



תקצירי כרזות

הכנס ה-56 של העמותה לזואולוגיה בישראל

הפקולטה למתמטיקה ומדעי הטבע

האוניברסיטה העברית בירושלים

יום א', א' בטבת תש"פ (ז' חנוכה)

ה-29 בדצמבר 2019



מדפיסים דגמי אלמוגים שדגים אוהבים

אסא אורן^{1,3}, נועם יוסף¹, עזרי טרזי², חיים פרנס², עופרי לוטן², מאגיד זועבי², נדב ששר¹

1 - המחלקה למדעי החיים, אוניברסיטת בן גוריון בנגב, קמפוס אילת, 8410501

2 - מעבדת דיזיין-טק, המחלקה לארכיטקטורה ועיצוב ערים, הטכניון

3 - המכון הבין-אוניברסיטאי למדעי הים באילת, 8810302

asaoren@gmail.com

אלמוגים חיים ושלדי אלמוגים נלקחים מהשונית למגוון רחב של שימושים כמו סחר לאקווריומים, מזכרות, נוי, מחקר וחינוך. אלמוגים המודפסים בתלת מימד יכולים להחליף את האלמוגים החיים ברבים מהיישומים הללו. למרות שאין רקמה חיה, המבנה המודפס יכול להיות זהה למבנהו של אלמוג, והדגמים יכולים להיות מודפסים משלל חומרים, צבעים ועם מניפולציות מבניות המתאימות לצורכינו. אנו השתמשנו בדגמי אלמוג מודפסים על מנת לבחון העדפות מחסה של דגים. דגמים מודפסים, במבנה זהה למבנהו של שיחן שכיח (*Stylophora pistillata*), מחומרים שונים ובצבעים שונים הוצבו בשונית הטבעית על מנת לבחון את תגובתם של דגי השונית. דגים מ-8 מינים שונים נצפו באינטרקציה עם הדגמים המודפסים. כאשר נבחנו העדפה למבנה מסוים הדגם המודפס מ-Poly-Lactic Acid (PLA) צהוב היה המועדף ביותר, אף יותר מהשלד המקורי ואלמוגים חיים אחרים. בשאר הדגמים מודפסים מחומרים וצבעים אחרים נצפו אינטרקציות אך פחות ובדגמי הגבס שהוצבו לא נצפו כלל אינטרקציות במשך כל התקופה. בהמשך השתמשנו ב-PLA צהוב על מנת להדפיס 15 דגמים אשר מביניהם עברו מניפולציות מהמבנה המקורי. מבנים אלו הוצבו גם הם בשונית הטבעית ובוצע מעקב אחר האינטרקציות ביניהם ובין דגי השונית. במבנים הגדולים יותר נצפתה כמות אינטרקציות גדולה יותר, בייחוד במבנה הגדול ביותר (הוגדל בקנה מידה של 200% ביחס למבנה המקורי) בו נצפו 100% יותר אינטרקציות ו-500% יותר מינים בהשוואה למבנה המקורי. יש לציין כי בכל המבנים המלאכותיים נצפו אינטרקציות עם מגוון מינים גדול יותר בהשוואה לאלמוגים החיים ושלדי האלמוגים בשונית ששימשו כביקורת. נתון מעניין נוסף שנצפה במהלך הניסוי הוא כי דגי כרומית ירקרק (*Chromis viridis*) הטילו ביצים על חלק מן הדגמים המודפסים ושמרו עליהן עד לבקיעה. עבודה זו הינה צעד נוסף בפיתוח דגמים מודפסים שיוכלו להחליף את האלמוגים אשר נלקחים מהים.

הקשר בין גודל גוף ויעילות התעופה למרחקים ארוכים בפרטים בוגרים של יקרונית התאנה, *Batocera rufomaculata*

תומר אורקה, גל ריבק

המחלקה לזואולוגיה, אוניברסיטת תל אביב

Tomerurca@gmail.com

יקרונית התאנה, *Batocera Rufomaculata*, הינה מין שפלש לישראל בתחילת שנות החמישים וכיום היא אחת החיפושיות הגדולות ביותר בארץ. הנקבות מטילות ביצים בגזעים של עצים מסוג פיקוס (בעיקר פיקוס התאנה) והזחלים נוברים דרך הגזע וגורמים לנזק כבד לעץ לפני הגחתם כבוגרים. מסת גוף הבוגרים נעה בתווך של בין 1 ל-7 גרם והיא נובעת ישירות מזמינות ואיכות המזון בזמן התפתחותם כזחלים. מחקר שבוצע במעבדתנו הראה כי חיפושיות קטנות יותר, שהתפתחו על דיאטה ענייה בחומרי הזנה, הינן בעלות סיבולת גבוהה לתעופה למרחקים ארוכים ביחס לחיפושיות גדולות, שגדלו על דיאטה עשירה. הדבר מעיד על יעילות תעופה גבוהה יותר בפרטים הקטנים אך המנגנונים הפיזיולוגיים והביומכניים האחראים להגברת יעילות תעופה זו טרם ידועים. במחקר זה בחנו את קינמטיקת הנפנוף של חיפושיות גדולות וקטנות בתעופה במנהרת רוח במהירויות שונות. קינמטיקת הכנפיים הושגה על ידי צילום בשתי מצלמות צילום מהיר בזמן שמערכת של מדי כוח, המחברים לזרוע האוחזת את החיפושית במנהרת הרוח, מדדו את הכוחות שמפעילה החיפושית בזמן תעופה.

בעוד חיפושיות קטנות הראו העדפה למהירויות רוח נמוכות, הן יצרו יותר עילוי למסת גוף, לעומת החיפושיות הגדולות. בנוסף, ההספק האווירודינמי ביחס למסת הגוף היה נמוך יותר בחיפושיות הקטנות, דבר המעיד על יעילות התעופה המוגברת שלהן. מדידות נוספות על כנפי חיפושיות בסיבוב הראו כי יחס ההספק/עילוי של כנפיים גדולות גבוה יותר מאשר בכנפיים קטנות. נתונים אלה תומכים בטענה שהפרטים הקטנים יותר הם בעלי יכולת תעופה גבוהה יותר דבר המסייע בהפצתן הרחק מהסיבה בה גדלו בתנאים ירודים.

הסוג *Lycosa* - בדרך לתיחום מינים

איגור ארמיאץ¹, שטיינפרס², אריאל צ'יפמן^{1,2}, אפרת גביש-רגב²

1 - המחלקה לאקולוגיה, אבולוציה והתנהגות, האוניברסיטה העברית בירושלים,

2 - אוספי הטבע הלאומיים, האוניברסיטה העברית בירושלים.

bomtombadil@gmail.com

הסוג *Lycosa* (Latreille, 1804) (Lycosidae, Araneae) הוא סוג הנפוץ בארצות הים התיכון, ובכלל זה, בישראל. המינים בסוג מציגים טווח רחב של תכונות זוויות וסומטיות, אשר יכול לעתים להימצא בפרטים שנאספו מאותו בית גידול ומיקום. בתכונות מסוימות, השונות התוך-מינית גדולה במובחן מהשונות הבין-מינית. עקב כך, הסוג *Lycosa* מהווה מקרה בוחן מורכב, אך מעניין, של תיחום מינים (species delimitation). מטרתנו הייתה לגלות כמה מינים של *Lycosa* מצויים בישראל, מה הם ההבדלים ביניהם וכיצד הם חולקים את בתי-הגידול באזורי החפיפה ביניהם. בהתבסס על אברי הרבייה הזכריים המשניים, אנחנו משערים כי קיימים בארץ לפחות שני מינים בסוג *Lycosa piochardi* (*L. piochardi*, *L. sp. nov.*), הנבדלים בהתנהגות בניית המחילה והם בעלי חפיפה חלקית בתפוצתם. שיערנו כי בתחום החפיפה יתקיים היסט תכונות בין שני המינים, שיקטין את התחרות ביניהם. *Lycosa piochardi* נמצא בכל בתי-הגידול היבשתיים באזורנו, ועל-אף האחידות באברי הרבייה הזכריים, מציג שונות רבה באברי הרבייה הנקביים. מסיבה זו שיערנו כי זהו קומפלקס של מינים קרובים, המוגבלים לבתי-גידול שונים. בכדי לבחון השערות אלו, תיעדנו תכונות סומטיות (דוגמאות צבע, איזומטריה, אלומטריה), זוויות (אברי הרבייה הראשוניים והמשניים) והתנהגותיות (צורת המחילה) של אוכלוסיות *Lycosa* בכ-30 אתרים בישראל ושכנותיה. בחנו את דפוס הפרופורציות, דוגמאות הצבע, והתכונות הזוויות ביחס למיקום הגיאוגרפי, ולשם כך ביצענו ניתוח מורפומטרי (Elliptical Fourier Analysis). הניתוח לא הראה היסט אלומטרי או איזומטרי מובהק בין האוכלוסיות של *L. piochardi* ו-*L. sp. nov.* כמו כן, לא מצאנו עדויות מורפולוגיות לקיומם של מינים נפרדים באוכלוסיות *L. piochardi*, אך מספר מצבי-תכונה במין נמצאו רק באזורים גיאוגרפיים מסוימים, מה שיכול להצביע על אוכלוסיות נפרדות, עם זרימת גנים מוגבלת ביניהן. בד-בבד נאספו עדויות לכך שבתחום חפיפתם, *L. piochardi* ו-*L. sp. nov.* הם בעלי העדפות לבתי-גידול שונים, מה שיכול לתרום להקטנת התחרות בין המינים. השלב הבא יהיה ביצוע פילוגנזה מולקולרית של הפרטים ממחקר זה, למציאת מידת הקרבה בין המינים והאוכלוסיות השונות, וכדי לבחון את יעילותה של המורפומטריה ככלי לתיחום של מינים קרובים.

זיהוי שיטת ההנחיה של השפירית החיצית ההדורה (*Ischnura elegans*) בזמן המעוף לעבר מטרה חזותית

יואב בר דוד, זיו קסנר, גל ריבק

המחלקה לזואולוגיה, אוניברסיטת תל אביב

yoavbdavid@gmail.com

שפיריות (suborder: Zygoptera) ידועות כמעופפות בעלות יכולת תמרון גבוהה. בעוד מעופן לעבר מטרה הנעה בתנועה הרמונית החל להיבחן לאחרונה, אלגוריתם הבקרה המנחה אותן טרם אופייין. מחקר קודם הראה שבמהלך מעופה למטרה השפירית מנסה לצמצם את סבסוב גופה וטסה בזוויות החלקה גבוהות תוך יצירת מסלול יירוט (interception) עם המטרה. על מנת לזהות את שיטת ההנחיה, התבססנו על נתוני זמן ומרחב שנאספו על שפיריות הנוחתות על מטרות נעות בחמישה צירופים של תדירות ומשרעת. כלל הנחיתות צולמו במקביל על ידי שלוש מצלמות מהירות (1000fps) שסונכרונו ביניהן בזמן ובמרחב. לאחר מכן החלנו לבנות סימולציות הנחיה בשיטות שונות: רדיפה טהורה (Pure pursuit), רדיפה מוסטת (Deviated pursuit) ורדיפה בהגבר קבוע (Proportional navigation). עבור כל ניסוי בחנו פרמטרים המשפיעים על מסלול המרדף בסימולציה: ברדיפה מוסטת נבחנו זוויות הסטה שונות, וברדיפה בהגבר קבוע נבחן גודל ההגבר. בנוסף, לאחר שמצאנו את שיטת הרדיפה, בחנו קבועי זמן תגובה שונים של כל פרט.

לאחר הרצת הסימולציות, השווינו את המסלולים שהתקבלו מכל סימולציה עם תוצאות הניסוי המתאים לה. בניסויים בהם השפירית מתחילה את מעופה במרחק מספק מהמטרה, מצאנו כי שיטת הרדיפה היא רדיפה בהגבר קבוע. כאשר השפירית קרובה מאוד למטרה שיטת הרדיפה משתנה ואינה תואמת אף אחד מהמודלים, אנו סבורים שמהירות זוויתית גבוהה של המטרה על הרשתית (תופעה המוכרת כ"Retinal slip") גורמת לשינוי זה. לאחר איפיון נסיונות הנחיתה בחנו בנוסף קבועי זמן תגובה שונים עבור כל ניסוי.

כמה כדאי להיות אמיץ? מרחק הבריחה ההתחלתי של סיקסקים בקרבת אדם נמוך מבתי גידול אחרים

מיכאל בר-זיו, אדל גורובוי, אור שפיגל

המחלקה למדעי החיים, בית הספר לזואולוגיה, אוניברסיטת תל-אביב.

michaelbar@tauex.tau.ac.il

הגידול באוכלוסיית האדם ובניצול משאבים מהסביבה גורר עליה בטביעת הרגל האנושית. עליה זו מתבטאת בלחץ גובר על מערכות אקולוגיות, בשינויים נרחבים בבתי הגידול, ובהכחדת מינים המביאה לאבדן מואץ של המגוון הביולוגי. השפעת טביעת הרגל האנושית על אובדן המגוון הביולוגי התוך מיני נחקרה פחות והשלכותיה האפשריות עדיין אינן ידועות. מינים רבים מראים הבדלים עקביים בהתנהגות בין פרטים באוכלוסייה ("טיפוסי התנהגות", "אישיות בע"ח"). שינויים בהרכב בתי גידול ובחשיפה לאדם עלולים להאיץ הסתגלות לסביבות אנושיות ולהביא להעדפת טיפוסים המסתגלים לנוכחות אדם ולדחיקת טיפוסים אחרים, ובכך לצמצום מגוון טיפוסי ההתנהגות באוכלוסיות טבעיות, ולאבדן יכולת הסתגלות לשינויים עתידיים. במחקר זה חקרנו הבדלים התנהגותיים לאורך גרידאנט מקומי של טביעת רגל אנושית. בחנו גם האם ההבדלים הנצפים בין בתי הגידול השונים מייצגים התנהגות עקבית של פרטים. סיקסקים הם שוכני קרקע שהצליחו להסתגל לקרבה לאדם ומאכלסים טווח רחב של בתי גידול וטביעת רגל אנושית (בריכות דגים, שדות חקלאיים וסביבות עירוניות). כמדד למידת האיום שחווים הסיקסקים בבתי גידול שונים השתמשנו במדד מקובל של 'מרחק הבריחה ההתחלתי' מבן אדם מתקרב (initiation distance flight). בנוסף למרחק הבריחה, תעדנו את התנהגות הבריחה (ריצה או בתעופה), האם הסתתר לאחר הבריחה. חזרנו על המדידה על מנת לזהות את החזרתיות באוכלוסייה. סיקסקים הראו עקביות בהתנהגות וקורלציה חזקה במרחקי הבריחה (מבחן ראשון ושני). פרטים מסביבות עירוניות ברחו ממרחק התחלתי קצר יותר, נטו יותר להסתפק בבריחה רגלית (ללא מעוף) ולברוח למקום לא מוסתר, בהשוואה לפרטים מבתי הגידול החקלאיים. בכלליות, התוצאות מראות את השפעת הסביבה האנושית על התנהגויות עקביות בחיית בר. כמו כן הן מצביעות על חיסרון אפשרי בהתאקלמות זו – אבדן פחד מטורף פוטנציאלי והמחירים של עליה ברמת הסיכון, ועל פוטנציאל לתגובה לא אופטימלית לטורפים שתפגע בכשירות הפרטים. בהמשך המחקר ננסה להכליל את המסקנות לסוגי טורפים נוספים, ולבחון האם מדובר בהביטואציה לאנשים בלבד או בשינוי הרכב הטיפוסים באוכלוסיית הסיקסקים בעקבות הגברת טביעת הרגל האנושית.

אוסף העכבישנים הלאומי ופרוקי-רגליים יבשתיים אחרים באוניברסיטה העברית בירושלים

אפרת גביש-רגב

אוסף העכבישנים הלאומי ואוסף פרוקי-רגליים יבשתיים, אוספי הטבע הלאומיים, האוניברסיטה העברית בירושלים, קמפוס אדמונד י. ספרא, גבעת רם, ירושלים

Efrat.Gavish-Regev@mail.huji.ac.il

אוסף העכבישנים הלאומי ופרוקי-הרגליים היבשתיים הוקם בשלהי שנות העשרים של המאה העשרים על ידי פרופ' אהרן שולוב, זמן קצר לאחר יסודה של האוניברסיטה העברית בירושלים. האוסף כולל ארבעה תתי-אוספים: אוסף העכבישנים (עכבישים, עקרבים, עכשובים, רגלבישים, זוט-עקרבים, עקרבישים, עכביסומים, אקריות וקרציות), אוסף נדלים, אוסף רבי-רגליים, אוסף שווה-רגליים (Isopoda) ואוסף חרקים (בעיקר חרקי-מים, חרקים מאביקים ופרזיטואידים). לאוספים מספר מטרות: (1) לשמר פריטים ולהוות מאגר ידע על פרוקי-רגליים יבשתיים בישראל; (2) להוות מרכז מחקר והוראה; ו- (3) לקדם חינוך ושמירת טבע של פרוקי-רגליים בישראל. האוסף כלל בראשיתו בעיקר עכבישנים ופרוקי-רגליים אחרים בעלי חשיבות רפואית וחקלאית. בשנות ה-60 של המאה העשרים הורחב צוות האוסף ונעשו מאמצים רבים לאסוף להגדיר ולתאר עכבישנים מכל הסדרות שנמצאו באזור. בתחילת שנות ה-70 של המאה העשרים, החל ד"ר גרשם לוי את תפקידו כאוצר אוסף העכבישנים הלאומי. בעקבות פועלו המדעי של ד"ר לוי (בשנים 1960 – 2009), אוסף העכבישנים הוא כיום האוסף המקיף ביותר בתחומו במזרח התיכון, ומשמש מדענים רבים מכל רחבי העולם. כלל תתי-האוספים כוללים אלפי פריטים מישראל וסביבותיה, ומאות פריטים המהווים אב-טיפוס (Holotype), כמו גם ספרות נרחבת בעלת ערך מדעי והיסטורי. בשנים האחרונות נעשים מאמצים לקטלג ולמחשב את תתי-האוספים. תהליכי הקטלוג מאפשרים לקדם מחקר טקסונומי בסיסי (הכולל תיאור מינים ורביזיות טקסונומיות), המהווה תשתית למחקרים בתחומי האבולוציה והסיסטמטיקה, האקולוגיה ושמירת הטבע. בנוסף לאוספים המדעיים, ישנם אוספי הוראה המשמשים בקורסים הניתנים על ידי צוות האוספים. בשנים האחרונות צוות האוסף מוביל פעילות הסברתית וחינוכית לקהל הרחב ולמומחים, כמו גם סדנאות וקורסים יעודיים המאפשרים לקדם פרויקטים של מדע-אזרחי ושל שמירת טבע, בשיתוף עם מוסדות וארגונים נוספים בישראל ובעולם.

הכרת מזון כפי שבאה לידי ביטוי בבחינת מזון ע"י נמלים מהמין *Messor arenarius*

איתי ורבורג

המחלקה לאקולוגיה, אבולוציה והתנהגות, המכון למדעי החיים, האוניברסיטה העברית בירושלים, קמפוס אדמונד ספרא בגבעת-רם, ירושלים 91904

Ittai.Warburg@gmail.com

הכרת מזון היא ביטוי של למידה. עבודה זו בדקה למידה שבאה לידי ביטוי בבחינת מזון ע"י נמלים מהמין *Messor arenarius*. מחקר זה נערך בין השנים 1994 – 1997 באזורים חוליים שונים במישור החוף ובאזורי אדמת לס שונים בנגב. ליד כל קן נמלים שנבדק הונח אתר מזון ששוליו הקרובים לפתח הקן נמצאו במרחק של כ- 1 מ' מפתח הקן. כל אתר מזון שכזה כלל 25 נקודות מזון שסודרו ב- 5 שורות מקבילות בהתאמה. המרחק האנכי בין כל שתי נקודות מזון סמוכות כאלה ובין כל שתי שורות מזון כאלה היה כ- 10 ס"מ. בכל נקודת מזון כזאת הונחו שני פריטי מזון: זרע חיטה שלם וחצי זרע חיטה חתוך לאורך, כשהם צמודים זה לזה, וזאת בכדי שאותן נמלים תהיינה ערות לאותם שני פריטי מזון. בכל קן שנבדק נערך ניסוי אחד או נערכו שני ניסויים עוקבים עם הפרש זמן של כ- 24 שעות ביניהם. בכל אחד מהאסופים נרשמו הנגיעות של הנמלים בפריטי המזון באותם אתרי מזון באמצעות המחושבים (אנטנות) שלהן או באמצעות הרגליים הקדמיות שלהן. אחרי כל איסוף, אותו פריט מזון שלא נאסף מאותה נקודת איסוף הוצא מאתר המזון. לפיכך בכל הניסויים במחקר זה הייתה אפשרות לברירת מזון והתצפיות שנרשמו יכלו להיחשב כתצפיות בלתי תלויות זו בזו. הממצאים במחקר זה הראו שפרופורציית הנגיעות של הנמלים בשני פריטי המזון שבנקודת איסוף באמצעות המחושבים שלהן הייתה גבוהה יותר במידה מובהקת באסופים ביום הראשון של אותם ניסויים מאשר באסופים ביום השני של אותם ניסויים. פרופורציית הנגיעות של הנמלים בשני פריטי המזון שבנקודת איסוף באמצעות הרגליים הקדמיות שלהן הייתה גבוהה יותר באסופים ביום הראשון של אותם ניסויים מאשר באסופים ביום השני של אותם ניסויים, אך לא במידה מובהקת. ממצאים אלה כנראה מעידים על למידה, שבאה לידי ביטוי בהכרת מזון ע"י אותן נמלים. למידה זו כנראה התרחשה בתוך הקן בין היום הראשון ליום השני של אותם ניסויים.

ה-בונגו BONGO הראשון שתועד באוגנדה במאה ה- 21

צבי סבר

המחלקה לביולוגיה, אוניברסיטת אינדיאנפוליס, אינדיאנפוליס, ארה"ב

sever.zvi@gmail.com

במגמה לאסוף מידע על האפשרות לנוכחות אוקאפי (*Okapia jhonstoni*) בשמורת SEMULIKI שבאוגנדה (במפגש בין יער איטורי ליער וירונגה שבקונגו DRC), שמורת יער גשם טרופי נמוך lowland tropical rain forest, בוצע בחודש פברואר 2017 סקר שכלל: פגישות עם פיגמים החיים באזור (השבט הננסי שהוצא מהשמורה), סיורים ביער, חיפוש גללים והצבת 4 'מצלמות לכידה' באתרים שונים, שאינם נגישים בדרום מערב השמורה. מצלמות תוצרת BUSHNELL נקשרו אל גזעי העצים, בגובה כתפי אדם, בקרבת שבילי חיות, כשבינהן כ-200 מטרים והן פעלו ברצף 9 יממות. המצלמות תוכנתו לצלם כתגובה לחום גוף או לתנועה, כמו גם בקביעות כל 15 דקות, 3 תמונות רצופות בכל אירוע צילום. המצלמות תיעדו שני יונקים- סנאי עצים ובונגו. הבונגו BONGO צולם כ-150 מטר מגדות נהר סמליקי, החוצץ בין אוגנדה לקונגו DRC, ברום 680 מ'. הפרט שתועד ב-3 תמונות, הוא זכר בוגר ומאד מרשים בגודל גופו וקרניו.

המין בונגו BONGO (*Tragelaphus eurycerus*) הוא אנטילופת יער גשם, האנטילופה הגדולה ביותר ביערות אפריקה ותפוצתה ביערות הגשם לאורך קו המשווה, בעיקר במרכז ומערב אפריקה, אך גם אוכלוסייה על סף הכחדה במזרח אפריקה, בארבעה יערות גשם הרריים המנותקים זה מזה, במרכז קניה. הוגדרו שני תת מינים: מזרחי ומערבי, תת המין המזרחי שבקניה, החי ברום עד 4,300 מ', הוגדר כ- בונגו הררי MOUNTAIN (*BONGO Tragelaphus eurycerus isaaci*) ותת המין המערבי, במרכז ומערב אפריקה, החי באזורים נמוכים ובהם רום 0, בגובה פני הים, הוגדר כ-בונגו השפלה LOWLAND BONGO *Tragelaphus eurycerus* (*eurycerus*).

היו באוגנדה בונגו הררי על מורדותיו המערביים של הר אלגון, אך הם נכחדו בתחילת המאה העשרים וכך, הופעתו של בונגו השפלה בצילומי המחקר הנוכחי, היא הדיווח הראשון על בונגו באוגנדה במאה ה-21 והרחבה מזרחה של גבול תפוצתו הידוע של תת מין זה. קיומו של בונגו השפלה תחת איום, כי נותרו רק כ-28,000 פרטים בטבע. לאוגנדה ניסיון רב בפעילות שמירת הטבע ולכן סיכוי רב, שימצאו עוד פרטים רבים ביער סמוליקי.

קינמטיקת נפנוף הכנף כתלות בכיוון התעופה של צרעה טפילית זעירה (*Eretmocerus mundus*)

אמיר שריג, איל דפני וגל ריבק

בי"ס לזואולוגיה, אוניברסיטת תל-אביב

amirsarig@tauex.tau.ac.il

עם מזעור הגוף גוברת ההשפעה היחסית של צמיגות האוויר על התעופה מה שהביא בעבר מהנדסי תעופה לתהות אם חרקים זעירים אכן עפים בצורה אקטיבית או נישאים ברוח. כיום ידוע היטב כי חרקים זעירים רבים משתמשים בכנפיהם על-מנת לעוף באופן אקטיבי, אולם ידוע מעט על איך חרקים אלו משנים את תנועות נפנוף הכנף כדי לשלוט בכיוון ומהירות התעופה. הצרעה הטפילית משוטן נאה (*Eretmocerus mundus*) משמשת בהדברה ביולוגית של כנימות ומאופיינת באורכי גוף וכנף קטנים מ-1 מ"מ. עבודות קודמות במעבדתנו הראו כי לצרעה זו יכולת תעופה מרשימה בהתחשב בגודלה.

מטרות המחקר הנוכחי היו לנתח את תנועת הכנף של *E. mundus*, במהלך תעופה חופשית, ולאפיין את התאמתן לאופן התעופה. צרעות מגידול במעבדה צולמו בתעופה חופשית באמצעות שלוש מצלמות וידאו-מהיר. מתוך הסרטים מצאנו את מסלול ומהירות התעופה כמו גם את קינמטיקת הנפנוף של הכנפיים באופן שמאפשר לשחזר בתלת-מימד את תנועת הכנף. מסלולי התעופה חולקו לתעופה אופקית ותעופת המראה במטרה לבחון הבדלים בקינמטיקת הנפנוף בין שני המקרים. מסקנות הביניים מ-24 מחזורי נפנוף בנסיקה ו-12 בתעופה אופקית, הן כי תדר נפנוף הכנף אינו משתנה בין תעופה אופקית לתעופה עם רכיב מהירות אנכי. אולם, ניתן לזהות הבדלים בתנועת הכנף האופקית ביחס לגוף ובסיבוב הכנף סביב ציר האורך שלה בנקודות הקיצון של תנועת הנפנוף. שינויים אלו, שמבצע החרק בתנועת הכנף ביחס לגוף, מצטרפים למהירות התנועה של הגוף באוויר כדי לייצר את סך הכוחות והמומנטים האווירודינמיים הנדרשים לתעופה. אנו מנתחים כעת את ההשפעה האווירודינמית של שינויים אלו בתנועות הכנף, אולם בשלב פרלימינארי זה ניתן לסכם כי בדומה לחרקים גדולים יותר, לצרעות הזעירות יכולת לשנות את תנועת הנפנוף ביחס לגוף ובכך להשפיע על מהירות וכיוון התעופה. יחד עם זאת, תנועת נפנוף הכנף של הצרעות שונה באופן מהותי מזו של חרקים גדולים יותר ונראה כי לגרר הנוצר כתוצאה מסיבוב הכנף סביב ציר האורך שלה חשיבות רבה בבקרת התעופה. תוצאות עבודה זו ממחישות את ייחודיותם של מנגנוני התעופה של חרקים זעירים.

שונית מלאכותית מתוכננת מפחיתה לחץ צוללים מעל השונית הטבעית

נדב ששר¹, עזרי טרזי²

1 - התוכנית לביולוגיה וביוטכנולוגיה ימית, המחלקה למדעי החיים, אוניברסיטת בן גוריון באילת.

2 - המרכז לחדשנות ויזמות, התוכנית ללימודים מתקדמים בעיצוב תעשייתי, הטכניון, חיפה.

nadavsh@bgu.ac.il

לחץ אנושי, ובמיוחד לחץ תיירותי כדוגמת תיירות הצלילה, מוכר כגורם כעקה משמעותי לשוניות האלמוגים. צוללים מחפשים את אתרי הצלילה ה"יפים" ביותר וכך מכוונת השפעת הצוללים לפגיעה דוקא בשוניות הפורחות ביותר. מחקרים מראים שבאילת לחץ הצלילה עבר את יכולת הנשיאה של השונית באופן משמעותי. עם זאת, הגבלת כמות הצוללים צפויה להפחית את התרומה הכלכלית של תיירות הצלילה לכלכלת העיר אילת ובעקיפין גם את הערך הכלכלי לשימור השונית. אחד מסוגי הצלילה הנפוצים, האחראי ל 15-33% מהפעילות הכלכלית של מועדוני צלילה באילת, הן צלילות ההכרות. בצלילות אלו המודרך אינו יודע למעשה כיצד לצלול והמדריך מוביל אותו בדרכו במים. שוניות מלאכותיות הוצעו כאמצעי להסתת לחץ מבקרים, בעיקר לחץ צלילה, משוניות טבעיות. עם זאת, עולה השאלה – האם שוניות מלאכותיות קטנות יכולת לבצע את תפקידן זה? שונית מלאכותית מתוכננת הוקמה בשנת 2007 בשיתוף פעולה עם רט"ג, על הגבול הצפוני של שמורת האלמוגים. ראיונות עומק כמו גם מעקב בפועל אחר צלילות ההכרות בחנו את מסלולי הצלילה לפני, 121 שנה אחרי הצבת השונית המלאכותית. בעקבות הצבת השונית המלאכותית השתנו לחלוטין מסלולי צלילות ההכרות. בעוד שבעבר כל הצלילות כללו גם מרכיב בשונית החוגרת של שמורת האלמוגים, כיום, צלילות ההכרות מובילות לשונית המלאכותית, כולל מעבר מהיר אל בלט 6. הופסקו כמעט לחלוטין ביקורים של צלילות ההכרות בשונית החוגרת. תוצאה זו מדגימה כי שוניות מלאכותיות אכן יכולות להסיט לחץ צוללים ולשמש ככלי לשימור הסביבה הימית.

Daily sea-breeze circulation affects the lateral movement of soaring migrants near a coastline in central Israel

Paolo Becciu¹, David Troupin¹, Leonid Dinevich², Yossi Leshem², Nir Sapir¹

1 – Animal Flight Laboratory, Department of Evolutionary and Environmental Biology, and Institute of Evolution, University of Haifa, 199 Aba Khoushy Ave. Mount Carmel, 3498838 Haifa, Israel;

2 – School of Zoology, University of Tel Aviv, 6997801 Ramat Aviv, Tel Aviv, Israel.

pbecciu89@gmail.com

Environmental conditions may influence the density and movement of flying migrants at different spatiotemporal scales. Millions of soaring birds migrate over Israel every autumn, many of which pass within a 50 km distance from the Mediterranean Sea coastline. Earlier studies suggested that the daily lateral movement of soaring migrants is affected by the daily sea-breeze circulation, resulting in a westward bird movement in the morning until the sea-breeze (eastward wind) began, drifting the soaring birds towards the east. We examined this hypothesis by measuring the birds' lateral movement with respect to the coastline. Additionally, we examined if soaring migrants respond to crosswind in an asymmetrical way, drifting when winds are blowing towards land and compensating when winds are blowing towards the coastline and by that avoiding flight over the sea. We used automatically measured diurnal bird tracks by MRL-5 weather radar dedicated to bird tracking located at Latrun in central Israel during eight different years in the period 2005 to 2016. Our results show that birds are progressively moving eastward from the coastline as the hours go by from the morning by changing their lateral movement (sideways speed) in relation to the intensity of the E-W winds and the hours of the day. Specifically, the birds changed their drift threshold during the day, drifting in the morning and compensating for drift and over-compensating (flying towards the wind) at noon and early afternoon hours, when supposedly they may use convective thermals. In the late afternoon, they usually drifted towards land with the eastward wind. Our work highlights the flexible flight behaviour of soaring migrants that consider the coastline and the dynamic nature of lateral winds, thereby enhancing the understanding of the migration movement ecology of soaring migrants, as well as its practical aspects, including the risk of bird-aircraft collision.

Bottlenecked populations may be sustainable, until challenged by more genetically-diverse waves of migration

Yotam Ben-Oren^{1 2} (yotambenoren@gmail.com), Oren Kolodny¹

1 - The Hebrew University of Jerusalem, Israel.

2 - Tel-Aviv University, Israel.

yotambenoren@gmail.com

Many pioneer waves of migration go through severe demographic bottlenecks. Although genetic diversity is considered crucial for population survival, many of these highly bottlenecked populations seem to thrive. We suggest that when inter- and intraspecific competition is limited, such populations may be sustainable. However, an organism's fiercest competition comes from its own conspecifics, as these compete for an identical ecological niche; thus, later waves of migration which had proceeded at a slower pace and experienced less bottlenecks may threaten the “veteran” inhabitants and eventually genetically replace them. We outline a population genetics' model that tracks these dynamics and allows their exploration, considering jointly demographic, genetic, and environmental factors. The proposed perspective offers a possible explanation for population replacement by secondary waves of migration, such as has been recorded in humans and non-human organisms.

Using a meta-barcoding method for studying population dynamics of larval invasive and native fishes in the Eastern Mediterranean

Michaela Kolker-Ghatan¹, Prof. Jonathan Belmaker^{1,7}, Dr. Moshe Kiflawi^{2,3},

Shahar Malamud¹, Tamara Gurevich^{3,4}, **Yochai Meir⁵**, **Dr. Itai Sharon⁵**, Prof. Rotem Sorek⁶, Prof. Shai Meiri^{1,7}, Prof. Roi Holzman^{1,3,7}.

- 1- School of Zoology, Faculty of Life Sciences, Tel Aviv University, Tel Aviv 6997801.
- 2- Faculty of Life Science, Ben Gurion university of the Negev, Be'er Sheva 8410501.
- 3- The Inter-University Institute for Marine Sciences in Eilat, Eilat 8810302.
- 4- Faculty of Science, Hebrew University of Jerusalem, Jerusalem 9190401.
- 5- Faculty of Computer Sciences, Academic and Technology College of Tel-Hai, Qiryat Shemona 1220800.
- 6- Department of Molecular Genetics, Weizmann Institute of Science, Rehovot 7610001.
- 7- Steinhardt Museum of Natural History, Tel Aviv University, Tel Aviv 6997801.

kolkermi@mail.tau.ac.il

Accurate species-level identification, and unbiased quantitative sampling, are the pillars of large-scale studies in community ecology. However, species level enumeration is challenging in planktonic fish larvae, whose species-specific morphologies often develop late in ontogeny, making morphological identification (based on meristic criteria) impractical. PCR-based identification methods of pooled samples bias estimates of species abundance. We used an innovative metabarcoding method for studying population dynamics of fish larvae within the Eastern Mediterranean. This is a highly disturbed marine habitat, where the number of invasive Indo-Pacific species doubled every 20 years since the beginning of the 20th century. We sampled ichthyoplankton off the Israeli coast monthly during 2018-2019. We sequenced 96 samples containing 5642 larvae using a high-throughput next-generation sequencing method, resulting in coverage of the mitochondrial CO1 barcoding gene. We examined the sequences from our samples against an adult CO1 database containing ~1200 species, including >90% of the native Mediterranean species and the Red Sea species who are likely to have invaded the Mediterranean. We found that the relative fraction of CO1 reads derived from each individual larva was proportional to the relative biomass of that larva from the sample, estimated from silhouette imaging. This enabled us to identify species in the whole sample, and to quantify the relative species abundance. The method allows us to uncover yearly larval population dynamics and detect potentially non-indigenous species at their dispersal stage, before establishing viable populations. This will provide a baseline for future research and a strong asset in conservation and management of marine ecosystems.

Evolution and ecology of hosts and their microbiome: a computational framework for hypothesis testing

Itay Daybog, Oren Kolodny

Department of Ecology, Evolution & behavior, HUJI

itay.daybog@mail.huji.ac.il

The host-associated microbiome may significantly influence its host's ecology and evolutionary dynamics, and recent developments in sequencing technologies provide an unprecedented view of these complex communities. However, for historical reasons and due to the complexity of the multi-level dynamics that are involved, there are few generative computational frameworks in this field. We will implement a simple modular framework, which will support the exploration of eco-evolutionary dynamics and will allow explicit hypothesis testing regarding microbiome assembly at the level of the host population, microbiome transmission dynamics, and possible influence of microbes on their host's fitness. Here, we present the planned framework and demonstrate its utility with results from a preliminary implementation, exploring a number of fundamental questions: (1) What is the ratio between acquisition of microbes from the environment to transmission from other host individuals that is necessary in order to preserve microbial diversity? (2) How would contribution of microbes to their host fitness interact with population dynamics of the host? (3) How would seemingly arbitrary assumptions about microbiome assembly dynamics at the level of the individual influence microbiome composition over host generations? The non-intuitive results of these simple explorations highlight the potential of theoretical frameworks for improved understanding of host-microbiome dynamics.

Anterior Segmentation in Arthropods

Oren Lev

Hebrew University of Jerusalem, Department of Ecology, Evolution and Behavior

oren.lev@mail.huji.ac.il

Arthropod segmentation has been in the spotlight of Evo-Devo studies for many years, but the vast majority of these studies focused on trunk/abdominal segmentation and rarely on the head, specifically the brain segments. Arthropods have a tripartite brain, divided between the three anterior-most segments, which form earlier than all other segments. Studies done on distant arthropod clades such as spiders, centipedes and holometabolous insects showed that the segment polarity gene *hedgehog* is expressed during the formation of these anterior segments in all cases. This raises the hypothesis that anterior segmentation is a conserved arthropod developmental process, in contrast to trunk segmentation, which varies greatly in arthropods. However, not much else is known about *hedgehog* function in anterior segmentation, nor about the function of other segment polarity genes. To study anterior segmentation and its relation to the hedgehog pathway and the Wnt pathway, which is expressed in a similar spatial and temporal manner, I looked at the expression and knock down phenotypes of related genes in the hemipteran *Oncopeltus fasciatus* and the spider *Parasteatoda tepiderarium*. *hedgehog* is expressed in the same manner in *Oncopeltus* as in *Parasteatoda*, further supporting the hypothesis that the anterior segmentation process is indeed conserved across arthropods. The knock down of *patched*, a repressor for the hedgehog pathway, resulted in different phenotypes in *Oncopeltus* and *Parasteatoda*, showing that the developmental process is similar, yet not without differences between the two species.

Vocal communication of the White Spectacled Bulbul (*Pycnonotus xanthopygos*)

Aya Marck¹, Avihai Biton², Yoni Vortman², Yizhar Lavner³, Oren Kolodny¹

1 - The Department of Ecology, Evolution and Behavior, The Hebrew University of Jerusalem.

2 - Department of Animal Sciences, Tel-Hai College.

3 - Department of Computer Science, Tel-Hai College.

ayamarck@gmail.com

The White Spectacled Bulbul (*Pycnonotus xanthopygos*) is a common and widespread species, that has not been extensively studied. It is characterized by tight social bonds between individuals and a large repertoire of vocalizations ("words" and songs). We suggest that study of Bulbul vocal communication, particularly of communication outside of a mating context, may lead to insights about the purpose and meaning of the calls and about the ecological impact of such communication.

In a preliminary study conducted over the years 2016-2017, at 3 sites in the Upper Galilee region, we have found that the White Spectacled Bulbul has a wide range of complex vocalizations which repeat themselves; that different Bulbul populations have different dialects; and that the "words" are comprised of base units (syllables) which are repeatedly found in different words and dialects. Further, based on our observations, the variation in syllable order seems to follow certain regularities, suggesting possible importance to syllable order.

In the poster I will present some preliminary findings about the apparent regularities in Bulbul vocalizations from the Hula valley and will outline an experimental scheme designed to link vocalizations to other dimensions of Bulbul behavior. The study will leverage the species' widespread distribution and the relative fearlessness of Bulbuls to allow high-resolution recording of behavior, coupled with vocalizations, to be compared across sites in different geographical regions. These comparisons will help to elucidate the ways in which vocalizations in general, and dialect differences in particular, influence and relate to the species' ecology and behavior.

Light Pollution elevates stress in diurnal and nocturnal rodents

Hagar Naim, Ava Benjamin, Noga Kronfeld- Schor

Tel Aviv University, I. Meier Segals Garden for Zoological Research

Hagarnaim1@gmail.com

During the last centuries, with electricity becoming very accessible, the use of artificial light has increased dramatically, together with human urbanization. Throughout evolution, organisms were exposed to natural light, and used it as a reliable source of information. They use the direction, timing, duration and spectral characteristics of the light to learn about their location, time of the day and year. In this research we studied the effects of light pollution on stress levels of diurnal and nocturnal rodents. The study was conducted at the Zoological Research Garden at Tel Aviv University, where we have 8 3X3m outdoor enclosures populated with two rodent species under semi-natural conditions. The diurnal golden spiny mouse (*Acomys russatus*) and the nocturnal common spiny mouse (*A. cahirinus*). The animals were exposed to artificial light at different wave length (white, yellow and blue, 10 lux) all through the night, and two control enclosures which were not exposed to artificial light. In order to assess the stress level that the rodents endure due to the exposure, we measured fecal cortisol levels, and tested them in a classical behavioral paradigm for stress, the elevated plus maze (EPM). The results show very clearly that exposure to all artificial light colors increase the level of cortisol compared to the control group. Furthermore, female golden spiny mice had significantly higher cortisol compared to males in all treatments and a similar non-significant trend was observed in common spiny mice. Even though the cortisol response was similar in both species, EPM results were different: in common spiny mice, high cortisol level was associated with reduced time in the open arms as expected, while in the golden spiny mice high cortisol level was associated with significantly increased time in the open arms. These findings are highly important to the growing field of light pollution studies, and for nature conservation.

Insights into the evolution of Myxozoa mitochondrial genomes

Tatiana Orli Sandberg Raileanu ¹, Dorothee Huchon ^{1,2}

1 – School of Zoology, George S. Wise Faculty of Life Sciences, Tel Aviv University.

2 – The Steinhardt Museum of Natural History and National Research Center, Tel Aviv University.

tatianaorli@gmail.com

The Myxozoa comprise a class of cnidarian parasites that encompasses over 2,400 species. The phylogenetic relationships among myxozoans remain highly debated, due to both a lack of informative morphological characters and a shortage of molecular markers. The use of mitochondrial genomes has been proposed for the study of myxozoan relationships due to their richness of informative characters at the nucleotide, amino acid, and gene organization levels. However, only six myxozoan mitochondrial genomes have been sequenced to date, belonging to two closely-related genera: *Enteromyxum* and *Kudoa*. Here we present the complete mitochondrial genome sequence of five members of the genera *Myxobolus*, *Theohanellus* and *Sphaeromyxa*, assembled from Illumina and Nanopore reads.

Unlike *Kudoa* and *Enteromyxum*, which possess partitioned mitochondrial genomes, the five mitochondrial genomes were encoded on a single circular chromosome. Only five protein-coding genes could be recognized in all the myxozoan genomes: *cox1*, *cox2*, *cytb*, *nad1*, and *nad5*. We also found that both the *Myxobolus* and *Theohanellus* species share unknown open-reading frames. Our phylogenetic reconstructions based on conserved mitochondrial genes agree with previously published trees based on the 18S rRNA gene. Our findings confirm that mitochondrial sequences offer a useful tool for the identification of myxozoan species, and that they complement the phylogenetic inferences based on 18S rRNA. The results strengthen the view that the ancestral mitochondrial genome of myxozoan was encoded on a single circular chromosome; and, therefore, that its genome fragmentation is a derived state.