

Bírálat

Pecsenye Katalin: *Védett lepkék populációinak genetikai diverzitása*
című MTA doktori értekezéséről

Bevezetés

A dolgozat Pecsenye Katalin Kárpát-medencében előforduló lepkefajokon végzett természetvédelmi orientációjú populációgenetikai vizsgálatainak összefoglalója. Mivel soha nem foglalkoztam lepkékkel és populációgenetikai vizsgálatot sem végeztem személyesen (pár ilyen témájú publikációban voltam társszerző) bírálatomat általános evolúcióbíróként, mintegy a tudományterületre kívülről tekintve végeztem el. Ebből, és a megnyugtató tényből miszerint a dolgozat szinte kizárólag publikált anyagot mutat be (azaz szakértő szerkesztők és bírálók kritériumainak már megfelelt), kiindulva a módszertant helyesnek fogadom el és a későbbi kérdéseimet is ebből az alapállásból teszem fel.

A populációgenetika az evolúcióbíró megkerülhetetlen szelete, fontosságát jól mutatja a központi szerepe a Modern Szintézisben, a területen megjelenő cikkek nagy száma és az alkalmazott molekuláris és statisztikai módszertan állandó fejlődése. A biodiverzitás megőrzése nem csak divatos hívószó a pályázatokban vagy az ismeretterjesztő könyvekben és filmekben, hanem az emberiség erkölcsi kötelessége és egyben elemi érdeke is. Ebben az erőfeszítésben központi szerepet kell, hogy kapjon a kutató biológus is, hiszen a helyes döntésekhez a személyes tapasztalatok és benyomások mellett tudományos alapokra is szükségünk van. Pecsenye Katalin témaválasztása tehát mind tudományosan, mind általánosságban is értékes. Véleményem szerint a lepkék mint jól diszpergáló csoport remek populációgenetikai modellek, tehát a védett/veszélyeztetett lepkefajok vizsgálatán nyugvó eredmények az alap és alkalmazott kutatás szempontjából egyaránt fontosak.

Pecsenye Katalin kutatásait (az MTMT alapján) 42 nemzetközi folyóiratcikkben publikálta két fő témában. A két téma egyikéből nyújtotta be az MTA doktori értekezését, 10 angol nyelvű folyóiratcikk (kumulatív impakt faktor kb. 14, hét cikk elsőszerzős), egy elsőszerzős kézirat és pár könyvfejezet anyagát mutatva be. Ez a teljesítmény bőven meghaladja az MTA Biológiai Osztályának szupraindividuais biológiában megfogalmazott követelményeit.

A dolgozat több mint 110 oldal szakmai szövegből, több mint 20 oldal irodalomjegyzékből és 25 oldalnyi függelékből áll. Szerkezetileg egy általános (közös) bevezetésből, általános (közös) célkitűzésekből, általános (közös) módszertani részből, a publikált eredményeket téma szerinti csoportosításban bemutató és magyarázó esettanulmányokból és általános (közös) következtetésekből áll. A dolgozatot jó volt olvasni, a remek „Esettanulmányok” rész sok érdekes mintázatot és interpretációt mutatott be, és az olvasó a dolgozatot annak tudományos értékéről meggyőzve tehetette le.

Mivel ez egy 'védés'-en megválaszolandó 'bírálat', a további méltatás helyett jöjjenek a kritikai észrevételek.

Megjegyzések – kisebb kérdések

- A cím – *Védett lepkék populációinak genetikai diverzitása* – túl általános, egy összefoglaló könyv benyomását kelti. Jobb lett volna akár taxonómiai, akár területi alapon szűkíteni.

- A dolgozat szerkezete. Számomra növelte volna az olvashatóságot, ha egy általános bevezető után rögtön az esettanulmányok rész következik, magába foglalva az adott vizsgálatokhoz tartozó módszertant is. Így a közös módszertani rész átrágása után az olvasó eléggé elfárad, ráadásul az adott vizsgálatok módszertanához később vissza kell lapozgatni.

- A célkitűzéseknél erősebb lett volna, ha azokat pontokba szedve és nem szövegbe rejtve kapjuk.

- A referenciáknak kb. 10%-a volt a dolgozat leadásához képest 5 éven belül publikálva (2012-től számolva). Ez elég alacsonynak tűnik egy ennyire kurrens témában, még akkor is, ha figyelembe vesszük, hogy a dolgozat alapjául szolgáló vizsgálatok egy része régebben készült. Meglepő, hogy Ilkka Hanski munkássága (lepkék, metapopulációk, genetika, kihalások) nem kapott komolyabb szerepet.

- Több esetben hasonlít össze becsléseket (pl. várható heterozigótaság, 8. old. 1.1 ábra; F_{ST} , 40. old. E1.1.2 táblázat; F_{IS} , 44. old. szöveg) azok konfidenciaintervallumának vagy egyéb, szórást, hibát, pontosságot leíró paraméterének figyelembe vétele nélkül.

- Az r vs. K stratégiák, vagy a fakultatív vs. obligát mirmekofília hatását a genetikai változatosságra egy-egy faj összehasonlításával teszteli a jelölt. Így a mintaszám

kategóriánként mindössze egy. Ilyen esetben a hipotézist támogató mintázatok dacára nem zárhatók ki alternatív hipotézisek.

- E.3.2 (85 old.). A szárnyméretet leíró főkomponensről honnan tudjuk, hogy nem egyszerűen a testméretet becsüli?

Fő kérdések

1, Többször is előkerül az a gondolat, miszerint a populációk közötti különbségek mögött főleg a drift áll és csak kisebb mértékben a lokális adaptáció. A legtöbb esetben nem egyértelmű, hogy pontosan mire vonatkozik az állítás, a fenotípusra, a genom fenotípust befolyásoló vagy a fenotípust nem befolyásoló részeire? A genom fenotípust nem befolyásoló szakaszaira nem hat szelekció, tehát itt a drift domináns szerepe triviális. Ugyanakkor a genom fenotípust befolyásoló szakaszai, illetve a fenotípus (aminek változatosságát az öröklődő és környezeti hatások együtt alakítják ki) esetében számomra nem egyértelmű a drift és az adaptáció viszonya. Mi alapján gondolja a jelölt, hogy a drift a fontosabb a populációk közötti mintázatok kialakításában?

2, Előkerül az az összefüggés is, miszerint magas génáramlás esetén mind a drift, mind a lokális adaptáció populációkat differenciáló hatásai csökkennek. Ezzel kapcsolatban merült fel bennem a kérdés, hogy milyen szintű génáramlásnál mondhatjuk, hogy két populációnk van magas génáramlással, illetve mikortól van egy populációnk populáción belüli genetikai struktúrával? Mi alapján definiál a jelölt egy populációt?

3, Erős drift esetén alacsony populáción belüli és magas populációk közötti genetikai változatosságot feltételez. Miben különbözik ez az erős lokális adaptációk esetén várttól?

4, Nagyon érdekes téma az életmenet stratégiák / ökológiai stratégiák és a drift / lokális adaptáció kapcsolata. Az r-K stratégiáknál az a hipotézis merül fel, hogy az r stratégia esetén az utódok túlélésében erős szerepet kap a véletlen, és így csökken a természetes szelekció

„ereje” és megnő a drift szerepe. Megfogalmaznék egy alternatív hipotézist: a K stratégiánál a szülői befektetés nagysága (pl. petébe juttatott tápanyagok mennyisége, utódgondozás) hatékonyan pufferele a környezeti változatosságból eredő szelekciós erőket az egyedfejlődés bizonyos szakaszaiban és ezért a drift szerepe felerősödik. Mi a jelölt véleménye a hipotézisemről? Illetve a dolgozatban megfogalmazott elképzelés alapján kimondható, hogy az egyedfejlődés bármely szaporodás előtti szakaszában generációról-generációra jelen lévő sztochasztikus mortalitás hasonló súllyal hat a lokális adaptáció ellen, mint például a génáramlás?

5, Több vizsgálatban is összehasonlítja a genetikai és fenotípusos változatosság különböző hierarchikus szintjeit – külön statisztikai modellekben. Nem lehetett volna bevetni a széles körben elterjedt Q_{ST} - F_{ST} összehasonlítás kicsit lebutított változatát, a P_{ST} - F_{ST} összehasonlítást? Ezen megközelítésben a populációk közötti fenotípusos szétválás mértékét (P_{ST}) vetik össze a neutrális genetikai szétválásával (F_{ST}), hogy kiderüljön a mintázat mögötti evolúciós mechanizmus ($P_{ST} \approx F_{ST}$: drift; $P_{ST} > F_{ST}$: szétválasztó szelekció; $P_{ST} < F_{ST}$: stabilizáló szelekció).

6, Bár pipettát gyakorlatilag még nem fogtam a kezemben, körülbelül nyolc évig dolgoztam „összezárva” populációgenetikussal és kvantitatív genetikussal. Ez alatt az idő alatt végignézhettem, ahogy a „legalább 10-15 egyed egy populációból 6-8 variábilis mikroszatellita markerrel vizsgálva már elfogadható becslést ad egy populáció állapotáról” megközelítés átment a „legalább 20-30 egyed kell lehetőleg 30-nál több variábilis mikroszatellita markerrel, de ha lehet, inkább következő generációs genomikai módszerekkel vizsgálva egy pontos becsléshez” megközelítésbe (ez utóbbi is öt éve volt). Milyen mintavétel lenne a jelölt ajánlása 2018-ban egy megfelelő anyagi háttérrel rendelkező új populációgenetikai projekthez?

Összefoglaló vélemény

Összességében egy sokszínű vizsgálatokból összeállított érdekes dolgozatot olvashattam. Számomra külön öröm, hogy Pecsénye Katalin a Magyarországon a tudományos súlyához mérten kevésbé intenzíven művelt természetes populációk populációgenetikája területen

hozott össze egy szép csokrot nemzetközileg is izgalmas eredményekből. A fentiek alapján Pecsénye Katalin doktori értekezésének nyilvános vitára bocsájtását támogatom és sikeres szóbeli védés esetén javasolni fogom a doktori mű elfogadását és az MTA Doktora cím odaítélését.

Budapest, 2018. 03. 19.



Herczeg Gábor

MTA Doktora

ELTE TTK Biológiai Intézet

Állatrendszertani és Ökológiai Tanszék