Published September 24, 2018 Klapalekiana, **54**: 163–170, 2018
ISSN 1210-6100

Ceny České společnosti entomologické, Zoologické dny 2018

Czech Entomological Society Awards, Zoological Days 2018

Letošní ročník konference Zoologické dny se uskutečnil ve dnech 8.–9. února 2018 v Praze (http://zoo.ivb.cz). O pořadatelství konference se podělili Katedra ekologie Fakulty životního prostředí České zemědělské univerzity (Praha), Ústav biologie obratlovců AV ČR (Brno) a Česká zoologická společnost. Zoologické dny jsou největší pravidelnou konferencí se zoologickou tematikou pořádanou v České republice a na Slovensku. Letošního 59. ročníku konference se zúčastnilo 584 registrovaných účastníků (z toho 308 studentů), odeznělo 133 přednášek ve 21 přednáškových sekcích a bylo vystaveno 146 posterů. Česká společnost entomologická letos již pošesté vyhlásila „Cenu České společnosti entomologické" pro nejlepší studentskou přednášku a poster o hmyzu. Studentské prezentace (49 přednášek a 83 posterů) byly hodnoceny panelem hodnotitelů a celkové výsledky soutěže jsou dostupné na stránkách konference. Cenu České společnosti entomologické pro nejlepší studentskou přednášku (dotovanou částkou 5000 Kč) získal Ondřej Mottl z Přírodovědecké fakulty Jihočeské univerzity v Českých Budějovicích za přednášku na téma prostorové distribuce mravenců v tropickém deštném lese na Papui Nové Guineji. Cenu České společnosti entomologické pro nejlepší studentský poster (dotovanou částkou 3000 Kč) získal David Sadílek z Přírodovědecké fakulty Univerzity Karlovy v Praze za graficky odvážnou prezentaci jeho výsledků ve studiu pohlavních chromozomů štěnice domácí (*Cimex lectularius*). Oběma vítězům gratulujeme a připojujeme abstrakty jejich oceněných příspěvků.

The 59th 'Zoological Days' conference (http://zoo.ivb.cz) took place in Prague on 8–9th February 2018, organized by the Department of Ecology, Faculty of Environmental Sciences, Czech University of Life Sciences Prague, Institute of Vertebrate Biology of the Academy of Sciences of the Czech Republic (Brno), and Czech Zoological Society. 'Zoological Days' is the largest zoological conference organized in the Czech Republic and Slovakia. In total, 584 registered participants attended the conference (including 308 students), presenting 133 talks divided into 21 sections and 146 posters. For the sixth time the Czech Entomological Society awarded prizes for the best entomological student talk and best entomological student poster. The complete results of the competition (including 49 talks and 83 posters), evaluated by a panel of referees, are available on the conference web page. The Czech Entomological Society Award (of 5000 CZK) for the best student talk was won by Ondřej Mottl (Faculty of Science, University of South Bohemia, České Budějovice) for a talk about the spatial disribution of ants in tropical rain forest in Papua New Guinea. The Czech Entomological Society Award (of 3000 CZK) for the best student poster was won by David Sadílek of the Faculty of Science, Charles University, Prague, for his study of the sex chromosomes of the human bed bug (*Cimex lectularius*). We congratulate the winners and present the abstracts of their work here.

Petr KMENT

Nejlepší přednáška / Best oral presentation

Mravenčí mozaiky v tropickém nížinném lese: hledání příčin prostorového uspořádání

Ant mosaics in tropical lowland forests: Finding the drivers of spatial structure

Ondřej MOTTL[1,2)], Jacob YOMBAI[3)], Vojtěch NOVOTNÝ[1,2,3)],
Maurice LEPONCE[4)] & Petr KLIMEŠ[1)]

Teorie mravenčích mozaik byla vytvořena při pozorování uspořádání společenstev stromových mravenců v lesním ekosystému, vycházející z konceptu behaviorálních hierarchií druhů a na existenci negativních a pozitivních vztahů mezi nimi. Existence mravenčích mozaik byla potvrzena v degradovaných ekosystémech (sekundární les, plantáž), ale její přítomnost v primárním lese je stále poměrně nejistá, z důvodu rozdílných výsledků různých studií. K těmto rozdílům ve výsledcích by mohly přispívat různá škála pozorování, metody sběru a rozdílné statistické testy. Velmi málo studií se navíc snaží vysvětlit příčiny tohoto prostorového uspořádání. Toto uspořádání by mohlo mít dvě hlavní příčiny: kompetiční chování a/nebo limitaci zdroji.

V 9 ha primárního lesa na Papui Nové Guinei jsme náhodně vybrali 25 stromů z každého hektaru (celkem 225 stromů) a použili prak pro instalaci lan s tuňákovo-medovými návnadami do korun stromů. Na celkem 1127 návnadách jsme našli 57 druhů mravenců (z 20 rodů) v různých výškách stromů (0–35 m). Použili jsme jednoduché behaviorální testy (živé mravence stejného druhu ze sousedních stromů jsme dali do uzavíratelné nádoby a pozorovali jejich chování), abychom určili velikosti jednotlivých kolonií (od 1 stromu až po téměř 1 ha). Segregaci v rámci jednotlivých stromů u arboreálních druhů mravenců jsme potvrdili za použití statistické metody Checkerboard score (pozorované hodnoty byly významně vyšší než náhodně generované, $p < 0,05$). Pomocí multivariátních analýz jsme potvrdili, že složení společenstva není ovlivněno velikostí stromu, druhovým složením lesa nebo propojením korun stromů. Nicméně, po úpravě prostorové autokorelace, měly rozdíly v nadmořské výšce stromů malý, ale signifikantní efekt, což naznačuje limitaci zdroji v širším slova smyslu. Rovněž jsme vytvořili novou statistickou metodu (Colony Area Null Modelling Algorithm, CANMA) pro porovnání překryvu pozorovaných teritorií s náhodně generovanými. Výsledek ukázal nesignifikantní výsledek pro společenství jako celek, ale silný efekt mezi prostorově dominantními druhy. Dále jsme provedli sérii testů agresivity mezi druhy v uměle vytvořených arénách, abychom získali míru agresivity prostorově dominantních druhů. Náš index agresivity pro vybrané druhy byl signifikantně korelován s jejich prostorovou segregací z CANMA analýzy.

Tyto výsledky potvrzují existenci mravenčí mozaiky v tropickém primárním lese a naznačují, že rozdíly mikrohabitatů (rozdíly v nadmořské výšce) a především agresivita druhů jsou zdrojem prostorového uspořádání stromových mravenců.

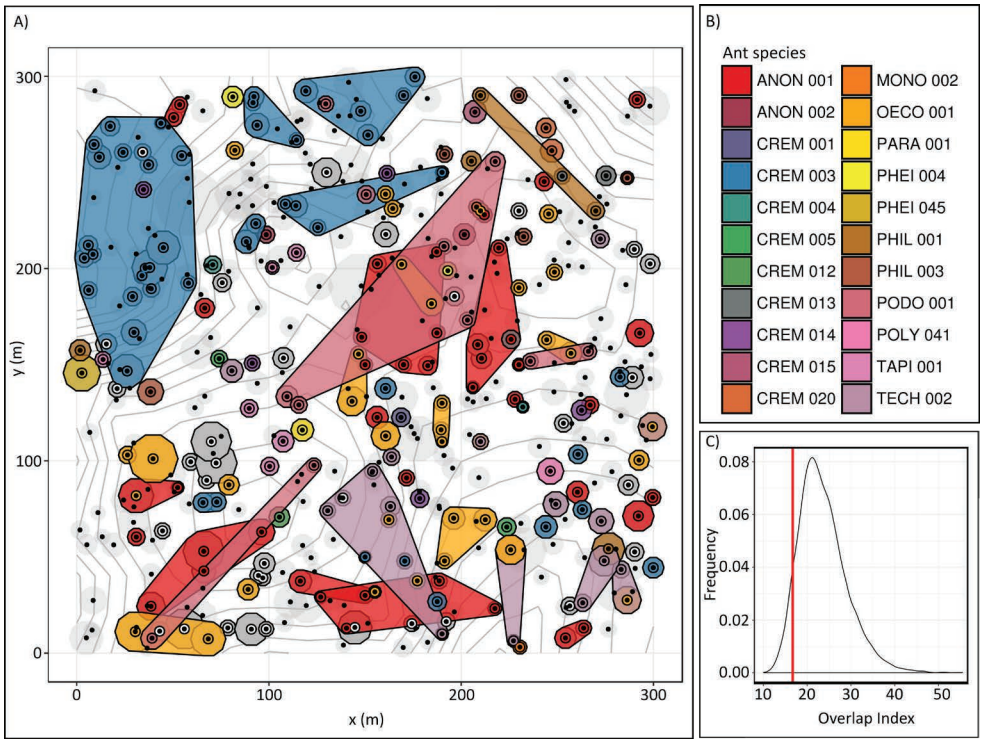
The ant mosaic theory was established to describe the patchy structure of arboreal ant communities in forest systems, and is built upon the concept of behavioural hierarchies of ant species and the existence of negative and positive associations among them. The existence of the ant mosaic has been confirmed in degraded habitats (secondary forest, plantation) but its presence in primary forest is still relatively uncertain, with researchers failing to reach

the same conclusions. Varying ranges of observation, and differences in sampling methods and statistical tests could be sources of these differences in the results. In addition, very few studies have attempted to explain the drivers of these spatial structures. These structures could have two relatively unexplored causes: behavioural competition (i.e. competition) and/or resource limitation (habitat filtering).

We sampled dominant arboreal ants from a 9 ha primary forest plot in Papua New Guinea, randomly selecting 25 canopy trees from each hectare (225 trees in total) and used a slingshot to install ropes with tuna-honey baits in the tree crowns. We found 57 ant species (20 genera) on 1127 baits in different strata (0–35 m). We used simple behavioural tests (placing living specimens of the same species, from neighbouring trees, together into a ziplock bag) to determine boundaries of individual canopy colonies (which ranged from one tree to almost one ha). The spatial structure of the arboreal ant community was confirmed using a Checkerboard score (observed values were significantly higher than randomized; $p < 0.05$). Using multivariate analysis, we confirmed that community composition is not affected by the size of the sampled tree, the species composition of the forest, or canopy connectivity. However, after adjusting the results for spatial auto-correlation, differences in the elevation of sampled trees had a small but significant effect, suggesting a small influence of habitat filtering. We also performed a novel statistical method (Colony Area Null Modelling Algorithm, CANMA) to disentangle the spatial structure of the ant community between trees, comparing the overlap of territories to randomization, showing a marginally non-significant result for whole canopy community but a strong effect of spatially dominant species. In addition, we did a series of aggression tests between species in custom arenas to search for measure of aggression of spatially dominant species. Our Aggression Index for focal species was correlated with their spatial segregation from CANMA.

These results confirm the existence of ant mosaics in tropical primary forest and suggest that changes in microhabitats (differences in elevation) and behavioural dominance drive spatial distribution, suggesting the importance of behaviour of individual species on the spatial distribution of canopy ants.

Adresy autorů / Authors' addresses:
[1)] Institute of Entomology, Biology Centre of the Czech Academy of Sciences, České Budějovice, Czech Republic; e-mail: ondrej.mottl@email.cz
[2)] Faculty of Science, University of South Bohemia, České Budějovice, Czech Republic
[3)] The New Guinea Binatang Research Center, Madang, Papua New Guinea
[4)] Operational Directorate Natural Environment, Royal Belgian Institute of Natural Sciences, Brussels, Belgium



Obr. 1. A – Teritoria dominantních druhů mravenců v 9 ha lesa, Papua Nová Guinea. Černé body označují stromy. Kroužek kolem tečky označuje, že na strom byla umístěna návnada. Šířka stromových korun byla vypočtena z velikosti stromu (DBH). Teritorium je vytvořeno jako spojení korun stromů se stejnou kolonií daného druhu. Šedé čáry označují topografii oblasti (průměrná nadmořská výška 130 m n.m.). B – Barevné kódování dominantních druhů, založené na jejich četnosti na návnadách a počtu obsazených návnad. C – Distribuce 10 000 hodnot indexu překryvů (Overlap Index) uměle vytvořených algoritmem Canopy Arena Null Modeling Algorithm (CANMA) pro celé mravenčí společenství v pozorované oblasti. Červená čára ukazuje hodnotu pozorovaného indexu a hodnota není signifikantně odlišná od náhodně generovaných (p = 0,07).

Fig. 1. A – Territories of dominant canopy species of ants in a 9 ha observed area, Papua New Guinea. Each dot is a tree. Circles around dots mark sampled trees. The width of each tree canopy is calculated from the size of the tree (DBH). A territory comprises a combination of tree canopies occupied by the same colony of a given ant species. Grey lines indicate the topography of the area (average elevation of 130 m a. s. l.). B – Colour coding of Dominant Canopy Species, based on their abundances and number of occupied baits. C – Distribution of 10 000 randomized values of Overlap Index generated by Canopy Arena Null Modelling Algorithm (CANMA) for whole canopy community of ants in the observed area. Red line shows the observed Overlap Index value, which is marginally non-significant (p=0.07).

Nejlepší poster / Best poster presentation

Jsem opravdu tak moc roztříštěná?

Am I really so smashed?

David SADÍLEK[1)], Tomáš URFUS[2)] & Jitka VILÍMOVÁ[1)]

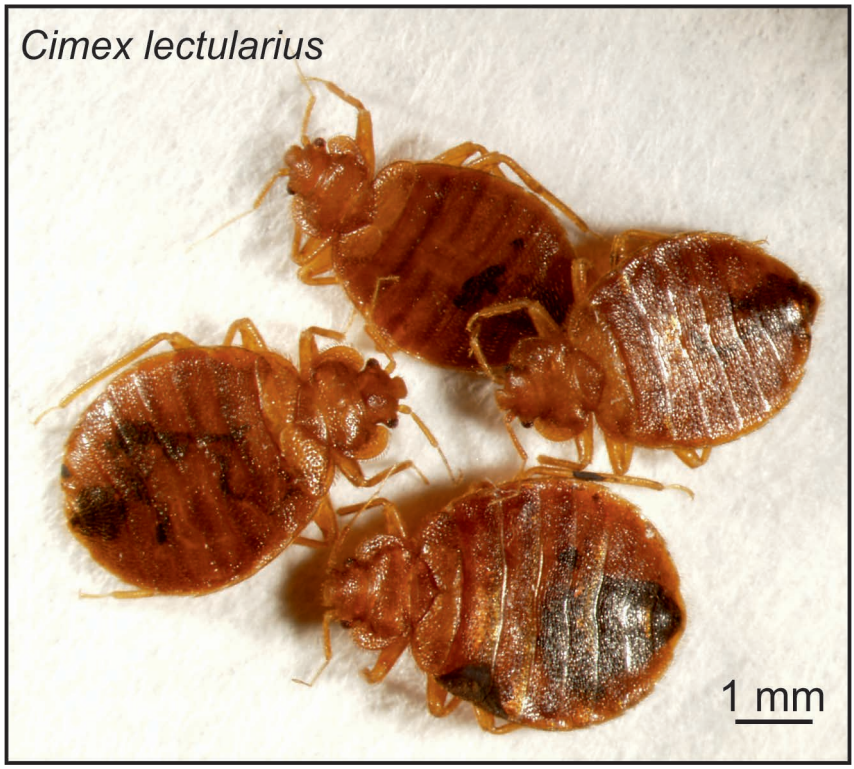
Štěnice domácí (*Cimex lectularius* Linnaeus, 1758) (Hexapoda: Heteroptera) (obr. 2) je v současné době jedním z nejzávažnějších hmyzích parazitů člověka v mírném podnebném pásu po celém světě. Tento krev sající záškodník se v posledních desetiletích znovu masově rozšířil zejména díky rozvoji hromadné dopravy a také díky získané rezistenci na insekticidní postřiky. Nicméně tento malý otrava vlastní velmi zajímavou skladbu cytogenetických znaků. Jeho chromosomy jsou holokinetické, což znamená, že neobsahují centromeru, pohlavní chromosomy se během redukčního dělení dělí jiným způsobem než autosomy (takzvanou invertovanou meiosou) a nejzajímavější vlastností je vnitrodruhová variabilita v počtu chromosomů.

Nadbytečné pohlavní chromosomy X byly v karyotypu *C. lectularius* popsány již v první polovině 20. století spolu s teorií, že se jedná o fragmenty původního pohlavního chromosomu X. Základní stav karyotypu štěnic domácích u samce je 2n = 26+XXY (tj. 13 párů autosomů a tři chromosomy pohlavní) (obr. 3A), v rámci dosud zjištěné variability však byli nalezeni jedinci s karyotypem až do 2n = 26+20XY (tj. 20 fragmentů chromosomu X a jeden Y) (obr. 3B).

V současné studii chceme ověřit původ těchto nadpočetných chromosomů za použití průtokové cytometrie. Klasickou cytogenetikou jsme analyzovali karyotyp 213 jedinců *C. lectularius* z 51 lokalit ve střední Evropě, zejména České republiky, a následně jsme u nich změřili obsah jaderné DNA proti rostlinnému standardu *Solanum pseudocapsicum* metodou průtokové cytometrie.

Dosažené výsledky ukazují, že mezi jedinci s vyšším počtem chromosomů je mnohem větší rozpětí v obsahu jaderné DNA než u jedinců se základním počtem chromosomů. Mezi jedinci se zvýšeným počtem chromsomů byli nalezeni jak jedinci s jaderným obsahem o 28 % vyšším (2C = 2.72 pikogramů) tak jedinci s jaderným obsahem o 12 % nižším (2C = 1.87 pg) oproti průměru (2C = 2.12 pg) u jedinců se základním karyotypem. Štěnice s průměrným obsahem jaderné DNA se vyskytovaly i mezi jedinci s vyšším počtem chromosomů, což v tomto případě ukazuje na jednoduchou fragmentaci chromosomu X, kterou navrhovali již autoři v minulosti. Naopak u jedinců s vyšším nebo nižším obsahem DNA došlo i k dalším chromosomovým přestavbám, které sehrávají svoji roli během vývoje karyotypů *C. lectularius* s vyšším počtem chromosomů. Jsou to například duplikace a delece a tím pádem se nejedná jen o jednoduchou fragmentaci.

Všechny zmíněné chromosomové přestavby se pravděpodobně odehrávají pouze v rámci pohlavních chromosomů X. Tento fakt je podpořen pozorováním dělících se jader v meiotické metafázi II, kde pohlavní chromosomy vystupují vždy jako univalenty ve středu kruhu, tvořeném 13 páry autosomů. Také obsah jaderné DNA měřený u spermií ukázal výrazný rozdíl mezi spermiemi s n = 13+Y a 13+XX. Navíc, rozdíl mezi těmito dvěma typy spermií se zvyšoval u jedinců s vyšším počtem chromosomů, ale jaderný obsah spermií nesoucích Y chromosom byl stále stejný.

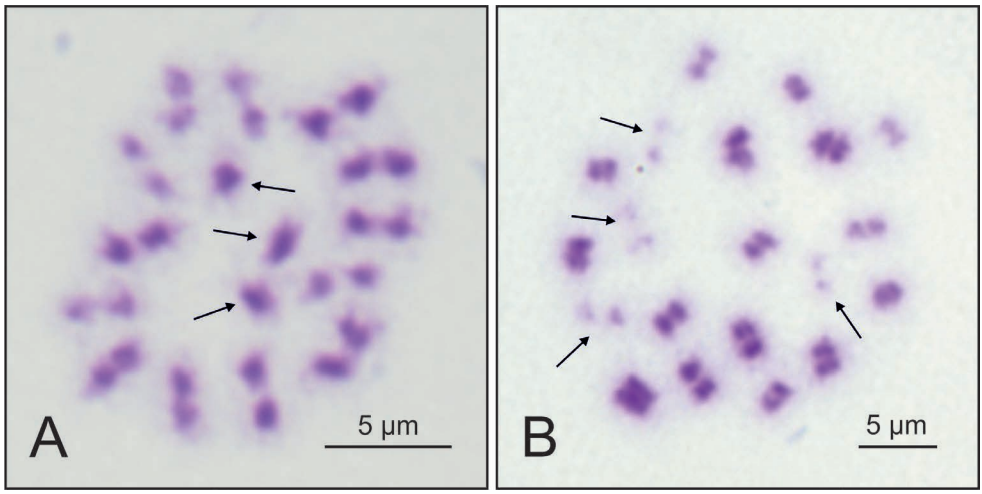


Obr. 2. Štěnice domácí (*Cimex lectularius* Linnaeus, 1758).
Fig. 2. Human bed bugs (*Cimex lectularius* Linnaeus, 1758).

Tento projekt byl podpořen grantem Grantové agentury Univerzity Karlovy číslo 277815/2015 a grantem SVV 260434/2017 Ministerstva školství, mládeže a tělovýchovy České republiky.

The human bed bug (*Cimex lectularius* Linnaeus, 1758) (Hexapoda: Heteroptera) (Fig. 2) is currently one of the most serious insect ectoparasites in temperate zones around the world. This blood feeding pest has spread enormously in the past decades, thanks to mass transportation and insecticide resistance. However, this annoying little fellow shows a very interesting assembly of cytogenetic features. Chromosomes are holokinetic, i.e. they have no centromere, sex chromosomes divide during reduction cell division in a different way from autosomes (so called inverted meiosis), and most amazingly, chromosome number varies within species.

The additional sex X chromosomes in the *C. lectularius* karyotype were already described in the first half of the 20th century, and the hypothesis of their origin through sex X chromosome fragmentation has been posted. The basic male karyotype consist of 2n = 26+XXY (i.e. 13 pairs of autosomes and three sex chromosomes) (Fig. 3A), however the variation so far known ranges up to 2n = 26+20XY (i.e. 20 fragments of chromosome X and one Y chromosome) (Fig. 3B).



Obr. 3. Chromozomy *Cimex lectularius* Linnaeus, 1758. A – metafáze 2. meiotického dělení jedince se základním počtem chromosomů 2n = 26+XXY, pohlavní chromosomy (označeny šipkou), jsou uprostřed kruhu tvořeného 13 páry autosomů. Metafáze 2 je jediná fáze dělení buňky *C. lectularius*, kdy mohou být pohlavní chromosomy jasně rozpoznatelné. B – metafáze 1. meiotického dělení jedince se čtyřmi pohlavními X chromosomy navíc, označeny šipkami, 2n = 26+6XY.

Fig. 3. Chromosomes of *Cimex lectularius* Linnaeus, 1758. A – meiotic metaphase 2, specimen with the basic chromosome number 2n = 26+XXY, sex chromosomes (arrows) are in the middle of a ring formed by 13 autosomal pairs. Metaphase 2 is the only phase in bed bug cell division when the sex chromosomes could be distinguished. C – meiotic metaphase 1, specimen with the four additional sex chromosomes (arrows), 2n = 26+6XY.

In the current study, we want to clearly verify the origin of the additional chromosomes using flow cytometry. The karyotypes of 213 *C. lectularius* specimens from 51 Central European localities, mostly from the Czech Republic, were analysed; subsequently the nuclear DNA volume was measured using the plant *Solanum pseudocapsicum* as an inner standard using the FCM method.

The results show that specimens with karyotypes with more chromosomes have a much broader range of nuclear DNA volumes than those with the basic karyotype. Among specimens with additional chromosomes, we found individuals with 28% higher (2C = 2.72 picogram) nuclear DNA volume and also specimens with 12% lower (2C = 1.87 pg) nuclear DNA volume than the average (2C = 2.12 pg) among specimens with basic karyotype. Specimens with an average volume of nuclear DNA also occurred amongst those with karyotypes with a higher chromosome number, indicating that simple fragmentation of sex chromosome X also take place in *C. lectularius* as proposed by previous authors. On the other hand, in specimens with higher or lower nuclear DNA volumes, some more chromosomal rearrangements occurred, beside simple fragmentation, also duplication and deletion. These play an important role during the development of *C. lectularius* karyotypes with a higher chromosome number.

All chromosome rearrangements mentioned probably only involve sex chromosome X. This is supported by observation of meiotic metaphase II, where sex chromosomes are shown as univalents in the middle of 13 pairs of autosomes. Also nuclear DNA measured in sperm

cells showed distinct differences between n = 13+Y and 13+XX, the difference becoming higher with increasing chromosome number of the specimen. However, the nuclear DNA volume of spermatids with Y is always the same.

This project was supported by grants no. 277815/2015 of the Grant Agency of Charles University and no. SVV 260434/2017 of Ministry of Education, Youth and Sports of the Czech Republic.

Adresy autorů / Authors' addresses:
[1)] Katedra zoologie, Přírodovědecká fakulta, Univerzita Karlova, Viničná 7, 128 43 Praha 2, Česká republika; e-mail: sadilek11@volny.cz
[2)] Katedra botaniky, Přírodovědecká fakulta, Univerzita Karlova, Benátská 2, 128 43 Praha 2, Česká republika