

A bírálóbizottság értékelése

1. Juhokkal végzett kutatásai során kimutatta a kelet-közép-európai cigája, ruda és pramenka állományok közötti genetikai különbségek mértékét, valamint több értékes és ritka genetikai variáció meglétét a fajtacsoportba tartozó populációkban. Vizsgálatai során a három hortobágyi racka állomány genetikai diverzitását közepesnek, a közöttük levő genetikai különbséget mérsékeltnak találta, mind az állományok földrajzi helye, mind pedig a színváltozatok között, amelyek alapján javasolta a színek fajtán belüli változatként való kezelését.
2. A veszélyeztetett román szürke szarvasmarha-állomány magas genetikai sokféleséget mutatott, amelynek oka eredményei alapján a célzott szelekció hiánya, illetve annak alacsony szintje, amelynek alapján megfelelőnek ítélte a jelenlegi fajtavédelmi programot.
3. Igazolta a veszélyeztetett hucul lófajta nagy genetikai diverzitását, kimutatta a múltbeli palacknyak-hatást, emellett többes anyaági eredetet és a genetikai szerkezet strukturáltságának hiányát, illetve két másik primitív lótól, a konik illetve a Przewalski lovaktól való genetikai különbséget.
4. Mitokondriális DNS vizsgálattal igazolta, hogy a közép- és kelet-európai vaddisznó populációk többsége az európai 1-C haplocsoportba tartozik és gyenge genetikai strukturáltságot mutat. SNP vizsgálattal azt is bizonyította, hogy a II. világháború előtti állomány kevésbé volt polimorf, mint a mai.
5. Kimutatta, hogy a közép-, kelet-európai mezei nyúl állományok az európai és az anatóliai/közel-keleti vonalba tartoznak. Bizonyította, hogy az észak-, közép- és nyugat-európai populációk származási helye a balkáni régió, továbbá kimutatta a jégkorszak utáni újranépesülés során a délről északra történt génáramlást, illetve az emberi tevékenység hatását.