

Vélemény

Csősz Sándor "Kvantitatív morfológiai módszerek fejlesztése és alkalmazása hangya-taxonómiai vizsgálatokban" című MTA Doktori Értekezéséről

Csősz Sándor disszertációjában az elmúlt mintegy 10 év munkásságát foglalta össze a taxonómiai módszertani fejlesztésekben illetve ezeknek a hangya-taxonómiai kutatásban történt alkalmazása során elért eredményeire fókuszálva.

A pályázó által vezetett kutatások rendkívül időszerűek s új megközelítéseket, módszereket bevezető elméleti eredmények mellett nem kevés gyakorlati természetvédelmi jelentőséggel is rendelkeznek. Nem kétséges, hogy több évtizedes kutatói tevékenysége során Csősz Sándor a hangya-taxonómia nemzetközi szinten is kiemelkedő kutatójává vált.

A disszertáció többé-kevésbé a klasszikus értekezések formáját követi azzal az eltéréssel, hogy az egyes érdemi témákat feldolgozó alfejezetek (**5.2: NC Klaszterezés - egy új alkalmazás a biodiverzitás morfológiai mintázatainak felismerésére; 5.3: Az új módszertani elemek gyakorlati alkalmazása a biodiverzitás kutatásában - NC klaszterezés alkalmazása a Nyugat-Palearktikus hangya fauna taxonómiai feltárásában; 5.4: A *Malgasi Nesomyrmex* fauna taxonómiai feltárása**) önálló anyag és módszertani részt tartalmaznak. Ez a megoldás véleményem szerint teljesen elfogadható, és megkönnyíti a bíráló dolgát a dolgozat eredményeinek értelmezésében.

A dolgozat irodalomjegyzékkel együtt 123 oldal terjedelmű melyhez egy 38 oldalas függelék tartozik. A szerkesztés kissé széttagolt, külön fejezetszámot kapott a *Tartalomjegyzék* (1. fejezet) az *Előszó* (2. fejezet) és *A dolgozat felépítése* (3. fejezet). Maga a dolgozat azonban szépen kivitelezett, elütést, hibát szinte alig tartalmaz, számomra egyedül az ábraanyag szerkesztése volt zavaró. Sok helyen az ábrák annyira le lettek kicsinyítve (pl. 27, 28, 29. ábra) hogy magában a dolgozatban a dendrogram ágaihoz rendelt fajnevek olvashatatlanok voltak. (Szerencsére az eredeti ábrák OA publikációban jelentek meg és így a bíráló számára is elérhetőek voltak az eredeti nagyítható formátumban).

A szakmai kifejezések használata többnyire átgondolt, következetes, bár némi hiányérzetem volt, amikor a szerző azt taglalta, hogy a "*progresszív fajhipotézisek*" alapvetően nagyon közel állnak az "*elméleti - biológiai fajhipotézisekhez*". Mivel a dolgozatban több helyen előkerül a morfológiai faj - biológiai faj problematikája a különböző definíciók tucatjait ismerve (pl. Hey 2006: 10.1016/j.tree.2006.05.011, Queiroz 2007: 10.1080/10635150701701083, Hausdorf 2010: 10.1111/j.1558-5646.2011.01231.x) fontos lett volna a használt fogalmak pontos tisztázása.

A dolgozatban kissé zavaró a rövidítés jegyzék hiánya, mivel nem a szűkebb szakterületen dolgozó bírálóként beletelt egy kis időbe mire kiderítettem pl. mit is jelent a 32. oldalon az 1. táblázat aláírásában (URI tábla részlete) szereplő URI rövidítés (Uniform Resource Identifier).

A szerző a 4. fejezetében (Bevezetés és célkitűzés) kifejti a klasszikus taxonómiai gyakorlat modernizációjának szükségességét, és ennek megoldását a kvantitatív morfológiai elemzésekben, ill. ezek integratív környezetbe helyezésében látja. Ennek elősegítésére kifejlesztett egy új eljárást, melyet NC-klaszterezésnek (Nest-Centroid Clustering) nevezett el. Maga az eljárás valóban újszerű megközelítést tartalmaz, de alapjai a Robert Sokal és Peter Sneath nevével fémjelezhető numerikus taxonómiai (fenetika) iskolához vezetnek vissza, amely az 1960-as évek elején ugyan ilyen céllal jött létre, mint a mit a jelölt a dolgozatában több helyen is kifejt (mérhető, jelentős mennyiségű morfometriai adat súlyozás nélküli, objektív, matematikai módszerekkel történő klaszterezése). Épp ezért, számomra kissé meglepő volt, hogy a jelölt az általa kidolgozott módszert nem helyezte egy kissé tágabb kontextusba.

Mivel az NC-klaszterezés a klasszikus fenetika egy modern szemléletű alkalmazása magában hordozza annak minden előnyét és hátrányát. Ezért különösen üdvözlendő a 19. oldalon a módszer korlátait is taglaló 2. és 3. bekezdés (kritikus elemszám, homológia hiánya stb.).

A szerző az általa kidolgozott eljárás tesztelését több adatsoron is elvégezte, melyet az 5. fejezetben mutat be. Az 5.2.5.2 részben 3 kriptikusnak tekintett *Tapinoma* faj (*erraticum*, *nigerrimum* és *simrothi*) esetében demonstrálja a módszer 100%-os hatásosságát, azonban a hivatkozott 8. ábra aláírásában a piros színnel jelölt klaszternél a *Tapinoma subboreale* fajnév szerepel (a *simrothi* helyett)! A 2 kriptikus *Formica* fajnál végzett tesztelés (*F. cinerea*, *F. fuscocinerea*) esetében az UPGMA és a Ward módszer eltérő eredményt adott (9. ill. 10. ábra; 1 ill. 3 hibás osztályba sorolás) a 10. ábra azonban nem a 2 faj Ward módszerrel történő NC-klaszterezésének eredményét mutatja, hanem a 8. ábra duplikációja. Az UPGA ábrán 2 "outlier" előfordulás és 2 másik *cinerea* példány hibás klasszifikációját látjuk. Ez 35 *cinerea* példány esetén azt jelenti, hogy a vizsgált példányok 11,4%-a esetében hibás klaszterbesorolás történt. Az 50. oldalon azt írja, hogy a 2 outlier példány problémáját kezelte és besorolta a megfelelő fajba. A kérdésem az, hogy melyikbe? (Gondolom az információ a hiányzó 10. ábrán lenne).

A 2. táblázatban összehasonlítja 48 fajpáron a különböző módszerekkel (UPGMA, Ward, NMDS, K-means-NC, K-means) kapott klaszterbesorolás és a "progresszív fajhipotézis" közötti százalékos eltérést. Ha tüzetesebben megnézzük a táblázatot, akkor azt látjuk, hogy még a legpontosabbnak tekintett Ward módszerrel kapott eredmények is 0% és 17,71 % közötti eltérést mutatnak példányok "progresszív = biológiai?" fajbesorolásától. Ez különösen a *Tetramorium alpestre/impurum* fajpár esetében figyelemfelkeltő ahol 8,7% – 48,54% eltérést találunk a klaszterbe sorolásoknál. Ez mindenképp óvatosságra int és gyengíti a szerző által kitűzött célt: "...egy olyan algoritmus alapú módszer kidolgozását jelentette, amely képes automatizált morfológiai fajhipotézis alkotására, akár szakember előzetes hipotézis alkotása nélkül is." (p. 20).

Az 5.3 fejezetben a szerző a problémás Ny. Palearktikus elterjedésű *Temnothorax nylanderi* fajcsoport revízióját mutatja be, ahol az általa kidolgozott NC-klaszterezést

molekuláris taxonómiai módszerrel (COI gén Bayesian analízise) tesztelte. Az NC-klaszterezés eredményeit a Bayesian analízis jó egyezéssel erősítette meg, kivéve néhány speciális esetet, mint pl. a *Temnothorax crasecundus* - *T. crassispinus* fajpár mely a Bayesian analízisben egy teljesen kevert kláduszt alkot. A szerző véleménye szerint ezek a "taxonok" rendkívül hasonlóak és elkülönítésük még morfometriai módszerekkel is problémás (az eredeti cikkben ezt a megállapítást találjuk: *Molecular analysis reliably distinguished neither T. laconicus and T. lichtensteini nor T. crasecundus and T. crassispinus. This matches the slightly lower support of these taxa in the morphological analysis.*). Nem lehetséges, hogy itt valójában egy fajról van szó? Nyilván a kérdést objektíven nehéz eldönteni, de egy kiterjedtebb molekuláris taxonómiai vizsgálat (nukleáris és Mt., kódoló és nem kódoló gének bevonásával) segíthetne a helyzet megoldásában és magának az NC-klaszterezés mint módszer validálásában is.

A *T. nylanderi* fajcsoport *angustifrons* fajkomplex elterjedése érdekes biogeográfiai kérdéseket is felvet. A fajkomplex fajainak jelentős többsége Anatólia területéről illetve Kréta szigetéről került elő – kivéve 2 görögországi előfordulást, melyet a szerző behurcolásnak tekint. A krétai előfordulást azonban a Kréta-Rodosz hátságán keresztül történő negyedkori diszperzióval magyarázza. Jó lett volna az *angustifrons* fajkomplex biogeográfiai sajátosságait egy szélesebb kontextusban tárgyalni mivel Kréta ill. Karpathos-Rodosz szigete mintegy 12-9 m évvel ezelőtt a közép égei árok kinyílásával elszeparálódott egymástól. Még a Messinai sókrízis idején is jelentős távolság választotta el Krétát a Karpathosz-Rodosz hátságtól ezért a közép égei árok (angol rövidítéssel MAT) jelentős biogeográfiai barrier sok állatcsoport számára. Ha a fajkomplex tagjai a negyedkori alacsony tengerállást kihasználva kerültek krétára, miért nem találhatók meg Ciprus szigetén (vagy ez csak adathiányos terület?), ill. miért nem terjedtek át kontinentális Görögországra (ami nem volt annyira elszigetelt Anatóliától mint Kréta).

A dolgozat egyik kiemelkedő eredményének tekinthető a Malgash régió *Nesomyrmex* faunájának feltárása ahol a NC-klaszterezési eljárást gap statisztikai analízissel (PART) kiegészítve a 4 ismert fajhoz további 29 tudományra új fajt írt le. A kimutatott fajcsoportok közül a *N. hafahafa* fajcsoport Malgash endemizmus, amely afrikai kapcsolatokat mutat. Ez megint érdekes biogeográfiai kérdéseket vet fel. Madagaszkár szigetének ősi faunáját sokáig gondwanai maradványnak tekintették (old museum island), mára azonban kiderült, hogy ezen fajok jelentős része Madagaszkár mintegy 90 millió évvel ezelőtti teljes elszeparálódását követően került a szigetre. Az afrikai eredetű fajok sok esetben konkordáns módon az Eocén-Oligocén határán, amikor az alacsony tengerállásnak köszönhetően a tengeráramlások az afrikai partok felől Madagaszkár irányába mutattak (jelenleg pont fordított a helyzet). Vajon a *N. hafahafa* fajcsoport is bele illik ebbe a biogeográfiai képbe?

A fent említett észrevételek, kérdések inkább a szerző megállapításainak pontosítására irányulnak, és semmit sem vonnak le a dolgozat értékéből. Csósz Sándort a benyújtott doktori mű alapján egyértelműen alkalmasnak tartom az MTA doktora cím elnyerésére, és javaslom a nyilvános vita lefolytatását.

A tudományos eredmények közül a következőket emelem ki:

1. A klasszikus fenetikai vizsgálatokat továbbfejlesztve kidolgozta a Nest-Centroid Clustering (NC-klaszterezés) módszerét majd ezt a PART algoritmussal ötvözve egy

hatékony, határozást segítő alkalmazást hozott létre.

2. Revideálta a Nyugat Palearktikus *Temnothorax nylanderi* fajcsoportot s ennek során 9 a tudományra nézve új fajt írt le.

3. Feltárta a *Temnotorax nylanderi* fajcsoport biogeográfiai mintázatát és kimutatta, hogy a fajcsoport 2 fajképződési góccal rendelkezik a Peloponnészoszi-félszigeten és Anatóliában és a fajok posztglaciális európai elterjedését egy keleti és egy nyugati barrier befolyásolta.

4. Az általa kidolgozott PART analízissel kombinált NC-klaszterezés segítségével feldolgozta a Californian Academy of Sciences több évtized alatt felgyülemlett madagaszkári *Nesomyrmex* anyagát és az eddig ismert 4 faj mellé 29 a tudományra új fajt írt le.

Piliscsaba, 2019. január 20.



Csuzdi Csaba
egyetemi tanár, az MTA doktora