

ORSZÁGOS ONKOLÓGIAI INTÉZET

Főigazgató Főorvos: **Prof. dr. Polgár Csaba Ph.D., DSc**

✉ 1122 Budapest, Ráth György u. 7-9. ☎ Tel.: (+36) 1 224-8600; Fax: 1 224-8620; 🌐 Web: www.oncol.hu

Molekuláris Genetikai Osztály

OEP Kód: 015425010

Osztályvezető főorvos: **Prof. Dr. Patócs Attila DSc**

Bírálat

Dr. Kusza Szilvia: Genetikai diverzitás és filogenetikai kutatások Közép- és Dél-Európában élő domesztikált és vadon élő állatfajokban akadémiai doktori munkájáról

A doktori mű összesen 115 oldal. Ebből a munka szöveges része 85 oldal, 31 táblázatot és 27 szemléletes ábrát tartalmaz. Az irodalom jegyzék 20, a bemutatott kutatási területeket teljességgel lefedi.

A dolgozat szerkezete nem a klasszikus formát követi, hanem a pályázó kutatásait 8 fejezetben mutatja be. Ezek a fejezetek a 8 állatfajban elvégzett kutatásainak eredményeit ismerteti. Négy faj domesztikált állatfaj (juh fajták két munka, szarvasmarha és ló egy-egy munka), valamint négy vadon élő állatfajban (vaddisznó, mezei nyúl, sakál és dámszarvas) végzett kutatások egyenkénti, szerkezetileg is elkülönülő módon kerül a dolgozatban ismertetésre. Ezzel kapcsolatosan a bírálónak olyan érzése támadt, mintha nyolc cikket olvasott volna el egymás után, és nem egy egységes dolgozatot. A bevezetés rész, ami 2 oldal, illetve a „kutatásaim előzménye” címmel ellátott féloldalas szakasz szintén nem segítette a bírálót, azokban a kérdésekben, hogy mi a közös ezekben a vizsgálatokban, milyen, korábban nem tisztázott kérdés kivizsgálása indította el ezeket a vizsgálatokat a Jelölt. A régebbi irodalom összegzése, kitérve specifikusan ezekre az állatfajokra, mint modell fajokra, nagyban segítette volna megérteni, az ebben a témában járatlan bírálónak is a nagyobb ívű összefüggéseket.

A dolgozat szerkezete véleményem szerint szintén nem szerencsés, mert pl. a módszerek és eljárások szinte mindegyik tanulmányban ugyanazok voltak, így ezeket 7-szer, 8-szor bemutatni fölöslegesnek gondolom. Egységesítve és természetesen a faj specifikus molekuláris genetikai markereket egy táblázatban összegezve jobban segítette volna az áttekinthetőséget.

Mindezekkel a megjegyzésekkel együtt a dolgozatban elírást, betűhibát csak elvétve lehet találni, a szerkesztett táblázatok, ábrák szépek, áttekinthetők.

A tudományos eredmények közül új és fontos eredményeknek a következőket tartom:

1. A vizsgált juhajtók egy fajtacsoportba tartoznak. A cigája eredete nem vezethető vissza a román ruda fajtához, ami azonban a rozsdás cigájához áll a legközelebb. Országonként vizsgálva juhajtókat, igazolást nyert, hogy beltenyésztettől a pramenka fajtakörben és a szerb állományokban kell tartani.
2. A hazai hortobágyi racka állomány genetikai diverzitása közepes, beltenyésztéses leromlást a fekete színváltozat esetén mutatkozott.
3. A román szürkemarha magas genetikai heterogenitást mutat.

4. A veszélyesztetett hucul lovak nagy diverzitást mutatnak, a korábbi palacknyak-hatást igazolást nyert.
5. Mitochondriális DNS vizsgálatával igazolást nyert, hogy a közép- és kelet-európai vaddisznók az európai 'C haplocsoportba sorolhatók, és csak az egyedek 5%-a képviselte az E1-A klasztert.
6. Az észak-, közép- és nyugat-európai mezei nyúl populációk származási helye Dél- és Délkelet-Európa a balkáni régió, és egy délről északra történő génáramlás történt a jégkorszak utáni újranevelés során.
7. A hazánkat benépesítő aransakál alacsony genetikai variabilitást mutatott.
8. Hazánkban élő dámszarvas populációk alacsony diverzitással rendelkeznek, de 2 új haplotípus került beazonosításra.

Kusza dr. értékes és sokrétű munkát végzett, több nemzetközi együttműködésben vett részt, ami segítette ezeknek az ismereteknek a megszerzését. Az alkalmazott módszerek korszerűek voltak, a populációgenetikai eljárások megfeleltek a kérdéscsoportnak és az elemszám is elegendő volt a statisztikai feldolgozáshoz, ami biztosította ezeknek a mértéktartó következtetéseknek a levonását.

Kérdések a jelölthöz:

1. mint orvosgenetikus érdekel, hogy a vizsgált fajtákban mennyire lehet nyomonkövetni olyan rendellenességeket, betegségeket, amelyek genetikai okokra vezethetők vissza? A tenyésztett fajták között nem alakult ki olyan betegség/rendellenesség, ami az adott fajta eltűnéséhez vezetett?
2. Megfigyelhető-e a populáció méretének dinamikus változása (akár expanzió, akár kihalás irányába) a vadon élő fajok esetében és ha igen, ez visszavezethető-e a genetikai diverzitásra? Tervezi-e esetleg az ilyen jellegű adatok bevonását a további tudományos munkájába?
3. Milyen betegségek jellemzőek a román szarvasmarhában, ami esetleg utalhat genetikai háttérre, lehet-e örökletes génhibákat beazonosítani, ami a tenyésztést korlátozná?
4. Az archaikus mintákból kinyert DNS minősége korlátozza az új, nagy áteresztőképességű genetikai vizsgálatokat. A vaddisznóbőrök vizsgálatával a Jelölt is tapasztalta a markerek furcsaságát, és nagyon helyesen ebből nem vont le messzemenő következtetést. Miért 60k SNP arrayt használt ehhez a vizsgálathoz, a mitokondrium DNS vizsgálatának elvégzése talán megbízhatóbb információkat adott volna?

Összefoglalva, Kusza Szilvia dolgozata hiteles, nagyszámú adat alapján készült és a fokozatszerzéshez szükséges új tudományos értékű megállapítást tartalmaz. Kérdéseim a saját kíváncsiságomat tükrözi, érdemben a dolgozatban bemutatott eredményeket nem befolyásolja.

Mindezek alapján a bírált MTA Doktori pályázatot alkalmasnak tartom nyilvános vitára.

Budapest, 2020. április 5

Patócs Attila
egyetemi tanár