

Válasz Dr. Varga Zoltán Sándor véleményére

Köszönöm szépen a Tisztelt Bíráló rendkívül alapos, konstruktív és támogató bírálatát. Hálás vagyok, ahogy az elért eredményeim fontosságát, valamint ezeket a nagyközönség számára elérhetővé tévő természetfilmjeinket méltatta. Teljesen egyetértek Professzor Úrnak azzal a megjegyzésével, miszerint a modern genomika világában sem veszíti el fontosságát a terepi biológia. Sőt, véleményem szerint az egyre modernebb technológiák sok izgalmas módszerrel (és kihívással) hódíthatják meg a biológia iránt érdeklődő fiatalokat.

Az alábbiakban pedig részletesen válaszolok a nyilvános vitára felvetett kérdéseire.

- 1. A szerző konkrét vizsgálatokban megmutatta, hogy a nagy variabilitású mikroszatelliták alkalmasak a populációkon belüli genetikai variabilitás, illetve a rokonsági viszonyok feltárására. Mennyiben tekinti ezeket a mikroszatellita lókuszokat alkalmasnak arra, hogy a populációk terjedésével és/vagy izolációjával kapcsolatos múltbeli (pl. utolsó jégkorszak alatt vagy azóta végbement) változásokat részleteiben is jobban megismerhessük? (Utalva arra, hogy az arapapagájok tribuszával kapcsolatban említi, hogy ezeknek a Neotropiszban végbement adaptív radiációja során a Pleisztocén során is végbementek speciációk.)**

Nagyon köszönöm ezt a mélyreható, az evolúciobiológia és a konzervációgenetika időkáláinak összehangolását érintő, alapvető fontosságú kérdést. Professzor Úr kiválóan rávilágított arra a klasszikus módszertani dilemmára, amellyel a populációgenetikusok szembesülnek, amikor a jelenkori ökológiai folyamatokat próbálják elválasztani az evolúciós léptékű eseményektől.

A kérdésre válaszolva, a mikroszatellita (STR) lókuszok alkalmazhatóságát a múltbeli demográfiai változások rekonstrukciójában sajnos erősen korlátozottnak, de bizonyos modellezési keretek között értékes kiegészítő eszközök lehetnek. A mélyebb értékeléshez érdemes szétválasztani a markerek biológiai korlátait és a modern statisztikai lehetőségeket.

A mikroszatelliták legfőbb erénye az egyedi azonosításban a rendkívül magas mutációs ráta, ami egyben a legnagyobb hátrányuk is, ha mély evolúciós időben vizsgálódunk. A mikroszatelliták mutációi többnyire a lépcsőzetes mutációs modell (stepwise mutation model) szerint zajlanak. Ahogy azt az időléptékek és markerek kapcsolatát vizsgáló alapművek is részletesen levezetik (pl. Ellegren, 2004), hosszú evolúciós idő alatt ez elkerülhetetlenül mutációs homopláziához vezet. Vagyis egymástól független evolúciós vonalakon is kialakulhatnak azonos hosszúságú (méretű) allélok (Estoup et al., 2002). Ez a jelenség felülírja és felismerhetetlenné teszi a mélyebb múltbeli filogenetikai jeleket. A mikroszatelliták nagyfokú variabilitása miatt rendkívül nehéz megkülönböztetni, hogy a fajok közötti allélmegosztás a közelmúltbeli génáramlás (hibridizáció) vagy a közös ős (ancesztrális polimorfizmus) eredménye-e.

Bár a fajképződési események finom felbontására a mikroszatelliták a homoplázia miatt alkalmatlanok, az utolsó jégkorszak alatti és az azt követő posztglaciális populációdinamikai változások vizsgálatára korlátozottan használhatók. A modern koaleszens (ősökre visszatekintő) modellezési technikák, mint a közelítő Bayes-féle számítások, lehetővé teszik komplex demográfiai scénáriók tesztelését (Beaumont, 2010). A mikroszatellita adatok alapján szimulálható, hogy egy recens populációs palacknyak-effektus, izoláció vagy expanzió mikor következett be, így kimutathatóak a jégkorszak alatti refugiumok nyomai is. Ahogy a

dolgozatomban is bemutattam, a mikroszatellita alapú tájgenetikai vizsgálatok jól azonosítják a földrajzi akadályok génáramlást korlátozó hatását, közvetett bizonyítékot szolgáltatva a tájképi szintű mikro-evolúciós folyamatokról.

Ahhoz, hogy az arák pleisztocén kori adaptív radiációját teljes részletességében megérthessük, a mikroszatelliták tehát önmagukban már nem elegendőek. Ahogy arra a disszertációm jövőbeli kutatási irányokról szóló fejezeteiben is utalok, a megoldást a genomszintű pontmutációs (SNP) markerek és a teljes genom szekvenálási (WGS) adatok jelentik. A SNP-k mutációs rátája nagyságrendekkel alacsonyabb, a homoplázia esélye minimális, és a genomból kinyerhető több tízezer vagy millió SNP marker lehetővé teszi a mély evolúciós szétválások és a jelenkori ökológiai izoláció egyidejű, pontos és egymástól független modellezését. Jelenlegi, az Ausztrál Kutatási Tanács által támogatott DECRA kutatásaim során már ezen genomszintű megközelítéseket alkalmazom, amelyekkel hatékonyan hidálhatjuk át a Professzor Úr által említett ökológiai és evolúciós időléptékek közötti szakadékot.

2. A szerző Schweizer munkáira hivatkozva említi, hogy az Indomaláji térség papagájokkal történt kolonizációja több ízben is végbement az utóbbi 28 millió év alatt. Mennyiben érintették ezek a folyamatok Új-Guineát, illetve mennyiben járultak hozzá ahhoz, hogy ez a szubkontinens értékű sziget faj-sokféleségi forrásponttá válhasson?

Az Indomaláji térség kolonizációja és Új-Guinea biodiverzitási forrásponttá válása a papagájok evolúciójának egyik nagyon izgalmas fejezete, amely tökéletesen példázza a geológiai és biológiai folyamatok összefonódását. A Schweizer és munkatársai által leírt 28 millió évvel ezelőtti (késő-oligocén) kolonizációs hullámok megértéséhez érdemes Új-Guinea szerepét térben és evolúciós időben kettéválasztani.

Amikor az Ausztráliából az Indomaláji térség felé tartó korai kolonizációs hullámok megindultak (kb. 28 millió éve), Új-Guinea a mai masszív, szubkontinensnyi kiterjedésű formájában még nem létezett. A terület nagy része sekély tenger alatt állt. Ugyanakkor az Ausztrál- és a Csendes-óceáni közetlemezek közeledésével kialakuló vulkanikus szigetívek (a proto-Pápua szigetvilág) hidat képeztek. Ahogy azt Schweizer et al. (2010) a „taxon pulse” modelljükben levezetik, a papagájok evolúcióját nem kizárólag a kontinensvándorlás okozta izoláció, hanem az óceánokon és szigetíveken keresztül történő aktív diszperzió és alapító eseményhez köthető fajképződés (founder-event speciation) is hajtottak. Ezek a formálódó szigetek kulcsfontosságú ökológiai ugródeszkeként szolgáltak a papagájok számára az Indomaláji térség többszöri, sikeres meghódításához.

Új-Guinea forrásponttá válásának igazi motorja a miocén és pliocén korokban (az elmúlt 12–4 millió évben) felgyorsuló hegységképződés volt. Az Ausztrál-lemez ütközése nyomán kiemelkedő, hatalmas kiterjedésű Central Cordillera hegylánc drasztikusan átalakította a régió klímáját és topográfiáját. Az Andok felgyűrődéséhez hasonlóan Dél-Amerikában (ami az Arini tribusz fajgazdagságát idézte elő), az új-guineai hegységképződés hatalmas, kiaknázatlan ökológiai nicheket hozott létre. Az újonnan kialakuló esőerdők, köderdők tökéletes terepet biztosítottak a szigeten rekedt, vagy oda újonnan érkező papagájfajok számára.

Ezek az új ökológiai lehetőségek robbanásszerű adaptív radiációt indítottak el. Ennek a folyamatnak az eredménye, hogy Új-Guinea ma a papagájok diverzitásának egyik globális forráspontja. Itt alakult ki és sugárzott szét a nektárfogyasztásra specializálódott lóriformák

(Loriinae) rendkívül fajgazdag alcsaládja az elmúlt mintegy 10 millió év során (Schweizer et al., 2015). Szintén a sziget egyedi, izolált ökoszisztémái tették lehetővé az olyan extrém morfológiai adaptációkat, mint amit a harkálypapagáj-rokonúak (Micropsittini) tribusza képvisel, ami a legapróbb papagájfajokat foglalja magába.

Összegzésként elmondható, hogy az Indomaláj térség 28 millió évvel ezelőtti kolonizációs folyamataiban proto-Új-Guinea először csak egy tranzit-zóna volt. Későbbi geológiai kiemelkedésével azonban egy gigantikus evolúciós tégellyé vált, amely nemcsak befogadta a különböző kolonizációs hullámokból származó vonalakat, de a hegységképződés adta ökológiai lehetőségek révén robbanásszerű fajképződést generált, kialakítva a mai páratlan papagáj fajgazdagságot a szigeten.

3. Az arapapagájok agyagfalakon táplálkozásával kapcsolatban megemlíti, hogy fiókáikat magvak, gyümölcsök mellett agyaggal is táplálják. Mivel az agyagfalaknál elhullajtott tollak alapján az ivararányok is becsülhetőkké váltak, tapasztaltak-e az agyagfalak látogatásában ivararány-eltolódást költési időszakon belül (vagy kívül), és lehetett-e arra következtetni, hogy a fiókák táplálásában a hímek és tojók milyen arányban vesznek részt?

Az agyagfalaknál végzett nem-invazív genetikai vizsgálataink a levedlett és begyűjtött tollak elemzése alapján pontosan erre az ivararány-eltolódásra és a mögötte húzóódó szülői munkamegosztásra világítottak rá.

A kutatásunk során az egyedi genotípusok alapján sikeresen azonosítottunk 129 hímét és 77 tojót az agyagfalakat látogató madarak közül. Sajnos a költési időszakon kívül nem történt mintavétel, de ilyenkor az agyagfalak látogatottsága is jelentősen lecsökken. Amikor az összes vizsgált agyagfal adatait összevontuk, statisztikailag szignifikáns hím-túlsúlyt mutattunk ki.

Ez a kimutatott ivararány-eltolódás közvetlenül magyarázható az arapapagájok költési időszakban megfigyelhető viselkedésokológiájával. Ebben az időszakban ugyanis a tojók idejük túlnyomó részét a fészekodúban töltik a tojások inkubálásával, majd a frissen kikelt, hőháztartásukban még instabil fiókák gondozásával. Eközben a hímek táplálék után kutatnak és rendszeresen eljárnak az agyagfalakhoz is, hogy megszerezzék a fiókák fejlődéséhez fontos ásványi anyagokat, amelyet a begyükben szállítanak vissza a fészekhez.

Ezt a hipotézist erősen alátámasztja az a genetikai „visszafogási” adatunk is, miszerint kétszer annyi hímét azonosítottunk ismétlődően a mintákban, mint tojót. A hímek tehát nemcsak nagyobb számban voltak jelen, hanem gyakrabban is látogatták ezeket a helyszíneket a fiókanevelés ezen fázisában. Fontos azonban hangsúlyozni, hogy az újabb vizsgálatok azt mutatják (Gabriela Vigo Trauco, 2020), hogy a szülői szerepek dinamikus alakulnak a fiókák fejlődésével. Amint a fiókák elérik azt a kort, amikor már képesek az önálló hőszabályozásra, a tojónak már nem kell folyamatosan a fészeken lennie. Ettől a ponttól kezdve a tojó is aktívabban bekapcsolódik a táplálék- és agyagszerzésbe a hím mellett.

Vizsgáltuk még az agyagfalakat látogató egyedek közötti rokonsági fokot is. Az eredményeink azt mutatták, hogy az átlagos rokonság egyetlen agyagfalnál sem volt magasabb az elvártnál (kivéve a kontrollcsoportot, amely ismert rokonságban álló egyedekből állt). Ebből két fontos következtetést vonhatunk le. Egyrészt a családi csoportok nem kötődnek exkluzívan és territórialisan egyetlen agyagfalhoz, hanem párhuzamosan többet is látogathatnak a területen.

Másrészt pedig a nem-invazív genetikai tollgyűjtés az agyagfalaknál módszertanilag rendkívül robusztus: valóban a teljes, szélesebb populációról ad reprezentatív képet, nem csupán egy-egy túlreprezentált kiterjedt rokoni csoportról.

Összességében tehát elmondható, hogy az agyagfalak látogatásában egyértelmű, funkcionális hím-túlsúly tapasztalható a költési időszakban, ami indikálja a hímek domináns szerepét a fiókák korai táplálék- és agyagellátásában.

Érdekességképpen szeretném még hozzátenni, hogy az arák e viselkedését közérthető és vizuális formában az „Egy bolygó hét világa” című 2019-es Attenborough sorozat Dél-Amerikáról szóló része is bemutatta, amit a természetfilmes stábbal Tambopatán forgattunk. Nagy büszkeség Sir David narrációjában hallani az ara szülők szerepéről a fiókanevelésben, ráadásul úgy, hogy az kutatási eredményeinken alapszik.

4. Szerepel-e a T. Pályázó közeljövőbeli tervei között, hogy áttekintő jellegű cikket közöljön a papagájokon (és esetleg más madarakon is) végzett genomikai vizsgálatokról, hogy ezzel is megalapozza a genomika egyelőre még erősen hiányos (lásd: „genetic tagging”) magyar nyelvű terminológiáját?

Köszönöm szépen Professzor Úrnak ezt a hiánypótló felvetését. Teljesen egyetértek azzal a megállapítással, hogy miközben a genomikai technológiák és módszertanok nemzetközi szinten rohamléptekben fejlődnek, a magyar nyelvű szakmai terminológia és nomenklatura lemaradásban van az angol irodalomhoz képest. Ennek a terminológiának a megalapozása, pontos lefordítása és a hazai szakmai köztudatba való átültetése nemcsak tudományos, hanem komoly felsőoktatási és nyelvművelési felelősség is.

Hasonló elgondolásból ösztönözve, 2022-ben Bankovics Attilával elkészítettünk egy átfogó tanulmányt a papagájalakúak magyar neveiről, ami az Állattani Közlemények hasábjain jelent meg. Mivel addig nem volt egy egységes magyar névlista, a természettudományi folyóiratokban, természetfilmek fordításaiban, vagy akár a Wikipédián is következtelen volt a fajok magyar névhasználata. A természetvédelmi jogszabályokban ez a gyakorlat, valamint a korábbi rendszertan alkalmazása, félreértelmezésre és jöghézagokra adhatnak okot. Ennek a névjegyzéknek egy mindenki számára elérhető online változatát azóta is frissítem, követve a rendszertan változásait.

Eddig ugyan nem szerepelt egy nagyobb volumenű, áttekintő jellegű genomikai cikk megírása a terveim között, de talán a disszertáció 11. fejezetét átdolgozott formában el tudnám képzelni egy magyar nyelvű tudományos folyóiratban.

Ugyanakkor a hazai tudománypromóció és a magyar biológiai szaknyelv ápolása érdekében egy sokkal átfogóbb, szélesebb közönséget célzó projekten is dolgozom. Az elmúlt évek során egy önálló könyv teljes kéziratán dolgoztam, amely magyar nyelven, közérthető, mégis tudományosan precíz (referenciákkal alátámasztott) formában tárja az olvasók elé a trópusi papagájok védelmében végzett interdiszciplináris kutatásaimat.

A több mint húsz fejezetből álló kötetben az eredmények leírása során tudatosan és következetesen törekedtem a modern konzervációgenetikai és ökológiai kifejezések szabatos magyar megfelelőinek használatára. Ahol a hazai szaknyelv hiányos, ott a fogalmakat magyarázóbban, kontextusba helyezve mutatom be, ezzel is érdemben hozzájárulva a hazai

nómenklatúra megszilárdításához. A tudományos adatok pusztá közlése helyett a kutatások célját és eredményeit izgalmas, narratív formában próbálom átadni, amelyben támaszkodtam a BBC Természettudományi Egységénél, valamint a független természetfilmek készítése során szerzett kommunikációs tapasztalataimra. Célom ugyanis, hogy a kötet ne csupán egy kutatási beszámoló legyen, hanem egy olyan edukációs eszköz, amely például motiválja a pályaválasztás előtt álló fiatal generációt a biológus és zoológus hivatás választására.

Bízom benne, hogy a megfelelő kiadó megtalálását követően ez a kiadvány hamarosan a hazai olvasóközönség, a hallgatók és a szakmai érdeklődők kezébe kerülhet, ezzel is szolgálva a modern természetvédelmi genetika hazai megalapozását.

Említett irodalmak:

- Beaumont, M. A. (2010). Approximate Bayesian Computation in evolution and ecology. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics*, 41(Volume 41, 2010), 379–406. <https://doi.org/10.1146/annurev-ecolsys-102209-144621>
- Ellegren, H. (2004). Microsatellites: Simple sequences with complex evolution. *Nature Reviews Genetics*, 5(6), 435–445. <https://doi.org/10.1038/nrg1348>
- Estoup, A., Jarne, P., & Cornuet, J.-M. (2002). Homoplasy and mutation model at microsatellite loci and their consequences for population genetics analysis. *Molecular Ecology*, 11(9), 1591–1604. <https://doi.org/10.1046/j.1365-294X.2002.01576.x>
- Gabriela Vigo Trauco. (2020). *Scarlet Macaw nesting ecology and behavior: Implications for conservation management* [PhD]. Texas A&M University.
- Schweizer, M., Wright, T. F., Peñalba, J. V., Schirtzinger, E. E., & Joseph, L. (2015). Molecular phylogenetics suggests a New Guinean origin and frequent episodes of founder-event speciation in the nectarivorous lories and lorikeets (Aves: Psittaciformes). *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 90, 34–48. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2015.04.021>

Még egyszer nagyon köszönöm Professzor Úr alapos bírálatát.

Tisztelettel,

Oláh György

Budapest, 2026. június 18.