

V I T A R O V A T

KIIGAZÍTÁSOK ÉS TOVÁBBGONDOLÁSOK, AVAGY: MI KÖZE A ZÁRVATERMŐKNEK AZ ETIKÁHOZ?

PODANI JÁNOS

ELTE TTK, Biológiai Intézet, Növényrendszertani és Ökológiai Tanszék,
1117 Budapest, Pázmány Péter sétány 1/C., podani@ludens.elte.hu

Elfogadva: 2008. július 4.

Bevezetés

A 8. flórakutatási konferencián¹ elhangzott előadásának összefoglalójában, illetve a LÁNG EDITet köszöntő kiadványban megjelent cikkében BORHIDI ATTILA (2008ab) a zárva-termők filogenetikai és rendszertani vizsgálatainak tanulságairól szól. Megjegyzéseit, mint az igen hamar kiderül, hangsúlyozottan nekem címezi, mert szükségesnek látja egy általam írt tankönyv (PODANI 2003, 2007) „néhány állítását és szemléletét kiigazítani, illetve tanulságait továbbgondolni”. Így megszólítván és kommentárjait elolvasván a szakmai vonatkozások továbbgondolásával csak egyetérteni tudok, mert egy olyan témáról van szó, amely nagymértékben igényli azt. Állításaim és szemléletem kiigazításával kapcsolatosan viszont konkrét megjegyezni valóim vannak, vagyis szükségesnek tartom BORHIDI (2008ab) egyes állításainak és szemléletének alaposabb vizsgálatát, kiegészítését, akár kiigazítását is, bár – mint majd látni fogjuk – nemcsak szemléletbeli kérdésekről van szó. Aki pedig elsősorban az etikai problémák iránt érdeklődik, s kevésbé foglalkoztatják a zárva-termők osztályozásával kapcsolatos viták, akár tovább is lapozhat a befejező részhez.

A rendszer-szemlélet kérdése

Az egyik alapvető kifogás az, hogy adós maradtam a „rendszer-alkotással, illetve a párhuzamosan folyó rendszertani kutatások bemutatásával”, figyelmemet és az Olvasó figyelmét – többek között – saját közleményére (BORHIDI 2007b) irányítva. Az általa bírált tankönyvem megírásával azonban éppen a legfrissebb, és igen figyelemre méltó molekuláris filogenetikai eredményeknek az oktatásba való beépítése volt a célom, s ez mindvégig erőteljes rendszertani keretben történt. A C függelék részletesen meg is adja a szárazföldi növények egy lehetséges, és a filogenetikai eredményekkel összhangban lévő osztályozását, amely a mohákat minimum rendi szinten, a harasztokat, nyitva-termőket és zárva-termőket ugyancsak rendi, és család szinten foglalja össze, s amelybe minden recens szárazföldi növény besorolható. Nyilvánvalóan a könyvem mindkét kiadásából (PODANI 2003, 2007) kimaradó, a rend és törzs közötti szinteken elhelyezkedő

¹ Aktuális Flóra- és vegetációkutatás a Kárpát-medencében VIII., Szent István Egyetem, Gödöllő, 2008.

kategóriák kéretnek rajtam számon, de ezek mellőzése egyszerűen indokolható: mindaddig célszerű várni velük, amíg a molekuláris alapon végzett elemzések alapján konszenzusra nem jutunk a zárwatermők főbb evolúciós vonalainak egyértelműségéről. A zárwatermők esetében egyébként P. F. STEVENS (2001–) állandóan frissített honlapját vettem alapul, amely minden más forrásnál felkészültebben és leginkább naprakészen foglalja össze a legújabb fejleményeket, azaz a „rendszer” természetesen nem a saját javaslatom. Tankönyvről lévén szó, talán túl is löttem a célon, hiszen 460 zárwatermő családot sorolok fel, nagyjából összhangban az általános vélekedéssel [az APG II (2003) 457, HASTON és mtsai (2007) 479, HEYWOOD és mtsai (2007) pedig 506 zárwatermő családot különítenek el]. Az említett BORHIDI (2007b) -féle közleményt persze eleve nem vehettem figyelembe időrendi okokból, de érzésem szerint nem tehettem volna ezt meg akkor sem, ha mondjuk 2002-ben jelenik meg. Sajnálattal állapítottam meg ugyanis, hogy az *Acta Botanica Hungarica*-ban közölt cikk struktúrája igen sajátos: az egymondatos abstract (vagy bevezetés?) után néhány kulcsszót olvashatunk, amelyeket a zárwatermő rendszer enumerációja követi, majd a listát egy kb. 20 tételes bibliográfia zárja le. Számomra *ennek* a cikknek a szemlélete kérdéses elsősorban, hiszen semmiféle magyarázatot nem kapunk arra, milyen elvek alapján oszthatók fel a zárwatermők két altörzsrre, három osztályra, kilenc alosztályra, 27 főrendre és 71 rendre. A családok száma mindössze 257, ami messze alatta marad a fent említett értékeknek, mutatva, hogy a „rendszer szemléletű vetület” igencsak hiányos és olyan családokat is mellőz, amelyeket BORHIDI (2008b) maga is fontosnak tart másutt megemlíteni (pl. *Hydatellaceae*, *Rafflesiaceae*)! Nem derül ki ugyanakkor a kérdéses cikkből, hogy hol vágódnak el a törzsfá ágai az alosztályok és főrendek kialakításakor, mi a szerző vélekedése parafiletikus csoportjairól (pl. a *Magnoliophytina* altörzs, *Magnoliopsida* osztály, *Ranunculidae* alosztály, *Ericanae* főrend), miért „paleoherb” a részben fásszárúak alkotta *Austrobaileyales*, miért van a *Malpighiales* két olyan alrendre felosztva, amelyek egyáltalán nem tükrözik a renden belüli – részben már ismert – filogenetikai viszonyokat, és így tovább. A hierarchikus osztályozások között egyébként éppen akkora eltérések mutatkozhatnak, ha nem nagyobbak, mint az alternatív kladogramok között. BORHIDI (2007b) osztályozása például erősen eltér az általa nagyon hasonlónak ítélt, az övével egyidejűleg közölt THORNE és REVEAL (2007) -féle javaslatától. Ez utóbbi eleve csak osztály szinten kezeli a zárwatermőket (*Magnoliopsida*), benne 12 alosztállyal, 25 főrenddel, 87 renddel és 472 családdal – vagyis a két osztályozás közötti jelentős különbség már első látásra egyértelmű.

A törzsfá és az osztályozások viszonya egyébként egyáltalán nem szimmetrikus. DAWKINS (1994) fogalmazta meg legjobban az evolúcióbiológusok közös álláspontját, miszerint: élő szervezetek bármely halmazára csak egyetlen helyes törzsfá van, ami egy objektív történeti folyamat, a filogenezis rekonstrukciója. Egy adott törzsfá alapján, akár helyes akár nem, nagyszámú hierarchikus osztályozás készíthető (pláne, ha a parafiletikus taxonokat is megengedjük), amelyek mindegyike viszont már gondolati absztrakció, sohasem lehet mentes a kutató személyes döntéseitől, és mindig függ a klasszifikáció céljaitól. Míg helyes törzsfáról lehet beszélni, abszolút érvényű *helyes osztályozásról* bizonyosan *nem*². Szélsőségesen platonista rendszerezők sem gondolhatják komolyan, hogy egy hierarchikus osztályozást úgy kell felismerni és felfedezni, mint mondjuk

² A téma részletes kifejtését lásd MAYNARD SMITH (1990) könyvének 4. fejezetében.

Pitagorasz tételét. Mindezek alapján talán érthető, hogy az élővilág filogenetikai rendszerezésében a törzsfá az elsődleges, a teljesen hierarchikus osztályozás másodlagos, és az evolúciós szempontok jobban érvényesíthetők a törzsfá-orientációjú diszkusszióval, mint bármelyik, belőle – vagy nem belőle – származó klasszifikációra alapozó tárgyalásban. (Mindez LINNÉnek, a hierarchikus osztályozás bevezetésével szerzett érdemeit a legkisebb mértékben sem csökkenti. Az csak egy érdekes, történetietlen és ezért megválaszolhatatlan kérdés marad: vajon mit szőtt volna ő egy törzsfá láttán?) Mint már utaltam rá, s később is jelzem, még várunk kell arra, hogy a jelen kor hatalmas mennyiségű molekuláris eredménytömege egy viszonylag stabilis törzsfába konvergáljon, amely már megbízható alapot jelenthet egy sokszintes hierarchikus osztályozás kialakításához is.

Összevonjunk vagy hasogassunk?

A „fatermelő” molekuláris kladsztikus irányzat képviselőiről szólva BORHIDI (2008b) megjegyzi, hogy amíg nagyobb családokat összevonnak, addig „szép csöndben” számos új növénycsaládot is bevezetnek a rendszertan irodalmába, így maguk is beállnak a „skatulyázók” táborába. Ezen a ponton mindenképpen ide kívánczik egy kiegészítés; mégpedig annak magyarázata, hogy mikor és miért alkalmazza a kladsztika az összevonás vagy a skatulyagyártás műveletét, illetve annak tisztázása, hogy ezek teljesen önkényes, vagy pedig kellően megindokolt lépések-e. A kladsztikára alapozott osztályozás voltaképpen egyik műveletet sem részesíti előnyben *a priori* a másikkal szemben. Az a fontos, hogy a parafiletikus taxonok lehetőleg teljesen tűnjenek el a rendszerből, míg a taxonok számát és méretét illetően nincs semmiféle elvárás. A rendszerezőre van bízva, hogy a parafiletikusságot hogyan oldja fel: összevonással, vagy új taxonok kialakításával. Ennek ellenére a legtöbben úgy érzik, hogy a taxonok számát nem kell feleslegesen szaporítani (APG II 2003) és csökkenteni is lehet, adott esetben például családok egybeolvasztásával. Ezt a lépést a rokon taxonok parafiletikussága mellett az is indokolhatja, hogy a belső filogenetikai viszonyok még nem teljesen tisztázottak – vagy ha igen, akkor az evolúciós vonalak még a korábbi alcsaládokkal sem vágnak egybe, tehát a nómenklatúra túlságosan bonyolulttá válna. Az *Apocynaceae* család esete pontosan ezt példázza: önállóan parafiletikus, de az *Asclepiadaceae*-vel összeolvasztva egy nagy *Apocynaceae s.l.* családba már monofiletikus taxont kapunk. A felhasogatásos technika is szóba jöhetne ugyan a családon belüli kategóriák előléptetésével, de a korábbi *Apocynaceae* alcsaládok némelyike (pl. *Rauvolfioideae*) szintén parafiletikus önmagában, tehát a családok számának jelentős növelésére lenne szükség, hogy mindegyik monofiletikusra szűkített taxont fedjen le.

Érdeemes a többi, BORHIDI (2008b) említette családról is szólnunk. A *Chenopodiaceae* és *Amaranthaceae* összeolvasztását az első – plasztisz gének elemzéséből kiderülő – parafiletikus jellege támogatja, míg együtt biztosan monofiletikusak. Az is igaz viszont, hogy vannak molekuláris eredmények, amelyek a kettő testvércsoporti relációját támasztják alá, s ha ezt a jövőbeni vizsgálatok is megerősítik több gén és nagyobb taxonhalmaz alapján, akkor nyugodtan visszaállítható a két eredeti család. Molekuláris értékelések alapján vált egyértelművé, hogy a korábbi *Hippuridaceae* és a *Callitrichaceae* családok fajai extrém virágredukciós vonalakat képviselnek egy nagy *Plantaginaceae*-n

belül, ahova sok más, korábban a *Scrophulariaceae* családba sorolt taxon (pl. *Veronica*) is besorolható, és amibe a *Globulariaceae* is beolvadt. Az útifűfélék megnövelt családjá tehát megint csak a fúziós megoldást példázza: ha nem ezt választanánk, számos új családot kellene kreálnunk. Az először kibővült, majd eredetire zsugorodott *Brassicaceae* család pedig azt illusztrálja, hogy a molekuláris elemzések előrehaladtával egy korábbi, elsietett vélemény is megcáfolható. A molekuláris kladisztika önrevízióra is képes, amikor a felgyülemelő evidenciák amellet szólnak, hogy mégis tartsuk meg a klasszikus *Capparaceae*, *Cleomaceae*, és *Brassicaceae* famíliákat külön-külön, hiszen egyenként is monofiletikusnak bizonyultak.

A molekuláris kladisztika eredményeire alapozott új családok megjelenését is többféleképpen indokolhatjuk. A *Muntingiaceae* például monofiletikus csoportként egyesít olyan génuszokat, amelyek nyilvánvalóan összetartoznak – s amelyeket mintegy anomáliaként foglaltak bele korábban egyéb családokba (*Elaeocarpaceae*, *Tiliaceae* vagy éppen a *Flacourtiaceae*). A *Muntingiaceae* egyértelműen a *Malvales* rendbe tartozik és egy érdekes, élősködőket összesítő kis család, a *Cytinaceae* testvércsoportja (NICKRENT 2007). Itt mutatkozik meg leginkább a molekuláris kladisztika ereje: a parazita életmódú, morfológiailag és a plasztisz-gének alapján osztályozhatatlan fajok filogenetikai pozíciója is megállapítható, pl. a sejtmagban kódolt rDNS felhasználásával. A *Boryaceae* fajait korábban az *Anthericaceae*-be sorolták (DAHLGREN et al. 1985), de attól távol kerültek minden kladogramon, s különállásuk egyértelműnek látszik, míg a rokon családokkal való viszonyuk még nem tisztázott teljesen. A megoldást egyelőre (v. esetleg véglegesen) egy új család kialakítása jelenti. Az *Anemarrhena* és *Behnia* monotipikus génuszait valóban család szinten is elkülönítették mintegy tíz évvel ezelőtt, ugyancsak erőteljes molekuláris kladisztikai különállásuk okán, de ezeket ma inkább egy tágabban értelmezett és monofiletikus *Agavaceae* családba sorolják, az *Anthericum*okkal egyetemben. A még megemléített *Xeronematacaee* esetében az indokolja a család szintű elkülönítést, hogy még legalább egy tucatnyi családdal kellene ezt összevonni, hogy műveletünk monofiletikus taxont eredményezzen.

Látható tehát, hogy a kladisztikai klasszifikáció döntései megfelelő érvekkel alátámaszthatók. Az is igaz persze, mint láttuk, hogy molekuláris alapon is lehet elsietett döntéseket hozni, amelyek viszont nem elhamarkodottabbak a hagyományos – mondjuk úgy: *hierarchiatermelő* – taxonómia sokszor indokolatlan vagy megmagyaráz(hat)atlan javaslatainál. Abban a folyamatban, amelynek során az elemzésbe vont gének és a taxonok száma növekszik, a filogenetikai rekonstruáló módszerek pedig egyre szofisztikáltabbá válnak, egyre közelebb jutunk ama nagyon keresett törzsfához, az Élet Fájához. De –felidézve KOCH SÁNDOR (2005) szavait – ez mindig közelítés lesz, egyfajta szukcesszív approximáció, mert a végleges megoldás voltaképpen elérhetetlen, és az eredmény sem verifikálható. Ez azonban ne szegje kedvünket, előbb utóbb eljutunk arra a pontra, amelyen már gond nélkül össze tudjuk majd egyeztetni a filogenetikai rekonstrukció és a taxonómiai klasszifikáció szempontjait.

Az „alapi helyzet” problematikája

A bizonytalanságokkal terhelt, de egyre pontosabb közelítésre jó példa a zárwatermő törzsfá gyökerénél való keresgélés. A plasztisz-géneket felhasználó értékelések zöme az Új-Kaledónián élő *Amborella trichopoda* egyedüli alapi helyzetét támasztja alá (MOORE et al. 2007, JANSEN et al. 2007), bár egyes vizsgálatok, különösen ha mitokondriális géneket is bevonunk, már egy *Amborella* – *Nymphaeales* közös kládot jeleznek. A mitokondriális genom használhatóságával kapcsolatban azonban maguk az elemzők is meglehetősen szkeptikusak (SEBERG és PETERSEN 2006). Különösen sok gondot okozhat a mitokondriális genom labilitása, a mitokondriumok összeolvadása (ezáltal a rekombináció), valamint a zárwatermőknél nemrég megismert horizontális géntranszfer – azaz génátadás a törzsfá távol álló ágai között. Elegendő, ha RICHARDSON és PALMER (2007, 7. old.) konklúzióját idézzük: „Mivel mostanra már eléggé világos, hogy a növényi mitokondriumok gyakran cserélik génjeiket, óvatosságra van szükség az egy vagy akár több mitokondriális génre alapozó törzsfák interpretálásában, mivel azok esetleg nem a valós leszármazási viszonyok tükröződi. Szerencsére, a múltban végzett és a tervezett molekuláris filogenetikai vizsgálatok plasztiszgéneket használnak, amelyek lényegileg mentesek a horizontális génátadástól”³. Ennek alapján mindenképpen félrevezető, ha az *Amborella* – *Nymphaeales* közös klád létét állítjuk be eldöntött tényként – mert bizony BORHIDI (2007ab) tárgyalásmódja teljes mértékben ezt sugallja. Hasonló a helyzet az *Acorales* rend alapi helyzetével az egyszikűeken belül, és ennek felcserélésével az *Araceae* családdal [ami egyébként nem a *Dioscoreales* rendbe, hanem az *Alismatales* rendbe tartozik (vö. pl. FRIIS et al. 2004), ellentétben BORHIDI (2008b, 199. old.) megjegyzésével].

Az *Amborella trichopoda* alapi helyzetével kapcsolatban BORHIDI (2008b) megjegyzi még a következőket: „Nehezen is képzelhető el, hogy egy sziget hegyi esőerdeinek aljnövényzetében rejtőzködő, egyivarú kis virágokkal rendelkező növény lenne az »atyja« az összes fás és lágyszárú zárwatermőnek, és hogy ilyen reliktum helyzetből indult volna el hódító útjára a növényvilág legnépesebb csoportja”. Ez az egy, hatásosnak tűnő mondat önmagában is olyan vaskos evolúcióbíológiai és biogeográfiai tévedések egyvelege, és annyira félreviszi az olvasó gondolkodását, hogy mindenképpen reagálnom kell rá. Ha úgy tetszik: ki kell igazítanom a benne rejtőzködő szemléletet. Az a tény, hogy az *Amborella* az összes többi *ma élő* zárwatermő testvére a molekuláris törzsfán egyáltalán nem azt jelenti, hogy övé lenne az „atya”, vagyis a közös ős szerepe! A törzsfá valójában arra utal, hogy a zárwatermők közös őseitől a ma élők közül az *Amborella* vonala vált el először. Igen sok egyéb leágazás is lehetett még, de azok nem éltek túl az évmilliókat, s emiatt nem is számolhatunk velük. Az általunk *ma Amborella trichopoda*-nak nevezett faj pedig nyilvánvalóan nem ugyanaz, mint mondjuk egy százmillió évvel ezelőtti populáció az adott evolúciós vonalon, hanem maga is evolválódott időközben (bár tudjuk, sok ősi tulajdonságot így is megőrzött). Egy faj mostani reliktum jellege nem jelenti szükségszerűen azt, hogy elődei is reliktum helyzetben voltak: a reliktum szó jelentése éppen

³ Ugyanezek a szerzők mutatnak rá, hogy éppen az *Amborella* az, amely jelenlegi ismereteink szerint a mitokondriális gének horizontális átvételében csúcstartó a zárwatermők között. Mitokondriális genomjából 26 idegen gént azonosítottak, s a donorok között zárwatermők és mohák (!) is vannak.

az, hogy egy korábban szélesebb elterjedésű populáció maradványáról van szó. Az *Amborella* vonal elkülönülése idején pedig, amely >120 millió évvel ezelőttre tehető, Új-Kaledónia nem is volt sziget (kb. 65 millió éve vált le Ausztráliáról, COLEMAN 1980), rajta nem lehetett mai értelemben vett hegyi esőerdő (hiszen a társulásalkotó fajok zöme feltehetőleg még nem is jelent meg a Földön) – ha az a vidék hegyes és esős volt egyáltalán. Végezetül: az egyivarú kis virág ősi jellege korántsem zárható ki az alsó kréta időszak paleobotanikai leletanyaga alapján (FRUIS et al. 2006).

Egy kis szövegelemzés

„Őriző nézéstek Londonra vetüljön!”

(B. Csányi Johanna)

Ujjaim mozgását a klaviatúrán mostantól már nem a szakmai vita heve, hanem a döbbenettel vegyes megrökönyödés látja el energiával. BORHIDI (2008b) fejtegetéseit a zárwatermők homopláziájáról (a 202. oldaltól a 209.-ig) kezdetben egyetértően olvastam. Kis idő múlva azonban a mondatok és fordulatok egyre ismerősebbé váltak számomra. Lényegileg az én tankönyvem (PODANI 2003) 182–186. oldalán található összegzés itt-ott kibővített változatával találtam magam szemben! BORHIDI számos mondatomat gyakorlatilag egy az egyben veszi át, a bekezdések belső struktúrája, a gondolatmenet gyakran azonos, a példák is nagy arányban megegyeznek, még sorrendjükben is. Az általam írt szöveg más része kozmetikázás és töltelékiszavakkal való manipuláció áldozata lett egy szimpla átírási folyamatban, míg az idézőjelek és a szöveg forrásmegjelölései elmaradnak; a két-három „vö. Podani” jellegű utalás és könyveimnek a bibliográfiában való feltüntetése pedig korántsem menti a helyzetet⁴. A kérdéses oldalak elolvasása és összevetése után nyilvánvalóvá válik, hogy itt nem csupán továbbgondolásról, hanem valójában igen súlyos plagizálásról van szó⁵. (Az olló már előre fel volt melegítve, vö. a „poros herbáriumi lapok” és a „lepkeháló”, PODANI 2003, 7. old., és BORHIDI 2007a, 1. old.). Miután azonban BORHIDI cikke kimondottan az én szemléletem kiigazítását célozza, vagyis voltaképpen engem javít ki saját magammal, akkor elmondhatjuk, ez nem csupán a szerzői joggal való visszaélés, hanem egy nehezen minősíthető, roppant sajtóságos viszonyulás mások írásaihoz. S ha valaki most nem értené, hogy miért beszélek mások nevében is, az hasonlítsa össze C. A. STACE angol nyelven még 1980-ban megjelent növényrendszertan könyvének bevezető részeit (5–14. oldalak) és BORHIDI zárwatermőkről szóló tankönyvét 1995-ből (a 11. oldaltól), s megállapíthatja: az utóbbi nem csupán STACE munkájára való egyszerű „támaszkodás” – hanem fordítás.

⁴ Illusztrációul álljon itt egyetlen mondat azok számára, akiknek nincs meg a könyvespolcán mindkét kötet. PODANI (2003, 185. old.): »A rovarokkal történő beporzásra való áttérés feltehetőleg már a nyitwatermő stádiumban, a rovarokban igen gazdag trópusi környezetben bekövetkezhetett, azaz az első tényleges zárwatermők rovarbeporzásúak voltak. «BORHIDI (2008b, 208. old.):» A rovarokkal történő beporzásra való áttérés feltehetőleg már a nyitwatermő stádiumban, a rovarokban gazdag trópusi környezetben bekövetkezhetett, azaz az első tényleges zárwatermők rovarmegporzásúak voltak.«

⁵ *Idézet* abból a nyilatkozatból, amelyet az ELTE TTK összes szakdolgozó diákjának alá kell írnia: „... dolgozatomban önálló munkám eredménye, saját szellemi termékem, abban a hivatkozások és idézések standard szabályait következetesen alkalmaztam, mások által írt részeket a megfelelő idézés nélkül nem használtam fel.”

Köszönetnyilvánítás

Hálás vagyok mindazoknak, akik eme cikk megírásában tanácsokkal és megjegyzésekkel segítettek, és megjelenését lehetővé tették.

IRODALOM – REFERENCES

- The Angiosperm Phylogeny Group. 2003: An update of the Angiosperm Phylogeny Group Classification for the orders and families of flowering plants: APG II. *Bot. J. Linnean Soc.* 141: 399–436.
- BORHIDI A. 1995: *A zárvatermők fejlődéstörténeti rendszertana*. Nemzeti Tankönyvkiadó, Budapest.
- BORHIDI A. 2007a: A zárvatermők rendszertana a molekuláris filogenetika szemszögéből. Egyetemi jegyzet. Pécsi Tudományegyetem, Növényrendszertani és Geobotanikai Tanszék, Pécs.
- BORHIDI A. 2007b: An attempt to transform molecular cladistic trees of angiosperms into a comprehensive system. *Acta Bot. Hung.* 49: 305–310.
- BORHIDI A. 2008a: A zárvatermők molekuláris filogenetikai és rendszertani vizsgálatának néhány tanulsága. Melléklet a *Kitaibelia* XIII. évf. 1. számához.
- BORHIDI A. 2008b: A zárvatermők molekuláris filogenetikai és rendszertani vizsgálatának néhány tanulsága. In: KRÖEL-DULAY GY. et al. (szerk.), *Talaj-vegetáció-klíma kölcsönhatások. Köszöntjük a 70 éves Láng Editet*. MTA ÖBKI, Vácrátót, pp. 197–216.
- COLEMAN, P. J. 1980: Plate tectonics background to biogeographic development in the southwest Pacific over the last 100 million years. *Palaeogeography, Palaeoclimatology, Palaeoecology* 31: 105–121.
- DAHLGREN, DAHLGREN, R.M.T., CLIFFORD, H.T., YEO, P.F. 1985: *The Families of the Monocotyledons: Structure, Evolution, and Taxonomy*. Springer-Verlag, New York, USA, 520 pp.
- DAWKINS, R. 1994: *A vak órásmester*. Akadémiai Kiadó/Mezőgazda Kiadó, Budapest, 286 pp.
- FRIIS, E. M., PEDERSEN, K. R., CRANE, P. R. 2004: Araceae from the Early Cretaceous of Portugal: evidence on the emergence of monocotyledons. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* 101: 16565–16570.
- FRIIS, E. M., PEDERSEN, K. R., CRANE, P. R. 2006: Cretaceous angiosperm flowers: Innovation and evolution in plant reproduction. *Palaeogeography, Palaeoclimatology, Palaeoecology* 232: 251–293.
- HASTON, E., RICHARDSON, J. E., STEVENS, P. F., CHASE, M. W., HARRIS, D. J. 2007: A linear sequence of Angiosperm Phylogeny Group II families. *Taxon* 56: 7–12.
- HEYWOOD, V. H., BRUMMITT, R. K., CULHAM, A., SEBERG, O. 2007: *Flowering Plant Families of the World*. Royal Botanic Gardens, Kew, UK, 424 pp.
- JANSEN, R. K., CAI, Z., RAUBESON, L. A. et al. 2007: Analysis of 81 genes from 64 plastid genomes resolves relationships in angiosperms and identifies genome-scale evolutionary patterns. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* 104: 19369–19374.
- KOCH S. 2005: *Pillanat – ember – végtelenség*. Scientia, Budapest, 299 pp.
- MAYNARD SMITH, J. 1990: *Kulcskérdések a biológiában*. Gondolat, Budapest, 208 pp.
- MOORE, M. J., BELL, C. D., SOLTIS, P. S., SOLTIS, D. E. 2007: Using plastid genome-scale data to resolve enigmatic relationships among basal angiosperms. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* 104: 19363–19368.
- NICKRENT, D. L. 2007: Cytinaceae are sister to Muntingiaceae (Malvales). *Taxon* 56: 1129–1135.
- PODANI J. 2003: *A szárazföldi növények evolúciója és rendszertana*. Eötvös Kiadó, Budapest, 296 pp.
- PODANI J. 2007: *A szárazföldi növények evolúciója és rendszertana*. Eötvös Kiadó, Budapest, II. Kiadás, 300 pp.
- RICHARDSON, A. O., PALMER, J. D. 2007: Horizontal gene transfer in plants. *J. Exp. Bot.* 58: 1-9.
- SEBERG, O., PETERSEN, G. 2006: Mitochondrial DNA sequences in plant phylogenetics and evolution – symposium at XVII IBC, Vienna, Austria. *Taxon* 55: 833–835.
- STACE, C. A. 1980: *Plant Taxonomy and Biosystematics*. Edward Arnold, London.
- STEVENS, P. F. 2001: *Angiosperm Phylogeny Website*. Version 7, May 2006 [and more or less continuously updated since]. <http://www.mobot.org/MOBOT/research/APweb/>
- THORNE, R. F., REVEAL, J. L. 2007: An updated classification of the class Magnoliopsida („Angiospermae”). *Bot. Rev.* 73: 67–182.