

Bírálati vélemény Anton István PhD. Egy pontos nukleotid-polimorfizmusok szelekciós felhasználásának lehetősége hazai szarvasmarha – és sertésállományokban címmel benyújtott MTA Doktori értekezéséről

Köszönöm a lehetőséget, hogy egyik bírálója lehetek Anton István PhD. MTA Doktori értekezésének. Az értekezés alapját tíz tudományos publikáció képezi, melyek 2002 és 2020 között jelentek meg a szakterülethez kapcsolódó folyóiratokban. A jelölt az új eredményeket kilenc pontban foglalta össze.

Részletes bírálat

1. A dolgozat időszerűsége

A genotípus és a fenotípus közötti kapcsolat megismerése az elmúlt két évtized központi kérdése volt az állattenyésztésben, amelynek végső célja a genetikailag legkitűnőbb egyedek kiválasztása. A hazai haszonállatok szelekciójának genetikai/genomikai alapokra történő helyezése rendkívül fontos és időszerű feladat, amelyben a nemzetközi középmezőnyhöz történő felzárkózás is nagy eredmény lenne. Anton István az egyik hazai úttörője a genomikai szelekció bevezetését célzó kutatásoknak, aki a dolgozatában bemutatott eredményeken túlmenően több fontos kapcsolódó területen is ért el alapozó eredményeket kollégáival együtt. A dolgozatban bemutatott eredmények megerősítették az alapot a genomikai szelekció alkalmazására két fontos haszonállat fajunkban a szarvasmarhában és a sertésben és hozzájárulnak a nemzeti tenyésztési program kidolgozásához.

2. A dolgozat fő fejezeteinek ismertetése

Az előzmények és célok fejezetet követően a dolgozat alapját képező tíz közlemény egyenkénti ismertetése következik fejezetekre bontva, melyekben a célokat és következtetéseket fejezetek szerint mutatja be a jelölt. Ezt követik az új tudományos eredmények, a dolgozat alapját képező saját közlemények illetve az eredmények felhasználása. Ez utóbbi fejezet rövid kitekintést ad az eredmények jövőbeni alkalmazásainak lehetőségeiről és jelentőségükről a hazai haszonállat genomikai kutatásokban.

3. Vizsgálati módszerek korszerűsége

A dolgozatban alkalmazott módszerek mind a marker asszisztált szelekciós (MAS), mind a genomikai szelekciós (GE) vizsgálatokban korszerűek és megfelelnek a szakirodalomban széles körben elfogadottaknak. A marker asszisztált szelekciós kísérletekben PCR amplifikációt követő restriktív enzimemésztéssel a fragment méretek alapján, vagy valós idejű PCR reakcióval TaqMan próba alkalmazásával határozta meg a vizsgált egyedek genotípusát. A genomikai szelekciót a teljes genomra kiterjedő DNS chip-ek kifejlesztése tette lehetővé, melyeket több nemzetközi biotechnológiai cég is palettájára tűzött. Ezeket Anton István kollégáival együtt számos szarvasmarha és sertés fajtánk esetében is eredményesen alkalmazta és szakszerűen értékelte. A teljes genom vizsgálat eredmények értékelésénél a vizsgált QTL-el kapcsolt SNP-k bemutatása mellett számos közeli gént is azonosított, melyek egy része már ismert volt korábbi géntérképezési adatokból, emellett több olyan kapcsolt gént is leír egyes QTL régiókban,

melyeknek releváns biológiai funkciója ismert más fajokból, ezek további vizsgálata jelentős új alapkutatói eredményekhez vezethetne.

4. A jelölt új tudományos eredményeit az alábbi öt pontban javasolom összefoglalni
1. A II-IV. fejezet eredményeit számos alpontra bontva ismerteti a jelölt. Ezek közös jellemzője, hogy ezek az első hazai szarvasmarha állományokon végzett MAS-ra alkalmas eredmények, melyek fontossága nem vonható kétségbe. Ez akkor is kiemelendő, ha mindhárom gén vizsgált polimorfizmusának első leírása és annak termelési tulajdonságokra való hatása a jelölt által is hivatkozott adat volt már a kísérletei kezdetekor is. Kivételt képez a leptin gén promóter régiójában korábban leírt, a szérum leptin koncentrációját befolyásoló SNP, melynek hatását a tejtermelésre és a tej beltartalmi értékeire elsőként írta le.
2. Az V-VI. pontban ismertetett eredményeket a kettős hasznosítású magyar tarka szarvasmarha esetében SNP chip alkalmazásával nyerte a jelölt, az adatok mindhárom alpont esetében újak és közvetlenül felhasználhatóak lehetnek a vonatkozó egyesület tenyésztési programjában.
3. A magyar szürkemarkarha genomvizsgálat eredményei (VII.pont) újak és felhasználhatóak mind a tenyésztési értékek becslésben mind a szarv színére történő szelekcióban.
4. Új eredménynek fogadom el a magyar nagyfehér sertésben a miogenin gén 3' polimorfizmusnak többféle tenyésztési mutatóra való hatásának vizsgálatát (IX.pont), mely a VIII. pontban kifejlesztett RFLP-PCR módszeren alapult. A VIII. pontban a sertés miogenin gén két ismert polimorfizmusát vizsgálta négy gazdaságilag jelentős hazai fajtában.
5. A magyar nagyfehér sertés genomvizsgálatok eredményeit a születéskori alomsúly, illetve az összes megszületett és ebből holtan született malacszámmal kapcsolt SNP lokuszok azonosítását új eredménynek ismerem el és azokat alkalmasnak tartom tenyésztési programokban történő alkalmazásra.

Kérdésem

A sertés miogenin gén 3' polimorfizmus vizsgálatánál a VIII.1 táblázatban 60 magyar nagyfehér mintájából az A allél gyakoriságát 0.2416-nak találta. A következő fejezetben három telepről 574 magyar nagyfehér minta vizsgálatakor az A allélfrekvencia 0,6275 volt. Mi okozhatja ezt a jelentős eltérést?

Anton István PhD: Egy pontos nukleotid-polimorfizmusok szelekciós felhasználásának lehetősége hazai szarvasmarha – és sertésállományokban c. doktori disszertációját nyilvános vitára alkalmasnak tartom és sikeres védés esetén javasolom az MTA Doktora cím odaítélését.

Bősze Zsuzsanna

MTA Doktora

Gödöllő, 2021. november 29.