

Bírálati vélemény

Dr. Zsolnai Attila

„Molekuláris markervizsgálatok mangalica, racka, merinó, szürkemarkarha és szarvas állományokon”

című MTA doktori értekezéséről

A dolgozat formai értékelése:

A benyújtott disszertáció 91 számozott oldalt tartalmaz. A dolgozatban nyolc fejezet tárgyalja a tudományos munkát, az eredmények ismertetését, melyekben tagolás szerint három fejezet a mangalica fajtával végzett genetikai munkáról számol be, ezt követi a fehér és fekete racka genetikai különbözőségének felmérése, majd a magyar szürkemarkarha állományokon végzett mikroszatellit vizsgálatok, a szarvas származásellenőrzésére fejlesztett multiplex PCR ismertetése és végül két fejezet a juhok surlókor rezisztenciájával és a rezisztenciát befolyásoló prion protein genotípusnak az állat termelésére gyakorolt hatásával foglalkozik.

A disszertációban bemutatott munkák főbb megállapításait a Jelölt az „Új tudományos eredmények” fejezetben foglalja össze és külön fejezetben felsorolja publikációi közül azon nyolcat, melyekben azokat közölték. Külön kiemelő, hogy a nyolc közleményből a Jelölt hat esetben első szerző, két cikknél pedig utolsó szerző volt.

Minden egyes fejezet egy rövid összefoglalással nyit, ezt követi a bevezető, az alkalmazott anyag és módszer rövid bemutatása, majd a leghosszabb rész, az eredmények ismertetése. Több esetben az eredményeket követően rövid következtetéseket olvashatunk. Az eredmények szemléltetését, értelmezését táblázatok és ábrák segítik.

A dolgozat összeállításához felhasznált szakirodalom ismerteti a tudományterület legfontosabb munkáit, mind a hazai, mind a külföldi szerzők vonatkozásában. A közlemények nagy többsége tudományos folyóiratcikk, melyeket nagyrészt a 2000-es évek elején publikálták. Ez utóbbi összhangban van a Jelölt dolgozatban felhasznált cikkeivel, mivel azok a 2003-2015 közötti időszakban jelentek meg.

A „Származásellenőrzés céljából kifejlesztett multiplex PCR szarvasban” fejezetcímet tekintve pontosítást javasolnék, hiszen a szarvas megnevezésből nem derül ki pontosan a vizsgálatba vont állatfaj.

A dolgozat eredményeinek bírálata:

A mangalica állományokon végzett genetikai vizsgálatok során mikroszatellitekkel történt a fecskehasú, vörös és szőke változatok elkülönítése. A jól megtervezett munka során, a bevált gyakorlatnak megfelelően, kontrollként egy eltérő fajtát (duroc) is bevontak a vizsgálatokba. Az eredményeket a 10 mikroszatellit allélváltozataiból kapták. *A kérdésem az lenne, hogy a mai technikai lehetőségek mellett tovább növelné-e a mikroszatellitek számát?* A fecskehasú, szőke és vörös mangalicával kapcsolatos megállapítások helytállóak, azok a genetikai eredmények elemzésén alapulnak.

A mangalicavizsgálatok folytatásaként, a Jelölt és szerzőtársai a több, mint 60 000 SNP adatot generáló Illumina chip-et alkalmazva lényegesen pontosabb információt kaptak az állatokról. Amennyiben mindkét módszerrel genetikai távolságot számoltak a mangalicafajták között, úgy

azokkal hasonló eredményeket kaptak ($r=0,788$). Hat olyan SNP-t sikerült azonosítani, melyekkel több, mint 95%-os valószínűséggel a helyes csoportba sorolhatóak a fajták. *Ezek az SNP-k a kültakaró színét meghatározó génekben találhatóak? A disszertációban megjegyzi, hogy, ezen lecsökkentett számú SNP-k alkalmazása esetén a költségek nagyobb hányada megtakarítható (a mikroszatellit-vizsgálathoz képest). Ez alatt milyen SNP azonosítási metodikát ért?*

A mangalica DNS azonosításához kifejlesztett és optimalizált RPA reakció igen meggyőzőnek bizonyult mind szöveti minta, mind feldolgozott élelmiszerkészítmények esetén. Örvendetes, hogy a specifikusság ellenőrzésénél nem csak szekvenciakeresést és egyezőséget vizsgáltak, hanem számos sertésfajtát, állatfajt és növényi mintát teszteltek.

A fehér és fekete rackák közötti genetikai távolság vizsgálatát két külön projektben végezte a szerző. Először nagyobb elemszámmal és kevesebb mikroszatellittel, majd két év múlva 7 helyett 31 mikroszatellit markerrel. Az állatszámban alapvetően a fehér rackák egyedszáma tért el. Mindkét vizsgálat azzal az eredménnyel zárult, hogy a két változat genetikailag differenciálnak tekinthető, azonban a szerző rávilágít arra, hogy az eredmények eltérnek és felsorolja annak lehetséges okait. Az eredményekből levont következtetéseknél figyelt arra, hogy mértéktartó legyen, mivel mindössze 7, illetve 9 fekete rackát mintáztott, melyek két, illetve egy tenyészetből származtak.

A magyar szürkemarha tenyészetekben végzett mikroszatellit vizsgálatokba több, mint 3000 egyedeket vontak be, állatonként 11 mikroszatellittel. Igen ritka, amikor egy projekt keretében ilyen sok állatról van genetikai információ. A fajta állományának időbeli változásánál valószínűleg gépelési hiba folytán rossz évszám jelenik meg, illetve nincs információ az elmúlt évek tehénlétszámáról. Ez utóbbi oly módon érthető, hogy a legfrissebb adat a kutatási projekt zárásához igazodik. *A kérdésem arra irányul, hogy a Jelölt saját eredményei, illetve a szakirodalom alapján miként értékeli a maremman és a magyar szürkemarha közötti fenotípusos hasonlóságot?*

Gímszarvas és dámszarvas mintákon nagyszámú, összesen 41 mikroszatellit tesztelt a Jelölt származásellenőrzés céljából. Ebből egy 4- és 5-plexet alkotott, majd egyesítve egy 8-plex assay-t fejlesztett, mely időtakarékos és költséghatékony megoldás. *Mi volt az oka az OARCP26 mikroszatellit lókuszt kizárásának a multiplexből?*

A juhok surlókórjával kapcsolatban folytatott genetikai munkában a rezisztenciával összefüggésbe hozott prion proteint kódoló gén variánsainak kimutatását és metodikafejlesztést ismerttet a disszertáció. A különböző genotípusok előfordulását racka, cigája, texel és merinó állományokban állapította meg. A további munka során több száz állat bevonásával magyar merinó és német merinó kosoknál összefüggést keresett a prion proteint kódoló gén polimorfizmusa és az állatok súlygyarapodása között. Az elért eredményekből a szerző megfelelő következtetést vont le. *Véleménye szerint 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?*

A szerző új tudományos eredményei közül az alábbiakat fogadom el:

Mangalica vizsgálatok:

A mangalica genetikai háttere alapján három csoportba sorolható. A három csoport megfelel a szőke, vörös és fecskehasú fajtáknak.

Hat SNP lókusszal alternatív megoldást kínáltunk a fajták mikroszatellitekkel történő azonosításának felváltására.

Laboratóriumi körülmények biztosítása nélkül használható gyorstesztet fejlesztettünk ki.

Racka, mikroszatellit vizsgálatok:

Igazoltuk a fekete és fehér racka genetikai differenciáltságát, melyet más juh fajta-párok kontextusában is megvizsgáltuk.

Magyar szürkemarha mikroszatellit vizsgálatok:

A magyar szürkemarha állomány tenyészetekre lebontott genetikai struktúráját felmértük.

Olyan tenyészeteket azonosítottunk, melyek különleges figyelmet érdemelnek diverzitás, génfenntartás szempontjából.

Szarvas, mikroszatellit:

Kettő, addig szarvasnál nem használt mikroszatellit alkalmaztunk származásellenőrzési célra.

Egy 4-plex, egy 5-plex illetve egy 8-plex PCR csomagot hoztunk létre gímszarvas származásellenőrzéshez.

Prion proteint kódoló gén genotipizálása:

Új vizsgálati eljárást hoztunk létre a surlókór rezisztenciával kapcsolt prion protein gén változatainak meghatározására.

Merinó kosok vizsgálata, termelési tulajdonság és prion protein genotípusok kapcsolata:

Német merinó kos állományban igazoltuk a surlókór rezisztens genotípusra való szelekció negatív hatását.

Zsolnai Attila „Molekuláris markervizsgálatok mangalica, racka, merinó, szürkemarha és szarvas állományokon” címmel benyújtott doktori munkáját, a dolgozatban bemutatott eredményeit elegendőnek tartom az MTA doktora cím megszerzéséhez és a nyilvános védelem kitűzését javaslom.

Debrecen, 2020. augusztus 7.


Dr. Czeglédi Levente
egyetemi docens