

Válasz

Kusza Szilvia, a MTA doktora bírálatára

Gáspárdy András „A fenotípus, a genotípus és a környezet ellenőrzésével
megvalósított precíziós állattenyésztési kutatások”

c. MTA Doktori értekezéséről

Tisztelt Opponensem, Kusza Szilvia Professzor Asszony!

Köszönettel megkaptam bírálatát. Köszönöm, hogy volt szíves doktori értekezésem bírálatát elvállalni és elbírálni. Megjegyzéseire és kérdéseire az alábbiakban adom meg válaszomat.

Örömmel tölt el, hogy a doktori disszertációm tudományos szempontból érdekesnek, és kutatásaim eredményének nagy részét a gyakorlatban közvetlen alkalmazhatónak tartja. Megállapítja, hogy disszertációm megfelel az MTA doktori követelményeknek.

A disszertációm formai szempontból is, hiszen jól strukturált, a címben jelölt hármas felosztást követi. Tudományos nyelvezettel íródott. Figyelmes Opponensem néhány gépelési hibát és kevésbé magyarosan fogalmazott mondatot talált. Megemlíti, hogy a Bevezetés nem kellően gazdag a dolgozat mélyebb megértéséhez. Kritikai észrevételeit köszönöm.

Elfogadom álláspontját, miszerint a precíziós állattenyésztés valós idejű adatgyűjtésre, szenzortechnológiákra, gépi tanulási algoritmusokra, illetve a „*genotype to phenotype*” szemléletre épül. Véleménye szerint a dolgozatban bemutatott genetikai vizsgálatok nem kapcsolódnak közvetlenül a precíziós állattenyésztés gyakorlati, termelésben megjelenő problémáihoz. Ennek megfelelően hiányzik a genetikai és fenotípusos adatok közötti közvetlen kapcsolat bemutatása, az adatok döntéstámogató rendszerekben való hasznosulása. Ezeket is elfogadom, és szeretném hozzátenni, hogy amennyiben az értekezésemben lévő eredmények teljes mértékben megfelelnek ennek, akkor a címben adott terület komplett precíziós rendszerének bemutatása szerepelt volna. Céлом az egésznek része volt, kutatásaimmal új adalékok szolgáltatása.

Tisztelt Opponensem a teljes genom kutatások elérhetőségére hívja fel a figyelmemet. Ezeket én is értékesnek tartom a fajták még teljesebb, molekuláris genetikai jellemzésére (F_{ROH}), a genomiális tenyészték becslésére, stb. Bízom, hogy nekem is részem lesz még ilyen feldolgozásban. Bemutatott genetikai vizsgálataimban, azonban az anyai háttér megállapítása volt fontos. Miért? A matrilineáris diverzitás fenntartásához. Hogyan hasznosul ez a hétköznapi precíziós állattenyésztésben? Amiben még jobban bízom, olyan fajtamegőrzési program kifejlesztése, ami ezeket az adatokat is tárolja, figyelembe veszi a döntéshozatalkor, felkínál egyedeket továbbtenyésztésre, ugyanakkor figyelmezteti a tenyésztőt bizonyos egyedek szükségszerű továbbtenyésztésére. Itt a fenotípussal való kapcsolat – miután alapjaiban nem kódoló régióról van szó – kevésbé jön számba. Ugyanakkor, magam részéről is indokoltnak tartom a fenotípus rögzítését, talán egyszer az őshonos fajtákban a genomiális tenyésztékét, továbbá -szelekciót és beépítését a fajtamegőrző algoritmusba.

Ezzel kapcsolatban hálásan köszönöm Kusza Szilvia Professzor Asszonynak megállapítását, miszerint alkalmazott kutatási eredményeim hozzájárulnak az állattenyésztés fejlesztéséhez.

Kutatásaim eredményét igyekeztem rangos nemzetközi folyóiratokban megjelentetni. A disszertációm nyolc ilyennek tartható közleményre alapul. Ebből öt az Acta Veterinaria Hungarica angol nyelvű Q2-es szaklapban, ami a Magyar Tudományos Akadémiához köthető.

MTA doktori pályázatomban beadását követően négy újabb hasonlóan értékes cikkünk jelent meg, bár ugyanazon újságokban: *Animals* Q1 utolsó szerző, *Veterinary Sciences* Q1 első szerző, *Agriculture* Q2 első szerző és *Veterinary Medicine and Science* Q1 köztes szerző. Ezek összesített impakt faktora 10. Opponensem javaslatát megfogadom és igyekszem diverzifikáltabb publikációs stratégiát követni.

A „nem” és „ivar” kapcsán elfogadom Opponensem véleményét. Valóban, az olvasást könnyítő jobb megoldás csak az egyik használata, amit legyen az ivar (sex, állatokkal foglalkozó angol kéziratokban a gender használatát töröltetik).

A fehér rackák kapcsán sajnálom, hogy maradt elírás az értekezés szövegében.

Opponensem kérdést tett fel a székely ló eredetével kapcsolatban. A citált mondat („Mivel a HG Q az ázsiai lovakra jellemző, a vizsgált székely ló állomány haplotípus-eloszlása a honfoglaláskor keletről behozott magyar lovak keleti eredetét tükrözheti.”) feltételes módban íródott, mert Opponensemmel együtt úgy érzem, hogy a vizsgálatunk erre egyértelmű bizonyítékkal nem tud szolgálni, és kétségtelenül hiányzik az értekezéséből az ide vonatkozó forrásmunka. Igazságának háttéréül Kovácsy Béla és Monostori Károly munkájára (A ló és tenyésztése) hivatkozom, melyben ők Magyarország lótenyésztés történetében az első korszakként a magyar ló korszakát nevezik meg. Ez a korszak *„azé a lóé, a melyen őseink Attila örökét maguknak elfoglalni Ázsiából kijövének. Ezen korszakot a honalapítástól a mohácsi vészig (1526) lehet számítani.”*

A székely ló demográfiai és filogeográfiai történetének nagyobb felbontású vizsgálatára teljesebb genetikai mintázatra van szükségünk. Ez kiterjed a mitogénom (pl. citokrom b gén) és főként a nukleáris genom (STR és SNP) vizsgálatára. Nagyon fontos megbízható kontrollként a recens, illetőleg a jól azonosítható, a házasítás régiójából kiáramló lovak ásatag mintái. A ló esetében az egyedek „keveredése” megnehezíti a magi genetikai információk fajtákba rendezését. mtDNS hipervariábilis régióját felhasználva Weinstock és mtsai (2005) a filogeográfiai elemzésüket maximum likelihood és Bayes-féle Markov-lánc Monte Carlo (MCMC) módszerek alkalmazásával végezték. Az Y-kromoszóma hím specifikus szakaszának vizsgálata az apai háttér felderítést szolgálja. Az Y-kromoszóma rendkívül informatív szekvencia-diverzitást mutat, ami alátámasztja az orientális vonalak növekvő tenyésztési hatását az elmúlt 1500 évben. Bozlak és mtsai (2010) ennek 5 Mb hosszúságú részét használták fel és megállapították a mai mén vonalak közös, a házasítás központjába mutató közös eredetét.

A cikta fajtára jellemző prion genotípus előfordulásra jeles Opponensem is rákérdez. Szabó és Komlósi professzor uraknak adott válaszomat a következőkkel tudom kiegészíteni. Megnéztem a cikta fajta rizikó csoportjainak alakulását tenyészetenként. Azt állapítom meg, hogy nincs lényeges különbség a tenyészetek között. Ebből arra következtetek, hogy a tenyészkiválasztásban nincs eltérő preferencia, ami kihatna a teljes állomány genetikai meghatározottságára.

Kusza Szilvia Professzor Asszony rákérdez a precíziós állattenyésztés eszközeire a juh és szarvasmarha fajokban. Az értekezés részét nem képezi a kérődzés aktivitásának saját további vizsgálata kapcsolatba hozva azt a tögygyulladás (Gáspárdy és mtsai, 2015). A kérődzés aktivitás felhasználhatóságáról közleményben számoltunk be (Ari és mtsai, 2015). Szerencsém volt részt venni és a statisztikai adatfeldolgozást elvégezni a szarvasmarha intravaginális termométer alkalmazhatóságának értékelésében az ellés várható idejének előrejelzése céljából hazai holstein-fríz állományban (Choukeir és mtsai 2020).

Másik Opponensi válaszként ezekről részben számot adtam. A szarvasmarhában még feltétlenül szükséges megemlíteni a lábtranszpondert, mint ivarzás megfigyelő tejhasznú

állományokban. Húsgulyákban inkább az „ugrásérzékelőt” (mount detector), ami jelet küld a központi számítógépre és jelzi az anyatehén ivarzását. Az anyatehén ivarzásának és a bika „érdeklődésének” érzékelésére a tehén és a bika elektromos azonosítóinak hosszan egymáshoz közeli helyzete ad támpontot a Moocall rendszerben. Az ivarzás megfigyelésében a kérődzés aktivitásának nyomon követése is szerephez jut, mert ivarzás napjai alatt érzékelhetően csökken az étvágy, csökken a kérődzésben töltött idő. A juhban napjainkban kezdenek ezek az eszközök átalakításokkal megjelenni. Ebben a fajban különös szerephez jut ma az egészségi állapot, a kondíció precíziós technikákkal való folyamatos ellenőrzése. Az élősködők jelenlétének azonosítása molekuláris genetika úton. Ide hozható a makrobiom vizsgálatok kiterjesztése a juh fajra is. Megvalósíthatók genetikai vizsgálatok ún. *in vivo screening* formájában génfunkciók/gén expresszáladás online megállapítására életkor, életszakasz, vagy élettani folyamat függvényében. Nyilván, ezek költségesek, állatkísérleti engedélyhez kötöttek és leginkább betegség modelleként szolgálnak laboratóriumi állatok felhasználásával.

Az ember acetylserotonin methyltransferase (ASMT) gén promóter szakaszában SNP mutációt észleltek, ami a gén csökkent működését okozza, ezáltal csökkentve a melatonin termelődését N-acetylserotoninból (Kripke és mtsai, 2011). Az N-acetylserotonin aktiválja a 2-es típusú neurotróf tirozin-kináz receptort (TRKB), egy agyi eredetű neurotróf faktor (BDNF) receptort, amely az NTRK2 génről íródik. A BDNF TRKB-hez való kötődése modulálhatja a neuronális túlélést, a neurogenezist és a szinaptikus plaszticitást, összefüggésbe hozható depressziós zavarral. Juh melatonin receptor gén (MTNR1A) promóter szakaszában öt SNP-t fedezett fel He és mtsai (2019). Ezekből kettő igazolt kapcsolatban áll a reprodukciós aszezonalitással és egy az alomszámmal. Carvajal-Serna és mtsai (2022) összefüggést találtak a melatonin receptor gén (MTNR1A) polimorfizmusok és arylalkylamine-N-acetyltransferase (AANAT) and N-acetylserotonin-O-methyltransferase (ASMT) enzimek termelődésének aktivitása között, ami magyarázhatja a kosok szezonális ivari aktivitását. A PER2 óragén mutáns változata fényre alacsony érzékenységet eredményez és perzisztáló melatonin termelődés a következménye emberben (Akiyama és mtsai, 2017).

Köszönöm Opponensem véleményét az új tudományos eredmények számosságát tekintve, értekezésem nyilvános vitára bocsátásra javaslását.

Tisztelettel,

Gáspárdy András

Budapest, 2025. május 16.

A válaszadáshoz felhasznált irodalom

Ari M, Gulyás L, Gáspárdy A (2015): A kérődzés aktivitásának mérésére kifejlesztett nyaktranszponder („hangjelző”) előnyei. HOLSTEIN MAGAZIN, 23:2, 44-44.

Akiyama T, Katsumura T, Nakagome S, Lee S-i, Joh K, Soejima H, et al. (2017): An ancestral haplotype of the human PERIOD2 gene associates with reduced sensitivity to light-induced

melatonin suppression. PLoS ONE 12(6):e0178373.
<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0178373>

Bozlak, E., Radovic, L., Remer, V. et al. Refining the evolutionary tree of the horse Y chromosome. *Sci Rep* 13, 8954 (2023). <https://doi.org/10.1038/s41598-023-35539-0>

Carvajal-Serna M, Lázaro-Gaspar S, Martínez-Marcos P, Pulina L, Mura C, Carcangiu V, Abecia JA, Pérez-Pe R, Casao A (2022): Influence of melatonin receptor 1A (MTNR1A) gene polymorphisms on melatonin synthesizing-enzymes and melatonin receptors gene expression in ram. *Animal Reproduction Science*, 247:107121, <https://doi.org/10.1016/j.anireprosci.2022.107121>.

Choukeir AI, Kovacs L, Kezer LF, Bujak D, Szelenyi Z, Kamel AM, Gaspard A, Szenci O (2020): Evaluation of a commercial intravaginal thermometer to predict calving in a Hungarian Holstein-Friesian dairy farm. *REPRODUCTION IN DOMESTIC ANIMALS*, 55:11, 1535-1540.

Gáspárdy A, Efrat G, Ari M, Harnos A, Bajcsy Ács, Fekete SGy (2015): A kérérdzés aktivitásának online követése szubklinikai tőgygyulladásban szenvedő tehenekben. *MAGYAR ÁLLATORVOSOK LAPJA*, 137:5, 283-291.

He X, Zhang Z, Liu Q, Chu M (2019): Polymorphisms of the melatonin receptor 1A gene that affects the reproductive seasonality and litter size in Small Tail Han sheep. *Reprod Domest Anim*, 54(10):1400-1410. doi: 10.1111/rda.13538.

Kovácsy B, Monostori K (1991): A ló és tenyésztése. Facsimile kiadvány. Aréna Kiadó Kft.

Kripke DF, Nievergelt CM, Tranah GJ, Murray SS, McCarthy MJ, Rex KM, Parimi N, Kelsoe JR. (2011): Polymorphisms in melatonin synthesis pathways: possible influences on depression. *J Circadian Rhythms*, 9:8. doi: 10.1186/1740-3391-9-8.

Weinstock J, Willerslev E, Sher A, Tong W, Ho SYW, Rubenstein D, Storer J, Burns J, Martin L, Bravi C, Prieto A, Froese D, Scott E, Xulong L, Cooper A (2005): Evolution, Systematics, and Phylogeography of Pleistocene Horses in the New World: A Molecular Perspective. *PLoS Biol*, 3(8): e241.