

**15. jarný limnologický
a algologický seminár
SLS a SBS**

Zborník abstraktov



18. – 19. apríl 2024, Richňava

PROGRAM 18.4.2024

9:00 – 10:00 Registrácia

10:00 – 11:00	<i>Cesc Múrria</i> (plenárna prednáška)	Determinants of community structure of European freshwater macroinvertebrates
---------------	--	---

11:00 – 11:15 Prestávka (Coffee break)

11:15 – 11:30	<i>Michaela Šamulková</i>	DNA metabarkóding a jeho aplikácia v biomonitoringu povrchových vôd Slovenska *
11:30 – 11:45	<i>Kornélia Tuhrinová</i>	Vlk áno, medveď nie? Čo hovorí DNA v tatranských plesách o terestrickej faune? *
11:45 – 12:00	<i>Maroš Džadoň</i>	Štruktúra a diverzita makrozoobentosu tatranských plies – vplyv topografického tienenia *

12:00 – 13:00 Obed

13:00 – 14:00	<i>Tomáš Derka</i> (plenárna prednáška)	Môže biologická regulácia komárov pomôcť pri ochrane mokradí?
14:00 – 14:15	<i>Miroslav Očadlík</i>	LIFE is LIFE. Pohľad na plánované opatrenia dvoch LIFE projektov okom limnológa

14:15 – 14:30 Prestávka (Coffee break)

14:30 – 14:45	<i>Emília Židišinová</i>	Nie je drvič, ako drvič *
14:45 – 15:00	<i>Terézia Řihová</i>	Vplyv invázných rastlín na potravné preferencie kôrovcov rodu <i>Gammarus</i> *

15:00 - 15:15	Veronika Slobodníková	Paleolimnológia v ukrajinských Karpatoch: Subfosílné pakomáre a perlo-očky zo sedimentov vysokohorských jazier ako indikátory zmien prostredia za posledných 200 rokov
15:15 - 15:30	Alica Hindáková	Po stopách algologického typového materiálu

15:30 – 16:30 Zasadnutie Výboru SLS

17:00 – ... Spoločenský večer

PROGRAM 19.4.2024

09:00 - ... Exkurzia tajchami-netajchami Richňavy v podaní Juraja Hajdu

* – prednášky zaradené do študentskej súťaže

Foto na titulke: Splošťula bahenná (*Nepa cinerea*) požierajúca kriváka potočného (*Gammarus fossarum*) @ Matej Žiak

Determinants of community structure of European freshwater macroinvertebrates

Cesc Múrria

(Section of Ecology, Department of Evolutionary Biology, Ecology and Environmental Science & Biodiversity Research Institute (IRBio), University of Barcelona, Barcelona, Catalonia, Spain)

plenárna prednáška

Biodiversity varies across space and time. This variation is influenced by a range of local and large-scale environmental factors that have been acting upon individuals and species over evolutionary time. These factors have left lasting imprints on the current composition and distribution of populations and communities. However, the main drivers responsible for generating and structuring populations and communities at a large spatial scale remain elusive.

At the interface of populations and communities levels, the use of large-scale DNA barcoding sequencing unveils the complexity of ecological factors operating across various spatio-temporal scales. These factors include topography, habitat stability, dispersal abilities, and the effects of biogeography, particularly during the Pleistocene glaciations. This comprehensive perspective offered by DNA barcoding introduces a new conceptual framework for assessing biodiversity, shedding light on the determinants of diversity patterns and community structure. Haplotypes, representing the most fundamental unit of diversity, serve as the basis for these analyses.

At the community level, the integration of taxonomic, phylogenetic, and functional diversity reveals similar estimates of local diversity across Europe. However, regional diversity decreases with latitude, which indicates the effects of environmental filtering, characterized by high turnover across biogeographical regions, and reveals the colonization paths following glaciations.

Overall, patterns of diversity are not concordant across hierarchical levels, and beta-diversity emerges as crucial for understanding the mechanisms underlying diversity distribution. Furthermore, as communities have been assembled over extended time scales, models based on current macroecological patterns of phylogenetic, trait, and taxonomic diversity offer valuable insights into species responses to different environmental

conditions. Such insights are essential for anticipating biota responses to climate change.

Scientific contribution, biosketch:

I am a community and evolutionary ecologist and freshwater entomologist with a particular interest in understanding the macroecological patterns of insect diversity and the underlying evolutionary processes that drive these patterns. Given the complexity of factors affecting biodiversity, I perform cutting-edge research assessing patterns of diversity simultaneously at different organizational levels: from intraspecific traits and genetic variability to community patterns of taxonomic, phylogenetic, and functional diversities, and how they correlate to determine the effects on community structure of dispersal, species interactions, environmental conditions, landscape features and habitat stability. This perspective enables a more holistic view on biodiversity, recognising the conceptual *time continuum across ecology and evolution*. My research focuses mainly on freshwater ecosystems and is pioneer by combining population genetics sequencing massively DNA barcodes, phylogenetics, and community and functional ecology perspectives in macroecology. My inter-disciplinary approach expands the boundaries of ecology and brings it closer to evolution, which is critical for inferring the processes underlying the patterns of diversity. I am currently a tenure-track lecturer in Ecology at the Universitat de Barcelona, Catalonia.

Môže biologická regulácia komárov pomôcť pri ochrane mokradí?

Tomáš Derka

(Katedra ekológie, Prírodovedecká fakulta UK, Bratislava)

plenárna prednáška

Mokrade v nivách nížinných riek boli v strednej Európe výrazne zredukované a degradované. Tento proces sa nevyhol ani nivám Moravy a Dunaja. Zvyšky mokradí s rozlohou viac ako 5 000 ha sú v slovenskej časti nivy Moravy chránené ako Ramsarská lokalita a Osobitné územie ochrany v rámci sústavy NATURA 2000. Časť z nich sa nachádza priamo na území Bratislavy, množstvo ďalších chránených mokradí sa nachádza v Bratislave v nive Dunaja. Tieto mokrade sú nielen domovom vzácnych druhov organizmov a priestorom na rekreáciu, ale aj liahniskami komárov, ktoré od jari do jesene znižujú kvalitu života státisícov obyvateľov priľahlých území. Záplavy počas jari a leta vytvárajú podmienky pre vývin až extrémneho množstva jedincov záplavových druhov komárov rodu *Aedes*. Okrem zníženého komfortu obyvateľov predstavujú aj zdravotné riziká, pretože komáre sú vektormi pôvodcov rozmanitých ochorení. Navyše sú tieto druhy veľmi mobilné, preto majú vplyv na široké okolie, vrátane celého územia Bratislavy. Verejnosť sa preto dožaduje riešenia „komárieho problému“, pričom ochranu mokradí oprávnene považuje za jednu z príčin, prečo sa komáre kalamity nedarí redukovať. Dá sa nejako sklbiť ochrana mokradí s redukciou komárích kalamít? Odpoveď aj na túto otázku sme hľadali v nedávno ukončenom projekte *Mosquito Bioregulation*, ktorý sme realizovali spolu s rakúskymi partnermi v rámci programu *Interreg SK-AT* v slovensko-rakúskom pohraničí v nive Moravy a v nive Dunaja na území Bratislavy. V prezentácii predstavím postupy biologickej regulácie komárov, problémy sprevádzajúce jej implementáciu, výsledky monitoringu komárov v projektovom území a výsledky skríningu komármi prenášaných patogénov získané v rámci riešenia projektu.

DNA metabarkóding a jeho aplikácia v biomonitoringu povrchových vôd Slovenska

Michaela Šamulková^{1,2}, Patrik Macko¹, Ondrej Vargovčík^{1,2}, Zuzana Čiamporová-Zaťovičová^{1,2} & Fedor Čiampor^{2,3}

(¹Katedra ekológie, Prírodovedecká fakulta UK, Bratislava; ²Centrum biológie rastlín a biodiverzity SAV, v.v.i., Bratislava; ³Katedra zoológie, Prírodovedecká fakulta UK, Bratislava)

Monitoring ekologického stavu povrchových vôd Slovenska v rámci implementácie Rámcovej smernice o vode využíva tradičnú morfológickú determináciu organizmov už viac ako dve desaťročia. Tento prístup je okrem časovej a finančnej náročnosti problematický aj z hľadiska často komplikovanej či subjektívnej determinácie. Perspektívnou metódou pre odstránenie spomínaných nedostatkov môže byť DNA metabarkóding, ktorý umožňuje rýchlo a efektívne produkovať podrobné údaje o druhovom spektre komplexných vzoriek. V tejto práci prinášame prvé porovnanie metabarkódingových a štandardných dát z 12 pravidelne vzorkovaných lokalít. Klasický postup z troch monitorovacích období potvrdil výskyt > 360 taxónov, metabarkódingové dáta z vody, sedimentov a zmesných vzoriek potvrdili výskyt až 640 „molekulárnych“ druhov, pričom > 65 % z nich bolo možné priradiť aj druhové pomenovanie. Podporené projektom VEGA 2/0084/21.

Vlk áno, medveď nie? Čo hovorí DNA v tatranských plesách o terestrickej faune?

Kornélia Tuhrinová^{1,2}, Ondrej Vargovčík^{1,2}, Fedor Čiampor Jr.^{2,3} & Zuzana Čiamporová-Zaťovičová^{1,2}

(¹Katedra ekológie, Prírodovedecká fakulta UK, Bratislava; ²Centrum biológie rastlín a biodiverzity SAV, v.v.i., Bratislava; ³Katedra zoológie, Prírodovedecká fakulta UK, Bratislava)

Tatranské (sub)alpínske plesá sú unikátne, ale veľmi zraniteľné ekosystémy s jedinečnou biotou. Cieľom tejto práce bolo vyhodnotiť, do akej miery výskum vodnej bioty tatranských jazier pomocou DNA metabarkódingu a NGS sekvenovania poskytuje informácie aj o diverzite terestrickej fauny v ich povodiach. Porovnali sme dáta o terestrických taxónoch zachytených v dvoch typoch environmentálnych vzoriek DNA (z povrchových sedimentov a vodného stĺpca). Analýzou eDNA z povrchových sedimentov sme zaznamenali suchozemské druhy živočíchov v 19 z 28 analyzovaných plies. Porovnaním vzoriek eDNA z povrchových sedimentov a vodného stĺpca sme zistili vyšší počet terestrických taxónov vo vzorkách z vodného stĺpca. Keďže prieskum suchozemskej fauny v okolí plies nebol primárnym cieľom komplexnej biodiverzitetnej štúdie tatranských jazier, zachytenie týchto necieľových taxónov svedčí o širokospektrálnom využití analýzy environmentálnej DNA. Podporené projektom VEGA 2/0084/21.

Štruktúra a diverzita makrozoobentosu tatranských plies – vplyv topografického tienenia

Maroš Džadoň

(Katedra biológie a všeobecnej ekológie, Fakulta ekológie a environmentalistiky, TU vo Zvolene)

Sledovali sme vplyv topografického tienenia na štruktúru a diverzitu makrozoobentosu tatranských plies. Hlavným cieľom bolo opísanie štruktúry spoločenstiev makrobezstavovcov a posúdenie vplyvu topografického tienenia na diverzitu a zloženie spoločenstiev. Spracovávali sme vzorky zo 17 plies, v ktorých bolo zaznamenaných 11095 jedincov, ktoré sme zaradili do 28 nižších taxonomických jednotiek, väčšinou druhov. Zistili sme významný vplyv nadmorskej výšky študovaných plies na diverzitu litorálnych makrobezstavovcov, kedy počet taxónov kontinuálne klesá so vzrastajúcou nadmorskou výškou. Zloženie spoločenstiev bolo významne ovplyvnené nadmorskou výškou ale aj TDDSR (celkovým počtom hodín priameho slnečného žiarenia) reprezentujúcim topografické tienenie. Zatienené plesá mali odlišnú druhovú skladbu ako plesá nezatienené. Topograficky tienené plesá by mohli predstavovať lokality umožňujúce prežívanie citlivých druhov v čase zmien klímy.

LIFE is LIFE. Pohľad na plánované opatrenia dvoch LIFE projektov okom limnológa

Miroslav Očadlík

(WWF Slovensko)

V rámci prednášky sa pozrieme na plánované opatrenia projektov *LIFE Príroda pre všetkých (NATURA 2000 SVK)* a *LIFE Živé rieky (LIFE Living Rivers)* zamerané na zlepšenie biotopov európskeho významu a zlepšenie ekologického stavu riek v povodí Hrona, Ipľa, Belej, rieky Moravy a mokradí na Medzibodroží.

Nie je drvič, ako drvič

Emília Židišínová, Marek Svitok & Milan Novíkmec

(Katedra biológie a všeobecnej ekológie, Fakulta ekológie a environmentalistiky, TU vo Zvolene)

Listový opad predstavuje dôležitý zdroj energie pre potravné siete v mnohých vodných ekosystémoch. Nakoľko sú rozkladné procesy v lentických habitatoch pomerne málo preštudované, vykonali sme terénny experiment s rýchlosťou rozkladu listov *Alnus glutinosa*, pri ktorom sme manipulovali taxonomickú a funkčnú diverzitu spoločenstiev drvičov v ponde. Výsledky ukázali, že taxonomická ani funkčná diverzita spoločenstiev drvičov nie sú dobré prediktory rýchlosti rozkladu listového opadu. Na rozdiel od sumárnych charakteristík spoločenstva sa ako dôležitý faktor ukázala byť prítomnosť konkrétnych druhov, ktoré výrazne urýchlili rýchlosť rozkladu. Tento neproporčne veľký vplyv niektorých druhov poukazuje na nutnosť detailného taxonomického prístupu pri hodnotení vzťahu biodiverzity a ekosystémových procesov. Práca bola podporená Agentúrou na podporu výskumu a vývoja na základe zmluvy č. APVV-16-0236.

Kľúčové slová: drviče, rozklad listov, obsah čriev, spracované častice, funkčné vlastnosti

Vplyv inváznych rastlín na potravné preferencie kôrovcov rodu *Gammarus*

Terézia Řihová & Marek Svitok

(Katedra biológie a všeobecnej ekológie, Fakulta ekológie a environmentalistiky, TU vo Zvolene)

Invázne rastliny môžu výrazne meniť druhové zloženie brehových porastov a tým aj kvalitu a kvantitu listového opadu, ktorý sa dostáva do vodného prostredia. Drviče, ktoré opad spracovávajú, majú tendenciu uprednostňovať niektoré druhy potravy pred inými. V laboratórnom experimente sme preto skúmali potravné preferencie kôrovcov rodu *Gammarus* s cieľom posúdiť rozdiely v rýchlosti konzumácie natívneho druhu *Alnus glutinosa* a dvoch agresívnych inváznych druhov obsadzujúcich brehové porasty – *Fallopia japonica* a *Solidago canadensis*. Analýza dát potvrdila, že opad *S. canadensis* bol konzumovaný štatisticky preukazne rýchlejšie ako opad *F. japonica*, pričom opad domáceho druhu bol spracovávaný strednou rýchlosťou ($S. canadensis < A. glutinosa < F. japonica$). Zmena zloženia brehových porastov vplyvom inváznych druhov tak môže vyvolať zmeny v kolobehu živín v okolitých vodných ekosystémoch. Práca vznikla ako súčasť riešenia projektu APVV-19-0134.

Paleolimnológia v ukrajinských Karpatoch: Subfosílna pakomára a perloočky zo sedimentov vysokohorských jazier ako indikátory zmien prostredia za posledných 200 rokov

Veronika Slobodníková¹, Ladislav Hamerlík^{1,2}, Marta Wojewódka-Prybyl³, Tímea Chamutiová¹, Katarzyna Szarłowicz⁴ & Peter Bitušík¹

(¹Katedra biológie a ekológie, Fakulta prírodných vied, UMB v Banskej Bystrici; ²Ústav zoológie SAV, v.v.i., Bratislava; ³Institute of Geological Sciences, Polish Academy of Sciences, Warsaw, Poland; ⁴Department of Coal Chemistry and Environmental Studies, Faculty of Energy and Fuels, AGH University of Science and Technology, Krakow, Poland)

Analýzovali sme subfosílna zvyšky pakomárov a perloočiek z krátkych sedimentačných jadier (20-40 cm) troch alpínskych jazier v ukrajinských Karpatoch, aby sme zrekonštruovali zmeny prostredia. Jazerá Brebenescul, Nesamovyte a Dohyaska sa nachádzajú nad miestnou hranicou lesa (1580–1800 m n. m.) v masívoch Čornohora a Svydovets, ktoré v súčasnosti zažívajú intenzívnu degradáciu najmä nekontrolovaným turizmom. Kombinácia datovania pomocou ²¹⁰Pb a ¹³⁷Cs potvrdila, že sedimenty zachytávajú ~ 200-ročnú históriu vývoja jazier. Taxonomická diverzita pakomárov a perloočiek bola počas sledovaného obdobia nízka a spoločenstvá relatívne stabilné. Klastrovou analýzou sme identifikovali dve zóny s mierne odlišnou štruktúrou spoločenstiev. Staršie vrstvy vykazujú oligotrofnejšie podmienky jazier. Taxonomické zmeny v mladších vrstvách naznačujú otepľovanie a rozširovanie vodnej vegetácie, čo môže súvisieť s prísunom živín do jazera. Výskum bol podporený projektom APVV-20-0358.

Po stopách algologického typového materiálu

Alica Hindáková

(Centrum biológie rastlín a biodiverzity SAV, v.v.i., Bratislava)

Štúdium typového materiálu cyanobaktérií a rias zohráva významnú úlohu pri riešení rôznych taxonomických otázok. V závislosti od formy uchovania tohto materiálu je možné zdokumentovať variabilitu morfológických znakov, ktoré sú aj vďaka modernej mikroskopickej technike presnejšie. Ak je k dispozícii živý typový materiál, molekulárnymi analýzami vieme zistiť jeho pozíciu vo fylogenetickom strome. V tomto príspevku sa zameriame na: i) makroskopickú riasu *Chara canescens* Loiseleur 1810 rastúcu na Slovensku, ii) mikroskopickú kokálnu červenú riasu *Chroothoece mobilis* Pascher et Petrová 1931 s typovou lokalitou na NPR SOOS v Chebskom okrese, ČR a iii) penátnu rozsievku *Achnanthes gibberula* Grunow 1880 zozbieranú vo Východnej Indii (označenie prislúchajúce dobe). Poukážeme na dôležité fakty, ktoré ovplyvnili výsledky hľadania týchto rias. A vysvetlíme, prečo je poznanie ich životných cyklov v prírode ako aj v kultúrach rovnako zásadné. Príspevok odznel vďaka projektu VEGA 2/0054/22.

Limnologický spravodajca, roč. 18, Suppl.1/2024**MK SR EV 2499/08****ISSN 2585-8475**

© Slovenská limnologická spoločnosť pri SAV

Editor: RNDr. Zuzana Čiamporová-Zaťovičová, PhD.

Vydáva: Slovenská limnologická spoločnosť pri SAV

Adresa: Centrum biológie rastlín a biodiverzity SAV, v.v.i.

Dúbravská cesta 9, 845 23 Bratislava

Telefón; fax: 02-59426125; 02-54771948

E-mail: zuzana.zatovicova@savba.sk

<http://www.limnospol.sk>

Číslo účtu: IBAN SK808330000000210136

(vyšlo 18.04.2024)