

Zárójelentés a PD50005 OTKA pályázatról

Somogyi Kálmán

Szegedi Biológiai Központ

Genetikai Intézet

6726 Szeged

Temesvári krt. 62.

Összefoglalás

Munkánk céljával egy Nyugat-Palearktikus tölgy gubacsdarázs társbérő faj, a *Synergus umbraculus* (Cynipidae: Synergini) genetikai változatosságának, gazda szerinti differenciálódásának megismerését tűztük ki. Nagy mennyiségben gyűjtöttünk, vagy szereztünk be mintákat Európa, Észak-Afrika és Nyugat-Ázsia különböző területeiről és elvégeztük a minták filogenetikai analízisét az izolált DNS mintákból nyert magi és mitokondriális szekvenciák alapján. Nagymértékű genetikai változatosságot találtunk a hazai populációkon belül és populációk között egyaránt. Ezen jelenség egyik oka kriptikus fajok létezése lehet, melyek leírására később sor kerülhet. A filogeográfiai célú vizsgálatok kimutatták a Kárpát-medence vélhetőleg többször bekövetkezett kolonizációját, elsősorban a Balkán irányából. Mind a gubacsképző gazda, mind a gazdanövény viszonylatában valószínűsíthető, hogy nem alakult ki erős specificitás köztük és az inkvilin faj között, ami ebből a szempontból a parazitoid darazsaknál korábban megfigyeltekre hasonlít.

Abstract

Our aim was to get a deeper understanding of the genetic diversity and host association of a cynipid inquiline species *Synergus umbraculus* (Cynipidae: Synergini). We collected large number of samples from Europe, North-Africa and Western-Asia. DNA was isolated and sequenced to analyze nuclear and mitochondrial DNA loci. High level of genetic variability was found within and between populations in Hungary. That can be explained partially by the presence of cryptic species, to be described later. The phylogeographic analysis suggests multiple colonizations, primarily from the direction of the Balkan peninsula. Our data does not support the tight association of this inquiline species neither to the galling wasp hosts nor to the host plants, similarly to the case of the parasitoid wasps, known from the literature.

1. Bevezetés

A gubacsképződés az állat-növény kölcsönhatás egyik formája, amely a rovarok körében többször megjelent az evolúció során. A gubacs képződését alapvetően a rovar szabályozza, a gubacsindukció molekuláris mechanizmusa azonban mindezidáig ismeretlen. A gubacs védelmet nyújt az abban fejlődő lárva számára, szerkezeti felépítése, növényi szerv szerinti helye (ág, szár, levél, barka stb.) és a gubacsképződés ideje változatos, ám leginkább a gubacsképzőre specifikus (Stone et al 2002, Stone & Schönrogge 2003).

A legváltozatosabb formájú és egyben legbonyolultabb szerkezetű növényi gubacsokat a gubacsdarazsak (Hymenoptera, Cynipoidea, Cynipidae) fajai okozzák. Mintegy 1400 leírt fajukkal a második legnagyobb csoport a gubacsokozó rovarok között. Életmenetük változatos, a csoport egy részére ivaros és ivartalan generációk is jellemzőek, mely során a különböző generációkba tartozó egyedek gyakran más fajokon és növényi szerveken fejlődnek ki. Valószínű, hogy a gubacsdarazsak másodlagosan tértek át a parazitoid életmódról a fitofág táplálkozásra és monofiletikus eredetűek (Ronquist 1999, Stone et al 2002, Nylander 2004).

A gubacsdarazsak által a gazdanövényen indukált gubacsok komplex közösségeknek adnak otthont, melyekben a gazdanövényen és a gubacs indukáló darazsakon és kívül találhatunk parazitoidokat, társbérleket, ragadozókat, gombákat (Stone et al, 2002). A gubacsdarázs „társbérlek” (inkvilin fajok) (Hymenoptera: Cynipidae: Synergini) gubacs indukáló képességüket elvesztették az evolúció során, más fajok által létrehozott gubacsokba rakják petéiket, ahol a kikelő lárvák többnyire a gazda darázs faj lárvájának közvetlen károsítása nélkül táplákoznak a növényi szövetekből. A társbérlek fajok a gubacshoz kötődő táplálkozási hálózat fontos elemei, elterjedésük, gazda szerinti differenciálódásuk lényeges mutatója lehet egy adott terület fajgazdagságának, ökológiai sokszínűségének, társulási eredetének. Ennek ellenére a gubacsdarazsakon belül a társbérlek fajok viszonylag kevéssé kutatottak.

A Cynipidae család hat nemzetséget magába foglal magába. Az általában lágyszárú növényeken élő, parafiletikus Aylacini nemzetség (92 faj) a gubacsdarazsak bazális csoportjának tekinthető. Ezen belül különíthetők el a tölgyön gubacsot képző darazsakat magába foglaló Cynipini (kb. 1000 faj) csoport fajai (Melika 2006). Az életmenet tekintetében másik csoportot alkotó társbérlek életmódú fajokat a Synergini (159 faj) nemzetségbe sorolják. A társbérlek nem képesek önálló gubacsképzésre, más gubacsdarazsak által okozott gubacsokban fejlődnek. Egy fejlődő gubacsban azonban már képesek lárvakamrát, táplálósövet differenciációt indukálni. Jelenlétük lehet semleges a gubacsképző számára (kommenzalizmus), azonban esetenként darázs gazdájukat elpusztítják, ez utóbbi fajra jellemző sajátosság is lehet. A kapcsolat speciális abban a tekintetben, hogy a gazda és társbérlek viszonylag szoros filogenetikai rokonságban áll egymással – tipikusan mindkettő gubacsdarázs (Cynipidae) – azonban a társbérlek nem közvetlenül gubacsképző gazdájukból származtathatóak, amint például gubacsstetveknél tapasztalhatunk (Miller & Crespi 2003). Ennek következtében gazdaspecifitásuk sem egyértelmű. A Synergini nemzetség nyolc neme jórészt Holarctikus elterjedésű. A Nyugat Palearktikumban ismert 48 Synergini fajból 29 Magyarországon is megtalálható (Pujade Villar et al 2003, Melika 2006).

A gubacsdarazsak szoros kapcsolatban állnak a gazdanövényükkel, ezáltal biogeográfiájuk is szorosan összefügg azok földrajzi elterjedésével. A Nyugat Palearktikum tölgyfajai két szekcióba sorolhatóak: hozzávetőleg 13 a *Cerris* valamint 16 a *Quercus sensu stricto* szekcióba tartozik. Molekuláris filogenetikai elemzések eredményei alapján a *Quercus* nemzetség két korán szétváló ágának képviselői, jelenlétük egy adott területen jelentősen befolyásolja a gubacsdarazsak elterjedését. Emellett az emberi beavatkozás is számottevő faktor lehet. Valószínűleg meghatározó tényező a tölgyerdők eltűnése következtében előálló fragmentáció és populáció méret csökkenés. Másrészt a csertölgy északi és nyugati betelepítései a gazdaváltó fajok elterjedési területének kiterjedését vonták maguk után az elmúlt 400 évben (pl. *Andricus kollari*). A kolonizálást a gubacs kereskedelme is gyorsította, nehezen áttekinthetővé téve az elterjedési mintázatot (Stone et al 2007).

Néhány gubacsképző fajnál azonban a filogeográfiai rekonstrukció a várt eredményt hozta. Például az alapvetően mediterrán elterjedésű, gazdaváltó *Andricus quercustozae* Irán-Törökországtól Marokkóig előfordul ma is, minden feltételezett refugialis területen jelen lehetett az utolsó eljegesedés idején (Rokas et al 2003). Legnagyobb változatosságot a törökországi populációk mutatták, és

feltehetően az északibb területek kolonizációja is alapvetően innen történhetett („Out of Anatolia” hipotézis).

Gazda szerinti differenciáció akár fajképződéshez vezethet, gazda rasszok jelenléte növényevő rovaroknál és parazitoidoknál feltehetően gyakori (pl. Miller & Crespi 2001, Stireman et al 2005). A gazdaváltás a gubacsdarazsaknál viszonylag ritka esemény (Cook et al 2002). Ez igaz mind a tölgy szekciók, mind a növényi szervek közötti váltásra. Ez alól a *Synophrus* látszólag kivételt képezett, eredményeink azonban több új, gazdanövény szerv specifikus csoportra utalnak.

Munkánk célkitűzése az volt, hogy megismerjük a gubacsdarázs inkvilinek genetikai változatosságát. A változatosságot hazai, illetve nagyobb, filogeográfiai (Nyugat-Palearktikum) léptékben vizsgáltuk. Kérdés a gazdák szerinti genetikai differenciáció (ritka gazdaváltás, gazda rasszok): esetünkben ez lehet gazdanövény (*Quercus* tölgy szekció tagjai, esetleg tölgy fajok) és darázs gazda (pl. *Andricus* gubacsok) egyaránt. Másrészt a változatosságban nyomot hagy a kérdéses populációk kolonizációs története, amelyre filogeográfia léptékében keresünk magyarázatot.

Ez a kutatás Péntes Zsolt (Szegedi Biológia Központ Genetikai Intézet) 49183 azonosítójú, 2007-ben „kiváló” értékeléssel lezáródott OTKA pályázatához kötődő munka.

2. Módszerek.

Molekuláris filogenetikai rekonstrukciókhoz a magi 28S rDNS egyes D1-D5 régióinak, illetve a mitokondriális citokróm c oxidáz I alegység (COI) és cyt b gének egy szakaszának szekvenciáját használtuk fel (l. Ács et al 2007). A mitokondriális szekvenciák illesztésekor a 28S rDNS szakaszok esetében a szerkezeti kényszereket is figyelembe vettük (szerkezet alapján az illesztés kézzel történt a Cynipidae, Figitidae modellekhez). A filogenetikai rekonstrukció alapvetően maximum likelihood (ML) és Bayes módszerekkel történt, a módszerekre való érzékenység teszteléséhez a kapott fák topológiáját távolság alapú (pl. Neighbour joining) és parszimónia alapú módszerekkel kapott eredményekkel minden esetben összevetettük. Bayes és ML rekonstrukcióhoz a megfelelő szubsztitúciós modellt tesztek eredményei (LRT, AIC) alapján választottuk ki. Az elemzéseket általában külön partíciókra bontva (pl. COI, cytb kodon pozíciók, 28S rDNS stem-loop struktúra, gap kezelése karakterként) is elvégeztük. Felhasznált fontosabb szoftverek: PAUP, PhyML, MrBayes, ClustalX, Modeltest, TNT, Mega, R. Amennyiben fajon belüli változatosság kérdése is felmerült, a filogenetikai szignál meglétét likelihood mapping (Tree Puzzle) és konfidencia hálózatok (Splitstree) segítségével ellenőriztük.

3. Eredmények

Mintagyűjtés és molekuláris vizsgálat

A *Synergus umbraculus* egyike a leggyakoribb, széles elterjedési területtel jellemezhető társbérő fajoknak, ezért választottuk vizsgálataink alanyául. *Quercus* tölgy szekcióhoz kötődését eredményeink is megerősítették: *Cerris* gubacsokból soha nem került elő. A több ezer hazai, illetve két romániai (K-Bihar, Duna delta) gyűjtőútból hozzávetőleg 300 *S. umbraculus* egyedét neveltünk ki, illetve mintegy 200 lelőhelyről kaptunk mintákat Graham Stone laboratóriumából, a filogeográfiai elemzéshez (Közép-Kelet, Olaszország, Ibéria). Az intenzív gyűjtések ellenére K-Franciaországból és a Kárpátokon túlról azonban csak parazitoidokat és gubacsképzőket sikerült kinevelni (elképzhető, hogy a *Synergus* alacsony gyakorisága miatt), így az Ny-Palearktikum léptékű filogeográfiai rekonstrukció nem tekinthető teljesnek.

A genetikai változatosságot a cytb DNS szekvenciákkal jellemeztük. Két oligópárral 697 bázispárnyi szakaszt szekvenáltunk, amelyet specifikusan erre a fajra módosítottunk a (CP1, CP2 primerek alapján). A szakasz magába foglalja az általánosan használt 433 bázispárnyi (CB1, CB2 primerek) szakaszt is. A történeti rekonstrukció során kapott nagyobb csoportok néhány, ahol lehetett minél nagyobb földrajzi távolságról származó egyedére a COI és a magi 28S rDNS gén D2 régió DNS szekvenciáit is meghatároztuk.

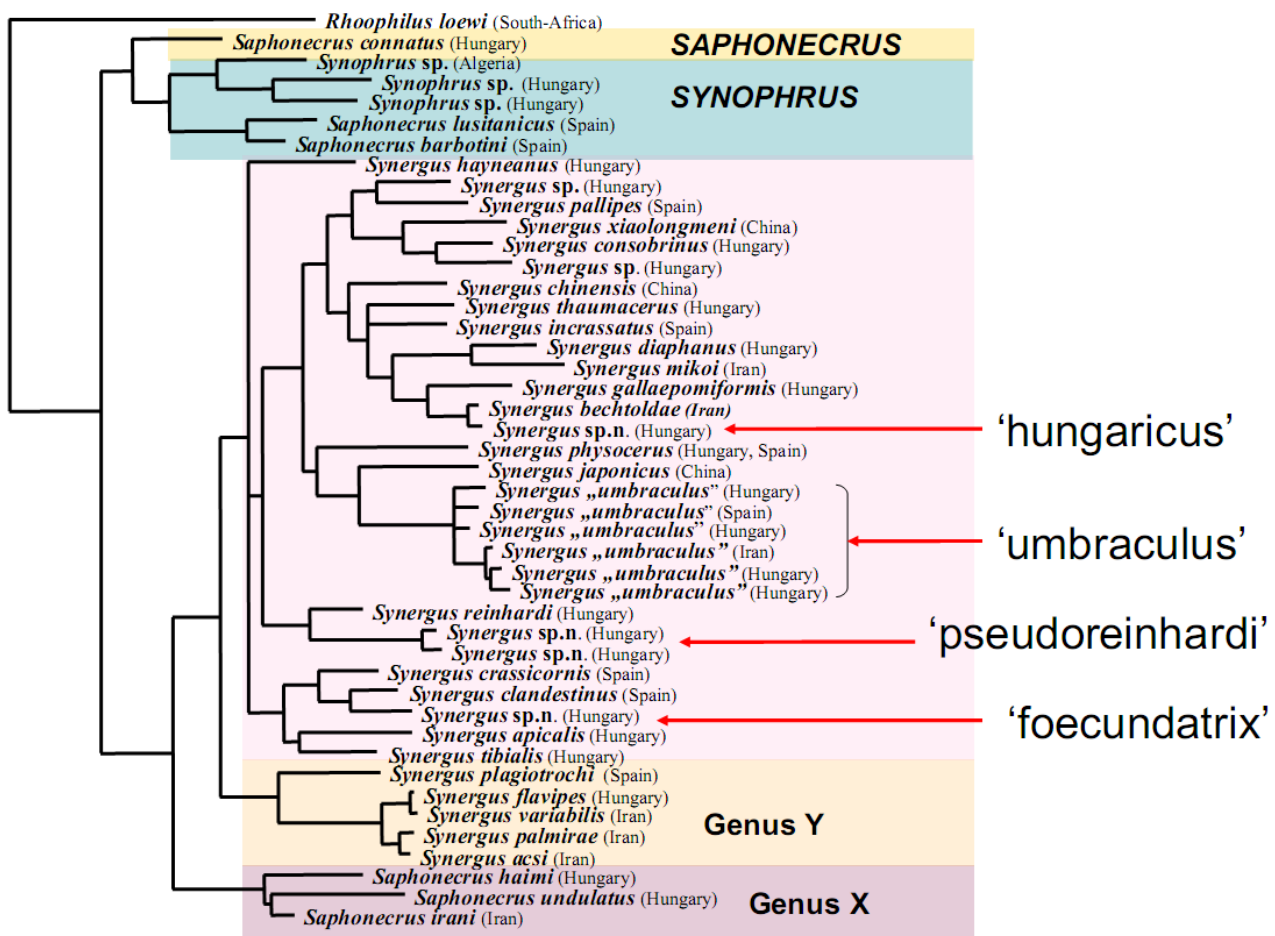
Mikroszatellit-elemzés

A pályázat keretében mikroszatellit lókuszek karakterizálását is beterveztük, amelyek a fenti kérdések lényegesen nagyobb felbontású elemzését tennék lehetővé. A mikroszatellit screening során nem várt problémával szembesültünk. A korábban megrendelt és a munka kezdetekor elemzés alá került klónok által reprezentált 8 lókuszból 6 nem mutatott polimorfizmust, vagy nem sikerült PCR reakciót

végrehajtani rajta, 2 esetében viszont 4, illetve 5 különböző allélt találtunk. Ezen lókuszek PCR-ezésének optimalizálása teljes állatokból készített (nyilvánvalóan nagyobb mennyiségű DNS tartalmazó) mintákon történt. A vizsgálatokban felhasználható mintákban a darazseregylet testének csak kis részét (egyik láb) használhatjuk föl, lehetőséget biztosítva a későbbi morfológiai vizsgálatokra. Valószínűleg ezzel magyarázható, hogy ilyen kísérleti körülmények között csak az egyik lókuszbizonyult használhatónak. Ez magában nem szolgáltatott elegendő adatot, így használatától eltekintettünk. Tekintettel a további mikroszatellit izolálás magas költségeire, ezt az irányvonalat megfelelő forrás hiányában felfüggesztettük.

Synergini filogenetika

A Synergini filogenetikai rekonstrukciója rávilágított, hogy a morfológiai bélyegek alapján *S. umbraculus*-ként meghatározott egység a molekuláris adatok alapján több, jól elkülönülő kriptikus fajt is tartalmaz (1. ábra). Ezek közül a „foecundatrix” klád az eddigi eredmények alapján monofágnek tűnik, kizárólag a az *Andricus foecundatrix* gazda gubacsából sikerült ilyen példányokat kinevelni. Az összes többi kládba sorolható egyedeket több gazda mellett is megtaláltuk.



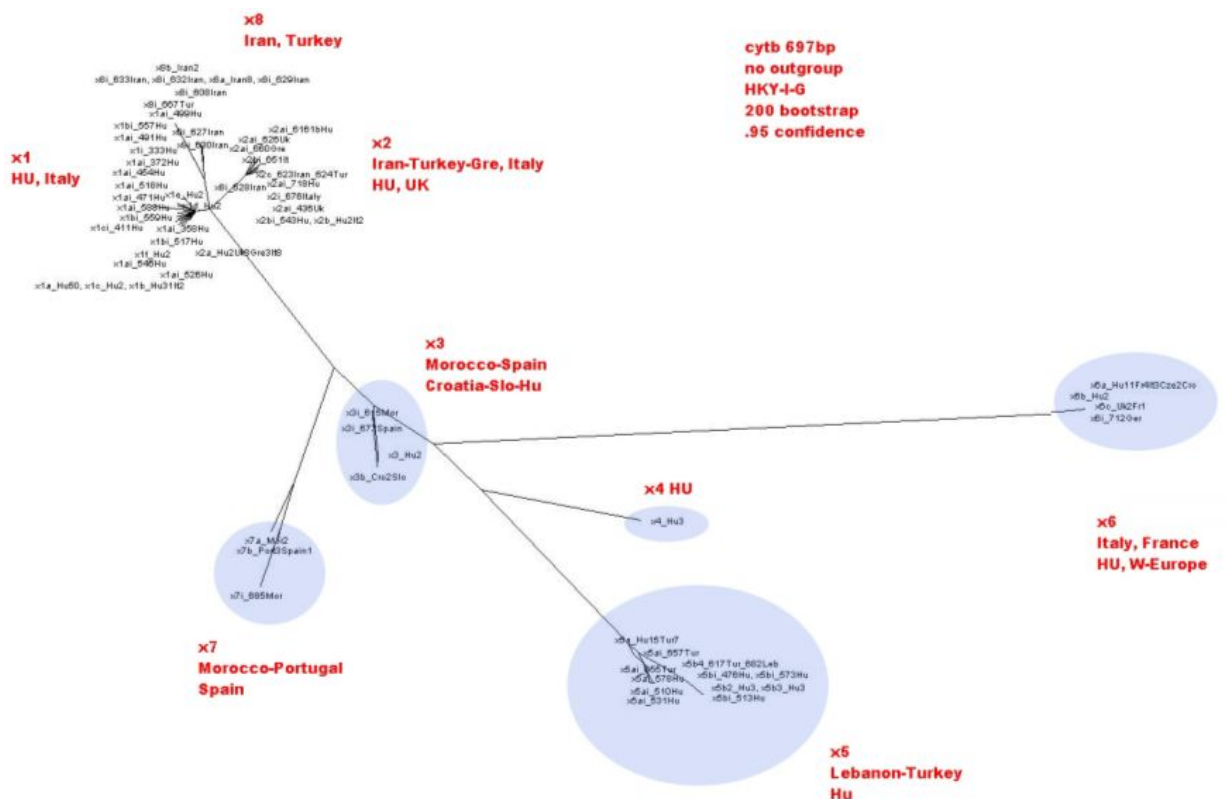
1. ábra. A Synergini minták Majority-rule konszenzus fája 28S rDNS és COI adatok alapján - GTRIG modell. A jellegzetesen elkülönülő (esetleges kriptikus fajként kezelendő) kládok feltüntetve.

A citokróm b haplotípusok elemzése

A 246 db citokróm b szekvencia 67 db különböző haplotípust eredményezett 177 variábilis pozíció alapján, hozzávetőleg 8 egyértelműen elkülöníthető haplotípus csoportot alkotva (2 ábra). A csoportok közötti genetikai távolságok lényegesen kisebbek a *Synergus* fajtárokra jellemzőknél, ez alapján az „umbraculus” csoport, mint önálló faj valószínűsíthető. A szekvenciák egyértelmű filogenetikai szignált hordoznak (95%-os megbízhatóságú konfidencia hálózat, Splitstree), ezért az adatokat először különböző filogenetikai módszerekkel értékeltük, majd a populáció szerkezetet és a hazai populációk demográfiáját koaleszcens alapú szimulációkkal is elemeztük.

Az eredmények a Kárpát-medence többszörös kolonizációra utalnak. A hazai minták nagy vonalakban három fő haplotípus csoportba oszthatóak a filogenetikai eredmények alapján. 1) Egy Iránra specifikus csoporttal asszociálódó, de azoktól egyértelműen elhatárolható magyar-olasz haplotípus csoport. A magyar-olasz minták két további csoportra bonthatóak, ezek egyike Európa (Olaszország, Magyarország, Anglia) mellett a Balkánon, Törökországban és Iránban is kimutathatóak (de itt ritka haplotípusok). A csoport meglehetősen távoli kapcsolatot mutat a portugáliai és marokkói mintákkal – összhangban számos, utolsó eljegesedésre visszavevethető, különböző állatfajokra kapott mintázattal. 2) Egy ennél feltehetően jóval korábbi izoláció eredménye egy másik hazai csoport, amely kapcsolatait ÉK-Törökországban és Libanonban tudtuk kimutatni, de a Kárpát-medencén kívül sehol nem találtuk meg Európában (Kelet-Kárpátokon túlról nincs adat). 3) Végezetül számos mintát tartalmaz egy még korábban elkülönült klád, amelybe sorolható egyedeket csak Nyugat- és Közép-Európában (Franciaország, Anglia, Németország, Olaszország és a Kárpát-medence) találtunk, a Balkánon és attól keletre, délre viszont nem.

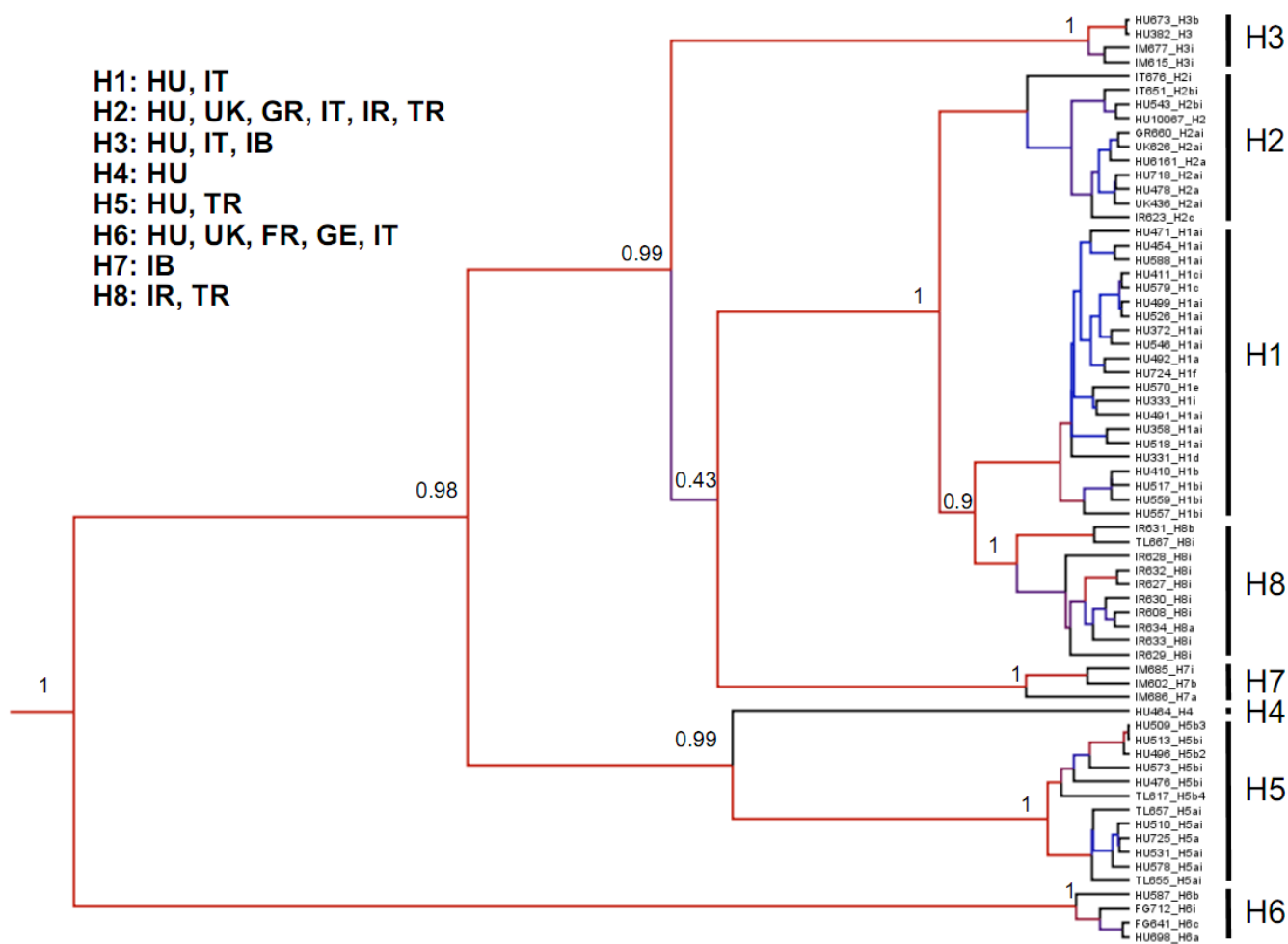
A koaleszcens alapú elemzések jóval árnyaltabb képet adnak. Kiemelendő a hazai mintákra kapott demográfiai eredmény (Bayesian Skyline Plot, Beast). Noha egy csekély recens populáció expanzió lehetősége nem zárható ki, a viszonylag részletes mintázással nem kaptunk szignifikáns eltérést a konstans populáció mérettől. Összhangban a likelihood keretben végzett elemzésekkel, a hazai populációk meglehetősen állandónak tekinthetők (nőstény effektív populációméret). A koaleszcens alapú demográfia és migrációra vonatkozó elemzések (Lamarc) röviden az alábbi lehetőségeket sejtetik: 1) a Kárpát-medence szoros asszociációt mutat (kiemelkedően magas migrációs rátákkal) az olasz és a török-libanoni mintákkal, mindkét esetben a migráció kétirányú. 2) Nyugat-Európa (Franciaország, Németország, Anglia) alapvetően Olaszországgal mutat közvetlen kapcsolatot, illetve lényegesen kisebb mértékben a Kárpát-medencével is. 3) Ibéria-Marokkó izolációja egyértelműnek tűnik, kis mértékű migrációs kapcsolat kimutatható Olaszországgal és a Kárpát-medencével. 4) Továbbá kicsi a migráció Kelet-Törökország - Libanon és Irán között (pl. a Kárpát-medencéhez képest). Feltűnő a meglehetősen diverz iráni csoport izoláltsága, amely a filogenetikai rekonstrukció alapján az egyik legfiatalabb kládot képviseli. Ezen eredmények alapján a *Synergus umbraculus* elterjedése „out of Balcan” hipotézissel magyarázható a legjobban.



2. **ábra.** *Synergus umbraculus* cytb haplotípusok hálózata. 95% konfidencia hálózat (SplitsTree). Minden minta és az egyes csoportok lelőhelyei feltüntetve.

A *Synergus umbraculus* haplotípusainak filogenetikája

A cytb haplotípusok alapján elvégzett filogenetikai rekonstrukció eredménye az alábbiakat sugallja (3. ábra). 4 nagyobb kládhoz társíthatóak minták a feltételezett elterjedési göcterületekről. Gyakorisági adatokat is figyelembe véve az egyedek jelentős hányada egy önálló iráni kláddal mutat kapcsolatokat (H1) – azonban pillanatnyilag nincsenek átmenetet képviselő haplotípusok, így a kolonizációs útvonal bizonytalan. A Kárpátok vonalán túl nem találtunk *S. umbraculus* egyedeket. A H5 balkáni klád haplotípusai szintén gyakoriak hazánkban, ez közelebbi balkáni kapcsolatokra utalhat, de egy libanoni minta is ide esik – de másik minta nem. Feltehetően az olaszországi refúgium hatását illusztrálja a szintén számos hazai mintát tartalmazó, inkább Közép- és Nyugat-európai klád (H6), melynek haplotípusai sok különböző helyről előkerültek Olaszországtól Franciaországon keresztül Angliáig. De sem a Balkánon, sem Spanyolországban nem fordult elő, önálló bazális kládot képez. A H2 klád a Balkán és Olaszország mellett hazai és angliai mintákat is tartalmaz, míg a H4 spanyol és Közép-európai kapcsolatra utal a filogenetikai eredmények alapján, noha a klád képviselői csak hazánkból kerültek elő.



3. ábra. *Synergus umbraculus* cytb haplotípusok (697 bázispár) filogenetikai kapcsolatai Bayes rekonstrukcióval (BEAST). A poszteriori értékeket az elágazásokon tüntettük fel. A levelek haplotípusokat jelölnek. A citokróm oxidáz szekvenciák kongruens eredményt adtak. Az egyes kládok lelőhelyeit is feltüntettük (rövidítések: HU: Kárpát-medene; IT: Appenini-félsziget; UK: Brit-szigetek; GR: Görögország; IR: Irán; TR: Törökország; IB: Ibériai-félsziget és Marokkó; FR: Franciaország; GE: Németország)

Gazdaspecifitás

Az előzetes várakozásaink alapján nem lehetett kizárni, hogy az általunk vizsgálandó inkvilin darázsfaon belül elkülöníthetőek lesznek egyes darázs gazdákhöz, esetleg gazda növényfajokhoz kötődő csoportok. Az eredmények ennek valószínűségét alacsonynak mutatják, vagyis a *Synergus umbraculus* elterjedését valószínűleg nem a darázs gazda irányában kialakuló specifitás korlátozza. A

növény gazda sem tekinthető erősen korlátozó tényezőnek, hiszen a *Quercus* szekció fajai között sem válogat, Magyarországon például megtalálható mindhárom ide sorolható tölgyfajon. Elterjedése során feltehetően tölgy gazdáit követve számos, számára életmenete tekintetében elfogadható gubacsdarázs fajjal került kapcsolatba. Feltételezhető, hogy elterjedését így kevesebb faktor korlátozta, mint magukét a gubacsképzőket. Elterjedési mintázata így sokkal inkább a jobbra széles gazdaspecificitással jellemezhető parazitoid darázsakra, és nem a gubacsképzőkre emlékeztet.

A többszörös kolonizáció, az emberi hatások mind olyan további faktorok, amelyeket számításba kell venni a *Synergus umbraculus* elterjedésének megértésében. Megfigyelhető például egy izolált spanyol - Észak-afrikai klád, de Közép- és Nyugat-Európa a balkáni, olasz és spanyol refúgiumok hatásának komplex keveréke, amely rovarok körében nem szokatlan jelenség. A magas posteriori valószínűség értékek a nagyobb kládok közötti genetikai távolságokkal jelentős időbeli eltérésekre utalnak, melyek egyelőre nem támogathatók morfológiai adatokkal.

Közlemények

Eredményeinket igyekeztünk mind hazai, mind nemzetközi konferenciákon bemutatni.

Magyarországon:

Pénzes Z., Melika G., Bihari P., Szabó K., Ács Z., Fehér B., Bozsó M., Somogyi K.: *A Synergus umbraculus (Hymenoptera: Cynipidae), egy gubacs társbérlő genetikai változatossága*, 7. Magyar Ökológus Kongresszus - Összefoglaló, 2006

Bihari, P., Pénzes, Z., Somogyi, K., Melika, G. and Stone, G. N.: *Genetic differentiation and phylogeography of an inquiline gallwasp: Synergus umbraculus (Hymenoptera: Cynipidae: Synergini)*, Fauna Pannonica 2007 - Symposium on Conservation and Genesis of the Fauna of the Carpathian Basin; Abstracts p. 17., 2007

Külföldön:

Pénzes, Zs., Melika, G., Bihari, P., Szabó, K., Ács, Z., Pujade-Villar, J., Stone, G.N., Mikó, I., & Somogyi, K.: *Genetic variability of a cynipid inquiline wasp Synergus umbraculus (Hymenoptera: Cynipidae)*, 6th International Conference of Hymenopterists - Programme & Abstracts, p. 25., 2006

P. Bihari, K. Somogyi, G. Melika, Z. Pénzes and G.N. Stone: *Revealing genetic diversity and phylogeographic pattern of an inquiline gall wasp*, Biodiversity Research – Safeguarding the Future, Abstracts, p. 67., 2008

P. Bihari, K. Somogyi, G. Melika, Z. Pénzes and G.N. Stone: *Revealing genetic diversity and phylogeographic pattern of an inquiline gall wasp*, EURECO-GFOE 2008, Proceedings, p. 684., 2008

Eredményeink egy magyar nyelvű könyvfejezetben is megjelentek:

Melika George, Pénzes Zolt, Mikó István, Bihari Péter, Ács Zoltán, Somogyi Kálmán, Bozsóki Zoltán, Szabó Krisztián, Bechtold Mária, Fári Karolina, Fehér Balázs, Fülöp Dávid, Csóka György, Stone Graham: *A Kárpát-medence tölgyön élő gubacsdarázsai*, A Kárpát-medence állatvilágának kialakulása - A Kárpát-medence állattani értékei és faunájának kialakulása, 2007

A munkánk során azonosított új gubacsdarázsfajok kerültek leírásra egy nemzetközi folyóiratban:

M Tavakoli, G Melika, S Sadeghi, Z Pénzes, M Assareh, R Atkinson, M Bechtold, I Mikó, M Zargarán, D Aligolizade, H Barimani, P Bihari, D Fülöp, K Somogyi, R Challis, S Preuss, J Nicholls, GN Stone: *New Species of Oak Gallwaps from Iran (Hymenoptera: Cynipidae: Cynipini)*, Zootaxa, 2007

A *Synophrus* genus-szal kapcsolatos új eredményeink leíró kéziratot is elfogadták:

Pénzes Z, Melika G, Bozsóki Z, Bihari P, Mikó I, Tavakoli M, Pujade-Villar J, Fehér B, Fülöp D, Szabó K, Bozsó M, Sipos B, Somogyi K, Stone GN

Cynipid inquilines of the genus Synophrus Hartig, 1843 (Hymenoptera: Cynipidae: Synergini): A taxonomic and phylogenetic re-appraisal of the inquiline wasps of the genus Synophrus Hartig, 1843 (Hymenoptera: Cynipidae: Synergini), Systematic Entomology, elfogadva.

További nemzetközi publikáció várható: Mivel a Synergini filogenetikai adataink alapvetően új, de a morfológiával összhangba hozható rendszert eredményeztek, a Systematic Entomology-ban elfogadott cikk után tudjuk a *Synergus*-szal kapcsolatos eredményinket bemutató kéziratot publikálásra bocsájtani. Ezt terveink szerint 2009 első felében küldenénk el a Molecular Ecology nevű laphoz.

Ezekén kívül terveztük ismeretterjesztő cikkek publikálását a gubacsdarazsak, illetve általánosabban, a biodiverzitás témakörében. Két ilyen cikkünk jelent meg:

Somogyi K: *Gubacsok. Növényi szervek az állatok szolgálatában*, Természet Világa, 2007

Somogyi K.: *A Drosophilák genomszekvenciái*, Természet Világa, 2008

Irodalom

- Ács Z., Melika G., Péntes Zs., Pujade-Villar J., Stone G. N. (2007): The phylogenetic relationships between *Dryocosmus* - *Chilaspis* and allied genera of oak gallwasps (Hymenoptera, Cynipidae: Cynipini) Syst. Entomol, 32:70-80.
- Cook J.M., Rokas A., Pagel M., Stone G.N. (2002) Evolutionary shifts between host oak sections and host-plant organs in *Andricus* gallwasps. *Evolution* 56:1821-1830.
- Melika G. (2006) Gall Wasps of Ukraine. Cynipidae. *Vestnik zoologii*, supplement 21 (Kiev, Veles), vol. 1-2, 1-300, 301-644.
- Miller D.G., Crespi B (2003) The evolution of inquilinism, host-plant use and mitochondrial substitution rates in *Tamalia* gall aphids. *Evolution* 16:731-743.
- Nylander J.A. 2004 "*Bayesian Phylogenetics and the Evolution of Gall Wasps*", Ph. D. Thesis, Univ. Uppsala, Uppsala, 40pp.
- Pujade-Villar J., Melika G., Ros-Farré P., Ács Z., Csóka G. (2003) Cynipid inquiline wasps of Hungary, with taxonomic notes on the Western Palaearctic fauna (Hymenoptera: Cynipidae, Cynipinae, Synergini). *Folia Entomologica Hungarica* 64:121-170.
- Rokas A., Atkinson R.J., Webster L., Stone, G.N. (2003) Out of Anatolia: longitudinal gradients in genetic diversity support a Turkish origin for a circum-Mediterranean gallwasp *Andricus quercustozae*. *Molecular Ecology* 12, 2153–2174.
- Ronquist, F. (1999) Phylogeny, classification, and evolution of the Cynipoidea. *Zoologica Scripta* 28:139-164.
- Stireman J.O., Nason J.D., Heard S.B. (2005) Host-associated genetic differentiation in phytophagous insects: general phenomenon or isolated exceptions? Evidence from a goldenrod-insect community. *Evolution* 59:2573-2587.
- Stone G.N., Challis R.J., Atkinson R.J., Csóka Gy., Hayward A, Melika G., Mutun S., Preuss S, Rokas A, Sadeghi E., Schönrogge, K. (2007) The phylogeographical clade trade: tracing the impact of human-mediated dispersal on the colonization of northern Europe by the oak gallwasp *Andricus kollari*. *Molecular Ecology* (2007) 16: 2768-2781.
- Stone G.N., Schönrogge K., Atkinson R.J., Bellido D., Pujade-Villar J. (2002) The population biology of oak gallwasps (Hymenoptera: Cynipidae). *Annu. Rev. Entom.* 47, 633-668.
- Stone G.N., Schönrogge K. (2003) The adaptive significance of insect gall morphology. *Trends in Ecology and Evolution* 18:512-522.