARS-CoV-2 hordozó denevérfajok vizsgált populációinak haplotípus-hálózata

ASIAN BAT CALL DATABASE (ABCD) – ONLINE HANGADATBÁZIS FEJLESZTÉSE

A délkelet-ázsiai denevérek védelmével foglalkozó legnagyobb szervezettel (South East Asian Bat Conservation and Research Unit) közösen elnyertünk egy GBIF - Biodiversity Information Facilities Asia pályázatot, a SEABCRU által összegyűjtött biodiverzitási adatok és a mi általunk kezelt hangokhoz tartozó információk közös platformra hozatalához és publikálásához. Ez a munka céljait és a nemzetközi kutatógárdát illetően is szervesen kapcsolódik NKFIH pályázatunkhoz. A program 2020 végén sikeresen zárult, az echolokációs rekordokhoz kapcsolódó előfordulási adatok bekerültek a GBIF adatbázisába és bárki által szabadon hozzáférhetőek.

Kifejlesztettük a ChiroVox weboldalt (<https://www.chirovox.org>), ahol több mint 3900 denevérfhangfelvétel és azok metaadatai is elérhetőek (6. ábra). A hangadatbázis tartalma kereshető, illetve különböző lekérdezéseket, statisztikai kimutatásokat, térképi ábrázolást is meg lehet jeleníteni. Az adatbázisról (mely a legnagyobb, nyilvánosan elérhető denevérfhang-adatbázis a világon), és a weboldalról egy PeerJ cikkben számoltunk be (megjelenés alatt).

The screenshot displays the ChiroVox web application interface. At the top, the logo 'ChiroVox The bat call library' is visible, along with navigation links: Home, About, Sound library, Resources, and Publications. The main content area is divided into several sections for specimen A000001:

- Family:** Hipposideridae
- Genus:** Aselliscus
- Species:** Aselliscus dongbacanus
- Subspecies:**
- Taxonomic remarks:**
- Identified by:** Neil M. Furey
- ID evidences:**
 - voucher:
 - measurement: YES
 - picture: YES
 - sound: YES
 - issue:
 - DNA:
 - chromosome:
- Gender:** female
- Age:** adult
- Individual #:** ABCD-NF 00001
- Voucher #:**
- Accession #:**
- GBIF_ID:** SEABCRU-occu-000001
- Genetic #:**
- Date:** 01-11-2007
- Time:** 01:00:00
- Latitude:** 22.19665
- Longitude:** 106.03550
- Location accuracy:** 50
- Altitude:** 660

Additional metadata includes:

- Locality:** Trap site: C1
- Settlement:** Kim Hy Nature Reserve
- Territory:** Bac Kan province
- Country:** Vietnam
- Habitat:**
- Microhabitat:**
- Method:** Hand held
- Call type:**
- Recording quality:**
- Device manufacturer:** Petterson Elektronik AB
- Device model:** D980
- Sampling rate:**
- Recording type:** Time expansion
- TE factor:** 10
- FD factor:**
- Access type:** restricted
- Recorder name:** Neil M. Furey
- Contact:** Neil M. Furey
- Contact e-mail:** neil.m.furey@gmail.com
- Reference:** Furey, N.M., Mackie, I.J., Racey, P.A. (2009) The role of ultrasonic bat detectors in improving inventory and monitoring surveys in Vietnamese karst bat assemblages. *Current Zoology* 55: 327–341.
- Remarks:** As *A. stolitkanus* in Furey, N.M., Mackie, I.J., Racey, P.A. (2009).
- Sound:** Request in email from the recorder

A map on the right side of the interface shows the location of the trap site in Vietnam, with a red circle indicating the specific location near Bac Kan province.

9. ábra A ChiroVox weboldal

Megtörtént a Vietnámban gyűjtött saját, illetve együttműködők által rendelkezésünkre bocsátott hangok bioakusztikai feldolgozása is. Ennek során olyan hangelemzési workflow-t dolgoztunk ki, mely ingyenes programot használ, a feldolgozás metodikája definiált; így a fejlődő országok kutatói által is elérhető, standardizált módon szolgáltat különböző hangtani paramétereket. Az echolokációt használó vietnámi denevérfajok mintegy 60%-tól vannak hangfelvételeink, melyek statisztikai kikértékelése is megtörtént; az eredményekből készülő kézirat benyújtás előtt áll.

IRODALOMJEGYZÉK

Gompert Z., Lucas L.K., Buerkle C.A., Forister M.L., Fordyce J.A., Nice C.C. (2014): Admixture and the organization of genetic diversity in a butterfly species complex revealed through common and rare genetic variants. *Molecular Ecology* 23:4555-4573.

Wielstra B, Canestrelli D, Cvijanović M, Denoël M, Fijarczyk A, Jablonski D, Liana M, Naumov B, Olgun K, Pabijan M, Pezzarossa A, Popgeorgiev G, Salvi D, Si Y, Sillero N, Sotiropoulos K, Zieliński P, and Babik W. (2018): The distributions of the six species constituting the smooth newt species complex (*Lissotriton vulgaris* sensu lato and *L. montandoni*) – an addition to the New Atlas of Amphibians and Reptiles of Europe. *Amphibia-Reptilia* 39:252-259.

A PÁLYÁZAT EREDMÉNYEIBŐL SZÜLETETT ELŐADÁSOK LISTÁJA

Csorba G. & Görföl T. (2019): How can we do good taxonomy? – Southeast Asian Bat Bioacoustic Symposium and Workshop, Lien Hua Chih, Taiwan R.O.C., 2019.02.19-21. (keynote lecture)

Huang C-C., **Csorba G., Görföl T.**, Squire D. & Kingston T. (2019): Introduction of GUANO. – Southeast Asian Bat Bioacoustic Symposium and Workshop, Lien Hua Chih, Taiwan R.O.C., 2019.02.19-21.

Huang C-C., **Csorba G., Görföl T.**, Tu V.T., Thong V.D., Soisook P., Khan F.A.A, Senawi J., Squire D. & Kingston T. (2019): The SEABCRU BIFA proposal. – Southeast Asian Bat Bioacoustic Symposium and Workshop, Lien Hua Chih, Taiwan R.O.C., 2019.02.19-21.

Csorba G. & Görföl T. (2019): The Asian Bat Call Library in the Hungarian Natural History Museum. – Southeast Asian Bat Bioacoustic Symposium and Workshop, Lien Hua Chih, Taiwan R.O.C., 2019.02.19-21.

Solé M., **Vörös J.**, Dias I. R., Lantyer-Silva A. S. F., Salinas A. S., Marciano-Jr E., Costa R. N., Santos L. O. & Orrico, V. G. D. (2019): Ignored for centuries: why is our knowledge on bromeliadfrogs from Brazil so poor? – XX. European Congress of Herpetology, Milan, 2019.09.02-06.

Győrössy D., Szabadi K.L., **Csorba G. & Görföl T.** (2019): Csövesorrú-denevérek (Murinae) mitokondriális diverzitása. – XII. Magyar Denevérvédelmi Konferencia, Alsódobsza, 2019.10.25-27.

Szabadi K.L., Győrössy D., Estók P., Zsebők S., **Csorba G.** & **Görföl T.** (2019): Délkelet-ázsiai denevérek bioakusztikus vizsgálata. – XII. Magyar Denevérvédelmi Konferencia, Alsódobsza, 2019.10.25-27.

Csorba G. & **Görföl T.** (2019): Introduction to the ABCD, the Asian Bat Call Database. – Southeast Asian Bat Call Database & Biodiversity Information Workshop, Bangi, Malaysia, 2019.11.30.-12.01.

Balázs G., **Vörös J.**, Lewine B. & Herczeg G. (2020): A non-invasive in situ underwater DNA sampling method applied to the olm (*Proteus anguinus*). – 9th World Congress of Herpetology, Dunedin, New Zealand, 2020.01.05-10.

Győrössy D. & **Görföl T.** (2021): Vietnami denevérek bioakusztikai vizsgálata. – Új Nemzeti Kiválóság Program Konferencia, Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem, Szent István Campus, Gödöllő, 2021.05.26.

Görföl T., **Csorba G.**, Győrössy D., Estók P., Szabadi K.L. & Zsebők S. (2021): ChiroVox: a denevérhangos weboldal. – XIII. Magyar Denevérvédelmi Konferencia, Lakitelek, 2021.10.16.

NEMZETKÖZI EGYÜTTMŰKÖDÉSEK

Naturhistorisches Museum, Vienna, Austria

Universidade Estadual de Santa Cruz, Ilhéus - Itabuna, Brazil

Universidad Técnica Particular de Loja, Loja, Ecuador

Zoologisches Forschungsmuseum Alexander König, Bonn, Germany

Universiti Sains Malaysia, Penang, Malaysia

Universitas Pendidikan Mandalika, Undikma, Indonesia

IEBR, Vietnam Academy of Science and Technology, Hanoi, Vietnam

Universiti Kebangsaan Malaysia, Kuala Lumpur, Malaysia

Northeast Normal University, Changchun, Jilin, China

Bogor Agricultural University, Bogor, Indonesia

Fauna & Flora International, Phnom Penh, Cambodia

School of Life Sciences, Guangzhou University, Guangdong, China

Zoological Survey of India, North Eastern Regional Centre, Shillong, Meghalaya, India

Institut de Systématique, Évolution, Biodiversité, Sorbonne Université, Paris, France

Jagellonian University, Kraków, Poland

Zoological Museum of the Moscow State University, Moscow, Russia

Muséum d'histoire naturelle de Genève, Geneva, Switzerland

Texas State University, San Marcos, USA