

## Válasz Dr. Czeplédi Levente bírálatára

Köszönöm, hogy Dr. Czeplédi Levente a doktori értekezésem bírálatát elvállalta. Az észrevételekkel egyetérték.

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

A „Származásellenőrzés céljából kifejlesztett multiplex PCR szarvasban” fejezetcímben valóban szerencsésebb lett volna a **„Származásellenőrzés céljából kifejlesztett multiplex PCR gím- és dámszarvasban”** címet használni.

### **„A mai technikai lehetőségek mellett növelné-e a mikroszatellitek számát?”**

A mai lehetőségek mellett, amennyiben rendelkezésre áll az vizsgálat tárgyához vagy rokon fajhoz tervezett SNP chip vagy más nagy áteresztőképességű eljárás, akkor nem használnék mikroszatellit. Amennyiben mikroszatellit használata elkerülhetetlen és a rendelkezésre álló mikroszatellitek magas polimorfizmust mutatnak a vizsgált populáción belül, akkor tucatnyi mikroszatellit lókuszt használatát elegendőnek tartom.

Ha a mikroszatellitek nem lettek korábban jellemezve az adott populációban, akkor addig tesztelném a reakciókat, amíg olyan lókuszt találnék, melyek a lehető legtöbb allélt hordozzák.

A használandó mikroszatellitek száma nagyban függ a vizsgált populációtól és elérendő céloktól. Ha populáció korábban nem esett át hasonló vizsgálatokon, alacsonyabb mikroszatellit mennyiség vizsgálatának eredménye is jelentős információt tud szolgáltatni. A mikroszatellitek számának növelését mindenképpen az adott adathalmaz jellemzőinek ismeretében dönteném el.

Az SNP chip adatokat illetően kérdés merült fel, hogy a szőke, fecskehasú és vörös mangalicák között különbséget tévő 6 SNP **„...a kültakaró színét meghatározó génekben található?”**

A vizsgálat idején célként csak azon SNP-k megtalálása volt kitűzve, melyek leginkább különböznek a három mangalica fajtában. E sorok írásakor elbírálás alatt van egy olyan

kézirat, melyben a vörös színnel kapcsolt várományos gént találtuk meg chip analízissel és azt követő szekvenálással. A 2020-as eredmények azt mutatják, hogy a megtalált SLC45A2 gén az értekezésben szerepeltetett 6 SNP egyikének közelében van. A fecskehasú és szőke vonatkozásban a fennmaradó 5 SNP esetében ezidáig nem ellenőriztem azok ismert színgénnel való kapcsoltságát.

A mikroszatellit készlet és néhány SNP vizsgálati ár összehasonlítási részt illetően a bíráló az SNP azonosítási metodikára kérdez rá. Az akkori hozzáférhető metodikákat úgy vettem számba, hogy melyek a legkönnyebben alkalmazhatóak az adott technikai feltételek mellett. Ebben az esetben a laborhoz illeszkedő legalacsonyabb költséggel bíró eljárás az SNPlex és a KASP (kompetitív allél-specifikus polimeráz láncreakció) eljárások voltak. Az SNPlex eljárást már sikerrel alkalmaztuk prion proteint kódoló gén alléljeinek meghatározására, a KASP módszert alkalmazhatóságát mind a kaposvári, mind a herceghalmi laborban sikerrel teszteltem. A KASP költsége egy SNP-re vetítve, rutinszerű alkalmazást feltételezve, bőven 100 forint alatt tartható.

A szürkemarha vizsgálatoknál a kérdés: **„...miként értékeli a maremman és a magyar szürkemarha közötti fenotípusos hasonlóságot?”**

A fenotípusos hasonlóság alapján sokan gondolhatják azt, hogy a két szarvasmarha között csekély a genetikai különbség. Saját vizsgálatok alapján a genetikai különbség tetten érhető, a különbség mértéke közepes ( $F_{ST}=0,086$ ). Más kutatócsoportok, más egyedek és markerkészletek alkalmazásával hasonló eredményre jutottak.

Vizsgálataim során a disszertációban szerepeltetett több mint 3000 szürkemarhán túli létszámon, 15000 egyeden sikerült maremmanhányad vizsgálatokat végezni, melyek eredménye a tenyésztő szervezet számára jelentés formájában hozzáférhetővé vált.

A jelentéshez használt mikroszatellit adatokat több szoftverrel, többféle algoritmussal analizáltam. A maremman minden esetben eltért a szürkemarhától.

**„Mi volt az oka az OARCP26 mikroszatellit lókuszt kizárásának a multiplexből?”**

A gím- és dámszarvas populáción tesztelt multiplex PCR-ek esetében az első körben megalkotott 4- és 5-plex reakciók kombinálásakor olyan addig nem látott mellék és

műtermékek jelentek meg, melyek kiküszöbölése a reakciókörülmények szisztematikus változtatása ellenére csak ezen lókuszt kizárásával volt megoldható.

**„...egy fajtában, ahol a prion protein genotípus a napi súlygyarapodás teljes varianciájának 9.6%-áért felelős, érdemes a rezisztencia kialakításában kedvező, azonban a súlygyarapodásban kedvezőtlen allélra szelekciót folytatni?”**

Véleményem szerint a hosszú távú érdekeket szem előtt tartva érdemes a rezisztenciára szelektálni.

Természetesen egy ilyen döntés, amennyiben az nem hatóságilag előírt, a tenyésztő kezében van. A döntéshez meg kell fontolnia, hogy mekkora az esélye az állomány surlókórral való megfertőződésének? Van-e folyamatos surlókór-monitorozás az adott területen? Voltak-e gyanús esetek a múltban? Ha a tenyésztő hosszú távra tervez, megéri-e neki kockáztatni a rezisztenciára való tenyésztés elhagyását és vállalni egy jövőbeni fertőzés utáni teljes állományirtást?

Végezetül köszönöm a kérdéseket és bírálok pozitív véleményét!

Tisztelettel:

Zsolnai Attila

Herceghalom, 2020. október 31.