

Válasz Prof. Dr. Czeglédi Levente opponensi véleményére

Tisztelt Professor Úr!

Nagyon köszönöm részletes bírálatát, amellyel MTA doktori értekezésemet véleményezte. Igyekszem az észrevételekre és a kérdésekre azok sorrendjében válaszolni.

Köszönöm Opponens úrnak, hogy dolgozatomat jól szerkesztettnek, ábráit és táblázatait könnyen értelmezhetőnek tartja, valamint a téma megközelítését, ill. a dolgozat szerkezeti felépítését szerencsésnek értékeli.

Köszönöm, hogy a dolgozatban ismertetett eredményeket jelentősnek ítéli. Örülök, hogy úgy látja, hogy a szarvasmarha és sertésfajon elvégzett genetikai vizsgálatok eredményei beépíthetők a szelekciós programokba és a tenyésztési gyakorlatba, ill. hozzájárulhatnak az állati termék előállításának versenyképességéhez.

Köszönöm, hogy Opponens úr az általam megfogalmazott új tudományos eredményeket - egy kivétellel - elfogadásra alkalmasnak tartja.

Opponens úr kérdéseire az alábbiakban válaszolok:

A tyroglobulin és a DGAT1 génekben hol helyezkednek el a vizsgált SNP-k? Az allélok elnevezése alapján valószínűsítem, hogy ezek ugyanazok a polimorfizmusok, melyeket a további fejezetekben vizsgált, de kérném ennek megerősítését.

A II., III. és IV. fejezetben ugyanazt a TG és DGAT1 polimorfizmust vizsgáltuk. Sajnálom, hogy - igyekezetem ellenére - nem sikerült egyértelműen fogalmaznom.

A TG gén esetében a „TG5” néven ismert, 422-es pozícióban levő C>T polimorfizmust vizsgáltuk, amely az 5' nem kódoló szekvencia (5'UTR) része.

A DGAT1 gén esetében a 10433/10434 pozícióban található, két bázisra kiterjedő, GC→AA polimorfizmust mértük fel, amely a DGAT1 fehérjében (232 pozíció) egy alanin→lizin változást okoz.

Milyen mértékben növelte meg a napraforgómag a napi adag nettó energia-tartalmát, illetve a felvett olaj/zsír mennyiségét?

A metabolizálható energia (ME) hasznosulásának hatékonysága eltérő az egyes fiziológiai funkciók esetében, ez létfenntartásnál 70-80 %, súlygyarapodásnál pedig 40-60 %. Emiatt két különböző nettó energiát használunk a takarmányok energiaértékének kifejezésére:

-Létfenntartó nettó energia, NEm – (ami a szarvasmarhák létfenntartó szükséglete).

-Súlygyarapodásra használt nettó energia, NEg – (ami a szarvasmarhák súlygyarapodásának szükséglete).

Jelen esetben, 1 kg napraforgómag az alábbi nettó energia- és nyerszsír-többletet eredményezte az eredeti adaghoz képest:

Létfenntartó nettó energia, NEm: + 12,58 MJ/kg

Súlygyarapodásra használt nettó energia, NEg: +9,08 MJ/kg

Nyerszsír: + 480 g

Mi lehet az oka, hogy az intramuszkuláris zsírtartalomra hatást gyakorló gének/SNP-k bizonyos izmok esetén eltérést okoznak, míg másoknál nem?

Az intramuszkuláris zsírtartalom - sok más tényező mellett - jelentősen befolyásolja a hús minőségét. Az ezzel kapcsolatos korábbi tanulmányok főként fajhatásokra összpontosítottak, de a zsíryanycsere szabályozási mechanizmusa még nem teljesen ismert. A továbbiakban bemutatott szakirodalmi adatok alapján úgy tűnik, hogy a zsíryanycsere expressziós szabályozása nem minden izomtípusban működik azonos módon. Haszonállatokban az intramuszkuláris zsírtartalom jelentős különbségeket mutat fajták között is, amiből takarmányozási és technológiai szempontok mellett genetikai okokra is következtetni lehet. Az utóbbi években több fajban is végeztek génexpressziós vizsgálatokat az intramuszkuláris zsírtartalom szabályozásának megismerésére.

Liu L. és mtsai (2021) tizenhat lipid-anyagcserével kapcsolatos gén expressziójának hatását vizsgálták keresztezett wayu és holstein bikák hosszú hátizomjának intramuszkuláris zsírtartalmára. Megállapították, hogy hat gén (FGF2, COL1A1, SREBP1c, SCD1, GRP78, LEP) relatív expressziója a hosszú hátizomban wayu fajtában jelentősen magasabb volt a holstein fajtához képest ($P < 0,05$). Ennek megfelelően, előbbi esetben a hosszú hátizom intramuszkuláris zsírtartalma is jelentősen meghaladta az utóbbit ($P < 0,05$).

Xu és mtsai (2020) kínai Tan juhokban vizsgálták hat zsíryanycserével kapcsolatos gén (PPAR γ , C/EBP α , FAS, LPL, FABP4, ACC) expressziójának hatását négy különböző izom (longissimus dorsi/LD, triceps brachii/TB, biceps femoris/BF, supraspinatus/SS) intramuszkuláris zsírtartalmára. Arra a következtetésre jutottak, hogy a longissimus dorsi intramuszkuláris zsírtartalma 45,4%-al magasabb volt a triceps brachii ($P < 0,05$), 48,4%-al magasabb a biceps femoris és 20,1%-al magasabb a supraspinatus zsírtartalmánál. A vizsgált gének expressziójának hatása jelentősen eltért a négy különböző izom vonatkozásában. Az LD esetében például mindegyik gén expressziója jelentős pozitív hatással volt az intramuszkuláris zsírtartalomra ($P < 0,05$), azonban az SS izomnál a PPAR γ és FABP4 géneknél pozitív ($P < 0,01$), míg a C/EBP α , ill. ACC géneknél negatív ($P < 0,01$) hatást tapasztaltak.

Sertésfajban szintén több kutató vizsgálta az intramuszkuláris zsírtartalom kialakulásának genetikai vonatkozásait. Lim és mtsai (2016) több olyan gént azonosítottak, melyek expressziója szignifikáns kapcsolatot mutatott az intramuszkuláris zsírtartalommal. A csoport 134 gén expresszióját vizsgálta extrém magas és alacsony intramuszkuláris zsírtartalommal rendelkező Berkshire sertéseknél. Az eredmények alapján az SCD és FASN gének expressziójának mértéke meghatározó volt a hosszú hátizom intramuszkuláris zsírtartalmának alakulásában.

Liu Ch. és mtsai (2018) a lipidanyagcserével kapcsolatos gének hatását vizsgálták több izom intramuszkuláris zsírtartalmára vonatkozóan kínai keresztezett sertésekben. Elemezték 18 lipidanyagcserével kapcsolatos gén expressziójának hatását az intramuszkuláris zsírtartalomra 14 különböző izomban. Az intramuszkuláris zsírtartalom jelentősen eltért a tanulmányozott izmok között ($P < 0,01$). A vizsgált tizenhét génből hét (AdPLA, DGAT2, FABP4, ELOVL6, FASN, PPAR γ , SCD) expressziójának mértéke szignifikáns hatással volt az intramuszkuláris zsírtartalomra ($P < 0,05$), amely jelentősen magasabb volt a trapezius és semitendinosus izmokban a többihez képest ($P < 0,05$) és 10% fölötti értéket mutatott. A legalacsonyabb intramuszkuláris zsírtartalmat a peroneal longus és psoas major izmokban mérték.

Mivel az izmok zsírtartalma eltérő, szarvasmarha esetében az intramuszkuláris zsírtartalom, ill. márványozottság meghatározására a legtöbb tanulmányban a longissimus dorsi (hosszú hátizom) 12-13. borda közötti részét és a semitendinosus (féliginas) izmot használják, amelyek egyfajta „indikátor”-izomként szerepelnek. Ezáltal a tanulmányok eredményei összehasonlíthatóvá válnak, így vizsgálatainkban mi is ezeket az izmokat használtuk.

Liu L. és mtsai., 2021: Comparisons of adipogenesis- and lipid metabolism-related gene expression levels in muscle, adipose tissue and liver from Wagyu-cross and Holstein steers. PLOS ONE <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0247559>

Xu és mtsai, 2020: Candidate genes expression affect intramuscular fat content and fatty acid composition in Tan sheep. Genetics and Molecular Research 19 (4): gmr18550.

Lim és mtsai, 2016: Identification of differentially expressed genes in longissimus muscle of pigs with high and low intramuscular fat content using RNA sequencing. Anim. Genet., 48(2), 166-174.

Liu Ch. és mtsai, 2018: The effect of lipid metabolism-related genes on intramuscular fat content and fatty acid composition in multiple muscles. Animal Production Science 58(11) 2003-2010 <https://doi.org/10.1071/AN16292>.

Mi alapján, illetve milyen módszerrel történt az állatok szarvszínének megállapítása?

Mindenekelőtt szeretném megjegyezni, hogy a vizsgálatba vont állatoknál a szarvszín meghatározását nem kutatócsoportunk végezte, hanem a Magyar Szürke Szarvasmarhát Tenyésztők Egyesületétől kaptuk az adatokat. A kérdés megválaszolására azonban jó iránymutatást jelent Radácsi Andreának a Debreceni Egyetemen, 2008-ban készített PhD munkája, amely éppen ezzel a témakörrel foglalkozik. A bemutatott képek alapján a szarv színének megállapítása szabad szemmel, előzetes gyakorlottság megszerzése nélkül is könnyen elvégezhető. A kutató digitális fényképezőgéppel felvételeket készített a vizsgálatba vont állatok szarváról (670 egyed), majd kiértékelte a képeket. A szarv színének megoszlása a vizsgált állatokban a következőképpen alakult: fehér szarv-60%, kártyás szarv-31%, zöld szarv-9%. További érdekesség, hogy a kutatók a kártyás színben belül – a fehér szín aránya alapján - további négy alcsoportot találtak (a fehér, alig kártyás; a kártyás sok fehérrel; a kártyás kevés fehérrel; és a zöld, alig kártyás színváltozatot).

Érdemes kiemelni azonban, hogy kutatásunkban a zöld szarv genetikai hátterének vizsgálatakor, kártyás szarvú egyedek egyáltalán nem szerepeltek.

Radácsi Andrea, PhD értekezés, 2008,
(https://dea.lib.unideb.hu/dea/bitstream/handle/2437/4967/Radacsi_PhD_dolgozat.pdf?sequence=8&isAllowed=y)

Végül, köszönöm, hogy Opponens úr munkámat és eredményeimet elegendőnek tartja az MTA doktori cím megszerzéséhez, és javasolja értekezésemnek nyilvános vitára bocsátását.

Még egyszer megköszönöm Opponens úr munkáját és bízom abban, hogy elfogadja kérdéseire adott válaszom.

Budapest, 2022. január 7.

Tisztelettel,



Dr. Anton István