

NYUGAT-MAGYARORSZÁGI EGYETEM

DOKTORI (PhD) ÉRTEKEZÉS TÉZISEI

A PLATÁNLEVÉL-SÁTOROSMOLY (*PHYLLONORYCTER PLATANI*
STAUDINGER 1870) POPULÁCIÓGENETIKAI VIZSGÁLATA

TÓTH VIKTÓRIA

Sopron

2013

Nyugat-magyarországi Egyetem, Erdőmérnöki Kar
Doktori iskola: Roth Gyula Erdészeti és Vadgazdálkodási Tudományok Doktori
Iskola
Program: Erdei ökoszisztémák ökológiája és diverzitása (E1)
Témavezető: Prof. Dr. Lakatos Ferenc

1. Bevezetés

Napjainkban egyre nagyobb gazdasági és természetvédelmi problémát jelent a jövevényfajok emelkedő száma.

A *Gracillariidae* lepke család 8 inváziós faja közül az egyik jelentősebb a platánlevél-sátorosmoly (*Phyllonorycter platani* STAUDINGER 1870) (Šefrová 2003; Lopez-Vaamonde *et al.* 2010). Inváziójának története Európában jól dokumentált, kezdetét a 19. század második felére teszik (Šefrová 2001, 2003). Az inváziós folyamat lefolyása több ugrással északi és északnyugati irányban történt (Šefrová 2003). Terjeszkedése anemochor, antropochor úton (a bábokat tartalmazó platán levelekkel, vagy a csemeték elszállításával) valósul meg (Šefrová 2001).

Európán kívül kimutatták Észak-Afrikából, a Kaukázusból, Közép-Ázsiából, Kis-Ázsiából, a Krími-félszigetről (Vasil'eva & Shkarlet 1989; Kuznetsov 1990; Deschka 1995; Lees 2010), valamint az USA-ból. Az amerikai kontinensről kizárólag Kaliforniából vannak irodalmi adatai (Heinrich 1920; Burke 1933; Koehler & Campbell 1968; Gates *et al.* 2002).

Deschka (1995) holarktikus fajnak tekinti. Šefrová (2001) szerint a platánlevél-sátorosmoly Dél-Európában őshonos. Lopez-Vaamonde és mts. (2010) ismeretlen eredetű fajként jelölik.

A platánlevél-sátorosmoly monofág faj, és a *Phyllonorycter* nemzetségen belül ritkák a tápnövény váltások (Lopez-Vaamonde *et al.* 2006). A specializációt csak növeli, hogy aknázó rovar lévén a tápnövény "belső-élősködője" (internal feeders), ezért meglehetősen kifinomult interakció van a gazdanövény és herbivor rovar között. Gazdanövényei a platán (*Platanus*) nemzetségből kerülnek ki, eddig *Platanus orientalis* L., *P. occidentalis* L., *Platanus acerifolia* (AIT.) WILLD., valamint *P. racemosa* NUTT. taxonokról mutatták ki (Lees 2010).

A platánok a mérsékeltövi és szubtrópusi városok egyik legjelentősebb dísz, illetve sorfái (Liu & Bao 2003). Ezért is okoz különös gondot platánlevél-sátorosmoly támadásának következtében a fák esztétikai károsodása és korai lombvesztése (Heinrich 1920; Györfi 1941; Halperin 1990).

2. Célkitűzések

1. A *Phyllonorycter platani* genetikai struktúrájának feltárása.
2. Hozzájárulni a faj filogeográfiai viszonyainak feltárásához.
3. A *P. platani* őshonos elterjedési területének tisztázása. Európából hurcolták be Észak-Amerikába, vagy pedig Észak-Amerikából került át Európába? Kimutathatók-e refúgium területek?
4. Tisztázni, hogy mely faktorok játszottak szerepet a napjainkban tapasztalható genetikai diverzitás kialakításában. Van-e a populációk között földrajzi izoláció? Amennyiben kimutatható izoláció, milyen térleptékben valósul meg?

3. Anyag és módszer

3.1. Mintavételezés és molekuláris biológiai módszerek

A mintavételezés 2007-2013 között zajlott. A lárvákat és bábokat 13 európai, 1 kaukázusi (Grúzia), 2 közép-ázsiai országból (Üzbegisztán, Kirgizisztán), Kis-Ázsiából (Törökország), valamint Észak-Amerikából (USA, Kalifornia) gyűjtöttük. Összesen 26 populáció egyedeiből vettünk mintát. A faji azonosítás kárkép (akna elhelyezkedése és alakja) és a gazdanövény alapján történt. Az aknákból lárvá és báb

alakban gyűjtöttük az egyedeket. Törekedtünk arra, hogy egy-egy helyen legalább 10-20 egyedet gyűjtünk be. Szabályszerű mintavételezés Biskek, Brüsszel, Csongrád, Dávod, Diósvizsló, Hajós, Milopotamos, Rotterdam populációk esetén nem volt kivitelezhető, mivel a helyszínen 10-nél kevesebb egyedet lehetett begyűjteni. A mintákat feldolgozásig 4°C-on 96%-os etanolban tároltuk.

A DNS kivonásához minden esetben egész példányt használtunk. A DNS kivonását GenElute Mammalian Genomic DNA Miniprep Kit (Sigma-Aldrich) segítségével hajtottuk végre Mammalian Tissue Preparation protokoll szerint. Kivételt képez 4 egyed melyből E.Z.N.A.® Tissue DNA Kit-tel, illetve 3 egyed, melyekből AquaGenomic Kit-tel történt a DNS izolálás. A DNS-t további felhasználásig -20°C-on tároltuk.

A 28A rDNS 530bp hosszú szekvenciájának 35 egyed alapján történt amplifikációjához a D1F (5'-ACC CGC TGA ATT TAA GCA TAT-3')/D3R (5'-TAG TTC ACC ATC TTT CGG GTC-3') primer párt használtuk fel, a Lopez-Vaamonde és mts. (2001) által megadott termociklus paraméterekkel.

A COI 1243bp hosszú szakaszának megmintázásához a Pat (5'-TCC AAT GCA CTA ATC TGC CAT ATT A-3'), Lep2F (5'-ATT CAA CCA ATC ATA AAG ATA TTG G-3') primerpárokat alkalmaztuk (Lunt et al. 1996; Dinca et al. 2011). Ezen kívül két alternatív köztes primert használtunk a munkák során: Dick (5'-CCA ACA GGA ATT AAA ATT TTT AGA TGA-3') (Dinca et al. 2011), Pc6F (5'-GCC CCA GAT ATA GCA TTT CC-3') (Avtzis et al. 2006). A polimeráz láncreakció termo ciklusa Pat/LepF primer párra: kezdeti denaturációs lépés 2 perc 94 °C, denaturálás 30 másodperc 94 °C, annealing 1 perc 47 °C, polimerizáció 1 perc 30 sec 72 °C, utolsó polimerizációs lépés 10 perc 72 °C, 34 ciklus.

A fragmentek bázissorrendjének leolvasását az Eurofin Laboratóriumában végezték.

Adatelemzés

a, 28S rDNS

A sejtmagi DNS (28S rDNS) elemzése 35 egyed alapján történt. A szekvencia leolvasás eredményét Sequence Scanner segítségével ellenőriztük és a szekvenciákat ClustalX programmal illesztettük (Thompson et al. 1994). A szekvenciák illesztése után 530 bp hosszú szakaszokat kaptunk. Külső kontrollként *P. isikii* saját szekvencia eredményit, valamint a génbankból (web1) az alábbi szekvenciákat választottuk ki: AF477559 *P. aemula*, AF477569 *P. esperella*, AY521521 *P. issikii*, AF477565 *P. platani*, AY521507 *P. pygmaea*, AF477562 *P. nicellii*.

A 28S rDNS-t kódoló gének leszármazási viszonyainak elemzéséhez Neighbour-Joining (NJ) módszert Kimura2 (K2) (Kimura 1980) modellel 5000-szeres bootstrap módszerrel végeztük. A genetikai távolságokat ugyanezzel a beállítással becsültük. Az elemzésekhez a MEGA 5.02 (Tamura et al. 2011) szoftvert használtuk.

b, COI

A mitokondriális DNS (COI) elemzése 227 egyed alapján történt. A szekvencia leolvasás eredményét Sequence Scanner segítségével ellenőriztük és a szekvenciákat ClustalX programmal illesztettük (Thompson et al. 1994). A

szekvenciák illesztése és vágása után a COI fragmentek végső hossza 1243bp. Ezt követően azonosítottuk a haplotípusokat, és az egyetlen egyed által képviselt haplotípusokra független szekvenálást végeztünk. Külső kontrollként *P. issikii* saját szekvencia eredményeit, illetve a génbankból az AF477544 *Cameraria ohridella* szekvenciáját használtuk fel.

A haplotípusok filogenetikai leszármazásviszonyainak rekonstrukciója

Neighbour-Joining (NJ) módszert Kimura2 (K2) (Kimura 1980) modellel 5000-szeres bootstrap metódussal, „pairwise-deletion” beállítással, gamma eloszlás mellett végeztük.

A haplotípusok leszármazási viszonyainak elemzéséhez MP fát 5000-szeres ismétlésben végeztük.

Maximum likelihood (ML) algoritmust GTR+I szubsztitúciós modell mellett futattuk a MEGA 5.02 programmal. A megfelelő szubsztitúciós modell kiválasztásához a jModeltest 2.1.2 (Guindon & Gascuel 2003; Darriba *et al.* 2012) programot alkalmaztuk, és a AIC (Akaike Information Criterion) (Akaike 1974) által legjobbnak választott modellt alkalmaztuk.

A Bayesian inference (BI) fa a TOPALi v.2 programmal készült (Milne *et al.* 2008). A Bayesian fa készítéséhez GTR+I szubsztitúciós modellel MCMCMC (Metropolis-coupled Markov Chain Monte Carlo) analízist futtatunk 2.000.000 generáción keresztül, a mintavételi sűrűség 1000 volt.

Populáció struktúra elemzése

Intrapopulációs szinten az alábbi indexeket alkalmaztuk: nukleotid diverzitás (π) (Nei 1987), tranziciók-transzverziók száma, haplotípus diverzitás (h), (Ewens 1972; Zouros 1979), és a k páronkénti átlagos különbséget (mean number of pairwise differences) Arlequin 3.5.1.2 szoftver (Excoffier & Lischer 2010) segítségével számítottuk ki. Továbbá PAST (Hammer *et al.* 2001) szoftver segítségével Shannon-féle diverzitást számoltunk.

Demográfiai expanzió

A demográfiai expanzió szekvencia adatok alapján történő kiszámításához a Tajima-féle D -t (Tajima 1989), a Fu-féle F_s értéket és a „mismatch” eloszlást (Rogers & Harpending 1992) 50.000-szeres ismétlésben Arlequin 3.5.1.2 (Excoffier & Lischer 2010) szoftverrel számoltuk. Az R_2 értékét DnaSp 5.10 (Librado & Rozas 2009) szoftverrel számoltuk.

Filogeográfiai elemzések

A molekuláris variancia térbeli elrendeződésének kimutatására (SAMOVA = Spatial Analysis of MOlecular VAriance) SAMOVA v1.0 (Dupanloup *et al.* 2002) szoftver használtunk. A szimulációt 1023-szoros ismétlésben hajtja végre a szoftver. A K értéket 2-10 intervallumban teszteltük, mindaddig, amíg a FCT el nem érte a plató értéket (Chiari *et al.* 2012).

A molekuláris variancia térbeli elrendeződésének kimutatására egy másik megközelítése, hogy az általunk feltételezett alternatív földrajzi csoportokat teszteljük. Ehhez AMOVA (Analisis of Molecular Variance) (Weir & Cockerham 1984; Excoffier *et al.* 1992; Weir 1996) elemzést hajtottunk végre Arlequin 3.5.1.2 (Excoffier & Lischer 2010) szoftver segítségével 1000-szeres permutációs beállítással.

A földrajzi távolság alapján történő izoláció kimutatására Mantel-tesztet (Mantel 1967) a MANTEL NON-PARAMETRIC CALCULATOR ver. 2.0 (Liedloff 1999) szoftver segítségével futtattuk le. Ez egyfajta regressziós analízis, ahol a populációk közti km-ben mért földrajzi távolságok természetes alapú logaritmusát vetettük össze a MEGA 5.0 programmal számolt Tamura-Nei-féle genetikai távolságokkal (Tamura & Nei 1993). A számítások során 1000 szerez random iterációt alkalmaztunk, $\alpha=1\%$ érték mellett.

A haplotípusok földrajzi elterjedés történetének (mechanizmusának) felderítésére nyújt lehetőséget az NCPA (Nested Clade Phylogeographic Analysis). Először statisztikus parszimónia (SP) hálózatot készítettünk 95%-os összekötetési határral (Templeton *et al.* 1992) a TCS 1.2.1 program (Clement *et al.* 2000) segítségével. Majd a haplocsoportok térbeli differenciálódására a Templeton által (Templeton *et al.* 1995; Templeton 1998) meghatározott szabályok szerint, 5.000-szeres permutációval, NCPA-t futtattunk le a GeoDis 2.6 (Posada *et al.* 2000) szoftver segítségével.

4. Tudományos eredmények összefoglalása, tézisek

1. A szerző feltárta a faj genetikai szerkezetét.

COI gén 1243bp hosszú szakaszán 227 egyed alapján 20 haplotípus volt azonosítható, összesen 38 pozíció volt variábilis (3,1%). A szekvencia 414 aminosavat kódol. A különböző haplotípusú egyedek átlagos nukleotid összetétel a következő képen alakul: T 41,3%, C 13,7%, A 30,9%, G 14,1%. A mutációk 87,2%-a csendes mutáció.

A 28S rDNS gén 530 bp hosszú szakaszán 35 minta alapján két allélt sikerült kimutatni, melyek egyetlen variábilis nukleotid pozícióban térnek el egymástól. Nukleotid összetétel: T 21,3%, C 27,8%, A 20,4%, G 30,5%.

*2. A *P. platani* valamennyi vizsgált populációja genetikai értelemben is egy fajnak tekinthető.*

Az európai és amerikai COI haplotípusok között egészen csekély a genetikai távolság (0,2 %) a *Phyllonorycter* fajok között tapasztalható 5,2 – 12,4%-os értékhez képest. A 28S rDNS marker esetén pedig nincsen közöttük genetikai különbség.

Az ázsiai és európai valamint az ázsiai és amerikai minták COI szekvenciái között a genetikai távolság értéke jóval alacsonyabb (2,0%) a kontrollként választott *Phyllonorycter* fajokhoz képest (5,2 – 12,4%).

A 28S rDNS ázsiai és európai alléljai között a divergencia 0,2%-os, a nemzetségben a fajon belüli divergencia értékek ennél magasabbak (0,5%).

3. Két fő haplocsoport („ázsiai” - és „európa-észak-amerikai” haplocsoport) különíthető el COI gén alapján.

Az „ázsiai”- és „európa-észak-amerikai” haplocsoport közti divergencia jóval magasabb (2,0%), mint az egyes csoportokon belül tapasztalható divergencia értékek (0,21%; 0,06%). A kis-ázsiai populáció divergencia értékek alapján a „kaukázus-közép-ázsiai” populációhoz közelebb esik (0,48%), mint az európaiakhoz (1,80%). A ML és MP módszerével számolt filogenetikai fák a két haplocsoport elkülönítését 99%-os valószínűséggel támogatják.

4. Az „ázsiai”- és „európa-észak-amerikai” haplocsoport közötti nagy genetikai távolság kialakulásában a földrajzi izoláció szerepe közepesen erős. A Pleisztocén folyamán legalább két jelentősebb refúgium területen maradt fenn a faj, Délkelet-Európa mediterrán térségében és a Kaukázusban.

A frekvencia adatok alapján, a jelenlegi mintaelemszámmal két refúgium terület létezése támogatott biztosan (Délkelet-Európa mediterrán térsége és a Kaukázus).

A 2 fő haplocsoport közti különbségek kialakításában közepesen erős (Mantel-teszt $r=0,4525$), ill. erős (SAMOVA a haplocsoportok közötti különbségek az összvariancia 95%-ért felelősek) a földrajzi izoláció hatása.

5. Európán belül a populációk közötti genetikai távolság kialakításában a földrajzi izoláció szerepe viszonylag alacsony, a genetikai mintázatot elsősorban a jelenkori expanzió határozza meg.

A földrajzi távolság szerepét a Mantel-teszt ($r=0,2049$) alacsonynak, az SAMOVA ($V_a=64,46\%$) közepesnek értékeli. A *P. platani* Európán belüli populációdinamikájára kis effektív populációméretből (palacknyak hatás után) induló gyors demográfiai expanzió hatása a legmarkánsabb (mismatch eloszlás, neutralitás tesztek $D=-1,744$, $F_s=-9,430$). Erre utal a haplotípushálózat (NCPA) csillag mintázata is.

6. Az „észak-amerikai populáció” jelenkori terjeszkedés eredménye, a *P. platani* Észak-Amerikai őshonossága elvethető.

Az ázsiai és észak-amerikai (európai) haplotípusok mellett megjelenő köztes haplotípus (HT16) léte cáfolja annak lehetőségét, hogy a faj csak másodlagosan került volna át Európába. Az észak-amerikai populáció esetén a neutralitás tesztek ($R_2=0,188$) és a diverzitás értékek ($h=0,600$, $\pi=0,056\%$) a közelmúltban bekövetkezett gyors demográfiai expanzióra utalnak.

7. A Kis-Ázsia déli részén és Közép-Ázsiában a faj jelenkori expanziója mutatható ki.

A „kaukázus-közép-ázsiai” csoporton belül a közép-ázsiai populációk (Szamarkand, Biskek) homogenitása és a kaukázusi (Telavi) populáció magas diverzitásából feltételezhető ($h=0,511$, $\pi=0,054\%$), hogy a *P. platani* napjainkban a Kaukázus térségéből terjeszkedik Közép-Ázsiába.

8. A faj Törökországon át jutott el a Közel-Keletre és a Kaukázusba.

A Kis-Ázsiában talált haplotípus (HT16) közelebb áll a grúziai haplotípusokhoz (HT13, HT14, HT15), mint az európaiakhoz (MP és ML fák 99%-os valószínűséggel támogatják).

5. Az értekezés témájához kapcsolódó publikációs jegyzék

Konferencia kötet

TÓTH V. – LAKATOS F. (2011): A platánlevél-sátorosmoly (*Phyllonorycter platani* Stgr. 1870) populáció genetikai vizsgálata. In: LAKATOS F. –SZABÓ Z. (szerk.): *Nyugat-magyarországi Egyetem Erdőmérnöki Kar, Kari Tudományos Konferencia Kiadvány*, NymE Kiadó Sopron. (Konferencia-kötet, 2011. október 5., Sopron) pp.: 276-279

TÓTH V. – LAKATOS F. (2011): A platánlevél-sátorosmoly (*Phyllonorycter platani* Stgr. 1870) tápnövényei. (The host plant range of the plane leaf-miner (*Phyllonorycter platani* Stgr. 1870) [In Hungarian with English abstract]) – In:

LAKATOS F. –POLGÁR A. – KERÉNYI-NAGY V. (szerk.): *Tudományos Doktorandusz Konferencia, Nyugat-magyarországi Egyetem Erdőmérnöki Kar*, (Konferencia-kötet, 2011.április 13., Sopron), pp.: 163-166

Egyéb konferencia kiadvány/absztrakt

TÓTH V. – LAKATOS F. (2013): A platánlevél-sátorosmoly filogeográfiai viszonyai. In: BIDLÓ A. –SZABÓ Z. (szerk.): *Nyugat-magyarországi Egyetem Erdőmérnöki Kar, Kari Tudományos Konferencia. A konferencia előadásainak és posztereinek kivonata*. Lővér-Print Kft., Sopron, p.:118

LAKATOS F. – TÓTH V. (2012): Population genetic structure of the invasive plane leaf miner (*Phyllonorycter platani* Strg. 1870). 3rd meeting of IUFRO Working Unit 7.03.12 "Alien invasive species and international trade". Abstracts. June 10-16, 2012 Yayoi auditorium The University of Tokyo, Tokyo/Japan

TÓTH V. – LAKATOS F. (2012): Population genetic study of the plane leaf-miner (*Phyllonorycter platani* Strg. 1870). International Scientific Conference on Sustainable Development & Ecological Footprint, The Impact of Urbanization, Industrial and Agricultural Technologies on the Natural Environment, Sopron, May 26-27 2012

Konferencia poszter/előadás

TÓTH V. – LAKATOS F.(2013): A platánlevél-sátorosmoly filogeográfiai viszonyai. NymE EMK Kari Tudományos Konferencia, Sopron, 2013.12.10.

LAKATOS F. – TÓTH V. (2012): Population genetic structure of the invasive plane leaf miner (*Phyllonorycter platani* Strg. 1870). 3rd meeting of IUFRO Working Unit 7.03.12 "Alien invasive species and international trade". Abstracts. June 10-16, 2012 Yayoi auditorium The University of Tokyo, Tokyo/Japan

TÓTH V. – LAKATOS F. (2012): Population genetic study of the plane leaf-miner (*Phyllonorycter platani* Strg. 1870). International Scientific Conference on Sustainable Development & Ecological Footprint, The Impact of Urbanization, Industrial and Agricultural Technologies on the Natural Environment, Sopron, May 26-27 2012

TÓTH V. (2011): A platánlevél-sátorosmoly (*Phyllonorycter platani* Strg. 1870) tápnövényei. - „*Doktoranduszok Tudományos Konferenciája az Erdőmérnöki Karon*”, Sopron, 2011.április 13.

6. Az értekezéshez nem kapcsolódó publikációk jegyzéke

Könyv fejezet

TÓTH V. (2010): Erdőrezervátum a Baktai-erdőben. In: BARTHA D. (szerk.): *A Baktai-erdő. Nyírerdő Nyírségi Erdészeti Zrt. Nyíregyháza*. pp.: 313-320

Folyóirat cikk

HORVÁTH, B. – TÓTH V. – KOVÁCS Gy. (2013): The Effects of Herb Layer on Nocturnal Macrolepidoptera (Lepidoptera: Macrolepidoptera) Communities. *Acta Silv. Lign. Hung.* **9**: 43–56

WINKLER, D. – TÓTH V. (2012): Effects of Afforestation with Pines on Collembola Diversity in the Limestone hills of Szárhalom (West Hungary). *Acta Silv. Lign. Hung.* **8**: 9–20

- ERDŐS L. – DÉNES A. – MORSCHHAUSER T. – BÁTORI Z. – TÓTH V. – KÖRMÖCZI L. (2012): A Villányi-hegység aktuális vegetációjaészak-déli irányú vegetációs grádiensek tükrében. (Natural vegetation of the Villány Mts based on north-south facing vegetation gradients. [In Hungarian with English abstract].) *Botanikai Közlemények* **99(1-2)**: 47-63
- ERDŐS L. – TOLNAY D. – TÓTH V. (2011): Kiegészítések a Villányi-hegység flórájához. (Data to the flora of the Villány Mts. [In Hungarian with English abstract].) *Botanikai Közlemények* **98**: 117-128
- ERDŐS L. – DÉNES A. – KOVÁCS GY. – TÓTH V. – PÁL R. (2010): Adatok a Villányi-hegység flórájának ismeretéhez. (Contributions to the flora of the Villány Mts. [In Hungarian with English abstract].) *Botanikai Közlemények* **97**: 97-112
- TÓTH V. (2010): Korhadó fatörzsek szerepe az erdők természetes felújulásában. (The role of dead wood in a natural tree regeneration) *Természetvédelmi Közlemények* **16**: 51-63
- KEVEY B. – TÓTH V. (2006): A Baranyai-Dráva-sík fehér nyárligetei (*Senecioni sarracenicí – Populaetum albae* Kevey in Borhidi et Kevey 1996). (Poplar gallery forests (*Senecioni sarracenicí – Populaetum albae* Kevey in Borhidi et Kevey 1996) of Dráva Plain in Baranya country (SW Hungary)) *Natura Somogyiensis* **9**: 46-62

Konferencia kötet

- TÓTH V. – BENDER B. – TUBA K. – LAKATOS F. (2013): Genetiká struktúra populácie invázej sietnačky platanovej (*Corythuca ciliata* SAY, 1873). Population genetic structure of the invasive sycamore lace bug (*Corythuca ciliata* SAY, 1873). Dreviny vo verejnej zeleni. Zborník z konferencie medzinárodno učasťou, Nitre, 18.- 19. júna 2013 – [In Slovakian with English abstract] pp.: 185-189
- HORVÁTH B. – SÁFIÁN SZ. – TÓTH V. – LAKATOS F. (2012): Genetic Investigation of Protected Lepidoptera Species in West Hungary (Presentation of methods, modell species and aims). International Scientific Conference on Sustainable Development & Ecological Footprint, The Impact of Urbanization, Industrial and Agricultural Technologies on the Natural Environment, Sopron May 26-27 2012
- LAKATOS F. – TUBA K. – TÓTH V. – MÉSZÁROS B. (2011): Jönnek az idegenek – inváziós rovarok a hazai fás növényeken. (Aliens are coming - Invasive insects on native tree species in Hungary) In: LAKATOS F. – SZABÓ Z. (szerk.): *Nyugat-magyarországi Egyetem Erdőmérnöki Kar, Kari Tudományos Konferencia Kiadvány*, NymE Kiadó Sopron. (Konferencia-kötet, 2011. október 5., Sopron), pp.: 18-22.

Egyéb konferencia kiadvány/absztrakt

- BENDER B. – TÓTH V. – LAKATOS F. (2013): A platán csipkésposolka genetikai kutatásának eredményei. In: BIDLÓ A. – SZABÓ Z. (szerk.): *Nyugat-magyarországi Egyetem Erdőmérnöki Kar, Kari Tudományos Konferencia. A konferencia előadásainak és posztereinek kivonata. Lővér-Print Kft., Sopron, p.:122*
- TUBA K. – TÓTH V. – OROZUMBEKOV, A. – LAKATOS F. (2012): Profenusia pygmaea (Klug 1816): a double-faced sawfly. Meeting program. Palanga, Litvánia, 2012.09.10-2012.09.14., pp.: 14-15.
- LAKATOS F. – TÓTH V. – BENDER B. – KIKUCHI, K. – KAJIMURA, H. (2012): *Population genetic structure of the invasive sycamore lace bug (Corythuca ciliata Say, 1873)*. 3rd meeting of IUFRO Working Unit 7.03.12 "Alien invasive species

- and international trade". Abstracts. june 10-16, 2012 Yayoi auditorium The University of Tokyo, Tokyo/Japan
- HORVÁTH B. – SÁFIÁN SZ. – TÓTH V. – LAKATOS F. (2012): Genetic Investigation of Protected Lepidoptera Species in West Hungary (Presentation of methods, model species and aims). International Scientific Conference on Sustainable Development & Ecological Footprint, The Impact of Urbanization, Industrial and Agricultural Technologies on the Natural Environment, Sopron, May 26-27 2012
- TÓTH V. – BARTHA D. (2008): A fafaj-összetétel és a kitérttség hatásának vizsgálata a gyepszint feltüntetése a Szabó-völgy erdőrezervátumban. Aktuális Flóra- és Vegetációkutatás a Kárpát-medencében VIII., Gödöllő, 2008. február 29.-március 2. *Kitaibelia* **13(1)**: 194-195.
- TÓTH V. (2007): Gyepszint-feltüntetése és a faállomány közötti összefüggés a Szabó-völgy Erdőrezervátumban. Erdészeti, Környezettudományi, Természetvédelmi és Vadgazdálkodási Tudományos Konferencia (EKTV-TK), Sopron, 2007. december 11., pp.: 174-175.

Konferencia poszter/előadás

- BENDER B. - TÓTH V. – LAKATOS F.(2013): A platán csipkésposloska genetikai kutatásának eredményei. NymE EMK Kari Tudományos Konferencia, Sopron, 2013.12.10.
- TÓTH V. – BENDER B. - TUBA K. – LAKATOS F. (2013): Genetická štruktúra populácie inváznej sietnačky platanovej (*Corythuca ciliata* SAY, 1873). Population genetic structure of the invasive sycamore lace bug (*Corythuca ciliata* SAY, 1873). Dreviny vo verejnej zeleni. Zborník z konferencie medzinárodnou účasťou, Nitre, 18.-19. júna 2013
- PUKY M. – TÓTH V. – LAKATOS F. – TÓTH M. – MESTER B. – BÍRÓ P. – ÁCS É. – VELEKEI B. (2012): Phylogeographic pattern, parasite load and fluctuating asymmetry of *Zootoca vivipara* in Hungary. World Congress of Herpetology 7: Vancouver, Canada, 8-14 August 2012
- LAKATOS F. – TÓTH V. – BENDER B. – KIKUCHI, K. – KAJIMURA, H. (2012): *Population genetic structure of the invasive sycamore lace bug (Corythuca ciliata Say, 1873)*. 3rd meeting of IUFRO Working Unit 7.03.12 "Alien invasive species and international trade". Abstracts. june 10-16, 2012 Yayoi auditorium The University of Tokyo, Tokyo/Japan
- VELEKEI B. - TÓTH V. – LAKATOS F. - BÍRÓ P. - ÁCS É. - PUKY M. (2012): Phylogeographic pattern of *Zootoca vivipara* in Hungary. ConGRESS, Utilization of genetic approaches for effective conservation of endangered species, Regional Workshop, Debrecen, Hungary. March 14-16, 2012.
- VELEKEI B. – TÓTH V. – LAKATOS F. – BÍRÓ P. – ÁCS É. - PUKY M. (2012): Az elevenszülő gyík filogeográfiai mintázata Magyarországon. III. Herpetológiai Előadóiülés, Budapest. 2012 március 27.
- LAKATOS F. – TUBA K. – TÓTH V. - MÉSZÁROS B. (2011): Jönnek az idegenek – inváziós rovarok a hazai fás növényeken. In: LAKATOS F. –SZABÓ Z. (szerk.): *Nyugat-magyarországi Egyetem Erdőmérnöki Kar, Kari Tudományos Konferencia Kiadvány*, NymE Kiadó Sopron. (Konferencia-kötet, 2011. október 5., Sopron), pp.: 18-22.
- SÁRFI N. - KEVEY B. - MÁNYOKI G. - BÁTORI Z. - GERELY L. - PÁLL-G. B. - TÓTH V. - SZERÉMY K. (2006): Gap dynamical research in the Kőszegi – forrás Forest

Reserve (poszter). - 1st European Congress of Conservation Biology, Eger, 2006.
augusztus 22-26.