

## BÍRÁLÓI VÉLEMÉNY

Dr. Anton István

„Egypontos nukleotid-polimorfizmusok szelekciós felhasználásának lehetősége hazai szarvasmarha- és sertésállományokban”

című MTA doktori értekezéséről

### **A benyújtott dolgozat formai értékelése:**

A doktori munka 113 számozott oldalt tartalmaz, melyből 19 oldal a felhasznált irodalom jegyzéke. A bemutatott kutatási eredmények 9 témakörre tagolódnak, melyek mindegyike gazdasági állatfajokon folytatott molekuláris genetikai vizsgálatokról szól.

A Jelölt kutatási tevékenysége főként a szarvasmarha genetikai vizsgálataira terjed ki, ami mellett három fejezet rész a sertés genetikai eredményeket mutatja be. A kutatási eredmények projektenként, vizsgálatonként alkotnak egy-egy egységet az értekezésben, mely logika szerint az elért eredmények könnyen értelmezhetőek.

A munka egy része a két fajban előforduló nagyhatású génekre fókuszál, jellemzően ezek a korábban született eredmények, míg a legutóbbi időszak tevékenysége elsősorban szarvasmarha és sertés SNP chipek által azonosított markereket ismerteti. A szarvasmarha faj esetén a diacilglicerol-aciltranszferáz 1 (DGAT1), tyroglobulin (TG) és leptin génekben leírt polimorfizmusokra genotipizált több százas egyedszámban különböző fajtákat és kereste az összefüggéseket az említett gének és az intramuszkuláris zsírtartalom, a tejhozam, a tejsír-tartalom és fejjehérje-tartalom között. A DNS chipekkel elvégzett vizsgálatokkal magyar tarka szarvasmarhában a fertilitás tenyésztési érték indexszel és a hús tenyésztési érték indexszel, illetve az izom intramuszkuláris zsírtartalmával kapcsolatban talált egypontos nukleotid-polimorfizmusokat. A magyar szürke marha állományokban a becsült tenyésztési értékkel összefüggésben azonosított SNP-eket, illetve a fenotípusos tulajdonságok közül a szarv színét meghatározó genetikai markerekre terjedt ki a vizsgálat.

A sertésgenetika területén a bemutatott munkák kandidáns génje a myogenin volt, melynek polimorfizmusát négy fajtában is vizsgálta. A sertéseken elvégzett DNS chip elemzések a szaporodásbiológiai mutatókkal összefüggésben kerestek egypontos nukleotid-polimorfizmusokat.

A dolgozat jól szerkesztett, ábrái, táblázatai könnyen értelmezhetőek, a szükséges esetekben közlik a mintaszámot. Szerencsés volt az a megközelítés, hogy az elvégzett sokrétű munkát egy rövid bevezetésben felvezeti, illetve a célkitűzésben a könnyű beazonosíthatóság érdekében jelzi, hogy egy-egy eredmény mely fejezethez tartozik. Ez a megközelítés végigvonul a teljes dolgozaton, ily módon megjelenik az új tudományos eredményekben is.

Minden eredményfejezet egy rövid áttekintéssel kezdődik, mely megfelel a tudományos közlemények absztraktjának, melyet irodalmi forrásokot tartalmazó bevezetés követ, majd az anyag és módszer fejezet következik, melyben ismerteti a vizsgálatok legfontosabb körülményeit, úgy mint fajta, egyedszám, genetikai módszer és az alkalmazott statisztika. Az

eredmények és értékelése alfejezetek az eredmények rövid leírása mellett elsődlegesen táblázat és ábra formájában mutatják be a fontosabb megállapításokat. Az utolsó, következtetések alfejezet túlmutatva az eredményeken ismerteti, hogy miként lehet, illetve lehetne azokat a továbbiakban felhasználni.

A Jelölt a dolgozatát 9 tudományos közleményére alapozza, melyeket 2002 és 2020 között publikált, ezekből négy hazai, öt pedig külföldi impakt faktoros folyóiratban jelent meg. Kettő közlemény kivételével a Jelölt a publikációk első szerzője, az említett kettőnél pedig utolsó szerző.

### **A dolgozat eredményeinek bírálata:**

A diacilglicerol-aciltranszferáz 1 és a tyroglobulin polimorfizmusokat holstein-fríz tehenekben, illetve angus, limousin, charolais és magyar tarka bikákban vizsgálta. Megállapította, hogy a DGAT1 gén alléljai befolyásolják mind a tejhozamot, mind a tej beltartalmi paramétereit, illetve a tyroglobulin esetében, hogy a hosszú hátizom faggyútartalmát a T-allél jelenléte növeli. *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 leptin, DGAT1 és tyroglobulin gének alléljait PCR-RFLP metodikával határozta meg angus húsmarháknál. A vizsgálat során 173 hízó bikát mintázott, illetve határozta meg azok intramuszkuláris zsírtartalmát, mind a hosszú hátizomban, mind a féliginas izomban. Megállapítása szerint mindhárom gén hatással volt a hús zsírtartalmára. Ezek az állatok egyben takarmányozási kísérletben is részt vettek, mivel az állomány fele napraforgómag kiegészítést kapott. Ez utóbbi faktor is hatással volt az intramuszkuláris zsírtartalomra, azonban ez csak a hosszú hátizomban jelentkezett. *Milyen mértékben növelte meg a napraforgómag a napi adag nettó energia-tartalmát, illetve a felvett olaj/zsír mennyiségét? Mi lehet az oka, hogy az intramuszkuláris zsírtartalomra hatást gyakorló gének/SNP-k bizonyos izmok esetén eltérést okoznak, míg másoknál nem?*

Összesen több, mint 1200 állat bevonásával (holstein-fríz, jersey, magyar tarka) végezte a DGAT1-re, leptinre és tyroglobulinra történő genotipizálást és ezeket összefüggésbe hozta az állatok standard laktációs tejhozamával, tejszír és tejfehérje százalékával. A DGAT1 és a leptin lókuszokat TaqMan módszerrel vizsgálta. A tyroglobulin allélokat restriktions emésztéssel azonosította. A DGAT1 gén nagy hatással volt a tejhozamra mindhárom fajtában. A leptin és a Tyroglobulin TT alléljai megállapítása szerint hatással voltak a tej zsír- és fehérje-tartalmára. Nagy felbontású DNS chip alkalmazásával 146 magyar tarka bikát tesztelt és sikerült olyan nukleotid polimorfizmusokat azonosítania, melyek kapcsolatban állnak a fertilitás tenyészték indexszel, illetve a hús tenyészték indexszel. A hús intramuszkuláris zsírtartalma tekintetében négy olyan lókuszt azonosított az 1, 6, 13 és 17-es kromoszómákon, melyek kapcsoltságot mutattak az említett tulajdonsággal.

Magyar szürke állományokon is végzett DNS chip vizsgálatokat, melyek eredményeit az állatok becsült tenyésztékével vetette össze. Sikeresen azonosított hét olyan markert, melyek a tenyésztékkel szoros kapcsoltságot mutattak. Az állatok szarvának színével összefüggésben is elvégezte elemzését, melynek során hat új markert azonosított. *Mi alapján, illetve milyen módszerrel történt az állatok szarvszínének megállapítása?*

A myogenin gén alléljait PCR-RFLP metodikával határozta meg magyar nagyfehér, duroc, mangalica és magyar lapály sertésekben. Ezen vizsgálataiba több mint 800 egyed volt be. A munka egy részében az allélfrekvenciák megoszlását határozta meg. A nagyfehér sertés esetén a súlygyarapodást és bizonyos tenyésztési mutatókat is mért. Megállapította, hogy a myogenin BB genotípusának jelenléte intenzívebb súlygyarapodást jelent.

A sertés Illumina SNP chippel 300 magyar nagyfehér kocát genotipizált, mely munkába 11 sertéstelepet vont be. Az azonosított SNP-eket szaporodásbiológiai mutatókkal összefüggésben értékelte. Az összes született malacszámmal, a születéskori alomsúllyal, a holtan született malacok számával, a 21 napos átlagos alomsúllyal, a fialások közötti intervallummal kapcsolatban azonosított tulajdonságokként egy-hét markert. Eredményeire alapozva azt a következtetést vonta le, hogy ezen új polimorfizmusok eredményesen beépíthetők a magyar nagyfehér tenyésztési programjába.

Az értekezés erősségének tartom, hogy a szarvasmarha és sertés fajokon elvégzett genetikai vizsgálatok eredményei beépíthetők a szelekciós programokba, a tenyésztési gyakorlatba, melyek hozzájárulhatnak az állati termék előállítás versenyképességéhez.

Az új tudományos eredmények közül elfogadom a szarvasmarha DGAT1, TG, LEP vizsgálatok eredményeit (9 db megállapítás), a magyar tarka fajta genomvizsgálatainak három eredményét, a szürke marha genomvizsgálatok két eredményét, a sertés myogenin vizsgálatok három új eredménye közül azt az eredményt, mely új PCR-RFLP multiplex vizsgálati módszer kidolgozására irányult, a többihez képest kisebb jelentőségűnek értékelem, így annak nem javaslom a külön pontban történő felsorolását. A másik kettőt elfogadom. A magyar nagyfehér sertés genomvizsgálatok mindhárom eredményét elfogadom.

Dr. Anton István „Egy pontos nukleotid-polimorfizmusok szelekciós felhasználásának lehetősége hazai szarvasmarha- és sertésállományokban” címmel benyújtott doktori munkáját, a dolgozatban bemutatott eredményeit elegendőnek tartom az MTA Doktora cím megszerzéséhez és a nyilvános védelem kitűzését javaslom.

Debrecen, 2021. december 21.

Dr. Czeglédi Levente  
egyetemi tanár