

Válasz Prof. Rimóczi Imre opponensi véleményére

Mindenek előtt szeretném megköszönni Dr. Rimóczi Imre professzor úr értekezésemmel kapcsolatos kritikai észrevételeit, méltató szavait, és hogy a dolgozatot nyilvános vitára alkalmasnak tartja.

A következőkben szeretnék válaszolni az észrevételekre és felmerült kérdésekre.

Megértem opponensem véleményét a célkitűzéssel-bevezetéssel kapcsolatban, miszerint a célkitűzésekkel lehetett volna kezdeni a dolgozatot, magam azonban követni szerettem volna azt az elterjedt utat, hogy az általános kérdések, problémák vázolása után fejtssem ki a megválaszolásra váró kérdéseket és a vizsgálatok célkitűzéseit.

Az opponensi véleményben megfogalmazott fejlődésélettani szerep alatt azt értve, hogy az ektomikorrhizaképző gombák kizárólagosan gazdanövényeikkel kapcsolatban képesek termőtestképzésre, valóban nem hangsúlyosan, csak egy mondat erejéig kerül megemlítésre a bevezetés 8. oldalán. A termesztésre vonatkozóan a sivatagi szarvasgombákkal kapcsolatban a 33. oldalon tesztek rövid utalást. Ezeknél a gombáknál több komoly biotechnológiai fejlesztésre volt szükség (szuharfélék családjába tartozó gazdanövény mikroszaporítása, speciális táptalaj kidolgozása (MH-táptalaj (MORTE és HONRUBIA neveiből)) ahhoz, hogy több területen Dél-Spanyolországban kivitelezhető legyen termesztésük.

Opponensem észrevétele igaz, valóban nem történik részletes kifejtése annak, hogy az ECM-képző gombák funkcionális heterogenitása miként befolyásolhatja ezek termőtest irányú termesztésbe vonását. Érdekes jelenség, hogy a gombák háromdimenziós, makroszkopikus, komplex soksejtű képleteik leginkább a spóráképzéssel kapcsolatban alakulnak ki (Nagy, Kovács, Krizsán, 2018), és ezek mindennapjainkban a legismertebb formái az ivaros termőtestek. Néhány olyan komplex soksejtű képlet fordul elő, mely nem spóráképzéshez köthető, mint például a rizomorfák vagy épp az ektomikorrhizák. Érdekes evolúciós jelenség, és nem teljes mértékben ismert a háttere, hogy ECM-képzést csak olyan leszármazási vonalakon ismerünk, ahol kialakult a komplex soksejtű termőtestképzés képessége is. (Vannak olyan ECM képzők, melyek jelen tudásunk szerint nem képeznek termőtestet, de ezek leszármazási vonalaiban is kialakult a termőtestképzés képessége.) Tehát úgy tűnik, az ECM képzés képessége összefügg a termőtestképzés képességével. Bízhatunk abban, hogy a termőtestképzés funkcionális és összehasonlító genomikai vizsgálatai, melyben nemzetközi szinten is jelentős bázist képvisel Nagy G. László szegedi csoportja, előrevisznek annak megértésében, hogy mik lehetnek a kulcs-történetek, szabályozási lépések a termőtestképzés folyamatában. Ezeknek az eredményeknek mind a mikorrhizás, mind a szaprotróf gombák termesztésében hatalmas jelentősége lehetne.

Egyetértek opponensemvel abban, hogy a meglévő, egyre inkább megismert funkcionális diverzitás sok esetben előrevetíti azt is, hogy nehezen képzelhetők el általános protokollok, például pont az ECM képző gombák termesztésbe vonásánál.

Egyetértek opponensemnek a *Tuber* nemzetséggel kapcsolatos véleményével, miszerint a csoport taxonómiája továbbra is sok kérdést vet fel. Sajnos – bár erre voltak törekvések, és

kisebb fajcsoportok esetében sikerült is – alapos taxonómiai revíziója a nemzetségnek nem készült el. Az ún. „kis fehér” *Tuber* fajok között is számos új taxont írtak le úgy az utóbbi években, hogy valószínűleg csak növelni sikerült a csoportot jellemző taxonómiai bizonytalanságokat.

A susulykák nemzetségére sok taxonómiai, nevezéktani és különböző fajkonceptiók okozta félreértés jellemző; ezekre a problémákra világítanak rá opponensem észrevételei, kérdései is. Szeretném kiemelni, hogy nem volt célunk az *Inocybe* nemzetség taxonómiájának problémáival foglalkozni. Továbbá nem végeztünk módszeres termőtestgyűjtést a mintavételi területeinken, ezért nem jelent megbízható információt, ha egy, akár gyakori faj termőtestei nem kerültek begyűjtésre. Termőtesteket leginkább azért szállítottunk a laboratóriumba, hogy a későbbi, esetleges kísérletes munkáinkhoz próbáljunk belőlük izolálni, de hasonlóan a nemzetközi tapasztalatokhoz, *Inocybe* termőtestekből soha nem sikerült izolálnunk. Az felmerült ötletként, hogy a hazai homokterületeinkre jellemző, vagy jellemzőnek gondolt fajok taxonómiai kérdését érdemes lenne tisztázni – ez azonban csak „lógna a levegőben” egy, az egész nemzetségre kiterjedő, morfológiai vizsgálatokat, molekuláris filogenetikai elemzéseket és a típusok tanulmányozását is magába foglaló teljes körű revízió nélkül. Szerencsére több nagy műhely köré (Európában ELLEN LARSSON–JUKKA VAURAS (Skandinávia) és DITTE BANDINI–BERNHARD OERTEL (Németország), míg Amerikában PATRICK B. MATHENY) csoportosulva is folyik jelenleg ez a munka, és remélhetőleg rövidesen megismerhetjük eredményeiket. Ezen, a nemzetségre jellemző taxonómiai bizonytalanságok miatt is a susulyka nemzetség revíziójában, feldolgozásában élen járó műhelyek publikációit, koncepcióit szerettük volna követni. Például KROPP és mtsai (2010) részben revideálták az *I. splendens*/*I. phaeoleuca* kérdéskört. Mi azért alkalmaztuk a kládjainkra ezen neveket, mert jelenleg a molekuláris és morfológiai vizsgálatok tükrében két külön fajnak tekintik őket, és mert a mi szekvenciáink megegyeztek MATHENY, illetve LARSSON és VAURAS koncepciói szerinti *I. splendens* és *I. phaeoleuca* taxonokkal.

Egyetértek opponensem a susulyka fajok gazdanövényeit, elterjedési területeit érintő felvetéseivel. Véleményem szerint, különösen a jelentős elterjedési területtel rendelkező taxonoknál, nagyon nehéz kérdés a terület- és/vagy gazdaspecifitás, és bár ITS szinten konspecifikusnak tekinthetők eltéréseket mutató élőhelyekről/gazdákról származó találatok, egyáltalán nem biztos, hogy a (látszólagos) taxonómiai egyezés mögött nincs jelentős funkcionális különbség. Az *I. subporospora* széles gazdakörű fajnak tartott, a felsoroltak mellett például Észtországban *Helianthemum* fajról is izolálták.

Opponensem kérdésére, hogy miért maradt ki az *I. heimii* név az elemzésekből, szintén egy még fel nem oldott taxonómiai ok a magyarázat. Morfológiai alapon *Inocybe heimii* fajnak határozott példány ITS szekvenciáját első „körben” bevontuk az elemzéseinkbe, és ez azonos lett a területről *I. agardhii* fajként határozott termőtestekből származó ITS szekvenciákkal. Több ECM-mintánk csoportosult ezen két termőtest-szekvenciával és adatbázisokból származó szekvenciákkal együtt, de sajnos típusanyagból származó szekvencia hiányában nem tudtunk megbízhatóan nevet rendelni ehhez a kládhoz. Az adatbázisokban (különösen a „felügyelt”, és minőségi szűréssel működő UNITE-ra utalnék itt) lévő azonos szekvenciákat mind *I. agardhii* vagy *Inocybe* sp. néven deponálták. Jelenleg mindössze egy *I. heimii*-nek határozott minta szekvenciája található meg a GenBank-ban, mely szintén a fent említett *I.*

agardhii szekvenciákkal egyezik meg (LSU alapján). Ezek alapján elmondható, hogy az *I. heimii* és az *I. agardhii* típusanyagainak vizsgálata nélkül nem lehet eldönteni, hogy esetleg nem konspecifikusak-e. (Ha igen, akkor az *I. heimii* csak szinonimja lenne az *I. agardhii*-nak.) Ahogy a dolgozatomban is szerepel, sajnos a korábban részletesen jellemzett, *I. heimii* faj által képzett ECM vizsgálataiból nem állt olyan példány rendelkezésre, mely alapján a konspecifitás tisztázható lett volna.

Még egyszer szeretném hangsúlyozni, hogy az *Inocybe* nemzetség taxonómiai, nevezéktani problémáinak – akár részleges – megoldása túlmutatott dolgozatomban bemutatott munkák célkitűzésein, azonban egyetértek opponensemvel abban, hogy a homoki, kiskunsági élőhelyek susulykáinak lehető legteljesebb feldolgozása, akár egy gyűjteményi revízióval együtt (ahogy opponensem is írta, a Természettudományi Múzeum gyűjteménye számos példányt tartalmaz), biztosan jelentős eredményekre vezetne. Remélhetőleg hamarosan elkészülnek a fent nevezett nemzetség szintű feldolgozások, és ezek is segítségére lehetnek egy ilyen munkának.

A fajnevek szerzőinek kiírásában követtem azt az egyre elterjedtebb gyakorlatot, hogy nem tüntetjük fel azokat a latin nevek kiírásakor (kivéve a taxonómiai részek, leírások „nevezéktan” blokkjaiban). Ez az eljárás nevezéktani értelemben nem hibás, abban azonban egyetértek opponensemvel, hogy legalább a taxonómiai vonatkozású részeknél érdemes lett volna kiírni a nevek szerzőit.

Arra a kérdésre, hogy miként alakulnak a molekuláris, sokszor kizárólagosan DNS-szintű vizsgálatok mellett egyes nemzetségek fajkonceptiói, teljes meggyőződéssel tudok válaszolni. Alapos, „jó taxonómiának” egyedül azt a lehető legteljesebb megközelítést tudom elfogadni, ami legalább a morfológiai fajfelismerés és molekuláris filogenetikai módszerek alkalmazásával, típusanyagok bevonásával jár el. Az összes komolyabb, jó taxonómiai revízió, munka így jár el. Természetesen, minél több további megközelítés (akár például biológiai fajfelismerés szerinti) kerül alkalmazásra, annál jobb, és annál biztosabban juthatunk jó döntésekre. A morfológiai fajfelismerés megkerülhetetlen, hiszen ezen koncepció alapján született a leírt taxonok döntő többsége, így korrekt összevetés nem indulhat ki másból, mint az alapos morfológiai összehasonlításokból. Például a *Terfezia alsheikii* faj esetében, már a mikroszkópos vizsgálatok során egyértelműen kiderült, hogy nem illik a jellegkombináció az addig ismert *Terfezia* fajokra, vagy éppen a *Diversispora jakucsiae* spóráinak részletes vizsgálatában Janusz Błaszowski nagy anatómiai tapasztalatai segíthettek annak eldöntésében, hogy az adott mintát érdemes tovább vizsgálni, mert valószínűleg egy új faj került izolálásra.

A kizárólagosan DNS szekvenciákon alapuló, mind gyakrabban erőltetett taxonómiai és nevezéktani törekvéseket semmiféleképp nem tudom elfogadni, és azokat a gombákkal kapcsolatban, még felvetés szintjén is, teljesen rossz iránynak gondolom. A dolgozatomban is utaltam azon nevezéktani javaslatokra (HAWKSWORTH és mtsai. 2016), melyek nemrég további publicitást is kaptak (HAWKSWORTH és mtsai. 2018) és azt erőltetik, hogy elegendő legyen pusztán DNS szekvencia adat, hogy az típusanyag legyen új taxonok leírásakor. Nehéz szavakat találni a javaslat abszurdításával kapcsolatosan, rengeteg tudományos és számos nevezéktani érv, megfontolás szól ellene. Éppen válaszom írásával egyidőben csatlakoztam

egy olyan nemzetközi kezdeményezéshez, mely próbálja összefogni mikológusok *tömegét*, akik teljes mértékben ellene vannak ennek a kezdeményezésnek, hogy pusztán DNS szekvenciaként leírható legyen egy taxon. Csak bízni lehet benne, hogy sikerül megakadályozni az efféle nevezéktani javaslatok elfogadását.

Az endofiton gombaközösségek gazdanövényeinek flórajellegével kapcsolatos észrevételt köszönöm, valóban, a speciális flóra hangsúlyozása tovább erősíti az adott gombák generalista jellegével kapcsolatos eredményeket.

Egyetértek opponensemnek a *Mattiolomyces terfezioides* növénykapcsolataival, mikorrhizáltságával kapcsolatos megjegyzésével, miszerint annak mikorrhizás stratégiája megkérdőjelezhető. Ennek tükrében különösen komoly kérdés lehet, hogy miért is érzi akkor annyira jól magát a tipikus, elegyes, homoki akácokban ez a faj. A szaprotróf fajok esetében is mutatkozhat egy erős, ámbar „indirekt” növényfüggés, lehet, hogy ezekben az élőhelyekben alakulnak ki azok az edafikus viszonyok, melyek kedveznek a gombának és annak termőtestképzésének. Egyetértek azzal, hogy molekuláris diverzitási vizsgálatok segíthetnének tisztázni az akác arbuszkuláris mikorrhizaképző gombákon kívüli gyökérkapcsolt partnereit, és ez érdekes képet adhatna ezen élőhelyek gombaközösségeiről.

Végül még egyszer szeretném megköszönni opponensem javaslatait, gondolatébresztő kérdéseit melyek további szakmai munkámat segítik, és nem utolsósorban dicsérő szavait.

Mosonmagyaróvár, 2018. április 29.

Kovács M. Gábor

HIVATKOZOTT IRODALMAK

Hawksworth DL, Hibbett DS, Kirk PM & Lücking R 2016. (308–310) Proposals to permit DNA sequence data to serve as types of names of fungi. *Taxon* **65**: 899–900.

Hawksworth DL, Hibbett DS, Kirk PM & Lücking R 2018. (F-005-006) Proposals to permit DNA sequence data to be used as types of names of Fungi. *IMA-Fungus* **9**: Myconames (v).

Kropp BR, Matheny PB, Nanagyulyan SG 2010. Phylogenetic taxonomy of the *Inocybe splendens* group and evolution of supersection “Marginatae”. *Mycologia* **102**: 560–573.

Nagy GL, Kovács GM, Krizsán K 2018. Complex multicellularity in fungi: evolutionary convergence, single origin, or both? *Biological Reviews* (online megjelent; DOI: 10.1111/brv.12418)