

## Opponensi bírálat

**Dr. Zsolnai Attila: „Molekuláris markervizsgálatok mangalica, racka, merinó, szürkemarha és szarvas állományokon” című MTA Doktori Értekezéséről**

Dr. Zsolnai Attila a fenti címmel nyújtotta be akadémiai doktori értekezését, amelynek bírálatát az alábbiakban adom meg:

### Értékelés szerkezeti, formai és stiláris szempontból

Az értekezés az MTA doktori munkák nem túl gyakori, és általában nem szokásos szerkezetét követi, másfél oldalas előszó után a dolgozat nyolc (I-VIII) római számmal jelzett, egyenként önálló fejezetből áll. Minden egyes fejezet további „Összefoglalás”, „Bevezetés”, „Anyag és módszer” valamint „Eredmények és következtetések” részekre tagolódik. A célkitűzéseket a Szerző minden egyes fejezet elején, a bevezetőben határozza meg. A szöveg összességében jól tagolt, a nyolc téma önmagában is, de a feldolgozásuk egyes szakaszai is elkülönülnek egymástól. Minden egyes fejezet, nagyon logikus rendezettségben és decimális számozással található. Az értekezés nyolc fejezetének kötőanyaga és közös nevezője a molekuláris módszertan (PCR), a genetikai markerek (elsősorban a mikroszatelliták) és az SNP-ék műszeres és laboratóriumi vizsgálata. Az értekezés 91 számozott oldalból áll, ebből az értekezés tényleges szövege 72 oldal, a többi irodalomjegyzék, köszönetnyilvánítás és tartalomjegyzék. Az értekezés az új tudományos eredmények ismertetésénél, a gyakorlatban hasznosítható eredményeket is tartalmazza.

A T. Szerző elég sok rövidítést használ, amelyek csak a molekuláris genetikusok körében ismertek, ezek értelmezésére célszerű lett volna egy külön rövidítések jegyzékét is összeállítani, ami bizonyosan tovább segíthette volna a disszertáció olvashatóságát és érthetőségét az olvasó számára. (Csak példaként említhető néhány, ahol az első szövegbeli említésnél nincs feltüntetve a rövidítés forrása: SPSS, PCA, Fst, FAM, RPA, BSE, TSE).

Az értekezés szakmai írásmódja következetes, érthetősége is jó, még akkor is, ha sok esetben az idegen genetikai szakkifejezések magyar megfelelővel is helyettesíthetők lennének.

Az ábrák (14 túlnyomóan színes) és a táblázatok (17) a hozzájuk kapcsolódó jól elkülönülő, dőlt betűs szöveggel, nagyon jól szemléltetik és kiválóan mutatják be a téma alapos feldolgozását. Egyik sem fölösleges, mindegyik tartalmas, szemléletes és jól értelmezhető.

Az elütések és a hibák száma feltűnően csekély, gyakorlatilag elhanyagolható, ugyanakkor két szakkifejezés írásmódjáról véleményt kell mondanom:

Az egyik a *lokusz* szó (génhely, DNS-szakasz, pl. mikroszatellita genomiális helye), amely következetesen *lókus*-ként jelenik meg a szövegben. Véleményem szerint itt a szótó nem a „ló”, hanem a locus latin szó, amely a magyar nyelvben a lokomotív, lokátor, lokális, lokál, lokálpatrióta, lokalizáció stb. szavakban jelenik meg, ahol minden esetben rövid o-val írjuk. A locus magyarosításánál is, véleményem szerint, de hivatalosan is (wikipedia.hu; topszotar.hu) a rövid o a helyes. Sajnálatosan egyes szakmai írásokban mások is hosszú ó-val írják.

A másik az angolból átvett *microsatellite* szó, amelynek magyarosított formája a mikroszatellit helyett inkább a *mikroszatellita* lehetne, mivel a satellite is *szatellita*-ként írandó magyarul.

Apróságoknak tűnik, de a 64. oldalon (alulról 11. sorban) a „mesterséges megtermékenyítés” helyett a „mesterséges termékenyítés” szakkifejezés használatát javaslom.

Összességében megállapítható, hogy az értekezés lényeges és súlyos felépítésbeli, alaki, stiláris, helyesírási hiányosságokat és elütéseket alig tartalmaz, jól bírálható és értékelhető.

## Értékelés tartalmi szempontból

**Témaválasztás:** A jelölt témaválasztása kétségtelenül nagyon aktuális; az utóbbi két évtizedet a molekuláris genetika és genomika exponenciális fejlődése és kibontakozása jellemezte. A molekuláris genetikai kutatások eredményeit szinte minden szakterületen alkalmazták már a gyakorlatban is, így az állattenyésztésben is. Dr. Zsolnai Attila az utóbbi szakterületen honosított meg molekuláris genetikai módszereket, de maga is új módszertani fejlesztésekkel és módosításokkal gazdagította a magyar állattenyésztés tudományterületét és az állatgenetika alapjait. A T. Jelölt a molekuláris genetika területén nemzetközileg is jól ismert szakember.

Témaválasztásában jól határozta meg azokat a hazánkban még molekulárisan nem vizsgált feladatokat és vizsgálati célokat, amelyek végrehajtásával hiánypótló tevékenységet végezhetett, és nagy valószínűséggel új eredményeket érhetett el.

A "Bevezetés"-ben megfogalmazott sokirányú vizsgálati célt és feladatot következetesen, hosszabb idő távlatában, nagy elhivatottsággal oldotta meg, eredményeit logikus, tézisszerű elrendezésben és időrendi sorrendben mutatja be. A disszertációt a közös vagy a nagyon hasonló metodikai alap és háttér foglalja egységbe.

**Anyag és módszer:** A jelölt az állattenyésztés genetikai kutatásai és annak gyakorlati alkalmazása terén korszerű és szokásos műszeres és statisztikai módszereket (pl. PCR, SNP vizsgálat, diszkriminancia és klastter-analízis, SNP-chip vizsgálat, diverzitás vizsgálat, genetikai távolság becslés, teljes genom-analízis stb.) alkalmazott, egyes esetekben módszertani módosításokat hajtott végre és új eljárásokat dolgozott ki.

Megjegyzem, hogy az anyag és módszer fejezet leírásaiban az egyes fejezetek között esetenként átfedések és ismétlések is tapasztalhatók, ami ugyanakkor nem zavaró.

**Eredmények:** A dolgozat a jelölt közel két évtizedes, a hazai állattenyésztés szolgálatában végzett, egyértelműen úttörő jellegű molekuláris genetikai munkásságáról ad áttekintést. Az eredmények bemutatása és értékelése során a szerző nemcsak a saját eredményeire támaszkodik, hanem széleskörű kitekintést is nyújt a témájához kapcsolódó szakirodalmi ismeretekre, vagy éppen hiányzó és hiányos ismeretekre. Értekezésében a saját legjelentősebb nemzetközi és hazai publikációira is hivatkozik. A dolgozat minőségét nagyban növeli, hogy az ismertett munkát a jelölt eddigi tudományos munkásságára, annak mintegy összegezésére alapozódik. Hazai és nemzetközi viszonylatban is elsőként határozta meg egyes háziállatfajtáink, így a mangalica sertésfajták, a racka juh, a magyar szürke marha, a döm-és a gímszarvas molekuláris genetikai és populációs jellemzőit. A juhok súrlókorát okozó prionprotein SNP allélváltozatainak vizsgálatára pedig új módszert dolgozott ki.

Az új eredmények felsorolásánál, de csak kevés esetben, az egyes alpontok összevonását javasolom.

Összegezve a bírálatot, Zsolnai Attila kiemelkedő tudományos eredményeit (így elsősorban módszertani eljárásait és fejlesztéseit) elegendőnek tartom az MTA doktori cím odaítéléséhez, azok jelentős mértékben hozzájárulnak a hazai állattenyésztés és fajtapopulációk tudományterületének és gyakorlatának molekuláris megközelítésű megalapozásához és további fejlődéséhez.

### **Kérdéseim a jelölthöz:**

1. Létezik-e olyan SNP vagy más genetikai marker, amely alapján az általa vizsgált mangalica sertésfajták 100%-os megbízhatósággal elkülöníthetők? (A T. Jelölt a dolgozatában, a mikroszatelliták viszonylatában 95% fölötti megbízhatóságról ír).

2. A mangalica sertésfajták rokonsági foka is becsülhető a diszkriminancia-analízis eredményeiből, milyen arányú a közös génhányad és a rokonsági fok az egyes fajták között?

Zárt tenyészetnek minősülnek-e az egyes mangalicafajták? Az önálló fajtává fejlődésük során mikor keresztezték (és keresztezték-e egyáltalán) az egyes színváltozatokat egymással?

3. Vannak-e az általa vizsgált genetikai markerek alapján elkülönülő mangalica sertésfajták és racka szubpopulációk esetében, *a színén kívül*, olyan más küllemi és főleg *termelési tulajdonságok*, amelyek megalapozzák a 3 mangalica sertésfajta, illetve a fekete és a fehér racka juh elkülönülését?

4. Mi a véleménye a magyar szürke marha maremman génhányad alapján történő szubpopulációkra oszthatóságáról? Elkülöníthetők-e 100%-os megbízhatósággal a maremman ősökkel rendelkező és nem rendelkező egyedek? Van-e egyáltalán jelentősége a maremman génhányadnak?

5. Az általa kifejlesztett SNP alapú mangalica gyorseszteszt és a mikroszatellita alapú dám- és gímszarvas PCR-teszt kapható-e a kereskedelmi forgalomban?

6. Mivel magyarázza a német merinó kos állományban a surlólkór-rezisztencia genotípus és a súlygyarapodás közötti gyenge negatív korrelációt?

7. Utolsó kérdésem: miért nem tüntette fel az új tudományos eredmények között az élelmiszerek mangalica eredetének és tartalmának igazolását a védjegyként szolgáló fajtaspecifikus DNS-szakaszok (markerek) kimutatásával? (III. fejezet).

#### ***Új eredmények elfogadása:***

Javasolom az új tudományos eredmények összevonását és egyszerűsítését; véleményem szerint 11 helyett 6 új tudományos eredmény is bőségesen elégséges az MTA doktori cím odaítéléséhez. A javasolt összevonások nem érintik a tartalmat, szinte minden esetben az eddigi széttagolt, de ugyanakkor szorosan összefüggő megállapítások egy „és” szócskával való összekötéséről van szó csupán.

Az új eredmények összegezését az alábbiak szerint javaslom módosítani:

1. Mikroszatellita vizsgálatokkal igazoltuk és teljes genom vizsgálattal is validáltuk a mangalica genetikai hátterű, három (szőke, vörös és fecskehasú) fajtába sorolhatóságát.

2. A mangalicafajták mikroszatellita alapú elkülönítésére hat SNP lokuszra alapozott alternatív megoldást és gyakorlatban is alkalmazható gyorsesztesztet dolgoztunk ki.

3. Igazoltuk a fekete és a fehér racka genetikai differenciáltságát és mérsékelt fokú elkülönülését, amelyet más juh fajta-párok összefüggésében is megvizsgáltunk.

4. Felmértük a magyar szürke marhaállomány mikroszatellita alapú genetikai struktúráját és meghatároztuk a diverzitás és a génmegőrzés szempontjából figyelemre méltó tenyészeteket.

5. Dám- és gímszarvas genetikai vizsgálatára két eddig nem használt polimorf mikroszatellitát alkalmaztunk, amelyek alapján származásellenőrzésre is alkalmas 4-plex, 5-plex és 8-plex PCR csomagot fejlesztettünk ki.

6. Új vizsgálati eljárást dolgoztunk ki a surlólkór rezisztenciához kapcsolt prionprotein génváltozatainak meghatározására és német merinó kos állományban igazoltuk a surlólkór-rezisztenciára végzett szelekció negatív hatását.

Az elmondottak alapján Zsolnai Attila MTA doktori értekezését nyilvános vitára alkalmasnak és tudományos eredményeit elegendőnek tartom az MTA doktori cím megszerzéséhez.

Budapest, 2020. 07. 23.



Zöldág László  
opponens