

Kusza Szilvia MTA doktori értekezésének bírálata

A disszertáció címe: Genetikai diverzitás és filogenetikai kutatások Közép- és Dél-Európában élő domesztikált és vadon élő állatfajokban

A témaválasztás aktualitása:

A dolgozat témaválasztása több szempontból is aktuális. A Kárpát-medencében megtalálható domesztikált állatfajok őshonos fajtáinak genetikai változatosságának feltárása több szempont miatt fontos. Adott faj vagy fajta populációszerkezetének feltárása a génmegőrzés szempontjából elengedhetetlen. A feltárt struktúra útmutatást jelenthet abból a szempontból is, hogy a korlátozott pénzügyi erőforrásokat a populáció egyes alegysége között hogyan osszuk meg.

A genetikai variabilitás megtartása minden fajban elengedhetetlen feltétele a sikeres szelekciónak, vagyis a szelekciós előrehaladás fenntartásának.

A klímaváltozás által támasztott kihívások olyan tulajdonságok bevonását kényszeríthetik a tenyésztési programokba, melyben leginkább az őshonos, a helyi viszonyokhoz alkalmazkodott fajták segítségével lehet javuló eredményeket elérni.

A témaválasztás a fentiek mellett azért is indokolt, mert a molekuláris genetikai módszerek az állatnemesítésben is rendkívül elterjedtek, ezért az értekezésben bemutatott módszerek ma már az állattenyésztési genetikai ismeretek fontos és nélkülözhetetlen részévé váltak. Magyarországon sajnos a tenyésztékbecslés és a molekuláris genetika tudományterületeket jelenleg nem integráltan, hanem külön-külön művelik, amin a jövőben mindenképpen változtatni kellene.

Az értekezés címe véleményem szerint túlságosan tág keretet jelölt ki, talán szerencsésebb lett volna az értekezést a domesztikált fajtákra korlátozni. A domesztikált állományokban ugyanis a tenyésztőnek jóval nagyobb lehetősége van a vizsgálati eredmények alapján a populációszerkezet megfelelő irányú módosítására.

Az értekezés szerkezete felépítése:

Az értekezés felépítése sajátos. A bevezetés fejezet nagyon rövid mindössze három oldal. Ebben a kutatási előzményekből kiderül, hogy a szerző az adott területtel régóta foglalkozik és kutatásait gyakorlatilag folyamatosan nemzetközi együttműködés keretében végzi. A bevezetés fejezetben található az általános célkitűzések rész is, mely alapján a dolgozat legfontosabb feladata a szerző kutatómunkájának azon eredményeinek bemutatása, melyek Közép- és Dél-Európában élő domesztikált és vadon élő állatfajok genetikai sokféleségének jellemzésével foglalkozott.

A saját kutatások bemutatása a célkitűzéseknek megfelelően két csoportra van felosztva ahol az egyes domesztikált és vadonélő fajokra (fajták) vonatkozó kutatásokat 4-4 esettanulmány keretében mutatja be. Az egyes esettanulmányok tartalmazznak egy nagyon rövid 1-2 oldalas irodalmi áttekintést, ezt követi az anyag és módszer, eredmények és azok megvitatása, végül az új tudományos eredmények és azok hasznosíthatósága. A fentiek alapján a dolgozat nem tartalmaz külön fejezetben megadott összefoglalást, illetve új tudományos eredményeket. Ez utóbbi, azaz az új tudományos eredmények külön fejezetben történő tételes felsorolása véleményem szerint mindenképpen indokolt lett volna. A dolgozat végén található az irodalomjegyzék és a köszönetnyilvánítás. A dolgozat terjedelme összesen 115 oldal.

Az MTA doktori értekezés szerkezetének összeállításában nincsenek megadott követelmények azért a szerkezet kialakítása teljes mértékben szerző elképzelése alapján történik. A jelen értekezés szerkezetét elfogadom, ugyanakkor megjegyzem, hogy az egyes esettanulmányok mindegyike bír akkora jelentőséggel, melyek alapján az egyenként 1-2 oldalas irodalmi összefoglalótól akár jelentősen hosszabb áttekintésben is közölni lehetett volna a témakörhöz tartozó kutatások legfontosabb eredményeit. Esettanulmányonként 10 összesen 80 véletlenszerűen kiválasztott hivatkozást ellenőriztem. Ezekből csupán 2 hivatkozás nem szerepelt az Irodalomjegyzék fejezetben. Az egyes esettanulmányok keretében használt módszerek értelemszerűen részben azonosan voltak, ami többszörös ismétlődésekhez vezetett. Egy alternatív szerkezeti forma lehetett volna, hogy a csoportosítás nem az állatfajok/fajták, hanem az alkalmazott módszerek szerint történik. Ebben az esetben egy módszert nem kellett volna többször is változatlan formában megadni. Az értekezés nyelvezete olvasmányos, jól érthető, elütésektől mentes.

Az értekezés tartalmi megítélése eredményei:

Az egyes esettanulmányok keretében a szerző többféle molekuláris genetikai vizsgálatot (mikroszatellit marker, mitokondriális DNS, SNP marker) alkalmazott, melyek alapján a kapott adatokat rendkívül széleskörűen, igen sokféle szoftver szakszerű alkalmazásával értékelte. Az eredmények alapján jó áttekintést kapunk a vizsgált állományok diverzitásáról, az esetleges beltenyésztettségi problémákról, a populáció tagoltságáról, illetve az egyes szubpopulációk közti genetikai távolságok nagyságáról. A dolgozatnak véleményem szerint a legkevésbé erős pontja az egyes esettanulmányok végén megadott új tudományos eredmények és azok hasznosíthatósága alfejezetek. Ezekben a szerző ismételtelen olyan megállapításokat tesz, melyek nem következnek az elvégzett vizsgálatokból, illetve egyéb tevékenységére is hivatkozik, melyek amúgy nem képezik részét az értekezésnek. Az egyes esettanulmányok végén ismételtelen javasolja a további vizsgálatok elvégzését, amelyek lehet, hogy indokoltak, de véleményem szerint ez nem tekinthető sem következtetéseknek sem iránymutató javaslatnak. A továbbiakban az egyes alfejezetekhez kapcsolódó kérdéseimet, megjegyzéseimet, illetve kritikai észrevételeimet adom meg.

2.1.1. Fejezet: Kérdezem a szerzőt, hogy a 14. oldalon STRUCTURE program alkalmazásával kapott 2. ábra alapján mi volt a legvalószínűbb klaszterszám? Az új tudományos eredményekkel kapcsolatban kérem, hogy indokolja, miért látja az elvégzett elemzések alapján bizonyítottan Mason (1967) állítását (17. oldal), miszerint a ruda fajta a helyi cigája és zackel fajtakörbe tartozó juhoktól eredeztethető?

A 17. oldal utolsó bekezdésében a szerző ezt írja: „A vizsgált fajták génrezervként kezelendők és alapul szolgálhatnak beltenyésztett modern fajták javítására. A kapott eredmények kihatnak az élelmiszerbiztonságra, beleértve a genetikai értékek megmentését az éghajlatváltozásra adott válaszaik által”. Véleményem szerint ezek a megállapítások nem következnek a dolgozat keretében végzett vizsgálatok eredményeiből.

2.1.2. Fejezet: Kérem, hogy magyarázza el, hogyan kell értelmezni a 11. táblázat sorait, különös tekintettel a negatív variancia elemekre. Az eredmények kapcsán a racka állományok esetében a fehér és fekete színek fajtán belüli változatként való kezelését javasolja. Mit kell

pontosan érteni ez alatt? A 18-19. oldalon leírtak alapján az egyesület létrehozása után a vizsgálati eredményeitől függetlenül szín szerinti párosításokat végeznek.

A 25. oldalon a STRUCTURE program alkalmazásával kapott eredmények alapján a legmegbízhatóbb eredményt a K=3 csoportosítás adta, ami külön csoportba sorolta a bosnyák állományt, illetve a három fehér, valamint a három fekete állományt, igazolva az alkalmazott módszerben rejlő lehetőségeket.

A 26. oldal első bekezdésének végén a szerző azt írja, hogy beltenyésztéses leromlásra utaló jeleket mutatott ki elsődlegesen a fekete színváltozatban. Ez a megállapítás szerintem nem következik az elvégzett vizsgálatokból, hiszem semmilyen értékmérő tulajdonságra vonatkozó mérések nem történtek. Ebből az is következik, hogy a tulajdonságban mutatott teljesítmény csökkenését sem lehetett kimutatni a növekvő beltenyésztési együttható függvényében. A beltenyésztettséggel kapcsolatos negatív megjegyzése a racka kapcsán már csak azért is meglepő, mert a 10. táblázatban szereplő F_{IS} értékek az összes vizsgált állományban nullához közeli értéket mutattak. Ezzel szemben a 2.1.1. fejezetben a cigája esetében nem tett említést a beltenyésztettségéről pedig a 3. táblázatban a 10. táblázati értékeket jelentősen meghaladó 0,23-0,43-as F_{IS} értékekről számolt be. Kérem, a szerzőt, hogy értékelje az említett cigája és racka állományok állapotát a beltenyésztettség szempontjából.

Az eredmények ismertetésénél a 26. oldal második fejezete („Mivel az őshonos fajtákkal lehet a leggazdaságosabban természetes környezetben ökológiai feladatot jelent a juhtenyésztő gazdáknak”) nem következik az elvégzett vizsgálatokból. A 26. oldal harmadik fejezetében olyan kutatási tevékenységről számol be, mely egyáltalán nem tartozik a dolgozathoz.

2.2.1. A 31. oldalon a 14. és 15. táblázatok alapján a vizsgálati eredmények szerint a tapasztalt heterozigotizáció meghaladta a várt heterozigotizációs értékeket. A 15. táblázatban szereplő negatív F_{IS} értékek alapján egyik fajtában sem volt nyoma a beltenyésztésnek. A 32. oldalon a 16. táblázatban a szerző a román szürke, román barna és román tarka fajtákban is palacknyak-hatást mutatott ki. A palacknyak-hatás az állományméret átmeneti erőteljes csökkenését jelenti, melynek hatása az állományméret növekedése után is megmarad. Ennek elsősorban az allélok számának csökkenésével kellene járnia, de meglepő a beltenyésztettség teljes hiánya, illetve a magas tapasztalt heterozigotizáció is. Kérem, hogy röviden ismertesse, hogy véleménye szerint nincs-e ellentmondás a tapasztalt eredmények között.

2.3.1 Fejezet: A 42, oldalon arról számol be, hogy a páronkénti genetikai távolság alapján a hucul és konik fajta jelentősen különbözik egymástól, illetve a Przewalski-lótól. Ezzel kapcsolatban kérdezem, hogy a kapott eredmény meglepetés volt-e? Ezzel kapcsolatban kérem ismertesse az úgynevezett „outgroup” csoportok bevonásának magyarázatát.

A 44. oldalon ez írja: „Közreműködéssel folytatódott a hucul lovak vizsgálata, melynek során több magyarországi méneseből összesen 267 kanca 202bp hosszú mtDNS-loop és 686 bp hosszú citokróm-b szakasza alapján végeztünk diverzitás vizsgálatot, illetve ellenőriztük a méneskönyvek kancacsalád besorolásának pontosságát. Véleményem szerint a származási adatok molekuláris genomikai alapú korrigálása egy olyan eredmény, ami a hagyományos állatnemesítés és a molekuláris genetikai módszerek összevont alkalmazására irányul, ezért ez az irány véleményem szerint nagyon hasznos és iránymutató.

3.1. Fejezet: Az 57 oldal utolsó két bekezdése nem tartozik az értekezés keretében elvégzett vizsgálatokhoz.

3.3. Fejezet: A 76. oldal utolsó mondata nem tekinthető sem tudományos eredménynek, sem javaslatnak.

Az összes elvégzett esettanulmánnyal kapcsolatban kérdezem, hogy adott populáció genetikai diverzitásának reprezentatív jellemzéséhez mekkora elemszámok szükségesek, illetve az egyes vizsgálati módszerek esetében hány mikroszatellit, mitokondriális bázispárt, illetve SNP marker alkalmazását tartja elegendőnek. Ezek alapján az egyes esettanulmányokban használt elemszámokat megfelelő nagyságúnak tartja-e?

A populáció szerkezetét vizsgálva többféle genetikai távolságot is használt (pl. F_{ST} , NEI). Eltekintve az alkalmazott szoftverben levő alapbeállításoktól, mennyiben adnak ezek eltérő eredményeket? Milyen körülmények között melyik alkalmazás használatát javasolja?

Dolgozatában alapvetően három különböző vizsgálatípust használt (mikroszatellit marker, mitokondriális DNS, SNP marker). Kérem, hogy legyen szíves ismertetni, hogy gazdasági megfontolásokat is megfontolva, melyik eszköz milyen célú alkalmazását javasolja és miért? Válaszában legyen szíves kitérni az egyéb lehetséges molekuláris genetikai módszerekre is.

Összességében megállapítom, hogy Kusza Szilvia MTA doktori értekezése hiteles adatokat tartalmaz, saját kutatási munkája eredménye és elegendő új tudományos eredményt tartalmaz. Ezeknél az alábbi megfogalmazást javaslom:

Vizsgálataival igazolta, hogy a cigája fajta egy olyan fajtacsoport, amelybe több populációt sorolnak, és közülük több értékes, ritka genetikai variációt tartalmaz. Megállapította, a vizsgált állományok közötti genetikai különbségek mértékét.

Megállapította, hogy a vizsgálatba vont három magyar hortobágyi racka állomány (Hortobágy, Mátranovák, Salföld) genetikai diverzitása közepes, a közöttük levő genetikai különbség elhanyagolható, illetve mérsékeltnek tekinthető mind az állományok földrajzi helyei, mind pedig a színváltozatok között.

Kimutatta, hogy a veszélyeztetett román szürke szarvasmarha-állomány kis populációméretéhez képest, meglepően magas genetikai sokféleséget mutatott, melynek oka a termelési tulajdonságok fejlesztését célzó szelekciós munka hiánya, illetve annak alacsony szintje lehetett.

Igazolta, hogy a hucul fajta mai állománya nagy diverzitást mutat. Eredményei alapján kimutatható volt múltbeli palacknyak-hatás, többes anyagi eredet, a genetikai szerkezet strukturáltságának hiánya és két másik primitív lótól, a konik, illetve Przewalski lovaktól való genetikai különbsége.

MtDNS vizsgálataival bizonyította, hogy a közép-és kelet-európai vaddisznók többsége az európai E1-C haplocsoportba sorolhatóak. A vizsgálatba vont földrajzi régióban gyenge genetikai strukturáltságot mutatott ki.

A genetikai szerkezet és filogenetikai vizsgálatokkal kimutatta, hogy a közép-, kelet-európai mezei nyúl állományok az EUR és AKK vonalba tartoznak. Több esetben kimutatta az emberi tevékenységek (áttelepítések) hatását. Magyarországon csak európai vonalba tartozó egyedeket talált. Minden vonalban nagy haplotípus diverzitást mért, míg közelmúltban bekövetkezett expanzió nyomait csak a közép-európai alcsoportban mutatta ki.

Bizonyította, hogy a gyors ütemben növekvő sakál létszám alacsony genetikai variabilitást és strukturát mutat, szemben más kutyafélékkel, vagy az izraeli sakál populációval és az expanzió délről északra történik.

Vizsgálataival igazolta, hogy dámszarvas faj alacsony szintű diverzitással rendelkezik (ezen belül a magyar állomány is). Azonban ennek ellenére, a mintázott területen 2 új haplotípust írt le.

A fentiek alapján a doktori munka tudományos eredményeit elegendőnek tartom az MTA doktora cím megszerzéséhez, a nyilvános védés kitűzését javaslom.

Kaposvár, 2020.01.07.


Prof. Dr. Nagy István, DSc.

Hivatalos bírálói nyilatkozat

KUSZA SZILVIA

Genetikai diverzitás és filogenetikai kutatások Közép- és Dél-Európában
élő domesztikált és vadon élő állatfajokban

című doktori munkájáról.

A doktori munka tudományos eredményeit elegendőnek tartom az MTA doktora cím
megszerzéséhez, a nyilvános védés kitűzését javasolom:

igen

nem

Dátum:


.....
NAGY ISTVÁN