

Válasz Dr. Gócza Elen bírálataira

Köszönöm, hogy Dr. Gócza Elen a doktori értekezésem bírálatát elvállalta. A bírálatban szereplő észrevételekkel egyetérték.

E válaszban a bírálat kérdéseire igyekszem azok felmerülésének sorrendjében válaszolni. Az alábbiakban a vastag betűket a bírálatból kivett szövegrészek jelölésére használtam.

A mangalicák vizsgálata részénél az első kérdés az egyedek besorolását érinti; **„Érdekes, hogy néhány állat nem sorolódott be a saját csoportjába. További vizsgálataik során kiderült mi lehetett ennek az oka?”**

A nem a saját csoportba való besorolásról az gondoltuk, hogy azok a genotipizálási vagy az alkalmazott algoritmus hibájának tekinthető. Az ismételt genotipizálások nem utaltak genotipizálási hibára, az ismételt futtatások hasonló eredményeket adtak. Az átsorolódások így adódhattak akár az alkalmazott mikroszatellit lokuszok esetleg nem elég magas számából. Feltételezhető akár mintafelcserélés is, különös tekintettel a vérvételi folyamatra. Sajnos folyamatosan találkozunk olyan esetekkel, amikor a nem kellően elkötelezett mintavevő személyzet tudatosan követ el mintacserét. Ez utóbbi feltételezést ebben az esetben nem sikerült sem bizonyítani, sem cáfolni. Harmadik lehetséges magyarázat, hogy találtunk néhány olyan állatot, melyek nem tervezett keresztezés végtermékei voltak.

Az egyedek túlnyomó többségében a besorolások jól működtek, a dolgozatban bemutatott értékek elegendő bizonyítékkal szolgáltak a null hipotézis elvetésére, miszerint a mangalica színváltozatok genetikai összetétele azonos.

Mangalica gyorsteszt témakör kérdései; **„A III.1 ábrán (28.oldal) a használt tesztcsíkből próbája látható, nem találtam meg az ábrafeliraton, hogy ebben az esetben milyen mintát teszteltek.”**

Ez az ábra a teszteredmény mintázatának bemutatására készült. Az ábrához mangalica és nem mangalica eredetű sertésből származó, tiszta DNS oldatokat használtunk.

Kérdésem az lenne ehhez kapcsolódóan, hogy ezt az eljárást a gyakorlatban alkalmazásra került-e az élelmiszerek mangalica tartalmának kimutatására?

Nem tudok arról, hogy a gyorseszteszt használatba került volna. A laboratóriumi teszt elvégzésére már volt igény illetve megrendelés.

A mangalica gyorsesztesztre 2020 második felében figyelt fel a Valor Hungariae Zrt. Amennyiben a figyelem fennmarad és a támogatás megvalósul, a kereskedelmi teszt kifejlesztése megoldható.

A racka témakörben bírálóm azt kérdezi a rackák genetikai különbözőségét illetően, „...**hogyan ezen a területen történt-e előrelépés az elmúlt években, vagyis elérhető-e egy ilyen markerkészlet, történtek-e újabb vizsgálatok?**”

E sorok írásakor már elfogadott státuszba került egy kéziratunk, mely az *Animal* nevű újságban fog megjelenni „*Genetic status of lowland-type Racka sheep colour variants*” címmel. Ebben az írásban az összes tenyésztési vonalat reprezentáló 130 fekete és 130 fehér racka egyed vizsgáltunk SNP chip segítségével, több mint 45 ezer SNP lókuszból. Az idevágó genetikai jellemzőket kiszámoltuk, és összehasonlítottuk azokat a világban előforduló, más juh-populációk, populációpárok adataival. Az összehasonlítások alapján megállapíthattuk, hogy a fekete és fehér rackák mérhetően különböznek egymástól, azok külön fajtaként kezelhetők.

Szarvas mikroszatellit származásellenőrzésnél felmerülő kérdés; „**Meg tudná mondani melyik szarvas faj esetében létezik jelenleg jól alkalmazható mikroszatellit-, esetleg SNP alapú rendszer, amit származásellenőrzésre lehet alkalmazni?**”

A 2009-ben általunk leírt rendszer jól alkalmazható gímszarvas esetében. Egy 2014-es (Szabolcsi és mtsai) közlemény beszámol tetranukleotidokkal dolgozó DeerPlex nevű rendszerről, amely szintén jól alkalmazható gímszarvasoknál. 2019-ben Miller és munkatársai az amerikai fehér-farkú szarvast (*Odocoileus virginianus*) illetően számoltak be jól alkalmazható mikroszatellit készletről.

Új-Zélandon létrehoztak egy SNP készletet, melyet asszociációs vizsgálatok mellett származásellenőrzésre is fel lehet használni. Ezen SNP készlet illetve SNP chip vélhetően nem fog kereskedelmi forgalomba kerülni.

Saját vizsgálatainkban szarvasmarha SNP-chip alkalmazhatóságát teszteltük gímszarvasokon. Ennek során sikerült olyan SNP készletet azonosítani, mely a gímszarvasokon hasonló kizárási

valószínűséggel tud működni, mint a korábban említett 2009-es és 2014-es, mikroszatellit készletek.

A juhok prion proteint kódoló génjének vizsgálatát illetően kérdés, hogy a **2002-ben és 2003-ban a Magyarjuhtenyésztők szövetségével együttműködve elkezdődött ... tesztelésnek ... mi lett ... az eredménye?**

A vizsgálatok során több mint tízezer egyed vizsgáltunk meg a dolgozatban ismertett eljárással. Az eredményekről konferenciákon, az Állattenyésztés és Takarmányozás illetve a Magyar Állatorvosok Lapja hasábjain számoltunk be 2002-től 2007-ig terjedő időszakban. Egy 2006-os közleményünkben a legnagyobb létszámban tenyésztett fajták esetén összehasonlítottuk a 2003+2004-ben és a 2005-ben kapott adatokat. Az ARR/ARR genotípus gyakorisága, az Ile de France kivételével, minden fajtában számottevően emelkedett. A fogékony ARQ/ARQ és ARQ/VRQ genotípusú juhok aránya, a texel kivételével, minden esetben csökkent. ARQ/VRQ típus a német húsmérinóban és a suffolkban az első vizsgálati szakaszban nem volt kimutatható, megjelenése azzal magyarázható, hogy növekedett a vizsgálati létszám és újabb, korábban nem vizsgált tenyészetek is beléptek a programba. Az ARR allél gyakorisága minden fajtában látványosan növekedett, az Ile de France fajta kivételével ugyanez mondható el az R1 csoportba tartozó egyedekről is. Az R2, R3, R4 és R5 értékek nagyon változatos képet mutattak.

A bíráló végén feltett kérdések és az arra adott válaszok;

„Ön szerint még ma is van létjogosultsága a prion fertőzéssel szembeni rezisztenciaért felelős allélváltozatok alapján történő szelekcióra a juhok esetében?”

Mivel a mai napig nem lehet tudni, hogy a fertőző, rossz konformációval rendelkező prion protein minek a hatására alakul ki, és juh esetében ismert a rezisztens genotípus, az ismeretlen jövő eseményei miatt érdemes olyan állománnyal dolgozni, mely minél több rezisztens egyeddel rendelkezik. Ezért érdemes megelőzőképpen szelektálni a kedvező allélokra.

Ha még ma is történik ilyen szelekció, erre milyen módszert alkalmaznak?

Ma is történik szelekció a prion proteint kódoló gén genotípusai alapján. Tudomásom szerint külföldi labor, szekvenálással határozza meg a genotípusokat, melyeket a Magyar Juh- és Kecsketenyésztők Szövetsége párosítási terveiben figyelembe vesz.

Ismer olyan más fertőzéssel szembeni rezisztencia kialakításában szerepet játszó genotípust amire történik szűrés hazánkban, illetve tudna javasolni olyan szűrést, amit érdemes lenne bevezetni?

Juhokat és szarvasokat illetően *Haemonchus contortus* benzimidazol rezisztenciáért felelős gén alléljait tipizálta Nagy Gábor kollégám Kaposváron, mely eredményekről doktori disszertációjában és szaklapokban számolt be. Benzimidazol felhasználása előtt érdemes lenne tudni a tenyésztőnek, érdemes-e alternatívát keresnie.

Fontos lenne olyan helyek azonosítása a juh genomban, amelyek kapcsolnak a gyomor- és bélférgesség rezisztenciával. Ilyen lókuszokat ausztrál juhokon azonosítottak illetve publikáltak 2019-ben (<https://doi.org/10.1186/s12711-019-0479-1>). E rezisztenciával kapcsolt helyek további megismerése, vizsgálata időszerű lenne Magyarországon is.

Végezetül köszönöm a kérdéseket és bírálóm pozitív véleményét!

Tisztelettel:

Zsolnai Attila

Herceghalom, 2020. október 31.