

Gombák evolúciója

Ha az „evolúció” szóra keresünk találatokat az interneten, a hagyományos értelmezések, viták mellett olyan párosítások is felbukkannak, mint a „nyelv és evolúció”, „evolúció és játékelmélet”, „tanulás és evolúció”. Úgy tűnik, az utóbbi évtizedekben újra felfigyeltek az evolúcióra, és a biológiában is előretörték az evolúciós kutatások.

Az evolúció Darwin óta a biológiai kutatások homlokterében volt – **mondja Papp Tamás, a Szegedi Tudományegyetem Mikrobiológiai Tanszékének docense, aki hamarosan lezárja „Hogyan változik az evolúció sebessége?” című NKFI-projektjét.** – Az utóbbi időben a kísérleti eszköztár rendkívüli mértékben kibővült. Különösen a genom feltérképezése, a „genomszekvenálás” és a gének funkciójának vizsgálata vált könnyebbé, ami hatalmas lehetőséget tárt fel az evolúció kutatásában.

A projektünkben két gombamodell fejlődéstörténetét vizsgáljuk. A molekuláris szintű kutatásokban a gombák kutatása némi „lemaradást” mutat a növényi, állati és emberi vizsgálatokhoz képest.

Miért?

A kutatás egyik célja az evolúció általános törvényszerűségeinek megértése volt. Ebbe beletartozik, hogy megértsük, a ma élő biodiverzitás milyen szabályok és feltételek mentén alakult ki. Gombák esetében kevés információval rendelkezünk a fajképződés mintázataival kapcsolatban, ezért például a mi evolúciós vizsgálatainkhoz is több gén szekvenciáját is meg kellett határozni nagyon sok faj esetében.

Milyen kérdésekre kerestek választ?

Részben arra, hogy a robbanásszerű fajképződések mennyiben járultak hozzá a gombadiverzitás – a fajgazdagság – kialakulásához. Mikor, hányszor voltak robbanásszerű fajképződések a gombák történetében? Mi állhatott ezeknek a hátterében?

Növények és állatok esetében jól dokumentált a különböző ökológiai változásokhoz – akár az éghajlati változásokhoz, akár a földrajzi viszonyokhoz – való alkalmazkodás jelentősége a fajképződésben. A gombák körében ezek a változások, az eddigi vizsgálatok alapján, nem tűntek hangsúlyosnak, ezért felmerült, hogy vizsgáljuk meg más háttér folyamatok szerepét: ilyenek lehetnek például a kulcs-innvációk.

Ezek olyan belső innovációk, tulajdonságok, amelyek megjelenése valamilyen módon ledönti a fajképződés gátjait. Például új életterek benépesítését tehetik elérhetővé, vagy egyszerűen csökkentik a kihalás gyakoriságát, és ezzel „kinyitják a kaput” új fejlődési vonalak kialakulása előtt.

Tudja a gomba, hogy innovációra van szüksége?

Dehogy. Az evolúciós újítások apró, véletlenszerű változásokra épülnek, és sok ilyen változás elvész, ha nem előnyös vagy éppen hátrányos az élőlény számára, míg néhány megmarad, fixálódik a populációban. Azok, amelyek fixálódnak, bizonyos körülmények között robbanásszerű fajképződéshez vezethetnek.

Szeretnénk tehát kinyomozni, hogy valóban léteznek-e robbanásszerű fajképződési események a gombák evolúciós történetében és ezek mennyiben köthetők kulcs-innovációkhoz.

Hogyan lehet erre következtetni a mostani élőlényekből, hogyan fejtik vissza a történet szálait?

Az ma élő fajok rokoni viszonyait leíró filogenetikai törzsfák szolgálnak erről információt. Bioinformatikai módszerekkel a törzsfákból kinyerhető a fajképződés és kihalás ütemére vonatkozó információ. Lényegében olyan csoportokat és földtörténeti időszakokat keresünk az adatok alapján, amelyekben a fejképződés vagy kihalás sebessége hirtelen változást mutat. A kutatáshoz két eltérő evolúciós utat bejáró gombacsoportot választottunk. Az egyik az *Agaricales* rend, amely a jól ismert „kalaposgombákat”, mintegy 13 000 fajt magába foglaló csoport – ennek analízisét Nagy László kollégám (Lendület Gomba Genomika és Evolúció Kutatócsoport, MTA SZBK) koordinálta. A *Mucoromycotina* ősi csoport, melynek tagjai a legősibb szárazföldi élőlények közé tartoznak.



Mindkét csoportban kijelöltük a fejlődéstörténeti, filogenetikai vizsgálatra használt géneket, és nagyszámú gombatörzs esetében megállapítottuk ezeknek a géneknek a szekvenciáját. A nagyobb *Agaricales* csoportban 2-3000 fajt reprezentáló törzsből „szekvenáltuk meg” a kiválasztott géneket, amelyeket már meglévő szekvenciákkal kombinálva egy közel 5300 fajt tartalmazó adatsort kaptunk, ez a legnagyobb valaha előállított és analizált gomba-adatsor. A *Mucoromycotina* esetében egy kisebb, 400 fajból álló adatsort építettünk. Kettő-négy gén adataiból állítottunk elő adatsorokat. Az *Agaricales* esetében teljes genomadatokból egy „segítő” adatsort is összeszereltünk, ehhez kevesebb fajból több mint 600 gén szekvenciáját használtuk.

A több ezer faj adatait tartalmazó, nagy adatsorokból – tehát a genetikai adatok alapján – törzsfákat készítettünk: ezek reprezentálják a fajok egymáshoz való rokonsági viszonyait, és a szekvenciák alapján az is kiderül, hogy milyen ütemben zajlott a fajképződés. A törzsfákhoz időbeli információt is rendelhetünk. Ehhez nagy segítséget nyújtanak a fossziliák, amelyek abszolút kalibrációt, időpont-meghatározást tesznek lehetővé.

A filogenetikai törzsfákon modelleztük a fajképződést potenciálisan befolyásoló tulajdonságok megjelenését, szétválását: mintegy a fákra vetítettük, rájuk térképeztük a tulajdonságok evolúcióját. Az *Agaricales* rend esetében ilyen tulajdonság

például a termőtestkezdemények fejlődésének módja, a termőtest kialakulása, a termőtest-típusok megjelenése. Az egyik fontos modellezési mód, az ősi karakterállapot-rekonstrukció megpróbálja megbecsülni, hogy a ma ismert jellegek közül melyik lehetett az ősből, és ez a törzsfá melyik elágazásához legközelebb jelenhetett meg.

Az *Agaricales* csoportban több mint száz ponton változott a fajképződés sebessége – ez önmagában is új eredmény, és robbanásszerű változást eddig csak mi igazoltuk a gombák esetében. De ennél tovább megyünk. Az ősi karakterállapot-rekonstrukció eredményeként például a termőtestkezdemények evolúciójában is érdekes jelenséget figyeltünk meg.

A termőtest hozza létre azt a kalapos szerkezetet, amit a gombán látunk; ebben találhatók a gomba terjedéséhez szükséges spórák. A termőtestkezdemény lehet teljesen nyílt, lehet bizonyos fejlődési fázisban zárt, és van teljesen zárt típus is.

Azt láttuk, hogy ha a teljesen nyílt és a félig zárt (valamilyen fázisban zárt) állapot közül kialakul az egyik, a fejlődés során megjelenhet a másik forma is: ezek a formák oda-vissza alakulhatnak. De ha egy fejlődési ágon megjelenik a zárt termőtestkezdemény, az már nem alakul vissza nyitottá vagy félig zárttá. Ezekben a csoportokban az evolúció preferált iránya a zárt termőtest-kezdemények kialakulása felé mutat.

Azt még meg kell vizsgálnunk, hogy ez kulcs-innováció-e, megelőzte-e ez a tendencia a robbanásszerű fajképződést.

Ezzel újabb betekintést kaphatunk abba, hogy milyen folyamatok határozzák meg az evolúciót, mitől alakulnak ki új fajok, mi hozza létre a változatosságot a Földön.

A kutatás során hatalmas mennyiségű fejlődéstörténeti, filogenetikai adat képződött, amely a vizsgált csoportok rendszertani besorolására, a korábbi rendszertani besorolás javítására vagy a gombatörzsek azonosítására használható. A világ minden pontjáról gyűjtöttünk a partnereinktől – elsősorban – gombamintákat, amelyek feldolgozásakor új fajokat, sőt, új csoportokat írtunk le. A gombák földrajzi elterjedéséről is nagy adatsorokat állítottunk elő; ezek akár a gombák azonosításában, akár a környezetvédelmi, természetvédelmi biológiában is felhasználhatók. Ezt szintén a munka fontos eredményének tartom.

Az évek során felhalmozott tudás vezethetett a most elnyert Lendület-programjához.

Két Lendület-programról is beszélhetünk, mert Nagy László kollégám, aki az Agaricales-kutatások szakértője ebben a projektben, 2014-ben kapott támogatást egy gombaevolúciót kutató csoport alakítására; ő most az MTA Szegedi Biológiai Kutatóközpontjában dolgozik. Én pedig idén nyertem a Lendület II-pályázaton, és olyan csoportot hozhatok létre, amely a gombák betegségek okozó képességét, patogenitását tanulmányozza. Eddig főként a másik modellcsoportban, a *Mucoromycotina*-csoportban vizsgáltuk a patogenitás evolúciós hátterét: arra kerestük és keressük a választ, hogy milyen tulajdonságok megjelenésével korrelál egy élőlény kórokozó képességének a kialakulása.

2016. október