

Válasz Dr. Ács Évának az MTA doktori értekezésemre adott bírálatára

Elsőként szeretném megköszönni Dr. Ács Éva professzor asszonynak, hogy elvállalta az értekezésem bírálatát, nagy örömmel olvastam méltató szavait, melyben munkámat elméleti, módszertani és gyakorlati szempontból egyaránt jelentősnek, témaválasztását időszerűnek, kivitelezését példamutató szintézisnek ítéli, kiemelve annak módszertani sokszínűségét. Külön köszönöm kritikai megjegyzéseit is, ezeket elfogadom, ezek közül a válaszomban mindössze kettőre kívánok reflektálni.

Bírálatában megjegyzi, hogy a cím „**túlzottan irodalmias, publicisztikus hangvételű**”. Ezzel általánosságban egyetértek, de szándékosan választottam ezt a megoldást. Bár a három téma, amelyet az értekezésem fő fejezeteiben feldolgoztam egy-egy konkrét faj élete során szervesen kapcsolódik egymáshoz, amit a bevezető fejezetben részletesen, egy példán keresztül be is mutattam, de az értekezés fejezeteiben bemutatott konkrét kutatási eredményeink, lévén az egyes vizsgálatok alanyai ugyan makrogerinctelenek, de fejezetenként különbözők, nem is minden esetben ugyanazon rovarrend képviselői. Ezért ez a kapcsolat a konkrét esetekben nem annyira kézzelfogható, és egyik eredmény a másikkal szorosan nem összekapcsolható. A cím is igyekszik ezt a kettősséget kifejezni, mint ahogyan egy könyv fejezetei kapcsolódnak egymáshoz, egységet alkotnak, ugyanakkor a fejezetek önállósága jól meghatározható, a nagy egészen belül egy-egy önálló történetszaklat képviselnek. Egy olyan cím, ami a három témakört egyetlen állításba erőlteti, azt sugallta volna, hogy a fejezetek tökéletesen egymásra épülnek, és nagyon szorosan kapcsolódnak, minden megfogalmazott eredmény ugyanazt a végső üzenetet alapozza meg, holott a disszertációban a nyilvánvaló de lazább kapcsolat és az önállóság kettősségének fenntartása kifejezett célom volt. Emiatt nem készült a három fejezet üzeneteit összekapcsoló ábra sem, bár a bevezetőben bemutatott példafaj konkrét esetére, mintegy általános sémaként ez megalkotható lett volna, de nem szerettem volna olyan várakozásokat ébreszteni az olvasóban ezzel, amit végül nem tudok a konkrét eredmények kapcsán valóra váltani.

Szintén megjegyzi, hogy „**Formai szempontból a latin fajnevek és az auctor-évszámok egységesítése, valamint néhány ábra- és táblázathivatkozás finomítása javasolt.**” – Nem vagyok biztos benne, hogy pontosan értem, hogy bírálóm itt mire gondolhatott. Elképzelhető, hogy a megjegyzés a botanikai/algológiai és a zoológiai nevezéktan egymástól eltérő formai gyakorlatából fakadhat. A latin fajnevek és auctork és évszámok kapcsán a legtöbbet ellenőriztem és nem találtam benne hibát, mind a zárójelezések, mind az auctor és évszám feltüntetése helyes, a nevezéktani szabályoknak megfelel. A neveket, ahogyan a bevezetőben jeleztem, az adott fejezetekben az első említéskor látom el auctornévvel és évszámmal, a további említések esetén már nem. A magyar neveket is az előre megadottak szerint használtam. A táblázatok hivatkozásait is újra ellenőriztem és nem véltem felfedezni hibát.

A bíráló konkrét kérdéseire adott válaszaim.

1) A szerző hangsúlyozza, hogy a nagy globális adatbázisok (pl. GBIF, BOLD) adatminősége torzításokat és azonosítási hibákat tartalmaz, amelyek a biodiverzitási mintázatok értékelését befolyásolhatják. Milyen módszertani megközelítésekkel lehetne statisztikai vagy modellezési szinten csökkenteni az ilyen adathibák hatását a vízi makrogerinctelenek elterjedési és diverzitási mintázatainak elemzésekor, különösen regionális (Kárpát-medencei) léptékben?

A Big Data önmagában is biztosít egyfajta „validálást”, hiszen, ha valamiről óriási mennyiségű adatunk van, akkor ott a helyes adatok mintegy elfedik, semlegesítik az általában csekély mennyiségű kilógó, hibás, hiányos adatokból származó eltéréseket. És kiválóan rá is mutatnak ezekre, azaz „felfedezhetővé”, szűrhetővé, láthatóvá is teszik a hibákat. Ez természetesen csak akkor igaz, ha a hibák véletlenszerűek. A probléma azonban általában már ott kezdődik, hogy „ha valamiről óriási mennyiségű adatunk van”. Hiába van jelenleg 3,6 milliárdnál több adat a GBIF-ben vagy éppen 25 milliárdnál is több szekvencia a BOLD adatbázisban, bizonyos csoportok, fajok jelentős részéről egy vagy néhány adat áll csak rendelkezésre, már ha egyáltalán van ilyen. Ezek esetében a „big data” hatás nem segít. A GBIF esetében, de tulajdonképpen bármely nagyobb adatbázis, vagy a biodiverzitással kapcsolatos tudásunk egésze esetében számolnunk kell e terület különböző hiányosságaival (Biodiversity knowledge shortfalls, v.ö. Hortal et al. 2015). Az, hogy a fajok jelentős részéről nincs elegendő adatunk, és emiatt nem ismerjük pontosan az elterjedési területüket, csak az egyik probléma (v.ö. Wallacean shortfall). A taxonómia, leginkább a taxonómiai módszerek (mind a klasszikus morfortaxonómiai mind a genetikai módszereket beleértve) fejlődésével döbbenünk rá egyre inkább arra, hogy magukat a fajokat sem ismerjük eléggé, hiszen sorra derül ki „jól ismert” fajokról, hogy valójában akár morfológiailag is jól elválasztható fajsorozatokról van szó, és bizonyos területeken pedig sorra írják le az új fajokat is (Linnean shortfall). Emiatt a már meglévő adatok egy része is megkérdőjeleződik, újvalidálást igényelne. Az új filogenetikai eredmények kapcsán az adatbázisok rendszertani/nevezéktani fő adatbázisa (taxonomic backbone) is sorozatos felülvizsgálatra, újvalidálásra szorul, főképpen az alsóbb szinteken, mert új és új elemek felfedezésével, kapcsolatok újraértelmezésével kiderül, hogy a leszármazási viszonyokat sem ismerjük tökéletesen (Darwinian shortfall). Az ideális az lenne, ha az előfordulási adatok mellett az adott faj adott helyen és időpontban mért abundanciáját is tartalmaznák az adatok. Az abundancia adatok rögzítésére a GBIF adatbázisban is van lehetőség, de a legritkább esetben tartalmaznak ilyen információt az adattáblák (Prestonian shortfall). És akkor nem beszéltünk még a GBIF nyers előfordulási adatok kapcsán kevésbé releváns, de a tudományos felhasználás szempontjából jelentős további hiányosságokról, hogy messze nem teljesek az információink a fajok funkcionális jellegeiről (Raunkiæran shortfall), az ökológiai niche-ről, igényeiről és tűrőképességéről (Hutchinsonian shortfall), valamint az interakcióikról és a funkcionális kapcsolataikról (Eltonian shortfall) sem, valamint alig tudjuk megbízhatóan becsülni a legritkább fajaink veszélyeztetettségét, a biodiverzitás emberi hatások és kihalás előtti, vagy éppen a jövőbeli állapotait (Rodriguesian/Scottian shortfall, Haelewaters et al. 2024), vagy éppen a kihalt/eltűnt fajok számát sem (Latimerian shortfall, Martin et al. 2023). Mindezekeken felül pedig nyilván jelentős problémát okozhatnak a technikai jellegű hibák: téves identifikáció, elírások, hibás adatrögzítés, téves koordináták stb.

Visszatérve a meglévő adatok javítási, validálási lehetőségeire. Itt két irányban gondolkodhatunk. Az egyik a nagy, adatbázis szintű szűrő és javító mechanizmusok, validáló alkalmazások és kuráló kezdeményezések, amik házon belül, rendszerint nagyobb adatmennyiséget átfogva, folyamatosan igyekeznek validálni és lehetőség esetén javítani is az adatminőségen. A másik irány pedig a letöltött adatok validálása, szűrése, javítása.

Minden nagyobb adatbázis kapcsán vannak törekvések a folyamatos (elő)validálásra: a beérkező adatok indexelése során taxonómiai névillesztés (taxonomy backbone matching), geokoordináta tartomány- és konzisztenciaellenőrzés, dátumformátumok, hiányzó mezők, duplumok és számos további technikai ellenőrzés és validálás történik meg a háttérben, szükség esetén „flagelve” a hibás vagy gyanús elemet. Számos R és Python kód érhető el a letölthető vagy feltöltendő adatok taxonómiai vagy Darwin Core validálására, párosítására, szűrésére, koordináták kezelésére, issue-k vagy flagek hozzárendelésére (pl. Zizka et al. 2019). A taxonómiai/nevezéktani gerincadatbázisokat folyamatosan fejlesztik, finomítják. Ennek ellenére sok csoport esetében messze vannak a tökéletestől, de általában az elérhető legjobbra törekszenek. A nagy adatbázisokban hibás adatokat általában felhasználói szintről is lehet jelölni („flagelni”), bejelenteni, amit megfelelő indoklással jó eséllyel javítani fognak az adminisztrátorok vagy a felkért szakértők. Mindezek azonban csak a hiányzó kötelező elemeket vagy a nagyon nyilvánvaló hibákat jelzik javításra vagy eleve rögzíteni sem engedik az adatokat, amelyeket eleve hibásnak találnak az ellenőrző algoritmusok.

Ezen felül nagy szerepet játszanak a szakemberek, kurátorok folyamatos felülvizsgálatai. Például a BOLD adatbázis kapcsán mindig is voltak központi kurálási kezdeményezések. A közelmúltban a Biodiversity Genomics Europe (BGE) konzorcium felkérésére számos taxonómus (vagy taxonómiai vénával megáldott ökológus) kapcsolódott be egy olyan validált európai DNS vonalkód referenciaadatbázis létrehozásába, amely biztosan csak olyan szekvenciákat tartalmaz, amelyek megfelelnek minden elvárásnak, legyen az a metaadatok teljessége, a lelőhely és a példányok archiválása, vagy éppen az identifikáció. Magam is részt vettem ebben a folyamatban 12 bogárcsalád adatainak kurálásával, a folyamatot egy automata validáló rendszer segítette, de minden döntés az adott csoportért felelős szakember kezében volt. Egy-egy élőlénycsoport esetében korábban is gyakran előfordult, hogy egy-egy szakemberekből álló csoport validált adatokból álló referencia adatkészletet hozott létre, melybe csak olyan adatokat vettek fel a rendelkezésre álló készletből, amelyek biztosan helytállóak. Ez gyakoribb megoldás például a szekvencia adatbázisoknál, ahol az adatbázis tételek referenciaként szolgálnak például ismeretlen szekvenciák azonosítása, besorolása során. Kiváló példa erre a bírálóm által is ismert és használt DiatBarcode Kovaalga referencia könyvtár (Rimet et al. 2019). Ez a kezdeményezés is egyértelműen mutatja, hogy a molekuláris alapú biomonitorozás megbízhatósága csak akkor biztosítható, ha a genetikai adatok taxonómiai validációja szakértői kontroll mellett történik. Különösen fontosnak tartom kiemelni, hogy a taxonómusok szerepe ebben a folyamatban megkerülhetetlen. A DNS-szekvenciák technikai előállításuk ma már viszonylag gyors és költséghatékony, ugyanakkor azok helyes taxonómiai értelmezése és validálása jóval komplexebb feladat. A névhasználat, a szinonimák kezelése, a kriptikus fajkomplexek felismerése és a morfológiai-molekuláris megfeleltetés továbbra is elsősorban a taxonómiai szakértelemre épül. Éppen ezért kulcsfontosságú, hogy a bioinformatikai munkafolyamatok eredményének taxonómiai

validálása aktív szakértői részvétellel történjen. A validált referenciakönyvtárak e feltételnek megfelelnek, de számos esetben ezek területi alapon, egy-egy szigetre, tájegységre vagy megyére, néhány esetben kontinens szintre szerveződnek és csak bizonyos élőlénycsoportok esetén. Természetesen ebből fakadóan ezek csak az adatbázisok egy részét érintő kezdeményezések, amik bár nagyon hasznosak, a nem érintett adatok, csoportok, területek esetében nyilván nem használhatóak.

A másik lehetőség, hogy a letöltött adatokat validáljuk, szűrjük, kuráljuk felhasználás előtt. Egy kis terület esetében (pl. a Kárpát-medence jelen esetben annak számít), a durva taxonómiai és biogeográfiai hibákat (adott területen nem élő fajok, adott élőhelytípusban nem előforduló fajok, duplikációk) megfelelő szakemberek bevonásával viszonylag egyszerűen ki lehet szűrni. De számos olyan tétel maradhat, ami akár gyanús is lehet, de kizárólag taxonómiai és ökológiai ismeretekkel nem eldönthető. Amit ez esetben kezelünk kell(het), azok a következő hibaforrások lehetnek: taxonómiai azonosítási tévesztések, georeferálási pontatlanságok, eltérő mintavételi intenzitás és módszertan, időbeli és térbeli heterogenitás. Ezek a hibák a fajeloszlási és diverzitási mintázatok becslését különösen regionális léptékben erősen torzíthatják. Ha kellő háttérinformáció és metaadatok állnak rendelkezésünkre, akkor ezek kezelésére egyrészt alkalmazhatjuk a minőség szerinti súlyozás és a bizonytalanság explicit beemelését a használt modellekbe. A rekordokhoz kapcsolódó metaadatok (pl. koordináta-bizonytalanság, azonosítási minőséget jelző mezők, rekordtípus) alapján a megfigyelések nem csupán „jó” vagy „nem jó” módon szűrhetjük, hanem akár súlyozhatjuk is. Például nagy koordináta-bizonytalanságú vagy gyenge azonosítási minőségű rekordok kisebb súlyt kaphatnak, illetve az eredmények robusztussága érzékenységi vizsgálatokkal ellenőrizhető (szigorú vagy engedékeny szűrés). Ha mintavételi torzításról van tudomásunk, akkor alkalmazhatunk például térbeli ritkítást. A jelenlét-alapú rekordok térben gyakran erősen torzítottak. A könnyen elérhető szelvények, városközeli területek, védett területek vagy akár a kutatócsoportok „hotspotjai” erősen túlreprezentáltak. Ennek mérséklésére például hatékony módszer a rácscellánként vagy vízgyűjtő-egységként adott mennyiségű rekord bevonása. De ha van elegendő információnk, akkor hatékony lehet a mintavételi intenzitás proxy-ja (pl. összes előfordulás sűrűsége) kovariánsként történő beépítése. A heterogén mintavételi intenzitás miatt a nyers fajszámok összehasonlítása félrevezető lehet, ilyenkor a lefedettség alapú ritkításon felül a Hill-számok/diverzitás profilok alkalmazása lehetővé teszi, hogy a diverzitási mintázatok az eltérő mintavételi gyakoriság mellett is összevethető módon becsüljük. Az olyan identifikációs hibák esetében, ahol szakértői véleményezéssel nem küszöbölhető ki a hiba minden esetben, de van valamennyi referencia adat (voucher példány, szakértői vagy DNS vonalkód validáció az adatok/egyedek egy részéhez), akkor jó megoldás lehet pl. a maximum likelihood alapú tévesztési mátrix alkalmazása. A fenti eljárások mellett kulcsfontosságú lehet a következtetések robusztusságának dokumentálása, azaz az eredmények összevetése különböző tisztítási szintek mellett. Amennyiben a fő mintázatok ezek között stabilak, az erősíti, hogy az adatminőségi problémák nem vezérlik a fő konklúziót; ha pedig érzékenyek, az a bizonytalanság korrekt kommunikációját és óvatosabb interpretációt tesz szükségessé.

2) Az értekezés új, hierarchikus „szűrőrendszer-modellt” vezet be a vízbogarak és vízipoloskák diszperziós viselkedésének magyarázatára. Milyen empirikus vagy szimulációs kísérletekkel lehetne validálni ennek a szűrőrendszer-modellnek az általánosíthatóságát más vízi rovarcsoportokra (pl. kérészek, szitakötők), és milyen ökológiai korlátokat kellene figyelembe venni az adaptálás során?

A keretrendszer megalkotásával egy elméleti sémát szeretünk volna kimunkálni, amely mintegy sorvezetőként szolgálhat arra, hogy ha egy konkrét kutatási probléma kapcsán a diszperzió, mint kulcsfogalom felmerül, akkor milyen hatásokat és tényezőket kell figyelembe venni a téma teljeskörű átlátásához és megértéséhez, amelyek hatással vannak a diszperzió kimenetelére és eredményére. A keretrendszerbe felvettünk minden olyan tényezőt, amely szerepet játszhat, de természetesen nem minden tényezőnek lesz azonos súlyú szerepe és nem minden tényező fejt ki valós hatást egy-egy konkrét szituációban. Fontos továbbá, hogy a keretrendszer a vízbogarak és vízipoloskák, mint modellszervezetek légi diszperzióját helyezi a középpontjába. Természetesen, mint minden keretrendszer esetében, itt is lehetséges általánosítani más vízi makrogerinctelen szervezetekre, mert számos olyan hatás és folyamat van, amely általánosan érvényes a röpképes vízi gerinctelenekre. Ugyanakkor ehhez mindenképpen szem előtt kell tartanunk a következőket. A vízi makrogerinctelenek evolúciós, taxonómiai, fejlődéstani, életmódbeli szempontokból nagyon heterogén csoportot alkotnak, amelyek között a gerinctelen mivoltukon és szabad szemmel látható méretükön kívül a víz, mint legalább életük egy részében meghatározó közeg a közös pont. A légi diszperzió kapcsán az általánosíthatóság szempontjából rögtön leszűkíthetjük az vizsgálatba bevont csoportok körét, hiszen a szárnyatlan, röpképtelen rákok, csigák, férget itt nem számítanak, a röpképes élőlényeket nyilván a rovarok között találjuk. Ha azt nézzük, hogy életük mely szakaszában vannak a vízre utalva, máris egy válaszüthöz értünk. Megkülönböztethetünk ugyanis olyanokat, amelyek mind lárvális, mind imágó állapotukban a vízben élnek (bogarak és poloskák), valamint amelyek csak lárv állapotukban vannak a vízre utalva (amfibikus rovarok: kérészek, álkérészek, szitakötők, tegzesek, kétszárnyúak). És ezzel meg is értünk a teljes általánosíthatóság egyik részleges korlátjához. Számos szűrő minden vízi életmódú csoportra hat, de nyilvánvalóan teljesen más motivációi, ennek megfelelően pedig teljesen más időzítése és gyakorlati kivitelezése lesz repülésnek egy szitakötő esetén, ami a táplálékát és a párját is a levegőben keresi, vagy éppen egy kérésznek, ami nem táplálkozik és egyetlen célja a párosodás és a peték lerakása. Ugyanakkor mindkettő adott víztérnél vagy annak közelében marad. Mindeközben szintén más a célja egy vízbogárnak, ami éppen a szűkülő táplálékforrás miatt vagy éppen szaporodási hely keresése céljából kel szárnyra a vízből, és új vízteret keres. Ennek megfelelően a repülés közbeni hatások is mások lehetnek, a helyben maradó amfibikus rovarok esetében leginkább a ragadozás, míg az új élőhelyek felkereső, élőhelyet váltó rovarok esetében a kiszáradás, a téves tájékozódás, az elsodródás a nagyobb veszély.

Ha mégis validálni szeretnénk bármely csoport esetében, akkor nincs egyszerű dolgunk, hiszen rengeteg hatást kell egyszerre mérnünk (vagy legalábbis valamilyen módon, ha nem méréssel, akkor modellezéssel/szimulációval számosítanunk). A legjobb az lenne, ha mindeközben folyamatosan nyomon tudnánk követni az állatokat. Vannak már olyan mikro-telemetriai módszerek (pl. Fisher et al. 2021, Shearwood et al. 2021, Kumari és Hasan 2024), amelyek 0,5g testtömeg feletti rovar esetében sikerrel és nagy pontossággal alkalmazhatók,

valamint nagyon ígéretesek a LIDAR optikai módszerek is (pl. Chen et al. 2024, Doria Yamoá et al. 2025). Mint már ebből is látszik, csak akkor érdemes belevágnunk, ha jelentős, (korlátlanhoz közelítő) forrásaink vannak mind anyagi-, idő- és humán erőforrások tekintetében.

A hierarchikus szűrőrendszer-modell általánosíthatóságának vizsgálata más vízi rovarcsoportokra valószínűleg empirikus és szimulációs megközelítések kombinációjával lenne a leghatékonyabban elvégezhető. A validáció alapvető kérdése, ahogy azt a fentiekben már részletesen indokoltam, nem az, hogy az egyes hatótényezők (szűrők és azok szerepei) taxononként azonosak-e (nem azok), hanem az, hogy a diszperziós folyamat egymásra épülő szakaszai között azonosítható-e a Képesség, az Aktiváló, az Időzítő, a Tájékozódási és a Kolonizációs szűrők hierarchikus működése, és ezek együttese képes-e magyarázni a ténylegesen realizált diszperzió mintázatait.

Empirikus oldalról a tesztelés a szűrők szintenkénti vizsgálatával képzelhető el. A Képesség szűrők esetében az irodalom valószínűleg elegendő információt ad, de ha mérnünk kellene, akkor a repülési teljesítményt és terhelhetőséget meghatározó morfológiai és élettani jellegek (pl. testméret, szárnyterhelés, izomarány) a célváltozóink, amelyek különösen a szitakötőknél vizsgálhatók jól terepi és laboratóriumi körülmények között. Az Aktiváló és Időzítő szűrők validálása hosszabb távú fenológiai adatsorok és meteorológiai változók (hőmérséklet, szél, fényviszonyok) együttes elemzésével történhetne, különösen kérészeknél, ahol a rajzás időzítése erősen környezetvezérelt. A Tájékozódási szűrők vizsgálatára alkalmasak manipulált terepi kísérletek (pl. vizuális ingerek, polarizált fényfelületek), amelyekkel tesztelhető a célélőhelyek (jelen esetben szaporodási, tojásrakási helyek) felismerésének és az ökológiai csapdák szerepének jelentősége (ezeket a kísérleteket nagyrészt már elvégezték). A Kolonizációs szűrők empirikus tesztelése új vagy kísérleti víztestek kolonizációjának nyomon követésével, illetve a lárvális stádiumok monitorozásával lenne megvalósítható.

A modell erős validációját az ún. „realized dispersal” megközelítés adhatja, amely a tényleges mozgás (pl. jelölés–visszafogás vagy telemetriai adatok a szitakötőknél, rajzásmonitorozás kérészeknél) és a populációk közötti genetikai kapcsoltság összevetésén alapulhatna. Amennyiben a szűrőrendszer-modell által előre jelzett „átjutási valószínűségeket” egyszerre magyarázzák a megfigyelt mozgási mintázatokat és a génáramlás térbeli struktúráját, az a modell általános érvényessége mellett szól. Szimulációs oldalon egyedi-alapú modellek (IBM) alkalmazhatók, amelyekben a diszperzió egymásra épülő szakaszait a megfelelő szűrők mintegy „kapuként” szabályozzák; az általánosíthatóság akkor tekinthető alátámasztottnak, ha a modell szerkezete változatlan marad, és csak a taxonspecifikus paraméterek módosítása szükséges.

Az adaptálás során több ökológiai korlátot is figyelembe kell venni. A különböző csoportok eltérő élettörténeti sajátosságai (pl. kérészek rövid imágó-élettartama, szitakötők territoriális viselkedése stb.) a szűrők relatív súlyát módosítják. A repülési teljesítmény és a meteorológiai érzékenység különbségei a Képesség és Időzítő szűrők küszöbértékeit tolják el. A Kolonizációs szűrők tartalma erősen függ a lárvális élőhelyigényektől, míg a Tájékozódási szűrők érzékenysége az antropogén táji elemekre (pl. mesterséges fény, polarizált felszínek) taxononként eltérő. Mindezek alapján a szűrőrendszer-modell más vízi rovarcsoportokra történő kiterjesztése elsősorban parametrizációs, nem pedig koncepcionális módosításokat igényel, ami alátámasztja a keretrendszer általánosíthatóságát.

3) Hogyan illeszthetők be az életmenet-adatok (pl. fejlődési idő, kirepülési időzítés, mikroélőhely-választás) a klímaváltozási modellekbe a faj jövőbeni elterjedésének előrejelzése céljából, és milyen statisztikai modellek lennének a legalkalmasabbak e célra?

Hogy őszinte legyek, nem vagyok egy modellezős típus, sokszor úgy érzem, hogy a nem elegendő adatra (legalábbis ahhoz képest kevés, mint amire a megbízhatósághoz szükség lenne) épülő modelljeinkben a kimenetek annyira „sok sebből véreznek”, annyira nagy a beépülő elkerülhetetlen bizonytalanság, hogy a valóságról nem sokat mondanak. A jelen esetben is úgy érzem, hogy egyetlen év nagyon részletes adatsora alapján kvázi nem sok mindent tudnánk „beépíteni” egy modellbe, amely azt vizsgálhatná, hogy a *C. heros* egyedszáma/denzitása/ elterjedése/kirepülési ideje/fejlődési ideje hogyan alakul a különböző klímaszcenáriók mentén. A saját adatsoraink közül ilyen célra leginkább talán a kirepülési adatokat (10+ év) és esetleg az összesített faunisztikai előfordulási adatokat tartanám többé-kevésbé sikeresen felhasználhatónak.

De egy gondolatkísérlet erejéig vonatkoztassunk el attól, hogy milyen adataink vannak és tekintsük úgy, mintha minden szükséges adat a rendelkezésünkre állna. Mit tehetnénk ekkor? Az életmenet-adatok a klímaszcenáriókkal több szinten integrálhatók. Készíthetünk például fenológiai modellt, amelyben a fejlődési idő és a kirepülés időzítése hőösszeg-küszöbmodellekkel vagy nemlineáris (mondjuk GAMM) keretben a klíma függvényében becsülhető, és az így kapott fenológiai kimenetek prediktorként vagy alkalmassági korlátként beépíthetők akár fajeloszlás-modellekbe. A kritikus küszöbértékek meghatározására alternatív modellek is alkalmazhatók. Például a TITAN2 (Threshold Indicator Taxa Analysis) alkalmas lehet hőmérsékleti vagy egyéb klimatikus gradiens mentén ökológiai töréspontok detektálására. Nemlineáris, nagy prediktív algoritmusok (pl. generalized boosting model (GBM)) vagy bináris logisztikus regresszió, szintén használhatók annak azonosítására, hogy mely klimatikus tartományokban ugrásszerű a válasz (pl. túlélés, kirepülési csúcs vagy sikeres kirepülés valószínűsége).

Erősebb, mechanisztikusabb megközelítésben a klíma a túlélés, fejlődési ráta, fekunditás paramétereit befolyásolja, így ezekből mátrix- vagy integrált populációs modell (IPM) alapú demográfiai modellel számolhatjuk pl. a tartós fennmaradás valószínűségét. A faj földrajzi elterjedésének modellezését különböző klímaszcenáriókra vonatkoztatva egyébként Fekete és munkatársai (2023) már elvégezték. Az faunisztikai előfordulási adatok és különböző klímaváltozók felhasználásával modellezték a *C. heros* jövőbeli várható elterjedését: a klímaváltozással párhuzamosan jelentős areaexpanszió valószínűsíthető a faj esetében. Az elterjedési terület modellezéséhez ötféle modell-algoritmust teszteltek (GBM: generalized boosting model, ANN: artificial neural network, GLM: generalized linear model, MARS: multiple adaptive regression splines, RF: random forest) amelyekből e faj esetében a GBM adta a legmegbízhatóbb eredményeket.

Felhasznált irodalom

Chen H, Li M, Månefjord H, Travers P, Salvador J, Müller L, Dreyer D, Alison J, Høye TT, Hu G, Warrant E, Brydegaard M 2024: Lidar as a potential tool for monitoring migratory insects. *iScience* 27(5): 109588, DOI: [10.1016/j.isci.2024.109588](https://doi.org/10.1016/j.isci.2024.109588)

- Doria Yamoá AS, Kouakou BK, Gbogbo AY, Runemark, van Klink R, Zoueu JT, Brydegaard M 2025: Lidar reveals distinct insect daily activity and diversity between habitats. *Scientific Reports* 15: 43544. DOI: [10.1038/s41598-025-27432-9](https://doi.org/10.1038/s41598-025-27432-9)
- Fekete J, De Knijf G, Dinis M, Padisák J, Boda P, Mizsei E, Várbíró G 2023: Winners and Losers: Cordulegaster Species under the Pressure of Climate Change. *Insects*. 14(4): 348. DOI: [10.3390/insects14040348](https://doi.org/10.3390/insects14040348)
- Fisher KE, Dixon PM, Han G, Adelman JS, Bradbury SP 2021: Locating large insects using automated VHF radio telemetry with a multi-antennae array. *Methods in Ecology and Evolution* 12: 494–506. DOI: [10.1111/2041-210X.13529](https://doi.org/10.1111/2041-210X.13529)
- Haelewaters D, Matthews TJ, Wayman JP, Cazabonne J, Heyman F, Quandt CA, Martin TE 2024: Biological knowledge shortfalls impede conservation efforts in poorly studied taxa—A case study of Laboulbeniomyces. *Journal of Biogeography*, 51, 29–39. DOI: [10.1111/jbi.14725](https://doi.org/10.1111/jbi.14725)
- Kumari M, Hasan SMR 2024: A VHF insect-tracking radio-telemeter ASIC with on-chip power-regulation in 65-nm CMOS. *Microelectronic journal* 154: 106459. DOI: [10.1016/j.mejo.2024.106459](https://doi.org/10.1016/j.mejo.2024.106459)
- Martin TE, Bennett GC, Fairbairn A, Mooers AO 2023: ‘Lost’ taxa and their conservation implications. *Animal Conservation* 26: 14–24. DOI: [10.1111/acv.12788](https://doi.org/10.1111/acv.12788)
- Rimet F, Gusev E, Kahlert M, Kelly MG, Kulikovskiy M, Maltsev Y, Mann DG, Pfannkuchen M, Trobajo R, Vaselon V, Zimmermann J, Bouchez A 2019: Diat. barcode, an open-access curated barcode library for diatoms. *Scientific Reports*, 9(1): 1–12, DOI: [10.1038/s41598-019-51500-6](https://doi.org/10.1038/s41598-019-51500-6)
- Shearwood J, Aldabashi N, Eltokhy A, Franklin EL, Raine NE, Zhang C, Palmer E, Cross P, Palego C 2021: C-Band Telemetry of Insect Pollinators Using a Miniature Transmitter and a Self-Piloted Drone. *IEEE Transactions on Microwave Theory and Techniques* 69(1): 938–946, DOI: [10.1109/TMTT.2020.3034323](https://doi.org/10.1109/TMTT.2020.3034323)
- Zizka A, Silvestro D, Andermann T, Azevedo J, Duarte Ritter C, Edler D, Farooq H, Herdean A, Ariza M, Scharn R, Svantesson S, Wengtrom N, Zizka V & Antonelli A (2019) CoordinateCleaner: standardized cleaning of occurrence records from biological collection databases. *Methods in Ecology and Evolution*, 10(5):744-751, DOI: [10.1111/2041-210X.13152](https://doi.org/10.1111/2041-210X.13152)

Pécs, 2026. február 26.



Csabai Zoltán