

HAZAI KÉTÉLTŰFAJOK FILOGEOGRÁFIAI MINTÁZATA ÉS VÉDELME

K77841 OTKA pályázat

Zárójelentés

(2009. szeptember 1 – 2014. február 28.)



(Fotó: Halpern B.)

Vörös Judit

Magyar Természettudományi Múzeum

2014

Tartalomjegyzék

Bevezetés	3
A barna varangy (<i>Bufo bufo</i>) filogeográfiája a Kárpát-medencében	4
A foltos szalamandra (<i>Salamandra salamandra</i>) filogeográfiája.....	8
A budai szalamandraállomány jellemzése	11
A kitridgomba (<i>Batrachochytrium dendrobatidis</i>) hazai elterjedése.....	15
Együttműködések.....	19
Csehország.....	19
Horvátország.....	20
Románia	20
Thaiföld.....	20
Egyesült Királyság.....	20
Spanyolország.....	21
Felhasznált irodalom.....	23

Bevezetés

A négy éves pályázat három altémából épült fel.

1. A barna varangy (*Bufo bufo*) filogeográfiája
2. A foltos szalamandra (*Salamandra salamandra*) filogeográfiája a Kárpát-medencében és egy kiválasztott állomány populációgenetikája
3. A kétéltűeket pusztító kitridgomba (*Batrachochytrium dendrobatidis*) hazai elterjedése.

A kutatások laboratóriumi munkálataihoz az eredeti tervek alapján két évre alkalmazásba vettük a Magyar Természettudományi Múzeum Molekuláris Taxonómiai Laboratóriumába Szabó Krisztiánt laboratóriumi asszisztensi feladatkörre. Mind a terepi mintavételekben, mind pedig a laboratóriumi feldolgozásban volt segítségünkre.

A pályázatba bevontunk több egyetemi hallgatót is.

Gál Júlia Tünde a Szent István Egyetem Állatorvostudományi Kar Biológus szakon BSc szakdolgozatot készített a gombafertőzés témakörben. Szakdolgozatával a Kari Tudományos Diákköri Konferencián továbbjutott 2012-ben az Országos Tudományos Diákköri Konferenciára, amin 2013-ban II. helyezést ért el az Ökológia Szekcióban.

Balogh Sára Borbála a Szent István Egyetem Gödöllői Karának Állattani és Állatökológiai Tanszékén írt BSc és MSc dolgozatot a foltos szalamandra budai állományának ökológiai felméréséből.

Herczeg Dávid, a Debreceni Egyetem Evolúciós Állattani és Humánbiológiai Tanszékének doktorandusz hallgatója a Hortobágyi-halastó zöldbéka (*Pelophylax* spp.) állományának parazitáltságát, többek között kitridiomikózis-fertőzöttségét vizsgálja.

A molekuláris vizsgálatokat a Magyar Természettudományi Múzeum Molekuláris Taxonómiai Laboratóriumában, illetve a valós-idejű PCR futtatásokat a Nemzeti Élelmiszer-biztonsági Hivatal Molekuláris Biológiai osztályán végeztük.

A terepi mintavételeket az Országos Környezetvédelmi, Természetvédelmi és Vízügyi Felügyelőség által kiadott 14/4605/4/2009 és 14/3513/2010 számú engedélyekkel az azokban meghatározottak szerint végeztük. Eredményeinkről jelentést küldtünk az illetékes hatóságok és természetvédelmi szervek számára.

A barna varangy (*Bufo bufo*) filogeográfiája a Kárpát-medencében

A kutatásunk célja volt, hogy felderítsük a barna varangy (*Bufo bufo*) hazai állományainak genetikai változatosságát. A pályázat első évében sikerült egy nemzetközi együttműködésbe bekapcsolódni, amely a *Bufo bufo* fajcsoport nyugati tagjainak (*Bufo bufo*, *Bufo eichwaldi*, *B. verrucosissimus*) leszármazási viszonyait, molekuláris taxonómiáját és filogeográfiáját kutatta.

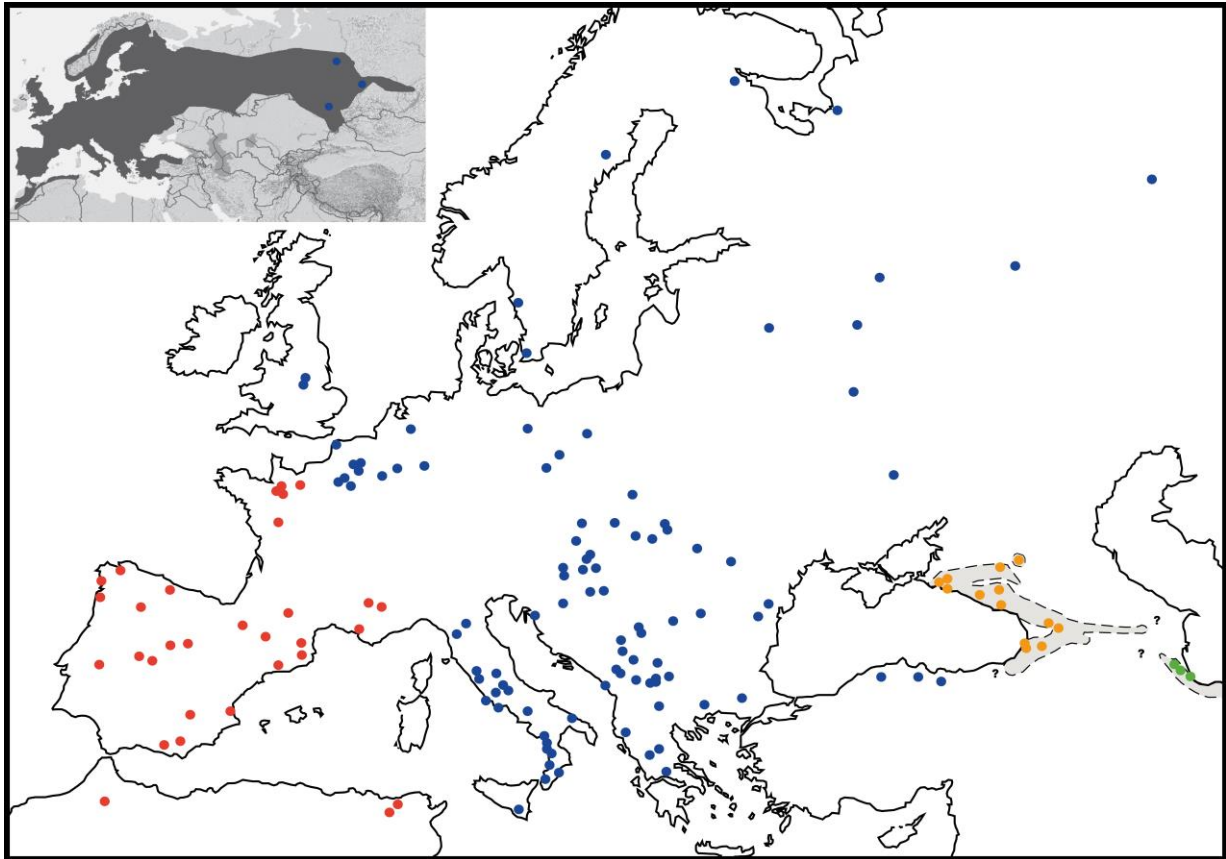
A három faj közül az eurázsiai elterjedésű *Bufo bufo* hazánkban is gyakori a sík- és dombvidékeken egyaránt. A *Bufo bufo* fajnak eddig három alfaját írták le: *B. b. bufo*, *B. spinosus* és *B. b. gredosicola*. Az együttműködési projektben a *B. bufo* törzsalak és a *B. spinosus* alfaj leszármazási viszonyaira és kontaktzónájára összpontosítottunk.

Ehhez a hazai és környező országokban gyűjtött mintákat (1. táblázat) összeegyeztetve a külföldi partner által használt genetikai markerekkel (16s és citokróm-b mitokondriális, és POMC, CXCR4, BDNF, RPL3 nukleáris gének) feldolgoztuk és az eredményeinket a közös adatsorba illesztettük be. Az OTKA pályázati forrás mellé a Madridi Természettudományi Múzeum és a Ciudad Real-ban található Instituto de Investigación en Recursos Cinegéticos (Spanyolország) kutatója, Iñigo Martínez-Solano elnyerte a Synthesys pályázati forrást, amellyel a Magyar Természettudományi Múzeum Molekuláris Taxonómiai Laboratóriumában töltött egy hónapot, és az együttműködési projekt keretében feldolgoztuk a kollégák által gyűjtött további eurázsiai barna varangy mintákat.

A három faj összesen 232 egyedét elemeztük, lefedve Európát, Észak-Afrikát, de gyűjtöttünk szövetmintát Anatóliától egészen a Kaukázusig (1. ábra). Kulcsoportként egy közelrokon, a keleti fajcsoportból származó faj (*B. gargarizans*) szekvenciáját használtuk fel. Mintavételünkben a három dél-európai félszigetre helyeztük a hangsúlyt, amelyek potenciális refúgiumterületként szolgálhattak az eljegesedések alatt.

Régió	Lelőhely	Dátum	db	Lat	Long
Bakony-hegység	Bakonybél	2010.03.20.	1	47.2687	17.6948
Bakony-hegység	Vinye	2010.03.21.	1	47.3531	17.7790
Balaton-felvidék	Őcs	2010.04.17.	2	47.0095	17.6303
Balaton-felvidék	Tihany	2010.04.17.	1	46.9094	17.8492
Mecsek	Pécs, Jakab-hegy	2009.09.	1	46.0933	18.1413
Őrség	Csákánydoroszló	2011.05.21.	1	46.9670	16.5081
Őrség	Bárkás-tó	2011.05.21.	1	46.8999	16.4648
Zemplén	Erdőbénye	2010.07.11.	1	48.3142	21.3347
Aggteleki-karszt	Szendrő	2010.07.10.	1	48.3958	20.7410
Horvátország, Mikulici	Mikulici	2010.05.01.	3	45.8157	15.9234
Horvátország	Gorna Ploča	2010.05.01.	2	44.6125	15.6633
Horvátország, Mt. Prezed	Velebit	2010.05.01.	3	44.2476	15.7956
Románia	Luncavita	2011.07.18.	3	45.2391	28.2969
Szlovákia	Szilice	2010.05.26.	1	48.5474	20.5316
Szlovákia	Donovaly	2010.05.26.	2	48.8666	19.2332
Szlovákia	Sastin-Straze	2010.05.26.	2	48.6333	17.1333

1.táblázat: A hazánkban és a környező országokban gyűjtött barna varangy (*Bufo bufo*) minták listája.



1.ábra. A *Bufo bufo* mintavételi helyek. Bal felső sarokban a faj elterjedési területe látható.

A filogenetikai elemzések azt mutatták, hogy a jelenlegi fajdiverzitás kialakulása a Miocénkorhoz köthető, amikor is a kaukázusi *Bufo eichwaldii* és a mediterrán *Bufo bufo* (sensu lato) fajok szétváltak egymástól nagyjából 9-13 millió évvel ezelőtt. Ez az eredmény a *B. bufo* fajcsoport régi jelenlétére utal Nyugat-Európában. Ezt támasztják alá a Közép-Európában, az Appenin-félszigeten és az Ibériai-félszigeten talált pliocén-kori fosszilis maradványok, és az Észak-Afrikában talált pleisztocén-kori maradványok (Martín & Sanchiz, 2011).

A *Bufo eichwaldii* fajon belül alacsony genetikai diverzitást tapasztaltunk, ami következhet abból, hogy a faj limitált elterjedésű, így a klimatikus fluktuációk fokozott hatással lehettek az állományaira.

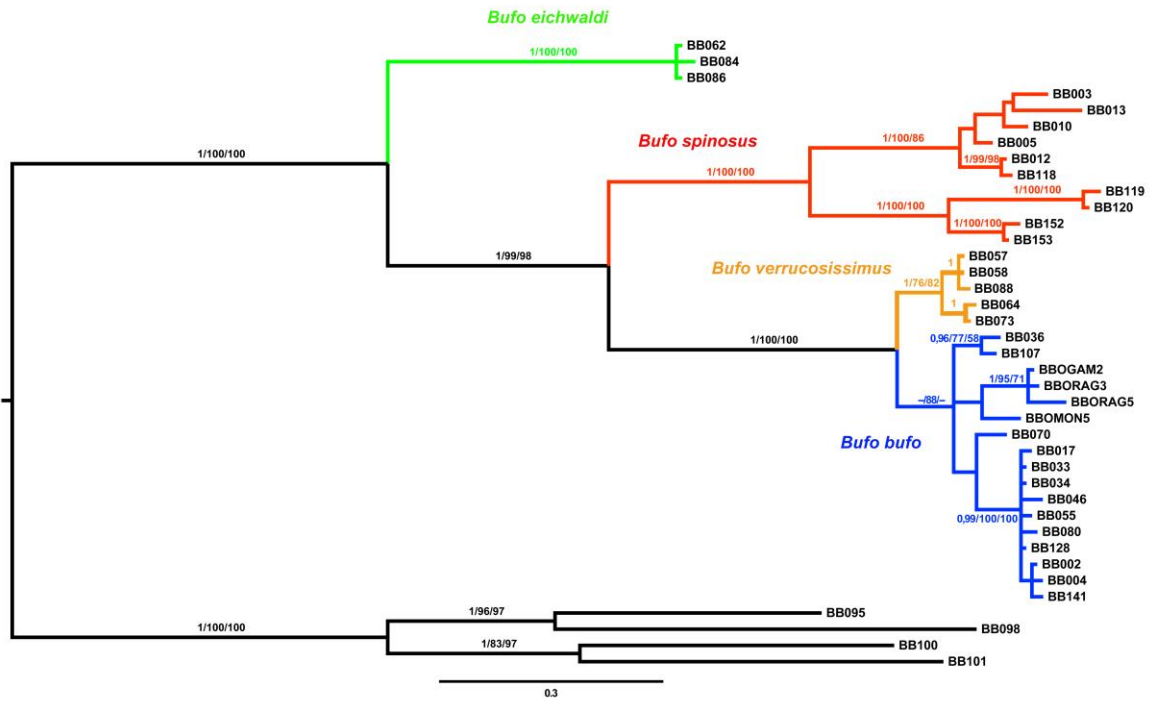
A kezdeti szétválás után a nyugat-európai fajcsoport egy jóval diverzebb vonalat képviselt. A legjelentősebb genetikai változatosságot sok nyugat-palearktikus fajhoz hasonlóan a mediterrán refúgiumterületek, vagyis az Ibériai-, Appenin- és Balkán-félszigetek adják. A *Bufo spinosus* szétválása a *Bufo bufo* – *Bufo verrucosissimus* fajoktól a Pireneusok kiemelkedéséhez köthető, amely elszigetelte az Ibériai-félszigetet Nyugat-Európa többi részétől, és amely folyamat úgy 5 millió évvel ezelőtt fejeződött be. A *Bufo spinosus* faj észak-afrikai és ibériai állományai a filogenetikai elemzés szerint nagyjából 5.3 millió évvel ezelőtt, a messinai sókrízis (Messinian salinity crisis) során izolálódtak egymástól.

A *Bufo bufo* és *B. verrucosissimus* szétválása jóval későbbre, a Pleisztocén korra tehető.

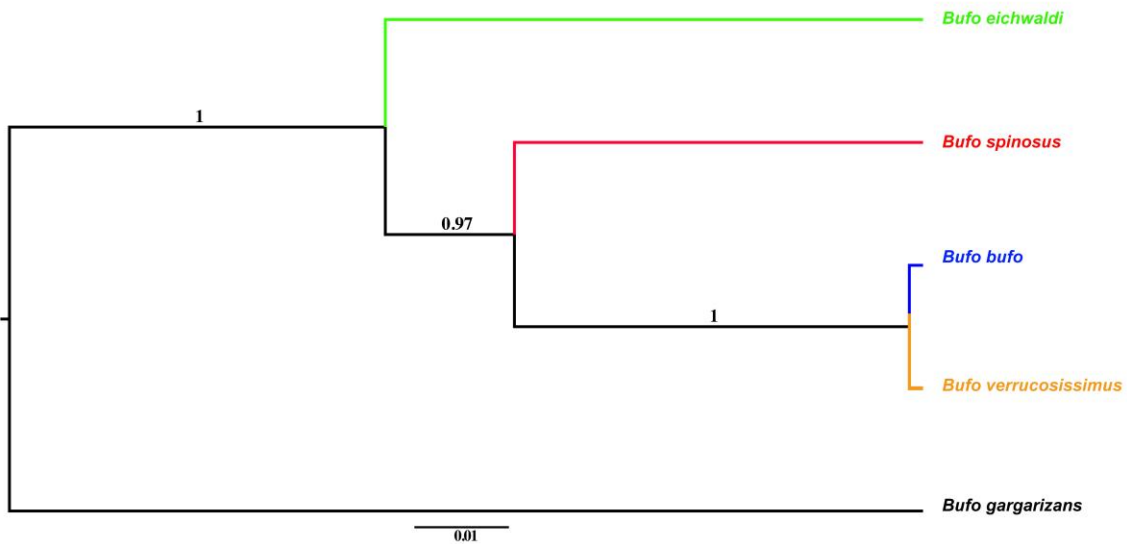
Jelentős különbség mutatkozott a genetikai változatosságban a dél-európai félszigetek és a Közép- és Észak-Európából származó *B. bufo* állományok között. Ez mutatja a faj rendkívül gyors kolonizációs képességét, főként, mivel az alacsonyabb genetikai változatossággal bíró közép- és észak-európai állományok élőhelyei a Pleisztocén utolsó eljegesedési periódusa végéig jéggel borított területek voltak. Nagy valószínűséggel a Közép- és Észak-Európát benépesítő állományok (köztük a Kárpát-medencéből származóak) a Balkán-félsziget felől népesítették be a jelenlegi elterjedési területeket.

A fajcsoporton belüli leszármazási kapcsolatokat a 2. ábra, a filogeográfiai folyamatokat pedig a 3. ábra mutatja be.

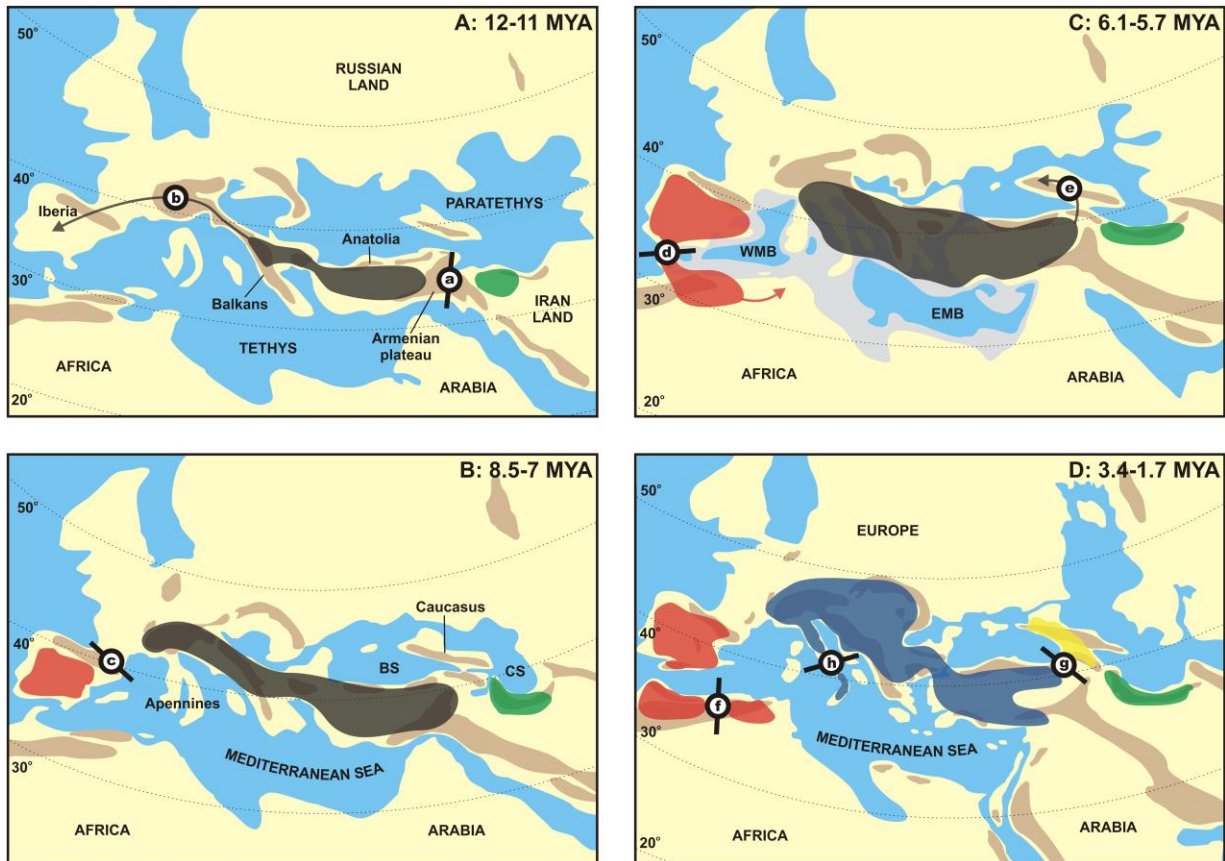
A) Concatenated mt-DNA + n DNA



B) Multispecies coalescent (*BEAST)



2. ábra. A *Bufo bufo* fajcsoport leszármazási viszonyai a) összevont (mtDNS+nukleáris DNS) filogenetikai fa és b) BEAST programmal készült koaleszcens faj fa.



3. ábra. A főbb fajképződési események paleogeográfiai rekonstrukciója. Piros - *B. spinosus*, zöld - *B. eichwaldi*, black – ancestor of *B. bufo* + *B. verrucosissimus*, kék - *B. bufo*, sárga - *B. verrucosissimus*

Összességében az OTKA pályázat során végzett genetikai vizsgálatok rámutattak, hogy a hazai, tágabb értelemben a közép-európai barna varangy állományok igen alacsony genetikai változatossággal rendelkeznek, és a Pleisztocén eljegesedés után a Balkán-félsziget irányából népesítették be a Kárpát-medencét.

- Eredményeinket egy tudományos közleményben jelentettük meg:

Recuero E., Canestrelli D., **Vörös J.**, Szabó K., Poyarkov N. A., Arntzen J. W., Crnobrnja-Isailovic J., Kidov A. A., Cogalniceanu D., Caputo F. P., Nascetti G. & Martinez-Solano I. (2011): Multilocus species tree analyses resolve the radiation of the widespread *Bufo bufo* species group (Anura, Bufonidae). – *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 62: 71-86.

- Elkészült továbbá egy tudományos-ismeretterjesztő kézirat, amelyben a barna varangy filogeográfiáját és taxonómiáját is tárgyaljuk:

Vörös J.: Kételtűek molekuláris taxonómiája a Kárpát-medencében. *Magyar Tudomány*

- Előadások a témában:

Szabó K.: Természetvédelmi filogenetika. VII MTBK, Debrecen, 2011. november 3-6.

Vörös J.: Kételtűek molekuláris taxonómiája a Kárpát-medencében. Magyar Tudományos Akadémia, Mahunka Sándor emlékülés. 2013. november 19.

A foltos szalamandra (*Salamandra salamandra*) filogeográfiája

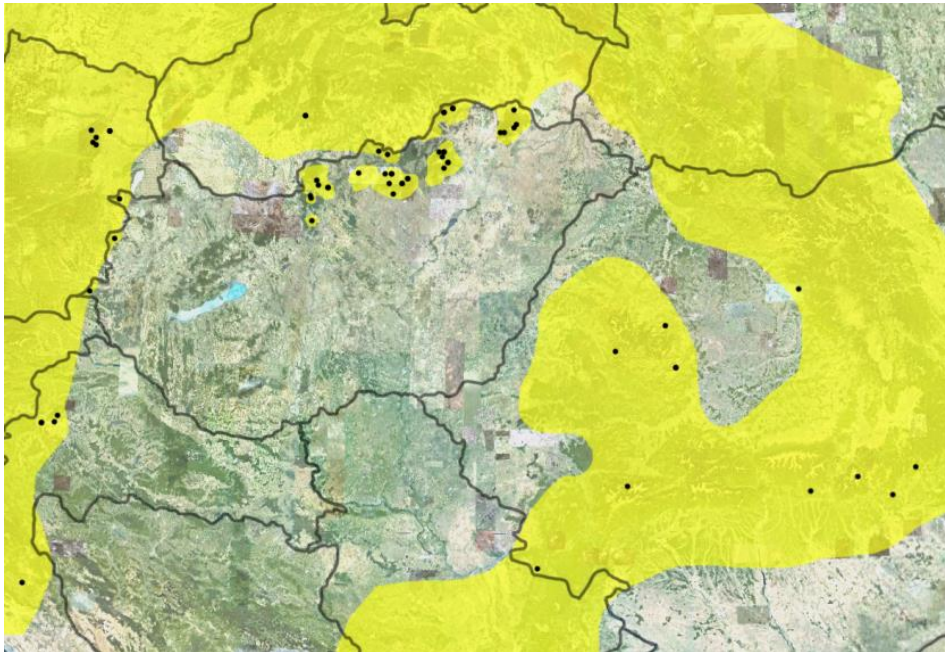
Kutatásunkban szerettük volna felderíteni a hazai foltos szalamandra állományok genetikai változatosságát. A foltos szalamandra (*Salamandra salamandra*) elszigetelt állományokkal van jelen Magyarországon, mely állományok a kárpáti és az alpi állományok leszakadt perempopulációi. A genetikai vizsgálatokkal a leszakadt állományok eredetére kerestük a választ. Ehhez mintát gyűjtöttünk az összes hazai állományból, összesen 272 egyedből (ez tartalmazza az 51 példány szövetmintáját a pesthidegkúti állományból) (2. táblázat).

2. táblázat. Foltos szalamandra minták lelőhelyei.

Régió	Lelőhely	Dátum	db	Latitude	Longitude
Aggtelek	Aggtelek, Jósvafő, Tengerszem	2010.07.10.	9	20.5465	48.4883
Aggtelek	Aggtelek, Szögliget, Hidegkút	2010.07.10.	6	20.6412	48.5363
Börzsöny	Szokolya közelében, pocsolya	2010.07.08.	2	18.9986	47.8760
Börzsöny	Király-rét	2010.07.08.	2	18.9718	47.8998
Börzsöny	Börzsöny, Fatornyos fogadó felett	2010.02.24.	10	18.9831	47.8990
Börzsöny	Börzsöny, Lukács táró	2010.02.24.	9	18.9643	47.8947
Bükk	Répáshuta	2011.05.04.	3	48.0730	20.5965
Bükk	Bükkszentkereszt	2011.05.04.	3	48.0730	20.5965
Bükk	Kemesnye-völgy	2011.05.04.	2	48.1319	20.5026
Bükk	Parasznya, Sólyom-kút	2011.05.04.	3	48.1251	20.5661
Bükk	Tekenős-rét	2011.05.04.	3	48.1072	20.5626
Bükk	Farkasgödör	2011.05.04.	2	48.1431	20.5497
Cserhát	Központi-Cserhát, Herencsény	2010.03.31.	8	19.5074	47.9893
Karancs	Karancsberény patak	2011.05.07.	7	48.1869	19.7774
Kőszegi-hg	Velem	2011.04.28.	15	16.4917	47.3408
Mátra	Ilona-völgy	2011.06.03.	1	47.8938	20.0567
Mátra	Bátonyterenye: Gaskó	2010.05.12.	1	19.8290	47.9929
Mátra	Bátonyterenye: Dorogházi Vadászház	2010.05.12.	8	19.8290	47.9929
Mátra	Mátraszentimre: Nagy-átal-kő	2010.05.13.	1	19.8753	47.9111
Mátra	Gyöngyössolymos: Angic-forrás	2010.05.13.	1	19.9308	47.8173
Mátra	Gyöngyössolymos: Nyírjes-bérc	2010.05.13.	2	19.9308	47.8173
Mátra	Gyöngyössolymos: Hatökör-ura-folyás	2010.05.13.	1	19.9308	47.8173
Mátra	Recsk községhatár, Várbükki út 25	2010.05.13.	1	20.1091	47.9316
Mátra	Pisztrángos-tó	2010.05.13.	3	20.0512	47.9001
Medves	Somoskői forrás	2011.05.07.	5	48.1647	19.8625
Naszály	Katalin-pusztá	2011.04.21.	16	47.8537	19.1108
Őrség	Szakonyfalui-patak völgye	2011.05.21.	5	46.9263	16.2289
Őrség	Grajka-patak völgye	2011.05.21.	3	46.9263	16.2289
Pesthidegkút	II. kerület, Budapest	2009.10.11.	51	18.9395	47.5720
Pilis	Dömös, Szentfa-Kápolna	2010.04.08.	5	47.7517	18.9043
Pilis	Dömös, Szőkeforrás-völgy	2010.04.08.	10	18.9096	47.7575
Soproni-hg	Sopron	2011.05.23.	10	16.5226	47.6620
Zempléni-hg	Háromhuta, Flórika-forrás	2010.07.11.	5	21.4495	48.3966
Zempléni-hg	Zemplén, Csurgó forrás	2010.07.11.	5	21.2849	48.3229
Zempléni-hg	Középhuta, Zoltán-forrás	2010.07.11.	2	21.4441	48.3796
Zempléni-hg	Zemplén, Újhuta, sorompónál	2010.07.11.	1	21.4495	48.3966
Zempléni-hg	Zemplén, Füzér, Hideg-kút forrás	2010.07.11.	2	21.4552	48.5567

Ebben a projektben is sikerült egy nemzetközi kooperációt létrehozni, és mintákat gyűjteni a környező országokból. Így tudtunk az elemzésbe beilleszteni 52 mintát Horvátországból, 30 mintát Ausztriából, 62 mintát Romániából és 11 mintát Szlovákiából, és összehasonlító elemzést végezni a környező, nem izolálódott állományokkal.

Így összesen 20 populáció 427 egyedét vizsgáltuk (4. ábra).



4.ábra. A foltos szalamandra mintavételi helyei. Sárgával jelöltük a faj elterjedését.

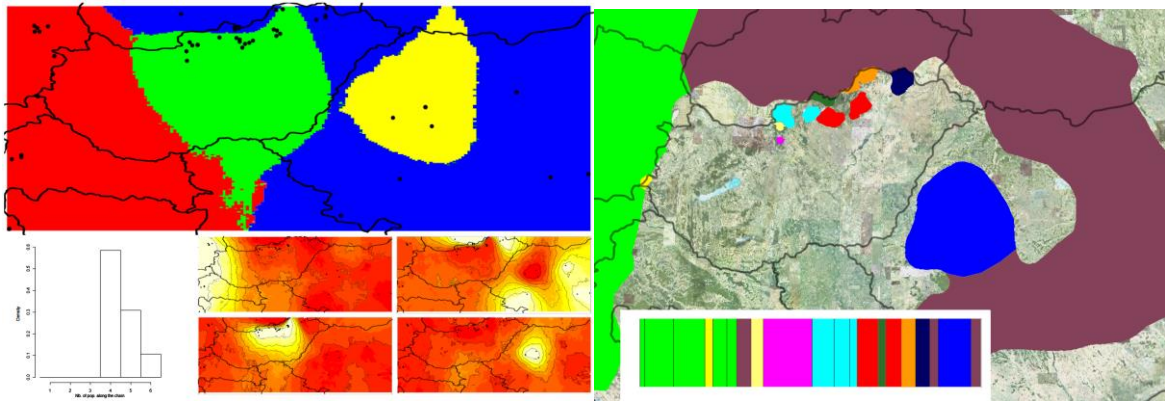
A molekuláris taxonómiai laboratóriumban a szövetminták izolálása után 1 mitokondriális DNS szakasz (D-loop) és 10 mikroszatellit lokusz elemzését végeztük el (Steinfartz et al 2000, 2004 közleményekben leírt primerek alkalmazásával).

Az eredmények azt mutatták, hogy a mitokondriális DNS-elemzés alapján a hazai foltos szalamandra állományok beilleszkednek az európai, alacsony diverzitású törzsalak mintázatába. Ugyan korábbi, fehérje-polimorfizmuson alapuló tanulmányok gyenge kelet-nyugati elkülönülést írtak le Európán belül (Steinfartz et al 2000), ezt a mitokondriális DNS eredmények nem tükrözték. A hazai minták egyetlen haplotípust képviseltek.

A 10 polimorf mikroszatellit elemzése már jóval érdekesebb struktúrát mutatott. Több klaszterező elemzést is futtattunk az adatokon. A Geneland program georeferált multilokusz genetikai adatokon alapul, és az allélgyakoriság varianciáján keresztül elemzi a populációszerkezetet. Az általa használt modellek mind a genetikai mind pedig a földrajzi változatosságot figyelembe veszik a klaszterek kialakításánál és azok térbeli csoportosításánál.

A Geneland program négy klaszterre osztotta az adatainkat. Egyik csoportba tartoztak a nyugati minták (Ausztria, Horvátország, Alpokalja), egy másik csoportba a keleti (kárpáti) minták (Románia a Bihar kivételével) valamint azok a hazai minták, amelyek nem izolált állományból származnak (Zemplén, Aggtelek, Cserhát), egy külön csoportot alkottak az Erdélyi-szigethegységből származó minták (Bihar), és végül egy negyedik klaszter, amely az összes hazai, elszigetelt állományt foglalta magába (5/a. ábra).

A Structure és a BAPS elemzések tovább bontották a struktúrát, és nyolc klaszterbe osztották a mintáinkat. A Geneland-hez hasonlóan az első három klaszter a nyugati, keleti és a szigethegységi csoportok voltak, a negyedik, hazai elszigetelt állományokat viszont még tovább bontotta (5/b. ábra). Ez a jelentős struktúra tovább erősíti a leszakadt állományok genetikai elszigeteltségét.

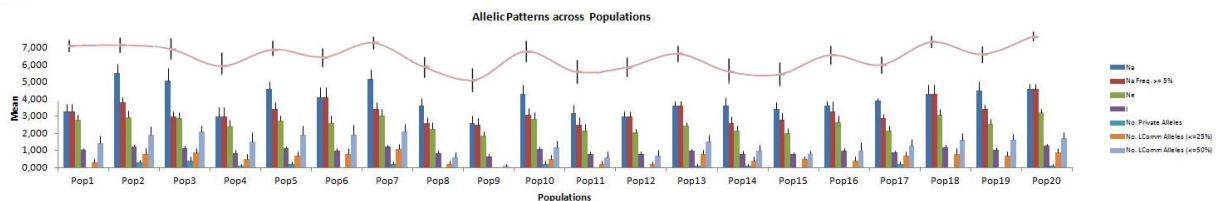


5. ábra. A foltos szalamandra a) Geneland és b) BAPS elemzéssel kapott klaszterei.

A hazai és a környező országokban gyűjtött populációk nagyjából hasonló populáció-genetikai mérőszámokkal rendelkeznek. Magas allélszámot és heterozigóciát figyeltünk meg. A legalacsonyabb értékeket (privát allél hiánya, kevésbé gyakori allélok száma) a Budapest II. kerületben felfedezett kis állomány (pop 9) mutatta (6. ábra).

Nei-féle genetikai távolságok és filogenetikai elemzések alapján megállapítottuk, hogy a 2008-ban felfedezett budai (pesthidegkúti) foltos szalamandraállomány nem betelepített, hanem egy maradványpopuláció, amely a 150 évvel ezelőtt a Budai-hegységben még gyakorinak számító faj élőhelyének beszűkülésével szigetelődött el az 500 m hosszú patak mentén fekvő erdőszigetbe. Erre az állományra további 9 mikroszatellita lókusz vizsgálatát végeztük el, hogy jobban tudjuk jellemezni és megállapítani genetikai változatosságát. A Bottleneck vs. 1.2.02 programmal futtatott elemzések (Stepwise mutation model, Infinite allele model) egyértelmű heterozigócia többletet (heterozigosity excess) mutattak ki, amely a palasknyak-effektus jele.

A kutatásunk során fény derült még egy új előfordulásra; a Visegrádi-hegységből is kimutattuk a fajt. Mivel ebből a régióból korábban irodalmi forrás sem említette a faj jelenlétét, ennek az állománynak az eredetét is vizsgáltuk. A Nei-féle genetikai távolság elemzés és a filogenetikai elemzések is azt mutatták, hogy a Visegrádi-hegység legközelebbi genetikai rokonságban a zempléni állományokkal áll, vagyis elképzelhető, hogy ezt az állományt Kelet-Magyarországból hurcolták be, majd sikeresen megtelepedett a Visegrádi-hegység szaporodásra alkalmas hűvös, vízfolyásokban gazdag völgyeiben.



6. ábra. A 20 populáció genetikai mérőszámai.

A budai szalamandraállomány jellemzése

A foltos szalamandra 2008-ban Pesthidegkúton felfedezett állományának részletes vizsgálatát tűztük ki célul a hazai állományok genetikai változatosságának vizsgálata mellett. Az állomány kutatását a Szent István Egyetem Állattani és Állatökológiai Tanszékének egyetemi docensével, Dr. Kiss Istvánnal, és hallgatójával, Balogh Sára Borbálával végeztük. A következő kérdésekre kerestük a választ:

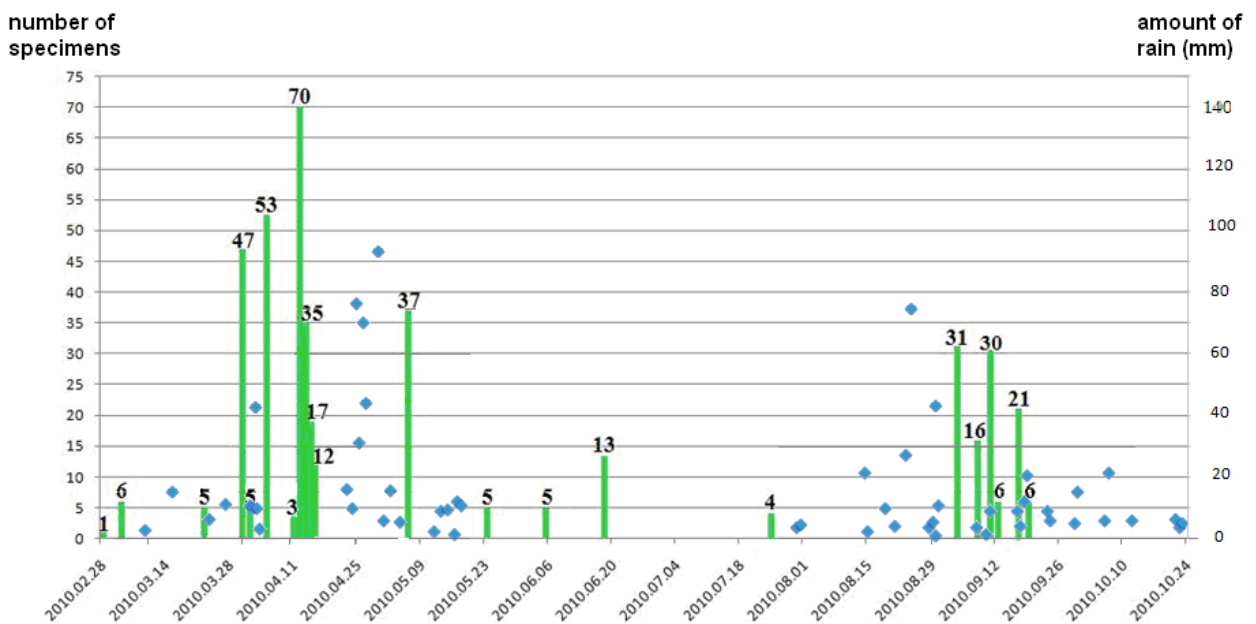
1. Állomány nagysága
2. Egyedek évszakos aktivitása
3. Ivar és koreloszlás
4. Egyedek mozgáskörzetének feltárása
5. Lárva átalakulásának jellemzői
6. Természetvédelmi helyzet

Ehhez 2009 és 2013 között márciustól novemberig a szalamandrák ébrenléti időszakában rendszeresen bejártuk a terepet, feljegyeztük a megtalált egyedek ivarát, korát, földrajzi koordinátáját, lemértük súlyukat, testhosszukat. Az egyedek hátáról fényképfelvételt készítettünk az egyedi azonosításhoz.

Áprilistól szeptemberig 10 naponta éjszakai lámpás lárva felmérést is végeztünk, mivel a lárva ekkor figyelhetőek meg a leghatékonyabban.

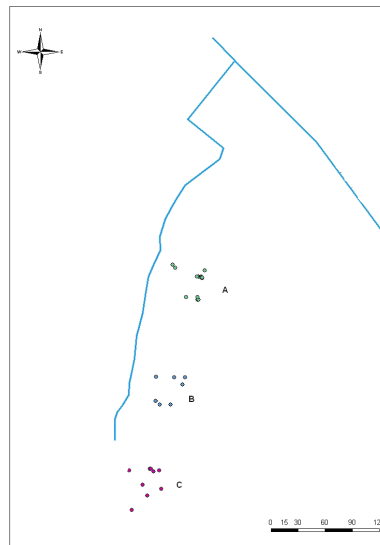
A 2013-ban fogott egyedek fényképei és adatai még azonosítás/feldolgozás alatt vannak, így most csak a 2009-2012 között észlelt egyedek feldolgozott adatait, ennek eredményeit ismertetném.

2009 és 2012 között összesen 1766 (juvenilis és adult) egyedet fogtunk (ez az egyedszám a 2013-as fotók azonosítása alapján már 2000 felett jár). Két aktivitási csúcsot észleltünk, az egyiket tavasszal a lárvarakással egy időben, a másikat ősszel a párzási időszakban (7. ábra). Megfigyeltük, hogy az egyedek észlelési sikere és a csapadék mennyisége között egyenes összefüggés volt. 2011 és 2012-ben az első aktivitási periódus későbbre tolódott a szárazság miatt.



7.ábra. Szezonális aktivitás 2010-ben.

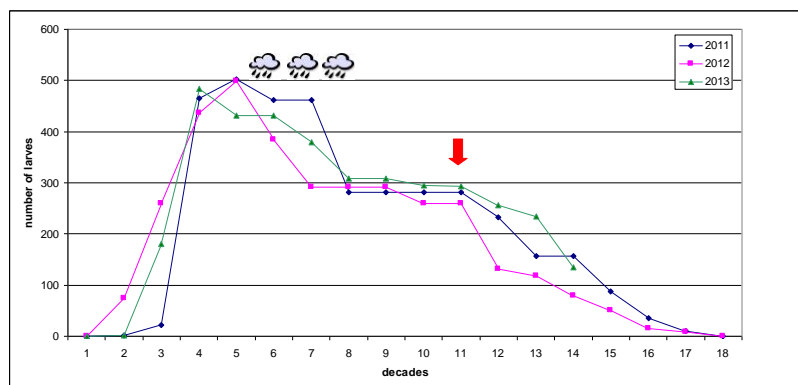
A szalamandrák a patak jobb partját részesítették előnyben, ahol megfelelő búvóhelyet találtak (sziklák, lyukak). Megvizsgáltuk az egyedek mozgáskörzetét is. A 8. ábrán a három leggyakrabban befogott egyed mozgáskörzete látható. A három felnőtt hím 869-1125 m² területet járt be. A legnagyobb távolság két mintavételi pont között 49 m volt.



8.ábra. A három leggyakrabban visszafogott egyed mozgáskörzete.

A vizsgált 4 évben az ivararány a hímek javára tolódott el, és 1 : 1,1 és 1 : 1,3 között mozgott. Az átlagos testhossz nem különbözött a hímek és nőstények között. A populáció fele felnőtt egyedekből állt.

A nőstények március végén kezdték a lárvák lerakását, és nagyjából egy hét alatt lebonyolították azt. Az erős esőzések és a lesodródás miatt május végén – június elején a lárvák száma 40%-al csökkent (9 ábra). Az első átalakult egyedek július végén, az utolsók szeptember elején hagyták el a vizet. A lárvák főként ott helyezkedtek el, ahol biztonságos medencék alakultak ki a patakban.



9.ábra. A 2010-2012 között talált lárvagyedyszámok. Felhők=heves esőzések, piros nyíl=metamorfózis kezdete. A hirtelen csökkenés a lesodródással magyarázható.

A Közép-Dunai Környezetvédelmi, Természetvédelmi és Vízügyi Főfelügyelőség, valamint a Duna-Ipoly Nemzeti Park segítségével benyújtottuk a II. kerületi Önkormányzathoz a terület helyi védetté nyilvánításának kérelmét, amely még elbírálás alatt van. Felmerült, hogy egy komoly beruházás következményeként a Nemzeti Infrastruktúra Fejlesztő Zrt. az M0 autópálya egyik csomópontjának leágazását ezen a területen tervezi megvalósítani. A Szent István Egyetem Állattani és Állatökológiai Tanszékével közösen ezért szakmai állásfoglalást adtunk az „M0 nyugati szektorának tervtartalma és előzetes környezeti vizsgálata dokumentációjához”.

A pesthidegkúti foltosszalamandra-állomány védelmére 2012-ben a Tölgy Természetvédelmi Egyesülettel közösen elnyertük a Budapest Bank Budapestért Alapítvány támogatását, amelyet a szalamandraállomány élőhelyének tisztítására használtunk fel. A helyi lakosságot és a II. kerületi Önkormányzatot bevonva összegyűjtöttük a hosszú évek alatt felhalmozódott, a patakot és környékét szennyező nyolc köbméternyi hulladékot, konténerekbe és közel 150 szemeteszsákba raktuk őket, és elszállítottuk hivatalos hulladék lerakóhelyre.

- Eredményeinkből megjelent tudományos közlemények:

Vörös J., Dankovics R., Harmos K., Dobay G. és Kiss I. (2010): A foltos szalamandra (*Salamandra salamandra*) előfordulása és természetvédelmi helyzete Magyarországon. *Állattani Közlemények* 95(1): 121–149.

Szelényi, G., Kiss, I. and **Vörös J.** (2010): Geographic distribution: *Salamandra salamandra* (fire salamander). *Herpetological Review* 41 (1): 102.

Vörös, J., Kiss, I. & Puky, M.: Conservation and decline of amphibians in Hungary. In: (eds. Heatwole H. & Wilkinson, J.) *Amphibian Biology* 11. Status of Decline of Amphibians: Eastern Hemisphere. *In press*

- Szakkolgozatok a témában:

Balogh Sára Borbála (2010): A foltos szalamandra (*Salamandra salamandra*) ex situ védelmének, szaporításának megalapozása. BSc Szakkolgozat. Szent István Egyetem, Állattani és Állatökológiai Tanszék. 54 pp.

Balogh Sára Borbála (2012): A budapesti foltos szalamandra (*Salamandra salamandra*) populáció biológiája és védelme. MSc Diplomadolgozat. Szent István Egyetem, Állattani és Állatökológiai Tanszék. 58 pp.

- Előadások a témában:

Vörös J., Szabó K., Kiss I., Schweiger S. & Jelic D.: Genetic structure of *Salamandra salamandra* in the Carpathian Basin - 16th European Congress of Herpetology, Luxembourg and Trier, 25-19th of September, 2011.

Vörös J., Szabó K., Kiss I., Schweiger S. & Jelic D.: Genetic structure of *Salamandra salamandra* in the Carpathian Basin. Alpine and fire salamander meeting, 21 October, 2011, Werfen, Austria.

Kiss I., Balogh S. B. & **Vörös J.**: A foltos szalamandra (*Salamandra salamandra*) lárvák túlélését, sikeres átalakulását meghatározó tényezők. III. Herpetológiai Előadóülés, Magyar Természettudományi Múzeum, 2012. március 27.

Vörös, J.: A foltos szalamandra genetikai változatossága és természetvédelmi helyzete Magyarországon, különös tekintettel a budapesti reliktum állományra. 2013. október 10., MME Budapesti Helyi Csoport, TIT Központ, Budapest

- Poszterek a témában:

Vörös J., Szelényi G. & Kiss I.: Rediscovery of a population of the fire salamander (*Salamandra salamandra*) in Budapest – 15th European Congress of Herpetology - 2009. szeptember 28 – október 2., Kusadashi, Törökország

Vörös J., Szabó K., Kiss I., Schweiger S. & Jelic D: A foltos szalamandra (*Salamandra salamandra*) populációszerkezete a Kárpát-medencében. VII. Magyar Természetvédelmi Biológiai Konferencia, Debreceni Egyetem, 2011. november 3-6.

Vörös, J., Szabó K., Kiss I., Schweiger, S., Jelic, D. : Conservation genetics of the fire salamander (*Salamandra salamandra*) in Hungary. ConGRESS: Utilization of genetic approaches for effective conservation of endangered species, Regional Workshop, Debrecen, Hungary, 2012. március 14-16.

Kiss, I., Vörös, J., Balogh, S. B. & Jáger, E.: Ecological survey of a rediscovered urban fire salamander (*Salamandra salamandra*) population in Budapest. 17th SEH European Congress of Herpetology, 2013 augusztus 22-27, Veszprém

- Sajtómegjelenés:

Judit és a szalamandra (Spektrum TV) – természetfilm.hu készítésében

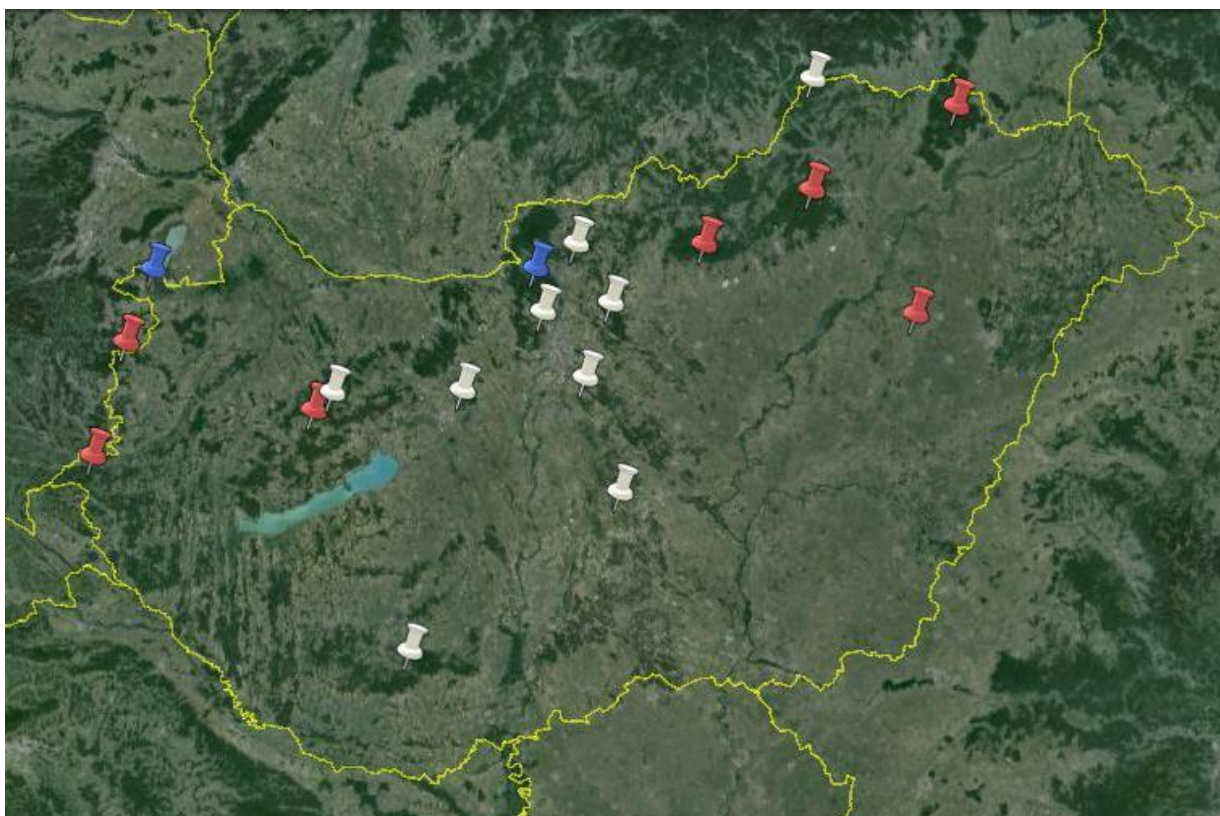
Hidegkúti Polgár: Visszatértek a foltos szalamandrák. 2011. III. évfolyam, 9. szám, 6. oldal



A kitridgomba (*Batrachochytrium dendrobatidis*) hazai elterjedése

A pályázat harmadik részének célja volt, hogy feltárjuk a kétéltűeket világszerte pusztító kitridgomba (*Batrachochytrium dendrobatidis* - Bd) hazai elterjedését, és hogy kialakítsunk egy laboratóriumi vizsgálati rutint, amely alkalmazható a hazai kétéltűek gombafertőzésének vizsgálatára. Szerettünk volna továbbá kifejleszteni egy felmérési rendszert, amellyel hatékonyan lehet monitorozni az érintett kétéltűfajok fertőzöttségét. A négy év során összesen 1771 bőrkenetminta molekuláris diagnózisát végeztük el.

A kutatás egyik fő célja volt a *B. dendrobatidis* hazai előfordulásának feltérképezése. Ehhez az ország 16 régiójából 490 mintát gyűjtöttünk (10. ábra, 3. táblázat). Mintavételünk során fokozottan odafigyeltünk arra, hogy a terepmunka során ne használjunk olyan felszerelést, amit előtte más vizes élőhelyen elöveltünk, és hogy a munka után lefertőtlenítsük az összes felszerelést és ruházatot. A fertőtlenítésre a Vircon® S gombaölőszert használtuk, amellyel lemostuk a hálókát, tárolókat és a bakancsokat. Ezeket a biztonsági eljárásokat minden élőhelyváltás között megismételtük. A kétéltűeket gumikesztyűben fogtuk meg, és a vizsgálat alatt egyedenként nylonzacskóban tároltuk, hogy a mintavétel során egymást ne fertőzzék meg. Az adult és juvenilis állatok bőréről 4 mm-es átmérőjű steril vattapálcával (Biolab), az ebihalak szájrészéről pedig 2 mm-es átmérőjű vattapálcával vettünk kenetet. A felnőtt és juvenilis egyedek hátát, oldalát, hasát, combrészt, és úszóhártyáit 5x mintáztuk a pálcával, majd a befogás helyén szabadon engedték őket. Az ebihalak szájrészét mintáztuk, mivel ebben a fejlődési stádiumban csak a szájképletben található keratin, ami szükséges a gomba fejlődéséhez. A mintákat aztán a Magyar Természettudományi Múzeum Molekuláris Taxonómiai Laboratóriumába vittük, ahol izoláltuk a DNS-t. Ezután az izolátumokat átszállítottuk a Nemzeti Élelmiszerlánc-biztonsági Hivatal Molekuláris Biológiai Osztályára, ahol Dr. Dán Ádám Állatorvossal együttműködésben a valós-idejű PCR reakciókat futtattuk a gomba jelenlétének és mennyiségének diagnosztizálásához.



10. ábra. Kitridgomba mintavételi helyek Magyarországon. Fehér – nem találtunk *Bd*-vel fertőzött kétéltűt, piros – találtunk *Bd*-vel fertőzött kétéltűt, kék – 2009 előtt leírt *Bd* előfordulás.

Mintavételünket elsősorban a hegyvidéki élőhelyekre fókuszáltuk, mivel irodalmi adatok alapján a Bd a hűvösebb, párásabb élőhelyeken található, itt találja meg hőmérséklet optimumát (Kilpatrick et al 2009). Felméréseinkben elsősorban sárgahasú unka (*Bombina variegata*) egyedeket mintáztunk, mivel korábbi tapasztalatok azt mutatták, hogy ez a faj nagy százalékban hordozza a fertőzést. A sárgahasú unka mellett más kétélűfajokat is mintáztunk, amelyek az adott élőhelyre/régióra jellemzőek voltak.

3.táblázat. Az országos felmérés során mintázott kétélűek listája.

Terület	Faj	Egyedszám	Bd pozitív (egyed)
Pesthidegkút	<i>Salamandra salamandra</i>	36	
Bakonybél	<i>Bufo bufo</i>	2	
	<i>Lissotriton vulgaris</i>	19	
	<i>Mesotriton alpestris</i>	8	
	<i>Rana dalmatina</i>	25	
*Parád, Mátra	<i>Bufo bufo</i>	1	
	<i>Mesotriton alpestris</i>	3	
	<i>Salamandra salamandra</i>	3	
	<i>Bombina variegata</i>	34	2
Ócsa	<i>Rana arvalis</i>	17	
	<i>Rana dalmatina</i>	3	
	<i>Triturus dobrogicus</i>	14	
Babat-völgy, Gödöllő	<i>Lissotriton vulgaris</i>	20	
*Zemplén	<i>Rana temporaria</i>	1	
	<i>Salamandra salamandra</i>	4	
	<i>Bombina variegata</i>	7	6
Aggteleki-karszt	<i>Salamandra salamandra</i>	6	
	<i>Bombina variegata</i>	6	
Dinnyés	<i>Bombina bombina</i>	4	
Mecsek	<i>Bombina variegata</i>	23	
*Őrség	<i>Bombina variegata</i>	48	11
*Soproni-hegység	<i>Bombina variegata</i>	22	4
Naszály	<i>Salamandra salamandra</i>	1	
	<i>Rana temporaria</i>	2	
	<i>Rana kl. esculenta</i>	1	
	<i>Rana temporaria</i>	1	
*Bükk	<i>Mesotriton alpestris</i>	6	1
Kiskunság	<i>Triturus dobrogicus</i>	13	
*Hortobágy	<i>Pelophylax sp.</i>	161	17
	<i>Bombina bombina</i>	1	

Az országos felmérés eredménye azt mutatta, hogy a Bd gomba gyakorlatilag minden régióban jelen van, ahol sárgahasú unkat találtunk. Kimutattuk az unkákat fertőzöttségét a Soproni-hegységből, az Őrségből, Bakonyból, Mátrából, és egy fertőzött alpesi gőtét (*Mesotriton alpestris*) találtunk a Bükkben (10. ábra). Ez arra enged következtetni, hogy a sárgahasú unka fokozottan fogékony a Bd-re. A zempléni élőhelyen 86%-os prevalenciát észleltünk, ami magasabb, mint amit a hazai populációkban korábban tapasztaltunk. A 2008-as, a Bakonyban végzett előzetes felmérések során a legmagasabb prevalencia érték 50% volt a *B. variegata* juvenilis egyedek esetében. Ez az eredmény azt is mutatja, hogy a *B. variegata* megfelelő modellfaj a Bd jelenlétének/előfordulásának monitorozásához.

Kimutattuk a Bd jelenlétét a Hortobágyi-halastavak területéről, ahol *Pelophylax*-fajokat vizsgáltunk. Ez az első síkvidéki Bd-adat Magyarország területéről. Herczeg Dávid doktorandusz hallgatóval a Hortobágyi-halastavak területén állóvizeket és csatornákat vizsgáltunk, és ezek prevalencia értékeit hasonlítottuk össze. Az első évben (2012) csak a

csatornák területén találtunk fertőzött egyedeket, a halastavakban nem. A második évben (2013) a halastavak területéről kerültek elő fertőzött egyedek, a csatornák területéről nem.

A 2008-ban végzett előzetes vizsgálatokat tovább folytattuk a Magas-Bakonyban, Iharkúton, a felhagyott bauxitbánya környékén. Úgy ítéltük meg, hogy ez a helyszín alkalmas a fertőzés és az itt található kétéltűállomány hosszú távú monitorozásához. 2010 és 2012 között rendszeresen látogattuk a helyszínt, és mintáztuk a sárgahasú unkaállományt, valamint minden egyéb kétéltűfajt, amelyet észleltünk. Vizsgálatunkban arra törekedtünk, hogy a tó kétéltűközösségének a fertőzöttségét minél részletesebben megvizsgáljuk. Ezért, igyekeztünk a kétéltűek párzási időszakának kezdetén jelen lenni, és a teletől a tó felé tartó egyedeket megmintázni szárazon. Ezután mintavételeztünk a párzási időszakban, a nyári időszakban az ebihalakat, és nyár végén a frissen kialakult egyedeket. A sárgahasú unka hasi oldaláról fényképet készítettünk, hogy egyedileg azonosítsuk őket, elkerülve az újramintázást (11. ábra). A barna varangyok és az erdei békák esetében pedig a hullámszerű vonulási és párzási időszakban két mintavételezést végeztünk, egy alkalommal a nőstényeket, egy alkalommal pedig a hímeket mintáztuk, elkerülve ezzel az ismétlést.



11. ábra. Sárgahasú unka egyedek azonosítása hasi mintázat alapján.

A három éves mintavétel során összesen 6 kétéltűfaj 526 egyedét mintáztuk (4. táblázat).

4.táblázat. A három éves mintavétel egyedszámjai az iharkúti bauxitbányánál.

Faj	2010	2011	2012
<i>Bombina variegata</i>	118	119	85
<i>Bombina bombina</i>	-	-	1
<i>Bufo bufo</i>	49	11	-
<i>Rana dalmatina</i>	65	34	-
<i>Lissotriton vulgaris</i>	14	-	-
<i>Pelophylax ridibundus</i>	25	5	-

A három év vizsgálata során a fertőzött egyedek számából és a valósídejű PCR zoospóra genom ekvivalens értékekből (5. táblázat) a következőket vontuk le:

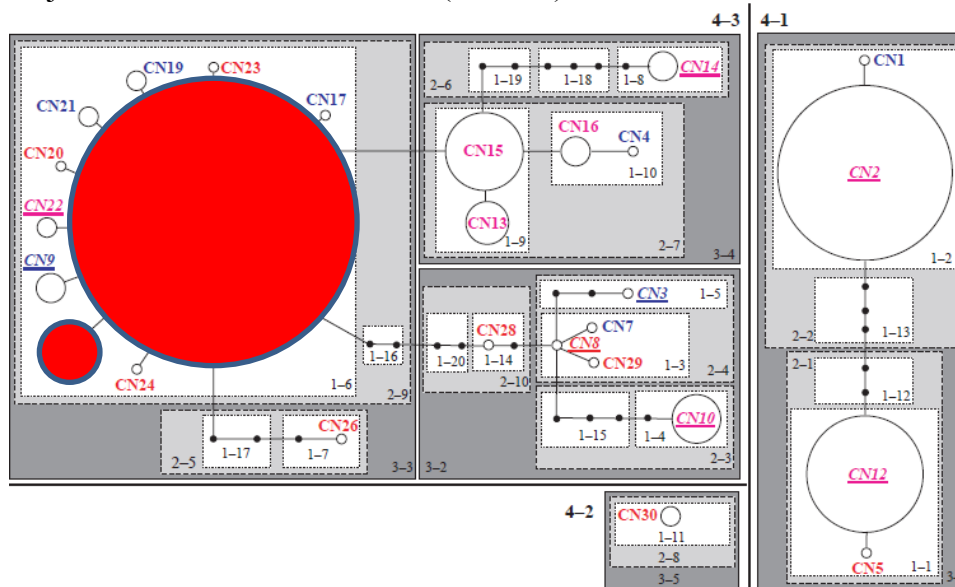
5.táblázat. *Bombina variegata* prevalencia és intenzitás értékek 2010-2012 között.

	2010	2011	2012
Prevalencia	29,4	12,4	5
Intenzitás	17,55	4,12	20,7
Juvenilis prevalencia	38,5	22,4	37,5
Juvenilis intenzitás	30,6	3,86	33,17

- Az élőhelyen csak a *B. variegata* és a *Pelophylax ridibundus* egyedei hordozták a gombát.
- A *Pelophylax ridibundus* alacsonyabb prevalenciával rendelkezett, mint a *B. variegata*. Mivel csak kevés *P. ridibundus* egyedet találtunk, a *B. variegata* faj vizsgálatával folytattuk a kutatást.
- Az élőhelyen a *B. variegata* juvenilis prevalencia alacsonyabb volt mind a három évben, mint a 2008-ban, a juvenilis egyedek között tapasztalt érték. Ugyan a 30% körüli érték még mindig magasnak tekinthető.
- A 2010-ben megfigyelt 29,4%-os összprevalencia 2012-re 5%-ra csökkent. Ennek oka lehet az, hogy 2011-re kiszáradt a tó, ami a fő vizes élőhelye volt a kétéltűeknek. Az unkákat ezután az erdei patak mentén találtuk meg, ahol nagy valószínűséggel a Bd számára kevésbé előnyös feltételek voltak. Mivel a sárgahasú unka nem rakja le a petéit folyóvízben, az egyedek párzási időszakban nem érintkeznek olyan mértékben, mint az állóvízben, tehát a fertőzés átadásának fő forrása, vagyis az amplexus az erdei környezetben nem biztosíthatta a prevalencia fenntartását.
- Az egyedi azonosítás eredményeképpen megfigyeltük, hogy a tavasszal befogott és fertőzöttnek bizonyult egyedek nyár végére, őszre elveszítették a fertőzésüket. Egy egyedet megfogtunk 2010 tavasszal, ekkor hordozta a gombát, visszafogtuk ősszel és következő tavasszal, ekkorra már nem lett pozitív a Bd teszt. Feltételezzük, hogy a *Bombina variegata* bőrén olyan anyagok termelődnek, amelyek gátolhatják a Bd fertőzési mechanizmusát.
- A kétéltűközösségen tavasszal volt a legmagasabb a fertőzöttségi arány, őszre a prevalencia és az intenzitás is lecsökkent.
- Megállapítottuk, hogy az összes víztest közül (tó, időszakos pocsolyák, állandó vízü pocsolyák, patak) a tóban volt a legmagasabb a fertőzöttség.

A terepen gyűjtött minták mellett 130 múzeumi egyed is megvizsgáltunk. Azokról a területekről mintáztunk alkoholban konzervált egyedeket, amelyeken a gombát megtaláltuk az előző években, illetve ahol nem találtuk meg, de feltételezhető a jelenléte, elsősorban a sárgahasú unkákon. Így a Magyar Természettudományi Múzeum Kétéltű- és Hüllőgyűjteményének 111 egyedét (Őrség, Bakony, Visegrádi-hegység, Mátra, Zemplén, Aggteleki-karszt) és a szombathelyi Savaria Múzeum 19 egyedét (Őrség) vizsgáltuk. A valós idejű PCR-ekhez minden esetben belső pozitív kontrollt használtunk, hogy biztosak legyünk abba, hogy nem az alkoholos konzerválás miatti inhibíció okozza a negatív tesztet. A múzeumi példányok egyikén sem találtunk Bd DNS-t. Egyetlen, az Őrségben 1989-ben gyűjtött sárgahasú unka példány DNS tesztje lett marginálisan pozitív, tehát a genom ekvivalens értéke a határértéken mozgott.

A hazánkban megtalált Bd mintákból kiválasztottunk 3-mat és azokat a riboszómális ITS régióra direkt szekvenálásnak vetettük alá. Ezzel szeretnénk volna megtudni, hogy a mi kétéltűnket találhatók Bd gomba melyik genetikai vonalhoz tartozik. A három minta két haplotípust képviselt. Az egyik a leggyakoribb, világszerte elterjedt vonallal, a másik pedig egy Dél-Amerikában megtalált haplotípussal egyezett. Ezzel tulajdonképpen nem tudtuk egyértelműen beazonosítani a gomba eredetét, mert a pontos meghatározáshoz teljes genom szekvenálásra lenne szükség, de nagy valószínűséggel a hazai kétéltűeken élősködő gomba globálisan elterjedt *Bd*GPL vonalhoz tartozik (12. ábra).



12.ábra. Bai és társai (2012) által felrajzolt Bd haplotípus hálózat, benne pirossal jelölve a két hazai haplotípust.

Együttműködések

Csehország

Dr. Vojtech Balaž a brnoi Állatorvostudományi Egyetem kutatója, a szlovák és cseh kétéltűpopulációk kitridfertőzöttségével foglalkozik. Dr. Balaž-zal egy szélesebb európai együttműködést indítottunk el, melynek célja volt egy tanulmány készítése a Bd európai kétéltűfajok közötti taxonómiai szelektivitásáról. Ehhez összeszedtük 6 közép- és kelet-európai ország (Csehország, Szlovákia, Magyarország,) Bd fertőzöttségi adatait, és összehasonlítottuk azokat a már publikált, közép- és nyugat-európai eredményekkel. Összesen 12 faj 547 egyedét vizsgáltuk. Az irodalmi adatokkal együtt 7403 fertőzöttségi adatot gyűjtöttünk össze. Eredményeink azt mutatták, hogy a *Rana*-fajok alulfertőzöttek, az Alytidae sensu lato (ide tartoznak a *Bombina*-fajok is) család pedig túlfertőzött minden országban. Ez alapján megállapítottuk, hogy minden országra kidolgozható a Bd monitorozási rendszer, amely bizonyos fajokon, fajkomplexumokon, genuszokon, családokon vagy akár magasabbrendű taxonokon alapulhat. Hazánkra kivetítve, ahogy már korábban említettük, a Bd-felmérésekre legalkalmasabb taxon a sárgahasú unka (*Bombina variegata*) (Balaž, Vörös et al 2014).

Dr. Balaž-zal megszerveztük az első közép-európai kitridiomikózis összejövetelt, amely során Bécsben találkoztunk Mark Sztatecsny osztrák kutatóval, hogy a közép-európai Bd-kutatás irányvonalait kijelöljük.

A Veszprémben, 2013 augusztusában megrendezett 17. Európai Herpetológiai Kongresszus alatt Dr. Balaž-zal fél napos kitridiomikózis workshopot szerveztünk, amelyre meghívtuk a európai kitrid-kutatás elismert alakjait.

Horvátország

Dusan Jelić-csel és a Horvát Herpetológiai Társasággal együttműködésben Zagrebhez közeli sárgahasú unkaállományokat mintáztunk, amely mintákat aztán az MTM és a NÉBIH laboratóriumában dolgoztunk fel. A 13 mintából egy sem bizonyult fertőzöttnek. Terepi mintavételünkről és a horvátországi kitridiomikózis-kutatás első lépéséről közös publikáció készült (Vörös & Jelić 2011).

Románia

Terepi felméréseinket kiterjesztettük Románia területére is. Három kutatóval kezdtünk együttműködést. Székely Pál, az Ovidius University Constanta kutatója 98 *Bombina variegata* bőrkenet mintát gyűjtött, amelyeket az OTKA pályázat keretében az MTM és NÉBIH laboratóriumában dolgoztunk fel. Közben betanítottuk Dr. Székelyt a Bd laboratóriumi diagnózisára, hogy a jövőben Romániában önállóan tudjanak mintaelemzést végezni.

Hartel Tiborral, a Mihai Eminescu Trust kutatójával közösen végeztünk terepi mintagyűjtést Erdély négy régiójában (Segesvár, Korond, Csíkszereda és a Bihar-hegység) 77 egyeden. Ebből Segesvár és Bihar-hegységben találtunk Bd-fertőzött egyedeket *B. variegata*, *Lissotriton vulgaris* és *Rana temporaria* fajokon. Ezzel elsőként kimutattuk a Bd jelenlétét Románia területéről. Eredményeinket egy publikáció formájában összegeztük (Vörös et al 2013).

Ben Scheele a University of Canberra doktorandusz hallgatója, aki kételtűek természetvédelmi biológiáját kutatja. Terepi munkáit Erdélyben végzi. Közös kutatásunkban arra kerestük a választ, hogy vajon a környezeti változók és élőhelyi sajátságok hogyan befolyásolják a Bd prevalenciát. Ennek vizsgálatához 16 tóból 561 *Bombina variegata* egyed mintáztunk. Előzetes eredményeinkben azt találtuk, hogy az erdei élőhelyek kedveztek a Bd jelenlétének, illetve hogy azok az időszakos pocsolyák voltak jobban fertőzöttek, amelyek közelebb helyezkedtek el az állandó víztestekhez.

Thaiföld

A Magyar Természettudományi Múzeum délkelet-ázsiai szakmai kapcsolatai hosszú évtizedekre nyúlnak vissza. 2012-ben a Prince of Songkla University-re (PSU - Hat Yai) látogattam egy Rufford Alapítványtól elnyert pályázat keretében, hogy Sansareeya Wangkulankul thai herpetológussal Thaiföld félszigeti kételtűinek taxonómiáját és védelmét népszerűsítsük az egyetemi hallgatók és a nemzeti parki örök között. A mi szerepünk volt a kitridiomikózis veszélyeinek ismertetése, és a terepi és laboratóriumi módszerek betanítása. Vizsgálatunk során elsőként leírtuk Thaiföld területéről a Bd-t, egy *Ingerophrynus parvus* (Bufonidae) felnőtt egyedéről, a PSU védett területéről. Az eredményből közös publikáció készült (Vörös et al 2012).

Egyesült Királyság

A Londoni Zoológiai Társaság (ZSL) és az Imperial College London kutatói a világ vezető Bd-kutatócsoportját irányítják. A ZSL-ben Dr. Trenton W. J. Garner vezetésével működtetik a világ egyik olyan laboratóriumát, ahol izolálják és tenyésztik a *B. dendrobatidist*. Speciális igényei miatt a gombát rendkívül nehéz tenyészteni és a tenyészetet fenntartani. A londoni tenyészet célja, hogy a világ különböző részéről származó Bd törzseket teljes genomszekvenálásnak vessék alá, és ezzel jobban megismerjék a Bd evolúciós és betelepítési történetét. Közép-Európából még nem létezik ilyen tenyészet, ezért Dr. Garnerrel együttműködésben cél volt a hazai békák bőrén talált Bd izolálása és genomszekvenálása. A művelet sajnos nem járt sikerrel, nagy valószínűséggel azért, mert a hazai unkaállományok alacsony prevalenciával és intenzitással hordozzák a gombát. A jövőbeni kutatások érdekében

fontos lenne megállapítani a hazai Bd törzs eredetét és filogenetikai hovatartozását, így az együttműködés folytatódik.

Spanyolország

Dr. Jaime Bosch a Madridi Természettudományi Múzeum kutatója, ő fedezte fel Európában a kitridgombát 1997-ben, a Madrid melletti Peñalara Nemzeti Parkban. Dr. Bosch-al a pályázat kezdete óta kapcsolatban voltunk, rendszeresen látogatott Magyarországra 2010 óta, hogy terepi és laboratóriumi ismereteit átadja a hazai kitridiomikózis-kutatás elősegítése érdekében. Rendszeresen értekeztünk Dr. Bosch-al a hazai Bd-monitorozás kapcsán, és meghívtuk egy plenáris előadás tartására a IV. Hazai Herpetológiai Előadóra, amelyet a Magyar Természettudományi Múzeumban szerveztünk. Spanyolországi látogatásom során tanulmányoztam a nemzeti park kételtű tenyészközpontját, ahol a kitridiomikózis miatt megfogyatkozott *Alytes obstetricans* faj egyedeit tenyésztik, hogy a jövőben vissztelepítési programokat indíthassanak a faj megmentéséért. Dr. Bosch-al is tovább folytatódik az együttműködés, ugyanis a jövőben szeretnénk megvizsgálni a *Bombina variegata* Bd-rezisztenciáját.

- Eredményeinkből megjelent tudományos közlemények:

Vörös J. & Jelic D. (2011): First steps to survey chytrid fungus in Croatia. – *Hyla – Herpetological Bulletin* 1: 31-34.

Vörös J., Satasook C., Bates P., Wangkulangkul, S. (2012): First record of the amphibian chytrid fungus, *Batrachochytrium dendrobatidis* in Thailand. – *Herpetology Notes* 5: 519-521.

Gál J. T., **Szabó K.** és **Vörös J.** (2012): Kitridiomikózis vizsgálata egy magas-bakonyi vizes élőhely kételtűközösségén – *Állattani Közlemények* 97: 47-59.

Vörös, J., Bosch, J., Dán Á. & Hartel, T. (2013): First record of *Batrachochytrium dendrobatidis* on amphibians in Romania – *North-Western Journal of Zoology* 9: 446-449.

Balaž, V., **Vörös, J.**, Civiš, P., Vojar, J., Hettyey, A., Sós, E., Dankovics, R., Jehle, R., Christiansen, D. G., Clare, F., Fosher, M. C., Garner, T. J. W. & Bielby, J. (2013): Assessing risk and guidance on monitoring of *Batrachochytrium dendrobatidis* in Europe through identification of taxonomic selectivity of infection - *Conservation Biology* 28: 213-223.

- Szakdolgozatok a témában:

Gál J. T. (2011): Kitridiomikózis vizsgálata egy magas-bakonyi vizes élőhely kételtűközösségén. Szent István Egyetem, Állatorvos-tudományi Kar, Biológus Szak.

- Előadások a témában:

Vörös, J., Hettyey, A., Sós, E., Dankovics, R. & Garner, T. : Amphibian chytrid fungus in Hungary. Second European Congress of Conservation Biology, 2009. szeptember 1-5, Prága, Csehország

Vörös J.: Miért éppen a kételtűek? A kitridiomikózis-kutatás jelenlegi állása, és a hazai helyzet. – VI. Magyar Természetvédelmi Biológiai Konferencia – 2010. február 22., Budapest

Vörös J.: Chytridiomycosis – újabb eredmények, kezelési lehetőségek. Természetvédelmi Állatorvoslás – terepi programok és az állatkertek szerepe. Fővárosi Állat- és Növénykert, 2011. március 25-27. – meghívott előadás

Gál Júlia Tünde, Szabó Krisztián és **Vörös Judit**: Kitridiomikózis vizsgálata egy magasbakonyi vizes élőhely kétéltűközösségén. III. Herpetológiai Előadótalás, 2012. március 27.

Vörös Judit, Gál Júlia Tünde, Dán Ádám és Jaime Bosch: Prevalencia változása az élőhely függvényében: kitridiomikózis fertőzöttség a sárgahasú unán (*Bombina variegata*) Magyarországon. III. Herpetológiai Előadótalás, 2012. március 27.

Balaz, Vojtech; **Vörös, Judit**, Garner, Trenton; Bielby, Jon: Taxonomic and geographic selectivity of Batrachochytrium dendrobatidis in Europe: Assessing risk and directing future monitoring. World Congress of Herpetology, 2012. augusztus 8-14., Vancouver, Canada

Herczeg. D. & **Vörös, J.**: Species composition and chytridiomycosis infection of the Pelophylax esculentus complex (Anura: Ranidae) in the Hortobágy National Park, Hungary. 17th SEH European Congress of Herpetology, Augusztus 22-27, Veszprém

- Poszterek a témában:

Vörös, Judit, Gál, Júlia Tünde; Dán, Ádám; Bosch, Jaime: Chytridiomycosis in yellow-bellied toad (*Bombina variegata*) populations in Hungary. World Congress of Herpetology, 2012. augusztus 8-14., Vancouver, Canada

Vörös J, Hettyei A, Sós E & Dankovics R: A kitridiomikózis hazai vizsgálatának előzetes eredményei. – VI. Kárpát-medencei Biológiai Szimpózium – 2009. november 12-13., Budapest

- Sajtómegjelenés:

Greenfo - Hírek Magyarországon is fertőz a kétéltűbetegség – 2010. május 16.

Népszabadság - Szívba j tizedeli a békákat – 2010. május 11.

NOLTV – Békák veszélyben – 2010. május 11.

Info Rádió – Gombabetegekről – 2010.04.02.

MR1 Kossuth Rádió – Kitridiomikózis – 2010. 05. 30.

A magyar békákat is tizedeli a gombakór – NOL + Népszabadság – 2013. augusztus 28.

<http://kitridiomikozis.hu> címen honlapot indítottunk amelyen szeretnénk naprakész információval látni el mindenkit a gombáról, az aktuális tudományos eredményekről és az OTKA pályázat támogatásával végzett hazai kutatásokról.

A honlapon látható az a rövidfilm, amely az OTKA által támogatott kitridiomikózis-kutatás eredményeiről szól, és amelynek hosszabb változata dokumentumfilm formájában készül.

Felhasznált irodalom

Bai, C., Liu X., Fisher, M. C., Garner, T. W. J. & Li, Y. (2012): Global and endemic Asian lineages of the emerging pathogenic fungus *Batrachochytrium dendrobatidis* widely infect amphibians in China. – *Diversity and Distributions* 18: 307-318.

Kilpatrick, A. M., Briggs C. J., Daszak P. (2009): The ecology and impact of chytridiomycosis: an emerging disease of amphibians. – *Trends in Ecology and Evolution* 25: 109-118

Martín, C., Sanchiz, B. (2011): Lisanfos KMS. Version 1.2. Museo Nacional de Ciencias Naturales, MNCN-CSIC. Madrid, Spain. <<http://www.lisanfos.mncn.csic.es/>>.

Steinfartz S., Küsters D., Tautz D. (2004): Isolation and characterization of polymorphic tetranucleotide microsatellite loci in the Fire salamander *Salamandra salamandra* (Amphibia: Caudata). – *Molecular Ecology Notes* 4: 626-628.

Steinfartz S., Veith M., Tautz D. (2000): Mitochondrial sequence analysis of *Salamandra* taxa suggests old splits of major lineages and postglacial recolonizations of Central Europe from distinct source populations of *Salamandra salamandra*. – *Molecular Ecology* 9: 397-410.