

Vélemény Vörös Judit
„Kételtűek klasszikus és molekuláris taxonómiája, filogeográfiája és
populációgenetikája három kontinensen
című MTA doktori értekezéséről

Vörös Judit dolgozata mind tudományos, mind pedig természetvédelmi szempontból nagyon aktuális témakörben végzett, kiváló tanulmányokon alapszik.

Tudományos értelemben kettős jelentősége van a Jelölt eredményeinek. (1) Az általa is használt integratív taxonómia, a morfológiai, a molekuláris és a kételtűek esetében az akusztikai vizsgálatok komplex eredményein alapszik. Ezzel a komplex módszerrel a fajok elkülönítésének kérdése, ami korábban sokszor pusztán a morfológiai adatok alapján meglehetősen szubjektív volt, objektívvé válik. A morfológiai vizsgálatok alapján történő fajmeghatározások bizonytalanságait éppen a Jelölt mutatja be a dolgozat 93. oldalán, ahol a *Pristimantis phoxocephalus* fajcsoport egyes tagjainak nevezéktani történetét írja le. (2) A molekuláris módszerek, és a hozzájuk kapcsolódó statisztikai elemzések használata fontos információt nyújt számunkra a fajok jelenlegi elterjedési területének kialakulásáról. Mindenekelőtt az utolsó Pleisztocén eljegesedési időszak (LGM) alatti refúgium területekről és az LGM után kialakuló terjedési útvonalokról kapunk többé kevésbé világos képet. Ez a tudás különösen fontossá válik a klímaváltozás időszakában, amikor a fajok tömeges vándorlását, elterjedési területük folyamatos változását tapasztaljuk évről évre.

Ugyanakkor természetvédelmi szempontból is roppant fontosak a Jelölt eredményei. A természetvédelemmel foglalkozó szakemberek számára régóta alapelv, hogy a veszélyeztetett fajok védelmét releváns információk alapján lehessen kidolgozni. Ez az alapállás mindenekelőtt a védett fajok taxonómiai státuszára igaz, ami különösen fontos egy olyan fajgazdag trópusi régióban, ahol a Jelölt is dolgozott Ecuadorban. A *Pristimantis* fajcsoport vizsgálata során például összesen négy új fajt írt le szerzőtársaival együtt Ecuadorból, és további 3 kriptikus faj jelenlétét detektálták. Ilyen fajgazdag területeken különösen fontos, hogy a szélesebb körben elterjedt fajoktól el tudjuk különíteni azokat, amelyek szűk elterjedésűek, ritkák, és ezért a védelmük kritikus lehet. Ugyanakkor a dolgozat kárpát-medencei farkos kételtűekre vonatkozó eredményei egy másik oldalát is megmutatták a természetvédelem számára fontos ismereteknek. A fajok korrekt taxonómiai ismerete ma már egyre kevésbé elegendő a megfelelő fajvédelmi tervek kialakításához. Egyre fontosabbá válik ugyanis a populációk származásának és különösen a genetikai struktúrájának az ismerete ahhoz, hogy hatékony védelmet lehessen a számukra kidolgozni. Azaz a taxonómiai kutatások jelentősége mellett egyre fontosabbá válnak azok a molekuláris vizsgálatok, amelyek a hozzájuk kapcsolódó statisztikai elemzésekkel együtt fényt derítenek mind a populációkon belüli változatosság mértékére, mind pedig a közöttük meglévő genetikai struktúrára. Vörös Judit ezeknek a molekuláris eszközöknek a sokoldalú alkalmazását mutatta be a kárpát-medencei farkos kételtű fajok vizsgálata során.

Röviden összefoglalva, a dolgozat témaválasztását nagyon időszerűnek és jónak tartom.

Vörös Judit dolgozata pont 120 oldalon, 6 fejezetben foglalja össze a témában megjelent 14, jelentős tudományos folyóiratban publikált cikkét. Bár ezek a cikkek számos társszerzővel, közös munka eredményeként születtek, többségükben (a 14-ből 10 esetben) a Jelölt volt az első szerző. A 6 fejezet közül a Bevezetés (1. fejezet) és az Összefoglalás (6.

fejezet) kivételével lényegében 4 fejezetben mutatja be a Jelölt az eredményeit. Ez a négy fejezet meglehetősen eklektikus, mind a fajok (összesen 11 kétéltű faj vizsgálatát írja le), mind a célkitűzések, mind pedig a módszerek szempontjából. Ezzel együtt is a dolgozatot olvasva nem éreztem töredezettnak a fejezetek gondolatiságát. A saját eredményeket leíró 4 fejezet között nem csak az volt az összekötő kapocs, hogy minden kutatást kétéltű fajokon végzett a Jelölt, hanem az is, hogy a felvetett kérdések megválaszolására minden esetben komplex megközelítést alkalmazott. Így ez az eklektikus jelleg végül is a dolgozat (ill. a Jelölt) előnyére vált, hiszen aláhúzta irodalmi tájékozottságának széles körét, sokoldalúságát az alkalmazott mintavételi, molekuláris és statisztikai módszerek terén, valamint ismereteit a leíró taxonómiát illetően.

A fejezetek arányosak, bár a bevezetést túl rövidnek tartottam. Ez a fejezet tükrözte leginkább a dolgozat eklektikus jellegét. Röviden, mindössze 3 oldalban, vázolja a Jelölt mindegyik, a későbbi fejezetekben leírt kutatás elméleti bevezetőjét. Az én szubjektív véleményem az, hogy a dolgozat bevezetőjében általánosabb témákat kellett volna kifejteni, míg ezeket a paragrafusokat az aktuális kutatásokat bemutató fejezetek bevezető alfejezeteiben kellett volna leírni. Az általános témák között írhatott volna a Jelölt az integratív taxonómia jelentőségéről, vagy arról, hogy milyen szerepe lehet a molekuláris vizsgálatok eredményeinek az alkalmazott természetvédelemben. Esetleg arról, hogy a populációk jelenlegi genetikai struktúrájának ismerete mellett miért lehet fontos a származásuk, elterjedési területük változásának a feltárása a természetvédelmi gyakorlatban.

A dolgozat érdemi része a 2. fejezettől az 5. fejezetig tart. Ezzel kapcsolatban a későbbiekben írom le a megjegyzéseimet, és teszem fel a kérdéseimet.

Vörös Judit irodalmi tájékozottságát az irodalomjegyzékben szereplő hivatkozások imponálóan magas száma mutatja. Nem számoltam meg pontosan, de 21 oldalon keresztül oldalanként kb. 25 bejegyzéssel számolva valahol 520 és 530 közötti cikket tanulmányozott át a Jelölt munkája során. A témában mutatott magas szintű tájékozottsága mellett, a sokrétű módszertani megközelítést is figyelembe véve, nem csoda, hogy Vörös Judit és munkatársai cikkei neves folyóiratokban jelentek meg.

A dolgozat illusztrációs anyaga nagyon értékes, szép kivitelű és nagyban segíti a szöveg megértését. A dolgozatban szereplő 65 ábrából 15 színes fotó, illetve fotósorozat. Ez utóbbiak a taxonómiai fejezetekben fordulnak elő. Szerepel még a dolgozatban 14 táblázat is. Különösen tetszett, hogy a fejezetek végére egy-egy rajzot illesztett be a Jelölt dekorációs céllal.

A dolgozat stílusa olvasmányos, a sok technikai leírás ellenére is érthető, és könnyen nyomon követhető. Ezt persze nagy mértékben segítik az illusztrációs ábrák és fotók. Nyelvhelyességi, vagy gépelési hibát alig találtam benne. A dolgozat kivitelezése mindenképpen magas színvonalú.

Megjegyzések:

2.1. fejezet:

Ha jól értelmezem a 2.1.1. fejezet eredményeit és a diszkussziót, akkor a Jelölt a 3. forgatókönyvet valószínűsíti a *Triturus dobrogicus* elterjedés-történetére felvázolt hat elmélet közül (10. oldal). Ezt azonban nem írta le explicit formában.

A 14. oldalon, az elterjedési területek elemzésénél, nem indokolja a Jelölt a két faj (a *Bombina bombina* és a *Triturus dobrogicus*) előfordulási területeinek összehasonlítását. A *B. bombina* váratlanul kerül elő az olvasó számára.

A *Lissotriton vulgaris* populációk elemzése során, a 19. oldalon 4 fő klasztert említ, majd később a 2-5. klaszterek közötti különbség alacsony szintjét írja le. Akkor most hány klasztert lehetett azonosítani?

2.2. fejezet:

A 24. ábrán (38. oldal) sok, a diszkusszió szempontjából alapvető információt láthatunk a *Salamandra salamandra* populációk genetikai összetételéről. Különösen fontos az Északi-középhegység északi és déli populációinak genetikai összetétele az eredményekből levonható következtetések szempontjából. Az ábrával kapcsolatban az lenne a kérdésem, hogy konzekvens-e a klaszterek színeinek a jelölése a STRUCTURE eredményeinek kördiagramokon és oszlopdigramokon bemutatott ábrázolása esetén? Az egyedek klaszter összetétele (oszlopdigramok) ugyanis különböző a populációk klaszter megoszlásához (kördiagramok) képest az Északi-középhegység északi és déli populációi esetében. A kétféle diagram gyakorlatilag teljesen különböző eredményeket mutat ezeknél a populációknál, ha a színek konzekvensek.

3. fejezet:

A dolgozat számomra legérdekesebb fejezete, a 3. fejezet. Nem véletlen, hogy a fejezet eredményeit olyan folyóiratokban közölte a Jelölt, mint az *Evolutionary Ecology* és a *PLoS ONE*. Az eredmények természetesen minden fejezet esetében jelentősek mind evolúciós, mind biogeográfiai, mind pedig természetvédelmi szempontból. Ugyanakkor ebben a fejezetben új módszereket alkalmaz, és tesztel a Jelölt, amely a mintavételezés nem invázív módjait mutatja be. Mind a faj barlangi jelenlétének kimutatására alkalmas eDNS módszer kidolgozása (3.1. fejezet), mind pedig a bőrtamponálás (3.3. fejezet), melynek segítségével az egyed életterében, percek alatt lehet róla nyálkahártya kenetet nyerni, nagyon fontos módszertani újítások, melyek a természetvédelmi szempontból különösen érzékeny fajoknál jelentősek. Az utóbbi módszer esetében elsősorban azt kell kiemelni, hogy egyedi DNS mintákat lehet gyűjteni az egyed életének minimális zavarása révén, miközben a mintákból mikroszatellit elemzésekhez is alkalmas mennyiségű és minőségű DNS-t sikerült kinyerni.

4. fejezet:

A *Litoria* fajok elemzése során az első tanulmány a mtDNS *cox1* génjének szekvenciáján alapult. Az eredmények szemléletes összefoglalását a 34. ábra (67. oldal) lett volna hivatott bemutatni. Sajnos azonban a satírozási változatok nehezen különböztethetők meg egymástól. Színek alkalmazása szerencsésebb lett volna. Ez azért is probléma, mert a diszkusszió megértését és a gondolatmenetek nyomon követését nagyon megkönnyítette volna ez az ábra.

Problémás volt továbbá a *L. raniformis* eredményeinek diszkussziója is. Európaiak számára sem Ausztrália, sem pedig Új-Zéland földrajzi tagolódása nem ismert részleteiben. Ezért a diszkusszióban említett földrajzi nevek nehezen voltak követhetők. Ráadásul a *L. raniformis*

9-10-11 haplotípusainak diszkussziója kapcsán említett Murray folyó semelyik térképen nem szerepel. Ellenben az 1, 2 és 4 számú minták, amelyekben a háromból két haplotípus (Lr10 és Lr11) fordul elő, a 33. ábrán SA kód alatt szerepelnek. A 12. táblázatban viszont ezekhez a mintahelyekhez a DA kód tartozik. Röviden összefoglalva a problémámat, a földrajzi neveket és a rövidítéseket következetesebben kellett volna használni. Esetleg a mintavételi helyeket mutató térképet nagyobbra kellett volna rajzolni, hogy a földrajzi tagolódás egyértelműbb legyen.

Meg kell azonban jegyezni, hogy a 4. fejezet 2. alfejezetében a földrajzi nevek használata sokkal konzekvensebb és egyértelműbb.

- A 4.2. fejezetben nagyon összetett volt mind a mintavételezési mind pedig a molekuláris módszerek alkalmazása. Ezért aztán a fejezet mindkét alfejezetben nagyon töményre sikeredtek a leírások. Első olvasásra kissé elnagyoltnak éreztem ezeket a módszertani alfejezeteket, mert a sokféle mintavételi technika többféle DNS kivonási módszer alkalmazását tette szükségessé. Miközben ezeket a párhuzamos folyamatokat sikerült nyomon követnem, azt nem sikerült felfedeznem, hogy maga az amplifikáció különbözött-e az eltérő eredetű és különböző módszerrel gyűjtött minták között. Más szóval melyik lépéstől ért össze a különböző minták feldolgozásának a folyamata? Okozott-e adatvesztést, vagy más nehézséget a különböző eredetű és eltérő módszerrel gyűjtött minták DNS szekvenciáinak az elemzése. Nem is beszélve arról, hogy mtDNS és magi DNS szekvenciák egyaránt szerepelnek a tanulmányban. Ez utóbbi megjegyzésre még visszatérek a kérdéseknél.

5. fejezet:

Az 5.2.1. fejezet 94. oldalán ír a Jelölt a mintavételi módszerekről. A mintavételi pontok szöveges leírásánál messze informatívabb lett volna egy térkép, vagy esetleg egy táblázat. Az végül is nem derült ki a számomra, hogy hány egyedét gyűjtöttek az egyes mintavételi pontokon. A 95. oldalon a DNS szekvencia elemzések című alfejezetben szerepel ugyan, hogy a szekvenciák 30 faj 52 egyedéből származnak, de nem világos, hogy pontosan mennyi volt a saját gyűjtésből származó szekvencia, és hogy a Jelölt és munkatársai hány szekvenciát használtak fel a *Huicondomantis* GenBankban elérhető szekvenciákból. A saját gyűjtésű egyedek esetében felvetődött bennem a kérdés, hogy honnan tudták, hogy jelen van egy új *Pristimantis* faj Loja város környékén, és a gyűjtés során hogyan tudták, ennek a feltételezett új fajnak az egyedét megkülönböztetni?

A 96. oldalon szereplő 52. ábra használhatatlan az olvasó számára. Csak a pirossal Jelölt szekvenciákat lehet elkülöníteni, minden más olvashatatlan. Minimum egy egész oldalas ábrát kellett volna beszerkeszteni a dolgozatba. Az eredeti cikkben azonban az ábra jól olvasható. Az ábra aláírása és a színek alapján azt a következtetést vontam le, hogy 3. *P. lojanus* egyednek és 2 másik *Pristimantis* faj 1-1 egyedének DNS szekvenciája származik saját gyűjtésből. Jól következtettem-e?

Az 5.2.2. fejezet 104. oldalán a mintavétel módszerek leírásánál hasonló problémám volt, mint a 94. oldalon leírtak esetében. Az világos, hogy 21 faj 43 egyedének szekvenciáit használták fel az elemzés során. Azért egy mondatot megért volna, hogy végül is hány faj mennyi egyedét gyűjtötték be saját maguk, és mennyi szekvenciát használtak fel a GenBank adatbázisából.

Kérdések:

A *Triturus dobrogicus* elterjedés dinamikáját illetően mi a különbség a 3. ábra (oldal) 4. 5. és 6. verziója között?

A 18. oldalon, a 10. ábra mutatja a pettyes göte (*Lissotriton vulgaris*) SNP adatainak főkomponens analízis eredményét. A kérdésem az, hogy mely változók játszották a legnagyobb szerepet a három főtenhely kialakításában? Itt is lokuszok, vagyis konkrét bázis pozíciók voltak ezek a változók?

A 22. oldalon felveti a Jelölt, hogy a He hőterkép alapján elképzelhető, hogy a pettyes gótenek volt egy kisebb refúgium területe a Kárpát-medencében. Hogyan bizonyítaná ezt?

A 29-31. oldalon részletesen leírja az *Ichtiosauroidea alpestris* bakonyi alfajának a taxonómiai értékelését a genetikai adatok alapján. De korábban, a 23. oldalon megemlíti, hogy Dely külön alfajként írta le a bükki, és a zempléni populációkat is. Eredményei tükrében mit tud ezeknek az alfajoknak a validitásáról mondani?

A 22. ábrán szerepel a *Salamandra salamandra* Kárpát-medencei populációinak 5 lehetséges kolonizációs elmélete. Az eredmények megvitatása során az 5. elméletet valószínűsítette a Jelölt. Ugyanakkor a populációk földrajzi elhelyezkedése nehezen teszi azt elképzelhetővé, hogy a Budai-hegység és a Visegrádi-hegység populációi egyidejűleg váltak el az Északi-középhegység déli és északi populációinak a szétválásával. A Budai-hegység és a Visegrádi-hegység ugyanis délebbre van a Börzsönytől. Milyen konkrét földrajzi úton történhetett ez a párhuzamos leválás? Nem arról van-e inkább szó, hogy ezek a populációk kicsik és elszigeteltek, ezért erősen ki voltak téve a genetikai sodródás hatásának? A többitől való erős differenciálódásuk inkább ennek a következménye lehet, és nem feltétlenül a korai leválásnak.

A 60. oldalon írja a Jelölt, hogy az interdentális kefével történő mintavétel mintegy 7-szer nagyobb mennyiségű DNS-t eredményez, mint a nyálkahártya tamponnal történő. Van-e arra valamilyen elképzelése, hogy milyen káros következményei lehetnek a kefe alkalmazásának az állat bőrére nézve a tampon alkalmazásához képest? Magyarul, a több DNS jelent-e aránytalanul nagyobb kockázatot az állatra nézve?

A *Litoria raniformis* haplotípusainak 4.1. fejezetben bemutatott eredményei alapján világos, hogy négy haplotípus különül el több mutációval a leggyakoribb Lr1 haplotípustól. Meglepő azonban, hogy a Tasmániában előforduló haplotípus (Lr8) „csak” 3 mutációval tér el, míg az Lr9-11 haplotípusok legalább 38 mutációval. Ha ez utóbbi 3 haplotípus előfordulásának földrajzi helyeit megnézzük, akkor közülük csak kettő található az 33. ábrán az SA-val Jelölt államban, míg a harmadik haplotípus Victoria állam egyik populációjában jelent meg. Ugyanakkor Tasmánia egy elkülönült sziget, amely mintegy 14000 évvel ezelőtt szakadt el a kontinentstől. Hogyan magyarázza ezt az eredményt?

Az előző kérdésre részben választ ad a 4.2. fejezetben bemutatott eredmények elemzése. A molekuláris adatok alapján megalapozottnak tűnik az a feltételezés, hogy az északi és a déli *Litoria raniformis* populációk két különálló alfajhoz tartoznak. Ugyanakkor sem a

morfológiai vizsgálatok, sem pedig a hívóhangok elemzésének eredményei nem mutattak különbséget a két alfaj között. Milyen izolációs tényezőket tételez fel a Jelölt az északi és a déli populációk között, melyek „csak” a molekuláris jellegekre voltak hatással. Különös tekintettel arra, hogy ezek a tényezők gyakorlatilag nem voltak hatékonyak a déli és a tasmaniai populációk esetében?

Az 5.1. fejezet bevezetőjében (83. oldal) leírja a Jelölt, hogy Bahia állam déli részén 6 *Phyllodytes* faj fordul elő. Ezek között természetesen nem szerepelt az új faj, a *P. amadoi*. Majd a fejezet módszertani részének első mondata a következő: „2015 és 2016 között az új faj huszonkét példányát gyűjtöttük be...” Itt nekem hiányzik egy logikai lépcső. Honnan sejtették, hogy (1) ott, azon a területen várható egy új *Phyllodytes* faj felbukkanása, (2) és hogy az aktuálisan begyűjtött példányok a *Phyllodytes* fajcsoport új fajának az egyedei. Hasonlóan szűkszavú volt a Jelölt az új faj lárvái kapcsán. Bár a vizsgált területen két *Phyllodytes* faj, következésképpen a két faj lárvája fordul elő, a begyűjtött lárvákat egyértelműen az új faj lárváinak tekinti.

A *Phyllodytes amadoi* morfometriájának a többi ismert *Phyllodytes* fajjal való összehasonlítása lényegében egy leírás (86. oldal). A kérdésem az, hogy végzett-e a Jelölt statisztikai analízist az új faj morfometriai adatai alapján? Meg tudja-e mondani, hogy melyik az a morfológiai, vagy akusztikai jelleg, amely egyértelműen elkülöníti az új fajt a korábban leírt fajoktól?

Az 5. 2. fejezetben a *Pristimantis* nemzetség több fajának DNS szekvenciáit elemzi a Jelölt. Bár ezek a szekvenciák részben mitokondriális (12S és 16S rRNS), részben pedig magi (RAG-1 gén) eredetűek, egy egységes 2339 bp hosszúságú szekvenciát alkalmaztak a *P. lojanus*, míg egy 2733 bp hosszúságút a *P. orestes* fajcsoport filogenetikai elemzése során. Nem jelent-e problémát az eredmények értelmezése során az, hogy a magi DNS és a mtDNS eltérő mikrokörnyezetben fordul elő (pl. mutációk gyakoriságának különbsége), és hogy az öröklődés módja, és ebből adódóan a rekombináció gyakorisága is jelentősen eltér a két DNS esetében?

A 99. oldal 56. ábrája jól szemlélteti a *Pristimantis lojanus* hímjeinek és nőstényeinek a morfológiai változatosságát. Nem lévén taxonómus, egyszerű biológusként szemlélve az ábrákat, azt láttam, hogy sem a színekben, sem pedig a mintázatban nincsenek olyan elemek, amelyek konzekvensen megjelennének a bemutatott 6 egyednél. Az lenne a kérdésem, hogy a terepen, miként lehet az egyedeket felismerni és a megfelelő fajhoz besorolni? Ez a kérdés kapcsolódik a mintavételezés kapcsán feltett kérdésemhez is.

Az előbbi kérdéshez kapcsolódik a következő is. A 100-101. oldalon az előfordulás kapcsán írja a Jelölt, hogy a *Pristimantis lojanus* a számára megfelelő élőhelyen viszonylag gyakori. Az lenne a kérdésem, hogy korábban milyen fajként azonosították a Loja környékén élő *P. lojanus* egyedeket?

Mind az 51. mind pedig a 61. ábrán bemutatott filogram alapján felvetődik bennem a kérdés, hogyan magyarázható, hogy az új fajok szekvenciái csak a saját gyűjtésű egyedekből származnak. Vajon miért nem jelentek meg a GenBank szekvenciái között? Ez különösen igaz a *Pristimantis lojanus* esetében, amit meglehetősen gyakorinak tételeznek fel Loja környékén.

Új eredmények:

A Jelölt a dolgozat 6. fejezetében foglalta össze az általa újnak tekintett eredményeket. Ezeket lényegében kivétel nélkül el tudom fogadni. Azért néhányat kiemelnék közülük:

Érdekes ellentétet mutatott be a folyók diszperzióra gyakorolt hatásáról a dunai tarajosgöte (*Triturus dobrogicus*) és a pettyes göte (*Lissotriton vulgaris*) tanulmányozása során: Míg a tarajosgöte számára a folyók lényegében terjedési folyosónak bizonyultak, addig a pettyes göte esetében, főként a Tisza, akadályt jelentett a populációk terjedésében.

Genetikai eredményeik egyértelműen alátámasztották az alpesi göte (*Ichthyosaura alpestris*) bakonyi populációinak alfaji szintű elkülönülését. Ezt az alfajt melyet Dely Olivér György nem a nevezéktani szabályoknak megfelelően írt le 1964-ben, a Jelölt és munkatársai bakonyi alpesi göte néven (*I. alpestris bakonyensis*) szabályosan írták le 2022-ben.

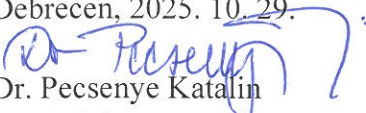
A dolgozat 3. fejezetében két módszertani újítást is bevezettek. (1) A környezeti DNS (eDNS) analízisét alkalmazták a barlangi vakgöte (*Proteus anguinus*) jelenlétének a kimutatására 10 horvátországi barlangban. (2) Olyan új, nem invázív mintavételi technikát dolgoztak ki a barlangi vakgöte esetében, amelynek segítségével megfelelő mennyiségű és minőségű DNS-t tudtak kinyerni in situ módon, az állat zavarásának a minimalizálásával.

A 4. fejezetben mitokondriális DNS-fragment analízisével tárták fel két ausztrál levelibéka faj (*Litoria aurea*, és *L. raniformis*) Új-Zélandra való betelepítésének a történetét. De tudományos szempontból talán még ennél is nagyobb jelentőségűek azok az eredmények, amelyek megerősítették a *L. raniformis* északi és déli kriptikus evolúciós vonalainak az elválását. A Jelölt és munkatársai alfaji szinten különítették el és írták le a két genetikai vonalat: *L. raniformis raniformis* (északi evolúciós vonal) é a *L. raniformis major* (déli evolúciós vonal).

Az 5. fejezetben 4 új *Pristimantis* fajt írt le a Jelölt munkatársaival Ecuadorból, az integratív taxonómiai módszerek (DNS szekvencia analízisek, valamint morfológiai és akusztikai vizsgálatok) alkalmazásával.

A fenti megjegyzések és a kérdések között szereplő kritikai észrevételek nem érintik a dolgozat lényegét. Így mindezekkel együtt is nagyon színvonalas teljesítménynek tartom a disszertációt, és nagyra értékelem a Jelölt eredményeit. A fentiek alapján, sikeres védelem esetén, javaslom az MTA doktora cím odaítélését Vörös Juditnak.

Debrecen, 2025. 10. 29.


Dr. Pecsénye Katalin
MTA doktor