Egyetemi doktori (PhD) értekezés tézisei

A vadvilág védelme és a vadászat tisztaságának megőrzése igazságügyi genetikai módszerekkel hazai vadászható kérődző fajokban

Zorkóczy Orsolya Krisztina

Témavezető: Dr. Zenke Petra

ÁLLATORVOSTUDOMÁNYI EGYETEM
Állatorvostudományi Doktori Iskola

2025

Témavezető

.....
Dr. Zenke Petra
Állatorvostudományi Egyetem
Budapest,
Állattenyésztési és Genetika
Tanszék

Bírálóbizottsági tagok

Dr. Gál János
egyetemi tanár
Állatorvostudományi Egyetem
Budapest
elnök

Dr. Zöldág László
professzor emeritus
Állatorvostudományi Egyetem
Budapest
tartalék elnök

Dr. Poór Viktor Soma
egyetemi docens
Pécsi Tudományegyetem

külső bíráló

Dr. Mátis Gábor
egyetemi docens
Állatorvostudományi Egyetem
Budapest
belső bíráló

Dr. Rátky József
egyetemi tanár
Állatorvostudományi Egyetem
Budapest
belső tag

Dr. Vili Nóra
adjunktus
Állatorvostudományi Egyetem
Budapest
belső tag

Dr. Egyed Balázs
adjunktus
Eötvös Lóránd
Tudományegyetem
külső tag

Dr. Korsós Gabriella
állatorvos
Állatorvostudományi Egyetem
Budapest
titkár

Dr. Stéger Viktor
tudományos főmunkatárs
Magyar Agrár- és
Élettudományi Egyetem
tartalék külső bíráló

Dr. Kovács Gábor
tanszékvezető egyetemi tanár
Széchenyi István Egyetem

tartalék külső tag

Készült 8 példányban, ez a(z) …. számú példány.

.....
Zorkóczy Orsolya Krisztina

1. A doktori értekezés előzményei és célkitűzései

A vadvilág védelme egyre nagyobb figyelmet kap mind hazai, mind nemzetközi szinten, mivel a különféle emberi hatások, mint az élőhely beszűkülése, az idegenhonos állatfajok betelepítése és behurcolása, vagy a veszélyeztetett állatokat különösen érintő illegális kereskedelem és orvvadászat a világ valamennyi részén veszélyeztetik az őshonos állatfajokat és ökoszisztémát. A vadon élő állatokat érintő illegális tevékenységek visszaszorítása, megelőzése és a károk mérséklése világszerte kihívás.

Hazánkban a vadászatra épülő tevékenységek mára jelentős iparággá fejlődtek, komoly bevételt hozva ezzel mind a helyi vadásztársaságoknak, mind az államnak. A magyarországi vadászterületeket nem csak hazai vadászok látogatják előszeretettel, hanem külföldi vadászok is nagy számban érkeznek, amit jól mutat, hogy a tavalyi évben a négy hazai trófeás kérődző átlagosan 30 százalékát külföldi vadászok terítették le. A hazánkban honos vadonélő fajok közül az aganccsal rendelkező állatok különösen kedvelt célpontjai a vadászatnak. Az innen kikerülő trófeák világviszonylatban is kiemelkedőek. Az elmúlt tíz évben a bírálatra kerülő trófeák több, mint 90%-át tették ki együttesen az őz, gím-, illetve dámszarvas agancsok, valamint a muflon csigák. Mindemellett a trófeákon túl az állatok bőre és húsa is komoly értéket képvisel.

Azonban pont az értékük miatt ezek a fajok gyakori célpontjai az orvvadászatnak és egyéb illegális tevékenységeknek. A magyar vadászat nemzetközi hírű, ezért a vadászat tisztaságának megőrzése nem csak etikai kérdés. A szabályoktól való eltérések általában jogkövetkezményekkel is járnak. A természetes környezet és a biodiverzitás megóvása mellett, vagy éppen azok ellenére felmerülő gazdasági szempontok – mint a vadorzás, agancsgyűjtés vagy illegális élelmiszerkereskedelem – szintén büntető- és

polgárjogi eljárásokat indukálnak. A Büntető Törvénykönyv (Btk.) szerint orvvadászatnak minősül, ha valaki nem rendelkezik megfelelő engedélyekkel (fegyverhasználati- és vadászati engedély), ha nem vadászati idényben (azaz tilalmi időben), illetve nem engedélyezett napszakban folytat vadászatot, valamint, ha tiltott eszközöket vagy módszereket alkalmaz a vad elejtése során. Ezen felül a vadászati idény az egyes fajok, illetve azok különböző életkorú és ivarú egyedeire is eltér. Számos ilyen jogosulatlan vadásztevékenységről adnak hírt évente, melyek tetemes pénzbírsággal, a felszerelés elkobzásával vagy akár három évig terjedő szabadságvesztéssel is büntethetőek.

A jogi eljárások során a genetikai bizonyítékok szerepe hozzáférhetőségük és megbízhatóságuk miatt napjainkra nagymértékben felértékelődött, így a megfelelő igazságügyi eszköztár kifejlesztése és megalapozása ezen a területen is egyre nagyobb mértéket ölt. Az igazságügyi genetika egy alkalmazott tudományág, amely a biológiai anyagmaradványokat molekuláris genetikai technikák alkalmazásával vizsgálja. Ezáltal egy olyan eszköz, melynek segítségével a kriminalisztikai hipotézisek megerősíthetők, vagy elvethetők, igazolva adott esetben a bűncselekménnyel fennálló kapcsolatot. A nagyfokú segítséget jelentő, modern igazságügyi genetikai módszerek alkalmazása, valamint az adekvát genetikai információk megbízható és szakszerű adatbázisba történő szervezése a humán DNS vizsgálatokhoz hasonlóan rendkívül kiszélesíti azon esetek körét, melyek tisztázása eddig csak részlegesen vagy egyáltalán nem valósulhatott meg.

Ilyen jellegű genetikai módszerek kidolgozása már több faj esetében végbement, azonban a különböző fajok, vagy akár a különböző területen élő populációk közötti genetikai különbségek miatt minden esetben szükséges lehet a már létező módszerek tesztelése vagy új módszerek kidolgozása. Célom olyan genetikai módszerek kidolgozása vagy helyi populációra való tesztelése volt, amik

hozzájárulhatnak a négy hazai trófeás faj (európai muflon, európai őz, dámszarvas, illetve gímszarvas) esetében az azokkal kapcsolatos igazságügyi esetek megoldásához. Kutatásom során ennek érdekében ivar-, faj-, és egyedazonosításra alkalmas módszerek fejlesztését kíséreltem meg, valamint a mitokondriális kontroll régió vizsgálatával kívántam annak alkalmazhatóságát felmérni a populációs eredet meghatározásához, illetve populációgenetikai és kizárásos vizsgálatokhoz.

2. Az értekezés új tudományos eredményei

1. TÉZIS: A *DeerSex-plex* alkalmasnak bizonyult hazai európai őz, gím-, illetve dámszarvas ivarazonosítására, és az *in silico* vizsgálatok alapján potenciálisan alkalmas más populációkban is erre a célra. Ezen felül a plex potenciálisan alkalmas lehet rokonfajoknál történő ivarazonosításra is.

A *DeerSex-plex* minden vizsgált mintán képes volt a korrekt ivar azonosítására. A primerkötő régiókban egyezés volt az SRY marker esetében gímszarvas alfajoknál (*C. e. yarkandensis, C. e. maral*), vapitinél (*C. canadensis*), fehérajkú szavasnál (*C. albirostris*), szambárszarvasnál (*C. unicolor*), szikaszarvasnál (*C. nippon*), a líraszarvas két alfajánál (*Rucervus eldii thamin, Rucervus eldii siamensis*), fehérfarkú szarvasnál (*Odocoileus virginianus*), rénszarvasnál (*Rangifer tarandus*), kínai muntyákszarvasnál (*Muntiacus reevesi*), kontyos muntyákszarvasnál (*Muntiacus crinifrons*), szibériai őznél (*Capreolus pygargus*), víziőznél (*Hydropotes inermis*), disznószarvasnál (*Axis porcinus*), és dávid-szarvasnál (*Elaphorus davidianus*). Az AmelX esetében egyezés volt vapitinél, muntyákszarvasnál, jávorszarvasnál (*Alces alces*), japán szérónál (*Capricornis crispus*), takinnál (*Budorcas taxicolor*), vízi bivalynál (*Bubalis bubalis*), zebunál (*Bos indicus*) és juhnál (*Ovis aries*). Ezen fajok esetében a módszer alkalmas lehet ivarazonosításra, szükség esetén az anellációs optimum módosítását követően.

2. TÉZIS: A *DeerSpec-plex* alkalmasnak bizonyult hazai európai őz, gím-, illetve dámszarvas fajazonosítására, és az *in silico* vizsgálatok alapján potenciálisan alkalmas más populációkban is erre a célra.

A *DeerSpec-plex* minden vizsgált minta esetében a korrekt fajt mutatta ki. Bár európai őz és gímszarvas esetében a cytB

primerek kötőhelyein belül egy-négy SNP előfordult a GenBank-i szekvenciák vizsgálatakor, a minták tesztelése során nem tapasztaltam specifikus fragmentumok kiesését.

3. TÉZIS: A teljes dámszarvas kontroll régión a mutációs hotspotok keresésénél azt találtam, hogy a különböző populációkban a kontroll régió eltérő szakaszain helyezkednek el ezek, így országonként változó, hogy melyik szakaszt érdemes vizsgálni.

A kontroll régión belül a variációk száma és eloszlása nagymértékben függ az adott populáció földrajzi eredetétől. Míg egyes országokban mutációs forró pontok figyelhetők meg egy adott szekvencia régióban, más földrajzi területeken ugyanezen szekvencia szakaszok alig mutatnak változatosságot.

4. TÉZIS: A dámszarvas haplotípusokat és azok eloszlását országos szinten vizsgálva előkerült egy új, eddig még nem kimutatott hatodik haplotípus. Ezen kívül az egyezési valószínűség kiszámítása egy támpontot adott a jövőbeli kizárásos vizsgálatok értékeléséhez.

A hazai dámszarvasokra számított véletlen egyezési valószínűség értéke (RMP = 0,547) arra utal, hogy az egyezések valószínűsége magas. Ennek ismerete segít a törvényszéki ügyekben szereplő genetikai bizonyítékok helyes interpretálásában, mivel a genetikai bizonyítékok ereje közvetlenül összefügg a rendelkezésre álló helyi haplotípus gyakoriságok által meghatározott kizárási hatékonysággal.

5. TÉZIS: A gímszarvas és európai őz esetében a mitokondriális kontroll régió alapján nem mutattam ki jelentős eltéréseket az alpopulációk között a szibériai őz

haplotípust mutató európai őzek kivételével, amik csak az ország keleti részén fordultak elő.

Az európai őzeknél továbbá megállapítottam, hogy más kutatásokban a rövidebb kontroll régió szakaszok vizsgálata legtöbbször jelentős információvesztéssel jár, így mindenképp érdemes – főleg igazságügyi eseteknél – a kontroll régiót a teljes hosszában, vagy legalább mind a hipervariábilis régió I. és II. szakaszt amplifikálni kizárásos vizsgálatoknál.

6. TÉZIS: A 99 vizsgált tetramer mikroszatellitából 14 olyan polimorf markert találtam, amelyek együttesen alkalmasnak bizonyultak a dámszarvas egyedi szintű azonosítására.

A számított kombinált $P_{(ID)}$ értéke, amely megadja, hogy egy adott populációból véletlenszerűen kiválasztott két egyed milyen eséllyel mutat teljes genetikai egyezést a vizsgált markerek alapján, $5{,}2 \times 10^{-5}$ volt, ami azt jelenti, hogy 100 000 egyedből 5,2 azonos genotípussal rendelkezhet a kiválasztott 14 tetramer STR vizsgálata alapján. Figyelembe véve a magyarországi dámszarvas-populációt, amely körülbelül 40 000 egyedből áll, ez azt jelenti, hogy a teljes hazai populációból körülbelül két egyed mutathat azonos genetikai profilt. Ez természetes populációk esetében már megfelel a nemzetközi standardoknak.

3. A PhD-hez kapcsolódó publikációk jegyzéke

1. Zenke P, Zorkóczy OK, Lehotzky P, Ózsvári L, Pádár Z (2022) Molecular sexing and species detection of antlered European hunting game for forensic purposes. Animals 12:246.

2. Turi O, Wagenhoffer Z, Battay M, Lehotzky P, Zorkóczy O (2023) Mikroszatellita-markerek tesztelése dámszarvasok egyedi azonosítása céljából. Magyar Állatorvosok Lapja 145:67–76.

3. Zorkóczy OK, Turi O, Wagenhoffer Z, Ózsvári L, Lehotzky P, Pádár Z, Zenke P (2023) A Selection of 14 Tetrameric Microsatellite Markers for Genetic Investigations in Fallow Deer (Dama dama). Animals 13:2083.

4. Zorkóczy OK, Wagenhoffer Z, Lehotzky P, Pádár Z, Zenke P (2024) Mitochondrial Control Region Database of Hungarian Fallow Deer (Dama dama) Populations for Forensic Use. Animals 14:1911.

5. Zorkóczy OK, Bujtor Z, Wagenhoffer Z, Lehotzky P, Zenke P (2024) Sejtmagi és mitokondriális genetikai markerek tesztelése hazai muflonokban (Ovis aries musimon). Magyar Állatorvosok Lapja 146:615–624.