

Válasz Prof. Dr. Bősze Zsuzsanna opponensi véleményére

Tisztelt Professor Asszony!

Mindenekelőtt köszönöm részletes bírálatát, mellyel MTA doktori értekezésemet véleményezte. Igyekszem az észrevételekre és a kérdésre azok sorrendjében reagálni.

Köszönöm Opponens asszonynak, hogy dolgozatom témáját fontosnak és időszerűnek ítéli meg, megtiszteltetés, hogy engem a hazai genomikai szelekció bevezetését célzó kutatások egyik úttörőjének tart. Köszönöm, hogy véleménye szerint eredményeim megteremtették az alapot a genomikai szelekció hazai alkalmazására, és hozzájárulnak a nemzeti tenyésztési program kidolgozásához.

Köszönöm, hogy a dolgozatban alkalmazott marker-asszisztált szelekciós (MAS) és genomikai szelekciós (GS) módszereket korszerűnek és nemzetközileg is elfogadottnak tartja, valamint, hogy a chip-vizsgálatokkal elért eredményeket jelentősnek ítéli.

Köszönöm, hogy Opponens asszony az általam megfogalmazott új tudományos eredményeket elfogadásra alkalmasnak tartja és egyetért az azon javaslatával, miszerint lehetséges azokat öt fő pont köré csoportosítani.

Opponens asszony kérdésére adott válaszom a következő:

A sertés miogenin gén 3' polimorfizmus vizsgálatánál a VIII.1 táblázatban 60 magyar nagyfehér mintájából az A allél gyakoriságát 0,24-nak találta. A következő fejezetben három telepről 574 magyar nagyfehér minta vizsgálatakor az A allélfrekvencia 0,62 volt. Mi okozhatja ezt a jelentős eltérést?

Az allélgyakorisági értékek jelentősen eltérhetnek országhatáron belül is az egyes állományok között. Az eltérést okozhatja a szelekciós munka hatékonysága, ill. iránya, vagy akár import állatok megjelenése az adott populációban.

Esetünkben miogenin kutatásaink 1999-ben kezdődtek az ÁTK herceghalmi kísérleti telepén, így néhány évvel megelőzték első publikációinkat (Anton és mtsai, 2002). Mind a tipizálási módszer kidolgozását, mind pedig a vizsgálatokat kísérleti telepünk állományán végeztük. Az említett cikkben szereplő 60 magyar nagyfehér minta semmiképpen sem reprezentálja az országos átlagot, hiszen a telepi állományt korábban többféle szelekciós kísérletnek is alávetettük, és több alkalommal próbáltuk ellenőrizni a gyakorlatban is kutatási eredményeink megbízhatóságát. Mivel a súlygyarapodás és a születési súly legkedvezőbb értékeit a BB genotípusnál tapasztaltuk, valószínűnek tartom, hogy a cikk eredményei a fentebb említett szelekciós eljárások eredményeit is tükrözték már. A második cikkünk négy évvel később készült (Anton és mtsai, 2006), és itt három különböző hazai telepről származó 574 mintát vizsgáltunk, de ebben a kutatásban herceghalmi minták már nem szerepeltek. Ezen minták allélgyakorisága valószínűleg közelített az akkori országos átlaghoz, ill. a nemzetközi adatokhoz is. Példaként említem, hogy Humpolíček és mtsai (2007) eredményei alapján cseh nagyfehér állományban az A allél gyakorisága 0,73 volt, míg Stupka és mtsai (2012) szerint, csehországi keresztezett nagyfehér állományokban ez az érték 0,76 volt.

Köszönöm, hogy munkámat és eredményeimet elegendőnek tartja az MTA doktori cím megszerzéséhez, és javasolja értekezésemnek nyilvános vitára bocsátását.

Még egyszer megköszönöm Opponens asszony munkáját és bízom abban, hogy elfogadja válaszom.

Budapest, 2022. január 4.

Tisztelettel,



Dr. Anton István

Anton és mtsai (2002): Simultaneous identification of two Msp I polymorphisms of the porcine myogenin gene in Hungarian breeds. J. Anim. Breed. Genet. 119, 280-283.

Anton és mtsai (2006): Effect of MYOG Genotypes on Growth Rate and Production Traits in Hungarian Large White Pigs. Acta Veterinaria Hungarica, 54, 393-397.

Humpolíček és mtsai (2007): Effect of estrogen receptor, follicle stimulating hormone and myogenin genes on the performance of Large White sows. Czech Journal of Animal Science 52 (10):334-340.

Stupka és mtsai (2012): The impact of MYOG, MYF6 and MYOD1 genes on meat quality traits in crossbred pigs. African Journal of Biotechnology 11(88):15405-15409.