SZENT ISTVÁN EGYETEM

TEJFEHÉRJE GENETIKAI VIZSGÁLATOK HAZAI SZARVASMARHA FAJTÁKBAN

Doktori értekezés

Baranyi Mária

Gödöllő
2000

A doktori program

címe: Az állattenyésztés biológiai alapjai

tudományága: Mezőgazdaság-tudomány

vezetője: Dr. Dohy János
egyetemi tanár, akadémikus
Szent István Egyetem
Állattenyésztési és Tartástechnológiai Intézet

Témavezető: Dr. Bősze Zsuzsanna
tudományos főmunkatárs, biológiai tudományok kandidátusa
Mezőgazdasági Biotechnológiai Kutatóközpont

.....
A programvezető jóváhagyása

.....
A témavezető jóváhagyása

TARTALOMJEGYZÉK

TARTALOMJEGYZÉK I

RÖVIDÍTÉSEK JEGYZÉKE IV

1. BEVEZETÉS ÉS CÉLKITŰZÉSEK 1

2. IRODALMI ÁTTEKINTÉS 2
2.1. A főbb tejfehérjék és tulajdonságaik 2
2.1.1. Kazeinek 2
2.1.1.1. α_{S1}-kazein 4
2.1.1.2. α_{S2}-kazein 4
2.1.1.3. β-kazein 4
2.1.1.4. κ-kazein 5
2.1.2. Savófehérjék 6
2.1.2.1. α-laktalbumin 6
2.1.2.2. β-laktoglobulin 6
2.2. Tejfehérje gének szerkezete 7
2.3. Bioszintézis és szekréció 8
2.4. Tejfehérje allélok gyakorisága különböző szarvasmarha fajtákban 9
2.4.1. α_{S1}-CN genotípus 10
2.4.2. α_{S2}-CN genotípus 10
2.4.3. β-CN genotípus 10
2.4.4. κ-CN genotípus 11
2.4.5. α-LA genotípus 11
2.4.6. β-LG genotípus 11
2.5. Tejfehérje genetikai polimorfizmus kimutatására alkalmas módszerek 11
2.5.1. Biokémiai polimorfizmus kimutatása 11
2.5.1.1. Elektroforetikus technikák 11
2.5.1.2. Oszlopkromatográfiás módszerek 13
2.5.3. DNS polimorfizmus kimutatására alkalmas módszerek 14
2.5.3.1. Restrikciós fragmenshossz polimorfizmus 14
2.5.3.2. Allélspecifikus polimeráz láncreakció 16
2.5.3.3. Bidirekcionális allélspecifikus polimeráz láncreakció 17
2.5.3.4. Restrikciós hasítóhely amplifikációval való létrehozása 17
2.5.3.5. Primer hossza alapján történő allélmeghatározás 18
2.5.3.6. Egyes szál konformációs polimorfizmus 18
2.6. Tejfehérje allélok gazdasági jelentősége 19
2.6.1. Genetikai polimorfizmus és tejösszetétel 19
2.6.1.1. Fehérjetartalom 20
2.6.1.2. Zsírtartalom 22
2.6.2. Genetikai polimorfizmus és a tej „technológiai értéke” 23
2.6.2.1. Tejfehérje allélok fizikai-kémiai tulajdonságai 23
2.6.2.2. Tejfehérje allélok hatása a tej alvadási tulajdonságaira és a sajtkitermelésre 23
2.6.3. Genetikai polimorfizmus és a tejtermelés kapcsolata 24
2.6.4. Genetikai polimorfizmus és a termeléssel összefüggő tulajdonságok 25
2.6.4.1. Növekedés és testsúly 25
2.6.4.2. Szaporaság 25
2.6.4.3. Tőgygyulladás 25

3. ANYAGOK ÉS MÓDSZEREK 26

3.1. Fehérjevizsgálatok 26
3.1.1. Anyagok 26
3.1.1.1. Vegyszerek 26
3.1.1.2. Oldatok 26
3.1.1.3. Gélek és egyéb segédeszközök 26
3.1.1.4. Állatok 26
3.1.2. Módszerek 28
3.1.2.1. Mintavétel és előkészítés 28
3.1.2.2. β-laktoglobulin izolálása tejből 28
3.1.2.3. Izoelektromos fókuszálás 28
3.1.2.4. Tejfehérje allélok azonosítása 29
3.2. DNS vizsgálatok 29
3.2.1. Anyagok 29
3.2.1.1. Vegyszerek és enzimek 29
3.2.1.2. Oligonukleotidok 29
3.2.1.3. Oldatok 29
3.2.2. Módszerek 30
3.2.2.1. Mintavétel 30
3.2.2.2. DNS izolálás 30
3.2.2.3. Polimeráz láncreakció 30
3.2.2.4. Restrikciós fragmenshossz polimorfizmus 30
3.2.2.5. DNS elektroforézis 30
3.3. Statisztikai számítások 31
3.3.1. Genotípus- és allélgyakoriságok meghatározása 31
3.3.1.1. Genotípus-gyakoriságok 31
3.3.1.2. Allélgyakoriságok 31
3.3.2. A fajták közötti genotípus- és allélgyakoriságbeli különbségek vizsgálata 31
3.3.3. Rokonsági kapcsolatok vizsgálata 31
3.3.4. A különböző termelési adatok közötti összefüggések vizsgálata 31
3.3.5. Tejfehérje genetikai variánsok és egyes termelési adatok közötti összefüggések vizsgálata 32
3.3.5.1. "Egy-génes" analízis 32
3.3.5.2. "Több-génes" analízis 32

4. EREDMÉNYEK 34
4.1. Tejfehérje genetikai polimorfizmus vizsgálata hazai szarvasmarha állományokban 34
4.1.1. Egy új β-laktoglobulin allél (β-LG J) kimutatása és jellemzése 34
4.1.1.1. β-LG *J* kimutatása magyar szürke tehenek tejéből 34
4.1.1.2. β-LG *J* elsődleges szerkezete 35
4.1.1.3. β-LG *J* kimutatása vérből 36
4.1.2. Genotípus- és allélgyakoriságok hazai szarvasmarha fajtákban 38
4.1.2.1. Magyar szürke 39
4.1.2.2. Magyartarka 41
4.1.2.3. Holstein-fríz 42
4.1.2.4. Hungarofríz 43
4.1.3. A hazai szarvasmarha fajták összehasonlítása 44
4.1.3.1. α_{S1}-CN genotípus-, és allélgyakoriságok 44
4.1.3.2. β-CN genotípus-, és allélgyakoriságok 45
4.1.3.3. κ-CN genotípus-, és allélgyakoriságok 47
4.1.3.4. β-LG genotípus-, és allélgyakoriságok 48
4.1.4. Rokonsági kapcsolatok vizsgálata 49
4.2. Tejfehérje polimorfizmus hatása a termelési paraméterekre 50

4.2.1. Tejhozam 50
4.2.2. Fehérjetartalom 55
4.2.2.1. 305 napos tejfehérje-termelés 55
4.2.2.2. A tej %-os fehérjetartalma 59
4.2.3. Zsírtartalom 66
4.2.3.1. 305 napos tejzsírtermelés 66
4.2.3.2. A tej %-os zsírtartalma 71
4.3. Tejfehérje polimorfizmus hatása a reproduktív tulajdonságokra 75
4.4. A különböző termelési paraméterek közötti összefüggések vizsgálata 80
4.5. Új tudományos eredmények 82

5. KÖVETKEZTETÉSEK ÉS JAVASLATOK 83

6. ÖSSZEFOGLALÁS 85

SUMMARY 88

MELLÉKLETEK

M1. IRODALOMJEGYZÉK 91

M2. FÜGGELÉK 101

M3. SAJÁT KÖZLEMÉNYEK JEGYZÉKE 140
M3.1. A dolgozat témakörében megjelent közlemények 140
M3.1.1. Idegen nyelven megjelent közlemények 140
M3.1.2. Magyar nyelven megjelent közlemények 140
M3.1.3. Konferencia kiadványokban megjelent közlemények, absztraktok 140
M3.2. Egyéb publikációk 141
M3.2.1. Idegen nyelven megjelent egyéb közlemények 141
M3.2.2. Konferencia kiadványokban megjelent egyéb közlemények, absztraktok 142

RÖVIDÍTÉSEK JEGYZÉKE

ACRS = restrikciós hasítóhely amplifikációval való létrehozása (***A***mplification ***C***reated ***R***estriction ***S***ite)
ADPL = primer hossza alapján történő allélmeghatározás (***A***llele ***D***etermination by ***P***rimer ***L***ength)
APS = ammónium-perszulfát
as = aminosav
AS-PCR = allélspecifikus polimeráz láncreakció (***A***llele ***S***pecific ***P***olymerase ***C***hain ***R***eaction)
BAS-PCR = bidirekcionális allélspecifikus polimeráz láncreakció (***B***idirectional ***A***llele ***S***pecific ***P***olymerase ***C***hain ***R***eaction)
BIS = N,N'-metilén-bisz-akrilamid
bp = bázispár
CA = amfolin (***C***arrier ***A***mpholyte)
CA-IEF = izoelektromos fókuszálás amfolinok jelenlétében
CA-IPG-IEF = immobilizált pH-gradiensen történő izoelektromos fókuszálás amfolinok jelenlétében
CN = kazein (α-, β-, κ-CN)
dATP = dezoxi-adenozin-trifoszfát
dCTP = dezoxi-citozin-trifoszfát
dGTP = dezoxi-guanidin-trifoszfát
DEAE = dietil-aminoetil
df = szabadságfok (***d***egree of ***f***reedom)
DNS = dezoxiribonukleinsav
dNTP = dezoxi-nukleozid-trifoszfát
DTE = ditio-eritritol
DTT = ditio-treitol
dTTP = dezoxi-timidin-trifoszfát
EDTA = etiléndiamin-tetraecetsav
EtBr = etidium-bromid
GLM = általánosított lineáris modellezés (***G***eneral ***L***inear ***M***odel)
HF = holstein-fríz
HPLC = magasnyomású folyadék kromatográfia (***H***igh ***P***erformance ***L***iquid ***C***hromatography)
HuF = hungarofríz
IEF = izoelektromos fókuszálás
Ig = immunglobulin
IPG = immobilizált pH-gradiens
ITP = izotachoforézis
kb = kilobázis
kD = kilo Dalton
LA = laktalbumin (α-LA)
LG = laktoglobulin (β-LG)
2-ME = 2-merkapto-etanol
MSZ = magyar szürke
MT = magyartarka
NE = nemzetközi egység (IU = International Unit)
nt = nukleotid
PAGE = poliakrilamid-gélelektroforézis
PCR = polimeráz láncreakció (***P***olymerase ***C***hain ***R***eaction)
pI = izoelektromos pont
pK = disszociációs konstans
QAE = négytagú aminoetil (***q***uaternary ***a***mino***e***thyl)
QTL = ***Q***uantitative ***T***rait ***L***oci

RFLP	=	restrikciós fragmenshossz polimorfizmus (***R***estriction ***F***ragment ***L***ength ***P***olymorphism)
RNase	=	ribonukleáz
RNS	=	ribonukleinsav
RP-HPLC	=	fordított fázisú HPLC
SE	=	standard hiba (***S***tandard ***E***rror)
SerP	=	foszforilált szerin
SSPC	=	egyes szál konformációs polimorfizmus (***S***ingle ***S***trand ***C***onformation ***P***olymorphism)
TCA	=	triklór-ecetsav
TEMED	=	N,N,N'N'-tetrametil-etilén-diamin
ThrP	=	foszforilált tirozin
Tris	=	trisz-(hidroxi-metil)-amino-metan

1. BEVEZETÉS ÉS CÉLKITŰZÉSEK

A tej és tejtermékek ősidők óta igen fontos szerepet játszanak a humán táplálkozásban. A fejlett országokban a lakosság összfehérje-szükségletének mintegy 30%-át a tej és tejtermékek biztosítják. Jóllehet, a táplálkozásban betöltött kulcsszerepének és gazdasági jelentőségének köszönhetően a tej egyike a legtöbbet vizsgált és mára már legjobban ismert tápanyagoknak, a kutatók érdeklődése továbbra sem csökken. Klasszikus nemesítési módszerekkel sikerült jelentős mértékben növelni a termelt tej mennyiségét, azonban ezzel együtt jelentős különbségek alakultak ki az egyes szarvasmarha fajták tejösszetételében is, ami nem mindig jelentett előnyös változást a tej további feldolgozhatósága, technológiai tulajdonságai szempontjából. A molekuláris biológia legújabb eredményei, a transzgenikus állatok előállításának lehetősége a tejösszetétel irányított, előre megtervezhető megváltoztatásának soha nem sejtett távlatait nyitották meg. A rekombináns DNS technológia tette lehetővé számos emlős gén, közöttük a tejfehérjéket kódoló gének azonosítását, izolálását, és szerkezetének meghatározását. Az izolált gének sejtvonalakba vagy laboratóriumi állatokba történő bejuttatása a gének hatásának tanulmányozására is alkalmas. Lehetőség nyílik arra, hogy különböző tejfehérje géneket vigyünk be haszonállatok genomjába, megváltoztatva ezzel a termelt tej összetételét, hogy így megnövekedett tápértékű és/vagy technológiai értékű tejet állítsunk elő.

Bár a tej minőségének javítására igencsak ígéretes módszernek tűnik a génátültetés, a hagyományos tenyésztési eljárások, melyek hatékonyságát a géntechnológia módszerei jelentősen megnövelték, a meglévő populációk genetikai variabilitásának és változatosságának felhasználása révén továbbra is hasznos alternatívát jelentenek. A tenyésztők számára érdekes genotípusok ma már szinte a születéssel egyidőben meghatározhatók, nem kell kivárni, amíg az állatok ill. utódaik elérik az életteljesítmény elbírálásához szükséges kort. Sőt, a tejfehérjék esetében nemcsak a tejet termelő tehenek, hanem a bikák közvetlen tipizálása is lehetővé válik, így az állatok sokkal korábban és nagyobb hatékonysággal vonhatók be a tenyésztésbe, ill. különböző genetikai programokba.

A hazai tejelő szarvasmarha állomány minőségi javításához, ill. az alacsony létszámú, génrezervként jelentős szerepet játszó magyar szürke állomány genetikai változatosságának megőrzéséhez elengedhetetlen a meglévő populációk génállományának felmérése és az ezen alapuló szelekció kidolgozása.

Munkám célja egyrészt a legfontosabb hazai szarvasmarha fajták ill. állományok tejfehérje genetikai összetételének meghatározása, a jellemző α_{S1}-, β-, κ-kazein és β-laktoglobulin genetikai variánsok genotípus- és allélgyakoriság megoszlásának meghatározása, másrészt pedig az egyes genotípusok és a termelési tulajdonságok, a tejösszetétel, valamint egyes reproduktív tulajdonságok közötti összefüggések vizsgálata.

Bár a genetikai faktorok mellett különböző környezeti tényezők (pl. évszak, laktáció szakasza, laktáció száma, takarmányozás és a tőgy egészségi állapota) is jelentősen befolyásolják a termelt tej mennyiségét és összetételét, valamint a reprodukciós tulajdonságokat, dolgozatom célkitűzései között ezen környezeti tényezők vizsgálata nem szerepel.

2. IRODALMI ÁTTEKINTÉS

2.1. A főbb tejfehérjék és tulajdonságaik

A tehéntej átlagosan 3 - 3,5% fehérjét tartalmaz. A benne megtalálható több száz fehérje közül csak néhány az, amely tejspecifikus és mennyiségi szempontból is jelentős. 8 - 12%-uk a vérrendszerből származik és az érfalon átszűrődve jut a tejbe. Ilyen tipikus vérfehérje például a szérum albumin és az IgG. A fehérjék egy igen kis hányada részben a tejmirigy sejtjeinek membránjából származik (ezek alkotják a zsírgömböcskék burkát), részben pedig a belső mukózus membránokból szekretálódnak, mint például az IgA, lizozim, laktoferrin és a laktoperoxidáz. A tejfehérjék mintegy 90%-át, a tejmirigy alveoláris sejtjeiben termelődő hat fehérje alkotja, melyek két fő csoportba sorolhatók: kazeinek (α_{S1}-CN, α_{S2}-CN, β-CN, κ-CN) és savófehérjék (α-laktalbumin, β-laktoglobulin).

2-1. táblázat: A tehéntej főbb fehérjéi és néhány tulajdonságuk

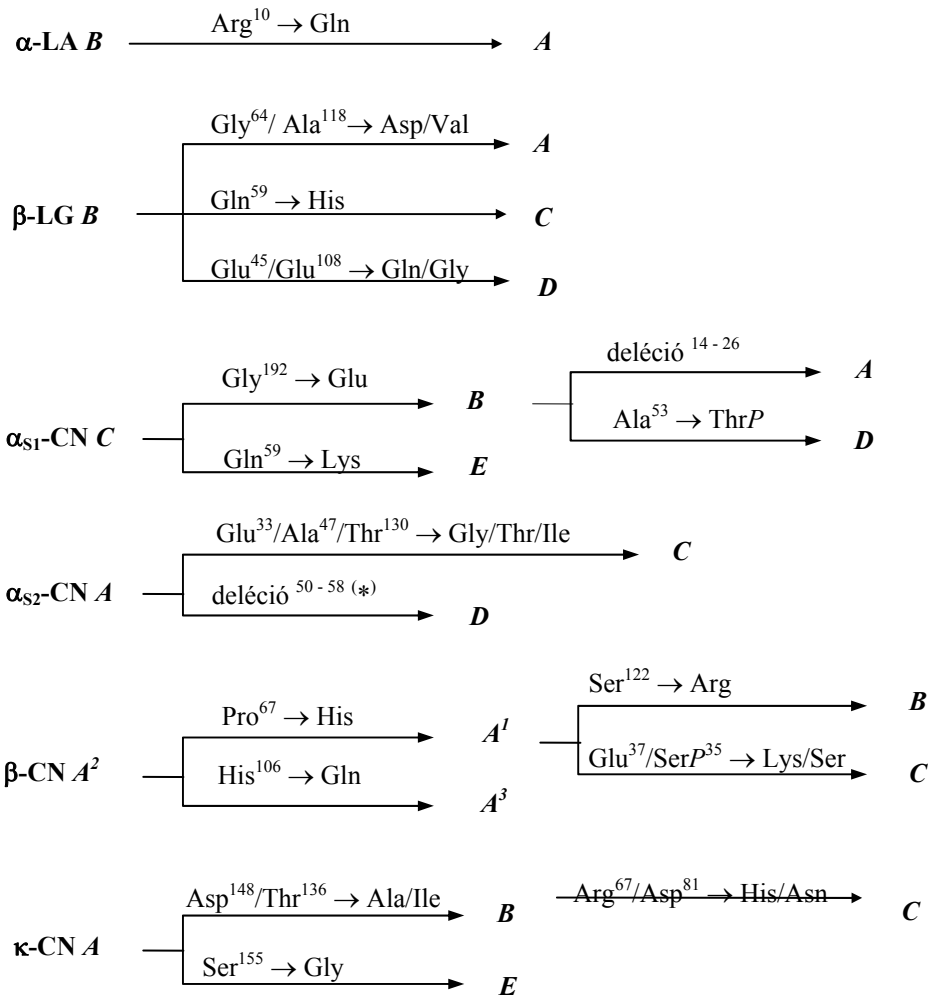
Fehérje	Relatív molekula-tömeg[1]	Aminosavak száma / molekula[1]	Koncent-ráció[1] (g/l)	Allélok[2]
Kazeinek (CN)				
α_{S1}-CN	23.6 x 10^3	199	10,0	A, B, C, D, (E), F [3], G [4], H [5]
α_{S2}-CN	25.2 x 10^3	207	2,6	A, (B, C), D
β-CN	23.9 x 10^3	209	9,3	A^1, A^2, A^3, B, C, (D), E,F [6]
κ-CN	19.0 x 10^3	169	3,3	A, B, C, E, F [7,8], G [8], H [9], I [9], J [5]
Savófehérjék				
α-laktalbumin	14.1 x 10^3	123	1,2	A, B, (C)
β-laktoglobulin	18.3 x 10^3	162	3,2	A, B, C, D, (E, F, G), H, W, *I* [10]

[1]*Eigel és mtsai*, 1984. [2]A zárójelben szereplő variánsokat európai szarvasmarha fajtákban eddig még nem észlelték. [3]*Erhardt*, 1993. [4]*Mariani és mtsai*, 1996. [5]*Mahé és mtsai*, 1999. [6]*Visser és mtsai*, 1995. [7,8]*Ikonen és mtsai*, 1996. [8]*Prinzenberg és mtsai*, 1996. [9]*Prinzenberg és Erhardt*, 1998. [10]*Godovac-Zimmermann és mtsai*, 1996.

A tejfehérjék heterogenitását tovább fokozza az úgynevezett genetikai variánsok (allélok) létezése, vagyis az a tény, hogy a kazeinek családjába tartozó α_{S1}-, α_{S2}-, β- és κ-CN, valamint a savófehérjék közül az α-LA és a β-LG genetikai polimorfizmust mutat. A tejfehérjék genetikai polimorfizmusát a fehérjeláncban bekövetkezett aminosavcsere vagy néhány aminosav kiesése okozza, amely az adott fehérjét kódoló DNS szakaszban (gén) az evolúció során bekövetkezett pontmutációra, ritkábban delécióra vezethető vissza. Mivel a különböző tejfehérje allélok öröklődését a mendeli szabályoknak megfelelően kodomináns, autoszomális gének irányítják [*Piez*, 1961], a fenotípusból közvetlenül a genotípusra lehet következtetni. A közönséges szarvasmarhában (*Bos taurus*) leggyakrabban előforduló tejfehérje allélok közötti biokémiai különbségeket és filogenetikai összefüggéseket [*Grosclaude,* 1988; *Godovac-Zimmermann és mtsai*, 1990; *Mercier és mtsai*, 1991] a 2-1. ábrában foglaltam össze.

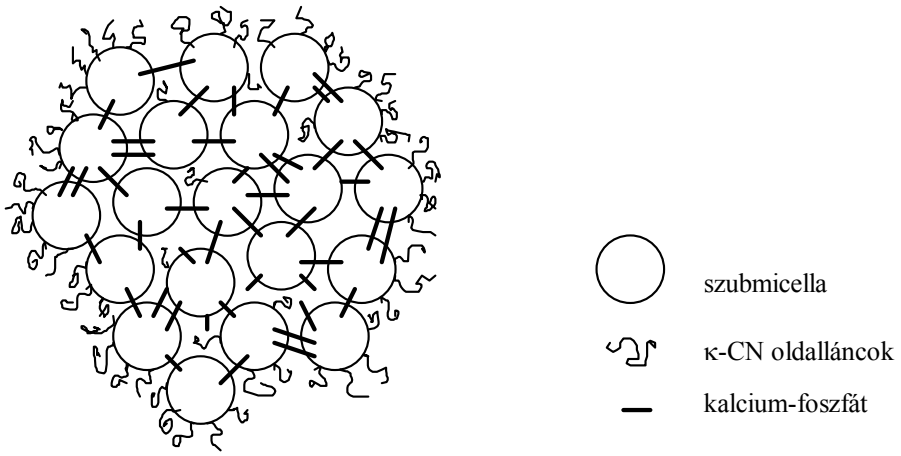
2.1.1. Kazeinek

A tejfehérjék 76 - 86%-át a kazeinek alkotják [*Swaisgood*, 1992]. A tejből ultracentrifugálással (50000 *g*) natív kazein, sav hatására (pH 4,6) savas kazein, oltóenzim hozzáadására pedig oltós kazein alakjában különíthető el, illetve csapható ki. Elektroforézissel négy komponensre, α_{S1}- α_{S2}-, β- és κ-CN-re választható szét. Az egyes komponensek aránya állatfajonként eltérő. A tehéntej esetében ez az arány 45, 7, 33 és 15%. A tejben normális körülmények között uralkodó kalcium-koncentráció és hőmérséklet mellett az ún. kalciumérzékeny kazeinek, az α_{S1}-, α_{S2}- és β-CN nem oldódnak. A κ-CN stabilizáló hatásának köszönhetően a tejben kolloid szuszpenziót képező, 15 - 600 nm átmérőjű molekula aggregátumokat, ún. micellákat alkotnak [*Hill és Wake*, 1969; *Walstra*, 1979, 1990] (2-2. ábra).



(*) A deléció pontos helye nem ismert. Az 50 - 58, 51 - 59 vagy 52 - 60-as aminosavak estek ki.

2-1. ábra: A legfontosabb tejfehérje allélok közötti biokémiai különbségek és filogenetikai összefüggések [*Grosclaude,* 1988; *Godovac-Zimmermann és mtsai*, 1990; *Mercier és mtsai*, 1991].



2-2. ábra: A kazein micella szerkezeti modellje [*Walstra és Jenness*, 1984; *Walstra*, 1990].

A micellák kisebb alegységekből, ún. szubmicellákból épülnek fel, melyeket kétértékű fémionok (Ca^{2+} és Mg^{2+}) kapcsolnak össze. A micellák felszínét κ-CN molekulák stabilizálják. A kazeinek aminosavláncukban klaszterszerűen elrendeződött foszforilált aminosavak (főleg szerin, néha treonin) segítségével igen erősen képesek megkötni a kétértékű fémionokat, főleg a kalciumot. Fontos biológiai funkciójuk az újszülött állatok fehérjeszükségletének fedezése mellett a kalcium, magnézium és foszfát ionok szállítása, melyek nélkülözhetetlenek pl. a csontrendszer kialakulása és fejlődése során.

2.1.1.1. α_{S1}-kazein

Az α_{S1}-CN egy 199 aminosavból álló fehérjelánc. Relatív molekula-tömege 23,6 kD. Elsődleges szerkezetét az M2-1. ábra mutatja (ld. függelék). 8 allélja ismert: *A, B*, *C* [*Thompson és mtsai*, 1962; *Grosclaude és mtsai*, 1970, 1972], *D* [*Grosclaude és mtsai*, 1966; *Mercier és mtsai*, 1971], *E* [*Grosclaude és mtsai*, 1976*b*], *F* [*Erhardt*, 1993, *Prinzenberg és mtsai*, 1998], *G* [*Rando és mtsai*, 1992, *Mariani és mtsai*, 1996] és *H* [*Mahé és mtsai*, 1999] (2-2. táblázat). Ezek közül európai szarvasmarha fajtákban legnagyobb gyakorisággal a *B* és *C* allél fordul elő.

2-2. táblázat: Az α_{S1}-CN fehérjeláncában bekövetkezett, eddig ismert aminosavcserék (a *B* alléltól való eltérés).

Allél	**Aminosav**				
	14-26	**53**	**59**	**66**	**192**
A	deléció				
B		Ala	Gln	Ser*P*	Glu
C					Gly
D		Thr*P*			
E			Lys		Gly
F				Leu	
H		deléció (51-58)			

A 2-2. táblázatban nem szereplő *G* allél csak DNS szinten különböztethető meg a *B* alléltól. Az utolsó, nem kódoló 19. exonban az 58. és 59. nukleotidok közé egy 371 bázispár hosszúságú DNS szakasz épült be. Az erről átíródó mRNS-ek csökkent stabilitása miatt a termelődő fehérje mennyisége a *B* allélhoz képest kevesebb, mint a felére csökken [*Rando és mtsai*, 1998].

A többi kazeinhez hasonlóan a hidrofób és töltéssel rendelkező aminosavak nem egyenletesen oszlanak el a fehérjeláncon. Három hidrofób régió különíthető el az 1-44, 90-113 és 132-199 aminosav pozíciókban.

2.1.1.2. α_{S2}-kazein

Az α_{S2}-CN 207 aminosavból álló fehérje. Relatív molekulatömege 25,2 kD. Elsődleges szerkezete az M2-2. ábrán látható (ld. függelék). Aminosavsorrendjét először *Brignon és mtsai* [1977] határozták meg. Mind az elsődleges szerkezet, mind a cDNS szekvencia [*Stewart és mtsai*, 1987] arra enged következtetni, hogy maga a fehérje génduplikáció eredményeként jött létre. Az összes kazein közül az α_{S2} a leghidrofilebb. A molekulán három hidrofil (8-12, 56-63, 129-133) és csupán két viszonylag hidrofób régió található (90-120, 160-207).

Négy allélja ismert: α_{S2}-CN *A* [*Brignon és mtsai*, 1977], *B* [*Chianese és mtsai*, 1988], *C* [*Mahé és mtsai*, 1982] és *D* [*Grosclaude és mtsai*, 1979]. A *B* és *C* allél eddigi ismereteink szerint nyugati szarvasmarha fajtákban nem fordul elő. A *C* allél a jakra jellemző, és a 47-es pozícióban alanin helyett (*A* variáns) egy tirozin található. A *B* allélt egy podóliai fajtában írták le, pontos aminosav-sorrendje azonban eddig nem ismert. Az α_{S2}-CN *D* allél pedig delécióval jött létre, az evolúció során 9 aminosav esett ki az 50-58, 5 59 vagy 52-60-as pozícióból.

2.1.1.3. β-kazein

A β-CN aminosavlánca 209 aminosavból épül fel. Relatív molekulatömege 23,9 kD. Elsődleges szerkezetét fehérjeszekvenálással [*Brignon és mtsai*, 1971; *Grosclaude és mtsai*, 1972, 1973, 1974*a*,*b*; *Ribadeau-Dumas és mtsai*, 1972; *Carles és mtsai*, 1988; *Prinzenberg és mtsai*, 1996; *Visser és mtsai*, 1995], illetve a cDNS szekvencia meghatározásával [*Jimenez-Flores és mtsai*, 1987; *Stewart és mtsai*, 1987] állapították meg (M2-3. ábra, ld. függelék). A molekula általában öt foszforilált szerint tartalmaz. Nyolc allélja ismert (2-3. táblázat): A^1, A^2, A^3, *B*, *C*, *D*, *E*

és *F* [*Aschaffenburg*, 1961, 1966; *Aschaffenburg és mtsai*, 1968; *Peterson és Kopfler*, 1966; *Voglino*, 1972; *Visser és mtsai*, 1995].

A molekula amfoter jellegű, két doménre különül. A fehérjelánc C-terminális felének első kétharmad része apoláros, erősen hidrofób jellegű, az N-terminális rész pedig erősen poláros [*Bonsing és Mackinlay*, 1987].

2-3. táblázat: A β-CN fehérjeláncában bekövetkezett, eddig ismert aminosavcserék (az A^2 alléltól való eltérés).

Allél	Aminosav							
	18	**35**	**36**	**37**	**67**	**106**	**122**	**152**
***A*^{1}**					His			
***A*^{2}**	Ser*P*	Ser*P*	Glu	Glu	Pro	His	Ser	Pro
***A*^{3}**						Gln		
B					His		Arg	
C		Ser		Lys	His			
D	Lys							
E			Lys					
F					His			Leu

2-4. táblázat: A κ-CN fehérjeláncában bekövetkezett, eddig ismert aminosavcserék (az *A* alléltól való eltérés).

Allél	Aminosav							
	10	**81**	**97**	**104**	**135**	**136**	**148**	**155**
A	Arg	Asn	Arg	Ser	Thr	Thr	Asp	Ser
B					Ile	Ala	Ala	
C		Asp	His		Ile	Ala	Ala	
E								Gly
F	His							
G			Cys					
H					Ile			
I*				Ala				
J					Ile	Ala	Ala	Arg

*kizárólag *Bos indicus* vérhányaddal rendelkező állatokban fordul elő

2.1.1.4. κ-kazein

A κ-CN 169 aminosavból álló foszfoglikoprotein. Relatív molekulatömege 19,0 kD. Elsődleges szerkezetét (M2-4. ábra, ld. függelék) részben fehérjeszekvenálással [*Jollés és mtsai*, 1970, 1972; *Brignon és mtsai*, 1972; *Mercier és mtsai*, 1972; 1973], részben a cDNS [*Stewart és mtsai*, 1984] és a genomiális DNS [*Alexander és mtsai*, 1988; *Prinzenberg és mtsai*, 1996] szekvenálásával határozták meg. Két gyakori *A*, *B* [*Neelin*, 1964] és hét ritka allélját írták le: *C* [*DiStasio és Merlin*, 1979; *Miranda és mtsai*, 1999], *E* [*Erhardt*, 1989; *Miranda és mtsai*, 1999], *F* [*Ikonen és mtsai*, 1996] *G* [*Erhardt*, 1996] *H* [*Mitra és mtsai*, 1998, *Prinzenberg és mtsai*, 1999], *I* [*Prinzenberg és mtsai*, 1999] és *J* [*Mahé és mtsai*, 1999]. A különböző variánsok aminosavcseréi a 10, 81, 97, 104, 135, 136, 148 és 155-ös pozíciókat érintik (2-4. táblázat). A különböző fehérje szinten is észlelhető allélok mellett felfedeztek egy csak DNS szinten kimutatható polimorfizmust is [*Prinzenberg és Erhardt*, 1999]: az A_1 allél esetében a 150-es pozícióban lévő prolin kodonjának (CCA) harmadik nukleotidjában egy A→G csere történt, de mivel mind a CCA, mind a CCG kodon prolint kódol, a fehérjeláncban nem jön létre aminosavcsere.

Mind az elsődleges szerkezet, mind a DNS szekvencia arra utal, hogy a κ-CN nem a többi kazeinnel, hanem inkább a γ-fibrinogénnel mutat rokonságot [*Jollés és mtsai*, 1986; *Bonsing és MacKinlay*, 1987]. A többi kazeintől eltérően szénhidrátban gazdag glikopolipeptid részt tartalmaz (124-155. pozíció), amely galaktózból, galaktózaminból és szialinsavból épül fel. Mivel aminosavláncában csupán egyetlen foszforilált szerint tartalmaz, nem köti olyan mértékben a kalcium-ionokat mint a többi, kalciumérzékeny kazein. Ennek következtében fizikai paramétereit, így az oldékonyságát sem befolyásolja a kalcium jelenléte (kalciumstabil). A κ-CN molekula amfoter jellegű, egy N-terminális hidrofób és egy C-terminális poláros doménnel. Fontos szerepet játszik a tejalvadásban. Az oltóenzim által katalizált hidrolízis során a Phe^{105} - Met^{106} aminosavak közötti peptidkötés felhasad. A keletkező

para-κ-kazein 105 aminosavat tartalmaz, és a nagy szénhidráttartalmú, 64 aminosavból álló ún. glikomakropeptid rész lehasadása következtében már nem rendelkezik stabilizáló védőkolloid hatással, így nem képes többé oldatban tartani, stabilizálni a kazein micellákat. A hidrofil glikomakropeptid lehasadása következtében a micellák felületének hidrofób jellege növekszik, ez a micellák aggregálódásához, a tej megalvadásához vezet, melynek során a micellaláncok sűrű hálózattá rendeződnek [*Schmidt*, 1980; *Swaisgood*, 1985; *Dalgleish*, 1992].

2.1.2. Savófehérjék

A savófehérjék a kazeinekkel ellentétben 20°C-on, pH 4.6 mellett nem csapódnak ki a tejből. A tehéntejben előforduló fő savófehérjék az α-laktalbumin (α-LA) és a β-laktoglobulin (β-LG), de ide tartoznak a kisebb mennyiségben előforduló laktoferrin, immunglobulinok és a szérum albumin is.

2.1.2.1. α-Laktalbumin

Az α-LA egy 123 aminosavból álló globuláris fehérje. Relatív molekulatömege 14,2 kD. A közönséges szarvasmarhában (*Bos taurus*) két allélját sikerült kimutatni [*Brew és mtsai*, 1970], melyek a 10-es pozícióban található aminosavban különböznek egymástól (*A* allél - Gln; *B* allél - Arg) (M2-5. ábra, ld. függelék).

Az α-LA minden eddig vizsgált állatfaj tejében megtalálható, kivéve a kaliforniai oroszlánfókát [*Jenness*, 1982]. A tejcukor anyagcserében játszik szerepet [*Brodbeck és mtsai*, 1967; *Brew*, 1970; *Bremel*, 1995]. A laktózt szintetizáló rendszer két különálló fehérjekomponensből áll: a galaktozil-transzferázból (katalitikus komponens) és az α-LA-ból (reguláló komponens). A galaktozil-transzferáz önmagában nem katalizálja a laktóz szintézist, mert nagyon alacsony a glukóz iránti affinitása. Az α-LA-nak az a szerepe, hogy katalizálja az enzim glukózhoz való kötődését. Az α-LA felépítése nagyon hasonlít a lizozimhoz, aminosavsorrendjük és térszerkezetük nagyfokú homológiát mutat [*Brew*, 1970; *Hill és Brew*, 1975]. Jóllehet az α-LA nem enzim, a szerkezeti hasonlóság a két fehérje között funkcionális szempontból értelmezhető. Mindkét fehérjének ugyanis hasonló komponensekből álló glikozidkötések képzésében, illetőleg prekurzoraik megkötésében van szerepe. Az α-LA ezen kívül különböző fémionok, pl. Ca^{2+}, Mg^{2+}, Na^{+}, K^{+}, Zn^{2+} megkötésére is képes [*Kronman*, 1989]. Feltételezik, hogy Ca^{2+}-kötő képessége révén kulcsszerepet tölt be a kazeinek bioszintézisében is [*Hiraoka és mtsai*, 1980], és egyes formái képesek apoptózist indukálni tumor sejtekben [*Håkansson és mtsai*, 1995; *Svensson és mtsai*, 1999].

2.1.2.2. β-Laktoglobulin

A β-LG a kérődzők (pl. szarvasmarha, juh) és az együregű gyomrúak (pl. sertés, ló, kutya és macska) tejében legnagyobb mennyiségben előforduló savófehérje, amely azonban hiányzik pl. az ember és a rágcsálók tejéből. A szarvasmarha β-LG-t 1934-ben izolálták [*Palmer*, 1934]. Felfedezése után először β-laktalbumin néven vált ismertté [*Svedberg*, 1938]. A β-laktoglobulin elnevezést *Cannan és mtsai* [1942] javasolták, ezzel is megkülönböztetve a másik fő savófehérjétől, az α-LA-tól.

A β-LG a kérődzők tejében dimer formában fordul elő. A monomer relatív molekulatömege 18,2 - 18,4 kD [*Sawyer*, 1968]. Elsődleges szerkezetét (M2-6. ábra, ld. függelék) 1973-ben határozták meg [*Braunitzer és mtsai*, 1973]. A 162 aminosavból álló fehérjelánc másodlagos szerkezetét két diszulfid-híd stabilizálja. Ezen kívül molekulánként egy szabad SH- csoport található a 121-es pozícióban [*Papiz*, 1986].

A tehéntejből izolált β-LG volt az első tejfehérje, amelyről elektroforetikus módszerekkel már az 50-es években kimutatták, hogy nem homogén [*Polis és mtsai*, 1950]. *Aschaffenburgnak és Drewrynek* [1955] sikerült először igazolnia, hogy ez a heterogenitás genetikailag meghatározott. A β-LG-nak először a két leggyakrabban előforduló *A* és *B* variánsát izolálták [*Braunitzer és mtsai*, 1973] és szekvenálták [*Bell és McKenzie*, 1967]. A közönséges szarvasmarha esetében is több allélt sikerült azonosítani. Ezek a következők: az előbb említett *A* és *B*, β-LG *C*, amely a Jersey fajtára jellemző [*Bell*, 1967], β-LG *D* [*Brignon*, 1969, 1973], β-LG *H* [*Davoli és mtsai*, 1988], β-LG *W* [*Krause*, 1988; *Godovac-Zimmermann és mtsai*, 1990] és a β-LG *I* [*Godovac-Zimmermann és mtsai*, 1996]. A Bali fajtában (*Bos javanicus*) előforduló β-LG *E*, *F* és *G* allélok közül az *E* valószínűleg azonos a *Bos grunniens* (jak) β-LG-jával [*Bell*, 1981*a*]. Az egyes variánsok közötti különbségeket néhány aminosav cseréje okozza (2-5. táblázat; M2-6. ábra, ld. függelék).

2-5. táblázat: A β-LG fehérjeláncában bekövetkezett, eddig ismert aminosavcserék (a *B* alléltól való eltérés).

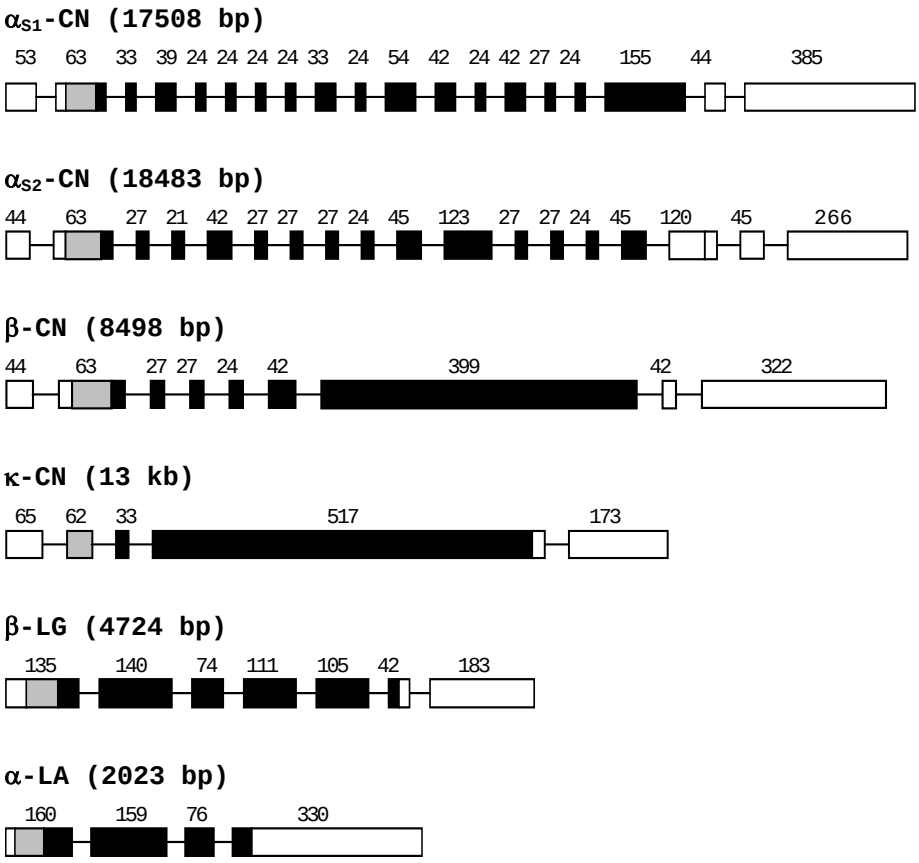
Allél	Aminosav									
	45	**50**	**56**	**59**	**64**	**78**	**108**	**118**	**129/130**	**158**
A					Asp			Val		
B	Glu	Pro	Ile	Gln	Gly	Ile	Glu	Ala	Asp	Glu
C				His						
D	Gln									
E										Gly
F		Ser							Tyr	Gly
G						Met				Gly
I							Gly			
W			Leu							

A β-LG biológiai szerepét mind a mai napig nem sikerült egyértelműen tisztázni. Aminosav összetétele révén igen értékes fehérjeforrás, de a molekula sajátosságai, különösen a savas közegben mutatott stabilitása más, ennél specifikusabb funkció létezésére enged következtetni. Az elmúlt évtizedekben e funkciót tekintve számos feltételezés látott napvilágot. A legvalószínűbb, hogy a β-LG az A-vitamin (retinol) és más, kis molekulasúlyú hidrofób molekula szállításában játszik szerepet. A savas közeggel szembeni rendkívüli ellenálló-képessége révén a gyomron való áthaladás során megvédi az általa megkötött molekulákat az oxidációtól és ezzel lehetővé teszi azok vékonybélbe jutását és felszívódását [*Papiz és mtsai*, 1986; *Miranda és Pelissier*, 1983; *Said és mtsai*, 1989; *McAlpine és Sayer*, 1990]. Ezt az elképzelést a következő tények is alátámasztják: 1./ A β-LG harmadlagos szerkezete igen nagy hasonlóságot mutat a vérsavóban található retinol-kötő fehérjével, amely megköti az A-vitamint, és az elraktározási helyéről, a májból, a vérrendszerbe juttatja. 2./ A β-LG igen nagy affinitással képes megkötni az A-vitamint és más kis molekulasúlyú hidrofób molekulákat. 3./ Meglepően stabil savas közegben: még alacsony, pH 2 hatására sem denaturálódik. Ez teszi lehetővé, hogy a gyomron áthaladva is működőképes maradjon. 4./ Újszülött borjak belében a β-LG-retinol molekulakomplexet specifikusan megkötő receptorokat találtak, és megállapították, hogy a β-LG elősegíti a retinol felszívódását a vékonybélben.

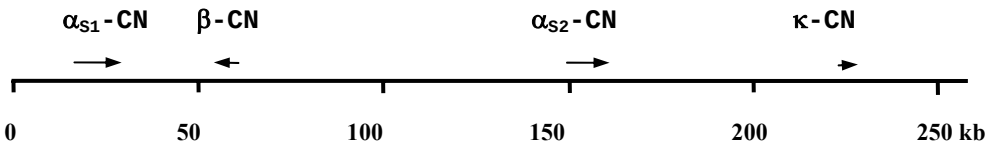
2.2. Tejfehérje gének szerkezete

A tejfehérje gének szerkezetére vonatkozó adatok először a 80-as évek elején láttak napvilágot [*Yu-Lee és Rosen*, 1983]. Az intenzív kutatás eredményeként ma már számos állatfaj esetében ismerjük a főbb tejfehérjéket kódoló gének szerkezetét. Felépítésük megegyezik a szövetspecifikus eukarióta gének felépítésével. A fehérjét kódoló génszakaszokat (exon) nem kódoló szekvenciák (intron) szakítják meg (2-3. ábra). E gének 5' és 3' végein regulátor szakaszok helyezkednek el. 5' irányban, a gén transzkripciós kezdőhelye előtt, a promóter régióban található az ún. TATA box és egy vagy több CAAT box (ezek a transzkripció pontos helyét jelzik az RNS-polimeráz-II számára).

Már korán tapasztalták az egyes allélgyakoriságokkal kapcsolatban, hogy a kazeinek egymástól nem függetlenül öröklődnek [*Aschaffenburg*, 1965; *Grosclaude és mtsai*, 1965]. A különböző kazeinlókuszokban megfigyelhető allélkombinációk (haplotípusok) száma alacsonyabb, mint a matematikailag lehetséges független kombinációk száma. Ennek oka, amint azt *Threadgill és Womack* [1990] valamint *Ferretti és mtsai* [1990] megállapították, hogy a szarvasmarha kazein gének kapcsoltan helyezkednek el a 6. kromoszómának egy 200-250 kb nagyságú területén [*Rijnkels és mtsai*, 1997] (2-4. ábra). Ez a klaszterszerű elrendezés azt az elképzelést is alátámasztani látszik, hogy a teljes kazein gén-komplex közös hormonális szabályozás alatt áll, és akár a β-globin gének esetében, feltételezik egy ún. lókusz kontroll régió létezését [*Orkin*, 1990]. A szarvasmarha α-LA gén az 5. kromoszómán [*Threadgill és Womack*, 1990], míg a β-LG gén a 11. kromoszómán helyezkedik el [*Monteagudo és mtsai*, 1992; *Fries és mtsai*, 1993].



2-3. ábra: A főbb szarvasmarha tejfehérje gének felépítése. A téglalapok az exonokat, a vonalak az intronokat jelölik. Az exonok hosszát a téglalapok feletti számok jelölik (bp). A gén teljes hosszát a zárójelben lévő értékek mutatják, az intronok hossza nem méretarányos. Fehér téglalapok: 5' és 3' nem kódoló régió. Szürke téglalapok: szignál peptidet kódoló régió. Fekete téglalapok: fehérjét kódoló régió.



2-4. ábra: A szarvasmarha kazein-gének elhelyezkedése a 6. kromoszómán. A nyilak a gének orientációját jelzik [*Rijnkels és mtsai*, 1997].

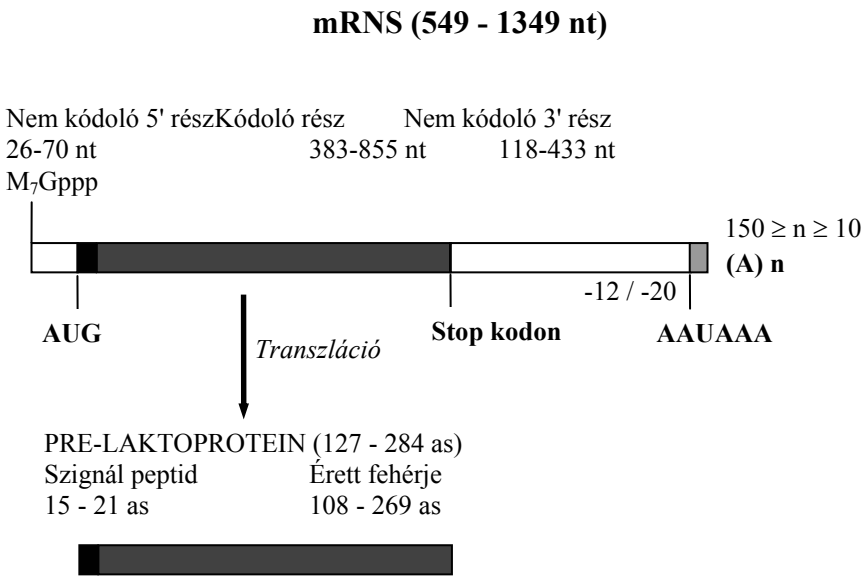
2.3. Bioszintézis és szekréció

A főbb tejfehérjék bioszintézise a tejmirigy epiteliális sejtjeiben történik prolaktin hormon hatására [*Larson*, 1979]. A folyamat első lépéseként a sejtmagban a tejfehérjéket kódoló génről egy ún. pre-mRNS íródik át, amely ezután egy többlépcsős érési folyamaton megy keresztül (poliadeniláció, metiláció, splicing). Az érett mRNS-ről (2-5. ábra) egy pre-protein íródik át [*Yoshikawa*, 1978; *Mercier*, 1982], melynek N-terminális felöli részén egy 15-21 aminosavból álló konzervatív szekvencia található. Ezt az úgynevezett szignál peptidet egy membránhoz kötött proteináz lehasítja, így létrehozva az érett fehérjét. Ez először a durva szemcsés endoplazmatikus

retikulumon, majd a Golgi-készüléken áthaladva poszttranszlációs átalakuláson megy keresztül, és végül szekréciós granulumok segítségével kiválasztódik az emlőszövet lumenébe.

2.4. Tejfehérje allélok gyakorisága különböző szarvasmarha fajtákban

A különböző szarvasmarha fajták esetében nemcsak egyes allélok megléte vagy hiánya jellemző, hanem előfordulási gyakoriságukat tekintve is különbségek tapasztalhatók. A tejfehérje polimorfizmusra vonatkozó vizsgálatok túlnyomó többségét a *Bos* genus három fő faján - *Bos taurus* (közönséges marha), *Bos indicus* (zebu) és *Bos grunniens* (jak) - végezték. Az eddigi eredmények az adatok nagy száma ellenére mégsem tekinthetők teljesnek. Még a közönséges marha esetében is jelentős adatok hiányoznak. Míg Európában például intenzíven vizsgálták az olasz és francia fajtákat, addig a spanyol és portugál őshonos fajtákról szinte semmit sem tudunk. Még Svájcban és Angliában is - mely két ország fontos szerepet játszott a modern szarvasmarha történetében - alig fordítanak figyelmet az őshonos fajták vizsgálatára. Sajnos hazánkban sem sokkal jobb a helyzet. A 70-es évek eleje óta [*Horváth*, 1970, 1972; *Horváth és Mészáros*, 1971, 1972] nem folytak tejfehérje polimorfizmus vizsgálatok. A hazai tehénállományok felmérése, ill. a bikaállomány tipizálása a 90-es évek elején kapott csak új lendületet [*Bősze és Dohy*, 1993; *Banykó és mtsai*, 1995; *Ivancsics és mtsai*, 1992, 1994, 1997; *Zsolnai és mtsai*, 1994].



2-5. ábra: A főbb tejfehérjéket kódoló emlős mRNS-ek sematikus felépítése. A számok az eddig vizsgált fajokban előforduló, megfelelő mRNS-ek ill. fehérjék és szerkezeti egységeik szélsőséges méreteit jelzik (nt = nukleotid; as = aminosav).

Epstein [1971] szerint a ma élő összes púpos ill. púp nélküli szarvasmarha Ázsia délnyugati részéből származik. Korai őseik pedig az őstuloktól (*Bos primigenius*) származó háziasított szarvasmarha utódai. A közös eredetet látszik igazolni az a tény, hogy bizonyos allélok (α-LA *A* és *B*, β-LG *A* és *B*, α_{S1}-CN *B* és *C*, β-CN A^1, A^2 és valószínűleg *B*, κ-CN *A* és *B*) azonosak mind a közönséges szarvasmarha mind a zebu esetében. Ez arra utal, hogy a megfelelő mutációk még azelőtt következhettek be, hogy a *Bos* genus e két ága elvált volna egymástól. *Grosclaude és mtsai* [1974] igazolták, hogy az α_{S1}-CN *C* és *B*, β-CN A^1, A^2 és *B*, valamint a κ-CN *A* és *B* közötti aminosavcserék azonosak a zebu és a nyugati púp nélküli marhák esetében. Míg a zebuban az eredeti allélok a gyakoribbak (α-LA *B*, β-LG *B*, α_{S1}-CN *C*, α_{S2}-CN *A*, β-CN A^2), addig a közönséges szarvasmarhában jelentős gyakorisági eltolódások tapasztalhatók különösen az α_{S1}- és a β-CN lókuszban. A zebu esetében változatlanul magas az ősi,

CA^2 haplotípus gyakorisága, míg a közönséges szarvasmarha esetében az észak-európai fajták szinte teljesen elvesztették ezt a haplotípust, helyette a BA^2 ill. a BA^1 fordul elő nagy gyakorisággal [*Bech és Kristiansen*, 1990; *Grosclaude*, 1988; *Grosclaude és mtsai*, 1974; *Lin és mtsai*, 1986].

2.4.1. α_{S1}-CN genotípus

Az α_{S1}-CN *B* és *C* allél minden eddig vizsgált közönséges szarvasmarha és zebu populációban jelen van, de míg a zebu esetében mindig a *C* a leggyakoribb, addig a közönséges marhában a *B* allél fordul elő nagyobb gyakorisággal. Ez alól csak két fajta képez kivételt: a Jersey [*Larsen és mtsai*, 1974] és az olasz kalábriai marha [*Bettini és Masina*, 1972]. A *B* allélból delécióval illetve pontmutációval létrejött *D* illetve *A* allél igen ritkán, és akkor is csak igen alacsony gyakorisággal fordul elő. Az *A* allélt először az amerikai holstein fajtában azonosították [*Thompson és mtsai*, 1962], de később megtalálták a dán vörös marhában is [*Larsen és Thymann*, 1966]. A *D* allélt először az észak-franciaországi Flamande fajtában észlelték [*Grosclaude és mtsai*, 1966], és bár igen alacsony gyakorisággal fordul elő (0,002-0,08), több, különböző filogenetikai csoporthoz tartozó francia, dán, olasz, lengyel és kanadai fajtában is megtalálható.

2.4.2. α_{S2}-CN genotípus

Az α_{S2}-CN lókusz esetében az európai szarvasmarha fajtákban többnyire csak az *A* allél fordul elő. Ez az oka annak, hogy az α_{S2}-CN polimorfizmusát a többi kazeinhez képest több mint 10 év késéssel fedezték fel [*Grosclaude és mtsai*, 1976*b*]. A *D* allélt két kelet-franciaországi fajtában (Montbéliarde, Vosgienne) sikerült kimutatni [*Grosclaude és mtsai*, 1982]. *Chianese és mtsai* [1988] pedig igen alacsony gyakorisággal (0,004) az α_{S2}-CN *B* allélját tudták azonosítani az olasz podóliai fajtában.

2.4.3. β-CN genotípus

A β-CN lókuszban a legtöbb közönséges szarvasmarha fajtában az *A*, ezen belül is az A^2 allél a domináns. Az eddigi vizsgálatok szerint a legmagasabb β-CN A^2 gyakoriságot a Guernsey fajtában észlelték [*Kiddy és mtsai*, 1968; *Zikakis és mtsai*, 1974]. Az európai fajták közül a közép- és dél-franciaországi húsfajtákban (Charolais, Limousin, Blonde d'Aquitaine, Salers, Aubrac, Ferrandaise) fordul elő a legnagyobb (>0,7) gyakorisággal [*Grosclaude*, 1988]. Az A^1 allél a gyakoribb az észak-Európában honos ill. onnan származó fajtákban (pl. Ayrshire, angol Shorthorn), a síkvidéki fekete-tarka fajtákban (pl. észak-amerikai holstein), az európai egyszínű fajtákban (pl. dán vörös, lengyel vörös, francia Flamande), néhány olasz fajtában (pl. Chianina, Burlina) és a japán borzderes fajtában [*Abe és mtsai*, 1975; *Bech és Kristiansen*, 1990; *Grosclaude*, 1988; *Kiddy és mtsai*, 1968; *Komatsu és Abe*, 1980; *Lin és mtsai*, 1986; *McLean és mtsai*, 1984; *Merlin és Di* Stasio, 1982; Ng-*Kwai-Hang és mtsai*, 1984; *Szmelik és mtsai*, 1971].

A β-CN *B* allél az A^1-ből fejlődött ki és a világ szinte minden *Bos taurus* és *Bos indicus* fajtájában megtalálható, kivéve az olasz kalábriai marhát, a japán borzderest és a madagaszkári zebut [*Bettini és Masina*, 1972; *Grosclaude*, 1974; *Komatsu és Abe*, 1980]. A *taurus* fajták többségében a *B* allél előfordulási gyakorisága alacsonyabb mint 0,1. Legnagyobb gyakorisággal két európai fajtacsoportban fordul elő. Az egyik csoporthoz tartoznak 0,2 - 0,4 gyakorisággal a svájci borzderes és a vele rokonságban lévő európai borzderes fajták [*Corradini*, 1969; *Graml és mtsai*, 1984*b*; *Grosclaude*, 1988; *Horváth és Mészáros*, 1972; *Russo és Mariani*, 1978] és számos ritka svájci és olasz fajta, pl. Valdotana (0,4), Hérens és Castana (0,3), Reggiano és Rendena (0,25) [*Bolla és mtsai*, 1983; *Di Stasio és Dupont*, 1983; *Merlin és Di Stasio*, 1982; *Russo és Mariani*, 1978; *Pagnacco és Caroli*, 1987]. A másik csoportot az Északnyugat-Európában honos Jersey (0,3), francia Normande (0,47) és Hereford (0,25-0,45) alkotja [*Aschaffenburg*, 1968; *Bech és Kristiansen*, 1990; *Caldwell és mtsai*, 1971; *Grosclaude*, 1974; *Komatsu és Abe*, 1980; *McLean és mtsai*, 1984; *Szmelik és mtsai*, 1971].

A *C* allél szintén az A^1-ből jött létre és kizárólag a *Bos taurus* fajtákban fordul elő. Az eddigi vizsgálatok szerint teljesen hiányzik az észak-európai fajtákból. A Közép- és Dél-Európában honos fajtákban rendszerint jelen van és kimutatták mongóliai [*Grosclaude és mtsai*, 1965], koreai [*Han és mtsai*, 1983] és egyiptomi marhákban is [*Graml és mtsai*, 1986*b*]. A *C* allél előfordulási gyakorisága gyakran 0,05 alatt van. A legmagasabb értékeket (0,1 -

0,23) keletről nyugat felé haladva a lengyel szimentáli, a magyar szimentáli és magyartarka, az olasz Chianina, a bajor tarka, német borzderes, a Murnau-Werdenfelser, a francia Tarine, az olasz Tarina, valamint a nyugat-franciaországi Pie-Noire fajták mutatják [*Bettini és Masina*, 1972; *Buchberger*, személyes közlés; *Grosclaude*, 1988; *Horváth és Mészáros*, 1972; *Michalak*, 1969; *Putz és mtsai*, 1991*a,b*; *Russo és Mariani*, 1974].

2.4.4. κ-CN genotípus

A két leggyakoribb κ-CN allél, az *A* és *B* az eddig vizsgált összes populációban megtalálható, még a jakban is [*Grosclaude és mtsai*, 1976*a*, 1982]. A legmagasabb κ-CN *A* gyakorisággal ugyanazok az észak-európai szarvasmarha fajták rendelkeznek (Ayrshire, Shorthorn, Flamande, dán vörös, holstein-fríz stb.), amelyek nagy gyakorisággal hordozzák az α_{S1}-CN *B* és β-CN A^1 allélokat [*Baker és Manwell*, 1980]. Igen magas a *B* allél gyakorisága különböző Jersey populációkban (0,7 - 0,95) [*Larsen és mtsai*, 1974], a Normande fajtában (0,66 - 0,74) [*Grosclaude*, 1974] és több olasz őshonos fajtában, mint pl. a Calabrese, Maremmana, Romagnola (>0,7) [*Russo és Mariani*, 1978].

2.4.5. α-LA genotípus

Míg az összes észak-európai szarvasmarha fajta úgy tűnik monomorf az α-LA lókuszban (*B* allél), Dél-Európában megjelenik az *A* allél is. Szisztematikus vizsgálatokat ezen a területen csak Olaszországban végeztek, ahol mintegy 12 fajtát találtak polimorfnak. Ezek a fajták mind podóliai eredetűek, vagy podóliai marhákkal keresztezett állományok [*Bettini és Masina*, 1972; *Chianese és mtsai*, 1988; *Mariani és Russo*, 1977].

2.4.6. β-LG genotípus

A β-LG leggyakoribb *A* és *B* allélja általánosan elterjedt minden zebu és közönséges szarvasmarha fajtában. A *taurus* fajták mintegy 75%-ában a *B* allél fordul elő nagyobb gyakorisággal. A β-LG *C* allélt eddig a Jersey mellett kizárólag az Angler fajtában észlelték [*Buchberger*, személyes közlés]. A *D* allélt először a Montbéliard fajtában mutatták ki. Jóllehet gyakorisága sohasem magasabb mint 0.04, a legtöbb hegyi fajtában megtalálható (pl. szimentáli, Pinzgau, svájci borzderes, Tarine, Vosgienne) [*Buchberger és mtsai*, 1986*a*; *Graml és mtsai*, 1984*ab*; *Grosclaude*, 1988; *Grosclaude és mtsai*, 1966; *Merlin és Di Stasio*, 1982; *Russo és Mariani*, 1978]. Előfordul még a dán Jersey és a szicíliai Modicana fajtában, valamint a szardíniai marhában [*Larsen és Thymann*, 1966; *Raimondi*, 1982]. A *W* allélt pedig a német Murnau-Werdenfelser fajtában fedezték fel és azóta Jersey tehenekben is sikerült kimutatni [*Buchberger és mtsai*, 1986*a*; *Buchberger*, személyes közlés]

2.5. Tejfehérje genetikai polimorfizmusok kimutatására alkalmas módszerek

2.5.1. Biokémiai polimorfizmusok kimutatása

2.5.1.1. Elektroforetikus technikák

Az elektroforetikus technikák azon a jelenségen alapulnak, hogy töltéssel rendelkező molekulák vagy részecskék vizes oldatban, elektromos tér hatására a saját töltésükkel ellenkező polaritású elektród felé vándorolnak. Elektromos tér hatására eltérő töltésű és tömegű molekulák keverékében az egyes komponensek eltérő sebességgel vándorolnak és így egyedi frakciókra válnak szét. Az elektroforetikus elválasztás történhet szabad oldatban, vagy valamilyen stabilizáló közeg jelenlétében (pl. papír, szilika gél, cellulóz-acetát membrán, keményítő gél, agaróz gél, poliakrilamid gél). Az elektroforetikus technikáknak három fő típusa ismert [*Westermeier*, 1993]: elektroforézis vagy zóna elektroforézis, izotachoforézis (ITP) és izoelektromos fókuszálás (IEF). Normál elektroforézishez homogén puffer rendszert használnak, ami állandó pH értéket biztosít az elválasztás teljes időtartama alatt. Az ITP esetében a puffer rendszer nem homogén, a minta egy gyorsan és egy lassan mozgó elektrolit között vándorol. Az IEF kizárólag amfoter jellegű molekulák (fehérjék, peptidek) elválasztására alkalmas. Ezek az elválasztás során egy pH-gradiensen áthaladva mozognak töltésüktől függően az anód vagy a katód irányába mindaddig, amíg el nem érik azt

a pozíciót, ahol nettó töltésük zéró. Ez a molekula ún. izoelektromos pontja (pI). A pH-gradiens létrehozható szabad amfolinokkal (CA-IEF) vagy a stabilizáló közeghez (poliakrilamid vagy agaróz) kopolimerizált akrilamid származékokkal, ún. immobilénekkel (IPG-IEF). A pH-gradiens típusától függően ez a módszer alkalmas mindazon fehérjék vizsgálatára, amelyeknek pI-ja legalább 0,02 (CA-IEF) ill. 0,001 pH-egységgel (IPG-IEF) eltér [*Peterson*, 1969; *Westermeier*, 1993].

Tejfehérje polimorfizmusok kimutatása elektroforetikus módszerekkel

Már 44 éve, hogy először használtak elektroforézist a tejfehérjék genetikai polimorfizmusának kimutatására. *Aschaffenburg és Drewry* [1955] szűrőpapíron, barbiton puffert használva választották el egymástól a β-LG *A* és *B* allélt. Ezután intenzív kutatások indultak meg, melynek során egyre több elektroforetikus módszert dolgoztak ki a különböző kazein- és savófehérjék alléljainak kimutatására. *Blumberg és Tombs* [1958] szintén papír-elektroforézist használtak α-LA allélok detektálására. *Aschaffenburg* [1961] urea hozzáadásával úgy módosította a rendszert, hogy az már a β-CN *A*, *B* és *C* allélok elkülönítésére is alkalmassá vált. A keményítő elektroforézist *Thompson és mtsai* [1962] vezették be az α_{S1}-CN *A*, *B* és *C* allél kimutatására urea jelenlétében. *Bell* [1962] szintén keményítő elektroforézist használt - de urea nélkül - a β-LG *A*, *B* és *C* allél azonosítására. *Grosclaude és mtsai* [1966*a*] 2-merkapto-etanolt (2-ME) adtak a gélhez és így egy új allélt (β-LG *D*) tudtak kimutatni. 2-ME kis mennyiségének a gélhez vagy a mintapufferhez való hozzáadásával egymástól függetlenül három munkacsoport is polimorfizmust mutatott ki a κ-CN lókuszban [*Neelin*, 1964; *Schmidt*, 1964; *Woychik*, 1964]. *Thompson és mtsai* [1964] és *Michalak* [1967] szintén keményítő elektroforézist használt a β-CN *A*, *B* és *C* allél vizsgálatára. Az α_{S2}-CN lókusz polimorf voltát *Grosclaude és mtsai* [1976*b*] 2-ME-t és ureát tartalmazó keményítő gélen igazolták. Számos módszert fejlesztettek ki a különböző β-LG, α_{S1}-CN és β-CN allélok vizsgálatára poliakrilamid gélen [*Aschaffenburg*, 1964; *Thompson és mtsai*, 1964; *Aschaffenburg és Thymann*, 1965]. *Peterson és Kopfler* [1966] rájöttek arra, hogy az alkalikus közegben történő poliakrilamid gélelektroforézis során egyetlen csíkként megjelenő β-CN *A* allél savas közegben három csíkra válik szét, tehát valójában három különböző allélról van szó (β-CN A^1, A^2 és A^3). Ezt később *Grosclaude és mtsai* [1966*b*] valamint *Arave* [1967] is igazolták savas közegben történő keményítő gélelektroforézissel.

A tejfehérje genetikai variánsok kimutatására kidolgozott nagyszámú elektroforetikus módszer [*Thompson*, 1970] közös hátránya, hogy a különböző tejfehérje allélok teljes spektrumának vizsgálata nem oldható meg egyetlen gélen, hanem legalább három futtatás szükséges különböző körülmények között: 1. kazein allélok kimutatása ureát és 2-ME-t tartalmazó alkalikus közegben, 2. β-CN *A* felbontása A^1, A^2 és A^3 allélokra savas közegben, és 3. a β-LG és α-LA allélok kimutatása ureát és 2-ME-t nem tartalmazó közegben.

Tejfehérje polimorfizmusok kimutatása izoelektromos fókuszálással

Először *Josephson* [1972] alkalmazott sikeresen IEF-t a κ-CN *A* és *B* allél kimutatására. *Pearce és Zadow* [1978] pH 3,5 -5,0 tartományú, 6 M ureát tartalmazó 5%-os poliakrilamid gélt használt a β-LG *A* és *B* allél elválasztására. A négy fő kazeinfrakció egyidejű, IEF-sal történő tipizálását *Addeo és mtsai* [1983] írták le először. Ez a módszer amellett, hogy az α_{S1}-, β-, κ-CN és β-LG allélok párhuzamos vizsgálatára alkalmas [*Seibert és mtsai*, 1985], nagy egyedszámú állatpopulációk tejfehérje polimorfizmusának rutinszerű vizsgálatára is kiválóan használható [*Bovenhuis és Verstege*, 1989]. Nagy felbontóképességének köszönhetően egy sor új allél, pl. a κ-CN *E* [*Erhardt*, 1989], α_{S1}-CN *F* [*Erhardt*, 1993], κ-CN *G* [*Erhardt*, 1996] felfedezését is lehetővé tette.

A fehérjék festése

Az olyan, természetüknél fogva színes fehérjék, mint pl. a mioglobin, hemoglobin, ferritin és citokróm c, a látható spektrumba eső fénnyel megvilágítva, közvetlenül is megfigyelhetők a gélben, amennyiben az elektroforézis során nem károsodott a kromofór részük. A legtöbb fehérje azonban csak mesterségesen megfestve válik láthatóvá. A festés történhet az elválasztás előtt, vagy elektroforézis után a gélben.

Elektroforetikusan elválasztott fehérjék festésére először csak szerves festékeket használtak. Ilyenek pl. a brómfenolkék, amidofekete és a coomassie. Vannak szerves festékek, amelyek a fehérjék bizonyos típusait festik nagyobb előszeretettel: a glikoproteinek pl. perjódsav és kénsavas fukszin tartalmú Schiff reagenssel festhetők. A

szerves festékek közül a coomassie (Coomassie Brillant Blue) a legérzékenyebb - μg mennyiségű fehérjék kimutatására alkalmas - és legelterjedtebb. Coomassie festéshez savas közegre van szükség, amely elektrosztatikus vonzást hoz létre a festékmolekulák és a fehérjék amino csoportja között. Ez az ionos vonzás és a van der Walls erő tartja együtt a festék-fehérje komplexet. Ez a kötés megfelelő körülmények között teljes mértékben reverzibilis. A festék ezen kívül reakcióba lép a fehérjékben található bázikus aminosavakkal, így a magasabb lizin, hisztidin és arginin tartalmú fehérjék erősebben festődnek.

A fehérjék elektroforézis előtt fluoreszcens festékekkel is festhetők. E festékek (pl. fluorescamine, 2-methoxy-2,4-diphenil-3(2H)-furanone) már ng mennyiségű fehérjék kimutatására is alkalmasak. Előnyük, hogy kovalensen kötődnek a fehérjékhez, így azok „nyomon követhetők" az elektroforézis során, ezen kívül nincs kellemetlen háttérfestődés. Hátrányuk, hogy megváltoztathatják a fehérjék töltését, ami problémát jelenthet az elektroforézis során (ez alól kivétel az SDS-PAGE, ahol a fehérjék vándorlási sebessége gyakorlatilag csak a molekulatömeg függvénye). Ezen kívül UV fénnyel kell megvilágítani őket, ami megfelelő műszerezettséget kíván.

A jelenleg elérhető legérzékenyebb festési eljárások azonban fém-alapú festékeket használnak. Ilyen pl. az ezüst-festés, mely általában 100-szor érzékenyebb a coomassie festésnél. Az ezüst-festés lényege, hogy az ezüst-nitrát reakcióba lép a fehérjével, majd az előhívás során a fehérjéhez kötött ezüst ion fém ezüstté redukálódik. Egyes ezüst-festési eljárások nemcsak fehérjék, hanem DNS, lipopoliszacharidok és poliszacharidok kimutatására is alkalmasak.

2.5.1.2. Oszlopkromatográfiás módszerek

Az elmúlt 30 évben számos kromatográfiás technikát is kifejlesztettek a tejfehérjék vizsgálatára. A kromatográfia analitikai elválasztásra, valamint preparatív feladatok megoldására alkalmas módszer, mellyel áramló folyadékban oldott komponensek egy nyugvó fázissal történő kölcsönhatás eredményeképpen térben különválaszthatók. Általában egy szemcsés anyaggal (nyugvó fázis) töltött csövön, annak pórusai között áramoltatják át a mozgó fázist (gázt vagy folyadékot). A szétválasztandó elegy molekuláit a mozgó fázis magával sodorja, az álló fázis (adszorbens) pedig szorpciós folyamatokkal részben visszatartja. A két hatás eredőjeként a szétválasztandó elegy komponensei - amennyiben szorpciós tulajdonságaik eltérnek egymástól - különböző sebességgel vándorolnak, ami lehetővé teszi a komponensek elkülönítését. *Yaguchi és Rosen* [1971] egy összefoglaló cikkben számoltak be a tejfehérjék tisztítására és elválasztására alkalmas oszlopkromatográfiás technikákról. A leggyakrabban használt módszerek vagy az ioncsere vagy a méret-kiszorításos kromatográfia elvén alapultak. Ez utóbbi kevésbé alkalmas a tejfehérjék fenotipizálására, mivel a különböző allélok relatív molekulatömegeinek eltérése általában nem elegendő ahhoz, hogy különbségek alakuljanak ki az elúciós profilokban. Ennek ellenére *Thompson és Pepper* [1964] ureát tartalmazó DEAE-cellulóz rendszeren sikeresen elválasztotta a β-CN *A* allélt a *C* alléltól, míg *Ng-Kwai-Hang és Pélissier* [1989] ugyanezt QAE-cellulóz ioncserélő kromatográfiával érte el. A κ-CN *A* és *B* allélok elválasztása imidazol-HCl-urea alkalmazásával DEAE-cellulóz oszlopon is megvalósítható [*Thompson*, 1966].

A HPLC technika kifejlesztésével jelentős mértékben sikerült csökkenteni a kromatográfiás oszlopok méretét és a tejfehérjék elválasztásához szükséges időt. *Pearce* [1983] az általa leírt HPLC rendszerrel 30 perc alatt volt képes elválasztani az α-LA-t és a β-LG *A* és *B* alléljait. Hozzá hasonlóan a *Humphrey és Newsome* [1984] és *Andrews és mtsai* [1985] által használt módszer is alkalmas volt a β-LG *A* és *B* allél elválasztására. A β-LG allélokon kívül egyedül a κ-CN allélokat sikerült HPLC-vel kimutatni [*Dalgleish*, 1986; *Visser és mtsai*, 1986; *Guillou és mtsai*, 1987]. A *Guillou és mtsai* [1987] által alkalmazott technika nem volt képes sem az α_{S1}-CN *B* és *C*, sem a β-CN A^1, A^2 és *B* allél elkülönítésére.

Carles [1986] reverz fázisú oszlopon (RP-HPLC) fedezett fel egy új, a β-CN A^1-nél nagyobb hidrofobitással rendelkező allélt. Ez az új allél (β-CN *F*) egy ún. "néma variáns", mivel a 152. aminosav pozícióban bekövetkezett mutáció, egy prolin - leucin csere, nem befolyásolja a fehérje nettó elektromos töltését. Az ilyen néma mutánsok kimutatására az elektroforetikus és ioncserélő kromatográfiás módszerek általában nem alkalmasak. A RP-HPLC esetében a nyugvó fázis először egy, a mozgó fázissal nem elegyedő folyadékot abszorbeál. A minta szétválasztása így gyakorlatilag egy folyadék-folyadék határfelületen történik. A molekulák elválasztása nem kizárólag szorpciós tulajdonságaiktól függ, hanem mivel oldékonyságuk nem azonos a két folyadékban, versengés indul meg a mozgó fázis és a szilárd fázishoz kötött folyadék között a minta molekuláiért, ami tovább növeli a szétválasztás hatásfokát.

A tejfehérjék genetikai polimorfizmusának vizsgálata mind a mai napig úgy zajlott, hogy az egyes allélok létezéséről először valamilyen elektroforetikus technika segítségével szereztünk tudomást, majd néhány esetben ezen allélok meglétét kromatográfiás módszerekkel is sikerült igazolni. Ezen módszerek azonban kizárólag azokat a allélokat képesek egymástól elkülöníteni, ahol a mutáció következtében fellépő aminosavcsere megváltoztatja a molekula nettó töltését. Elméletileg annak, hogy egy aminosavcsere következtében nem változik a molekula nettó töltése 3-szor nagyobb a valószínűsége, mint annak, hogy megváltozik. Szükség volt tehát olyan módszer ill. stratégia kidolgozására, amely alkalmas e "néma mutációk" kimutatására és elsődleges szerkezetük vizsgálatára. A *Schroeder és mtsai* [1982] által, a különböző hemoglobin mutánsok kimutatására használt peptid térképezési módszer erre kiválóan alkalmas. A módszer főbb lépései a következők: a vizsgálandó fehérje tisztítása, a tisztított fehérje emésztése tripszinnel, az így kapott peptidkeverék vizsgálata reverz fázisú HPLC-vel, és ezen RP-HPLC elúciós profil összehasonlítása egy ismert elsődleges szerkezetű standard fehérje elúciós profiljával. Ezután gyakran elegendő csupán a standardtól eltérő peptid vizsgálata ahhoz, hogy meghatározzák az aminosavcsere típusát és pontos pozícióját a vizsgált fehérjében. A peptid térképezés műszer- és időigénye igen nagy, ezért nem alkalmas nagy egyedszámú állatpopulációk tejfehérje polimorfizmusának rutinszerű vizsgálatára.

2.5.3. DNS polimorfizmusok kimutatására alkalmas módszerek

Mivel a tejtermelés a női ivarra korlátozott tulajdonság, a tenyésztők és állattartók munkáját megkönnyítendő szükség volt olyan módszerek kidolgozására, amelyek lehetővé teszik az állat tejfehérje genotípusának ivartól és kortól független meghatározását. A rekombináns DNS technikák megjelenése lehetővé tette a korábban fehérje szinten kimutatott polimorfizmusok DNS szintű azonosítása mellett a fehérje szinten nem detektálható mutációk kimutatását is.

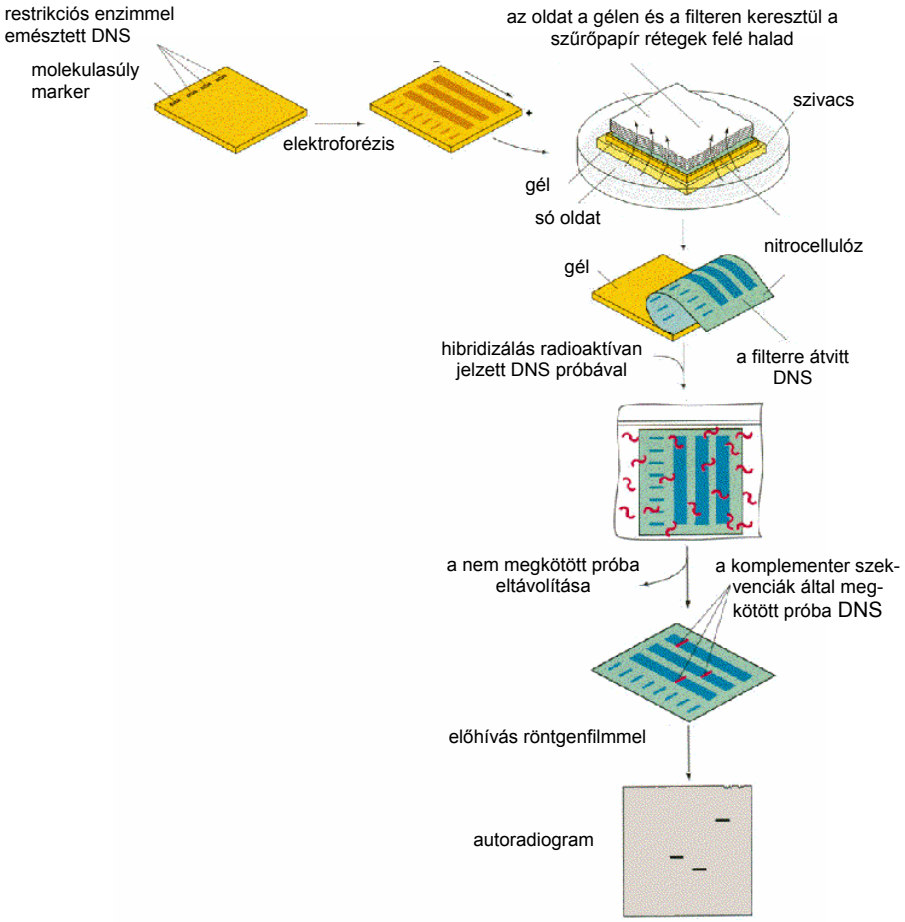
Ma már számos, jól működő technika áll rendelkezésre a tejfehérje gének DNS szintű genotipizálására. Ilyenek -a teljesség igénye nélkül- pl. a restrikciós fragmenshossz polimorfizmus (RFLP), a polimeráz láncreakció és restrikciós fragmenshossz polimorfizmus kombinációja (PCR-RFLP), az allélspecifikus polimeráz láncreakció (AS-PCR), a bidirekcionális allélspecifikus polimeráz láncreakció (BAS-PCR), a restrikciós hasítóhely amplifikációval való létrehozásán (ACRS) és a primer hossza alapján történő allélmeghatározáson (ADPL) alapuló technikák, valamint a PCR-SSCP (polimeráz láncreakció - egyes szál konformációs polimorfizmus).

A különböző technikákkal létrehozott DNS fragmensek általában csak egy elektroforetikus elválasztási lépés után, mesterségesen megfestve vagy radioaktívan jelölve válnak láthatóvá. A festés a fehérjékhez hasonlóan történhet az elválasztás előtt, vagy az elválasztás után a gélben. DNS festésére alkalmas festékek pl. az etidium-bromid, metilzöld, pironin B, Stains All. Ezek közül leggyakrabban az etidium-bromidot használják. Ez egy erősen mutagén fluoreszcens festék, amely már 1 ng DNS kimutatására is alkalmas. Vagy elektroforézis után a géleket festik vele, vagy az etidium-bromidot a gél tartalmazza, és a DNS a gélen való áthaladás során köti meg a festéket. A festődés során egy DNS - etidium-bromid komplex jön létre, amely UV fénnyel megvilágítva fluoreszcens fényt bocsát ki. Spektrumának maximuma 302 nm-nél van. Az ezüst-festés szintén alkalmas a DNS gélben történő kimutatására. Ennek érzékenysége legalább olyan jó mint az etidium-bromidé és óriási előnye, hogy nem toxikus. A DNS megjelenítésének egy alternatív módja a radioaktív jelölés, amelyet széles körben alkalmaznak. A festési eljárásokkal szemben számos előnnyel rendelkezik: érzékenyebb és mivel nem-denaturáló körülmények között is megvalósítható, az elválasztott komponensek később biológiailag aktív formában visszanyerhetők. A radioaktív jelölést általában elektroforézis előtt végzik, de utólag „in situ” is megvalósítható.

2.5.3.1. Restrikciós fragmenshossz polimorfizmus

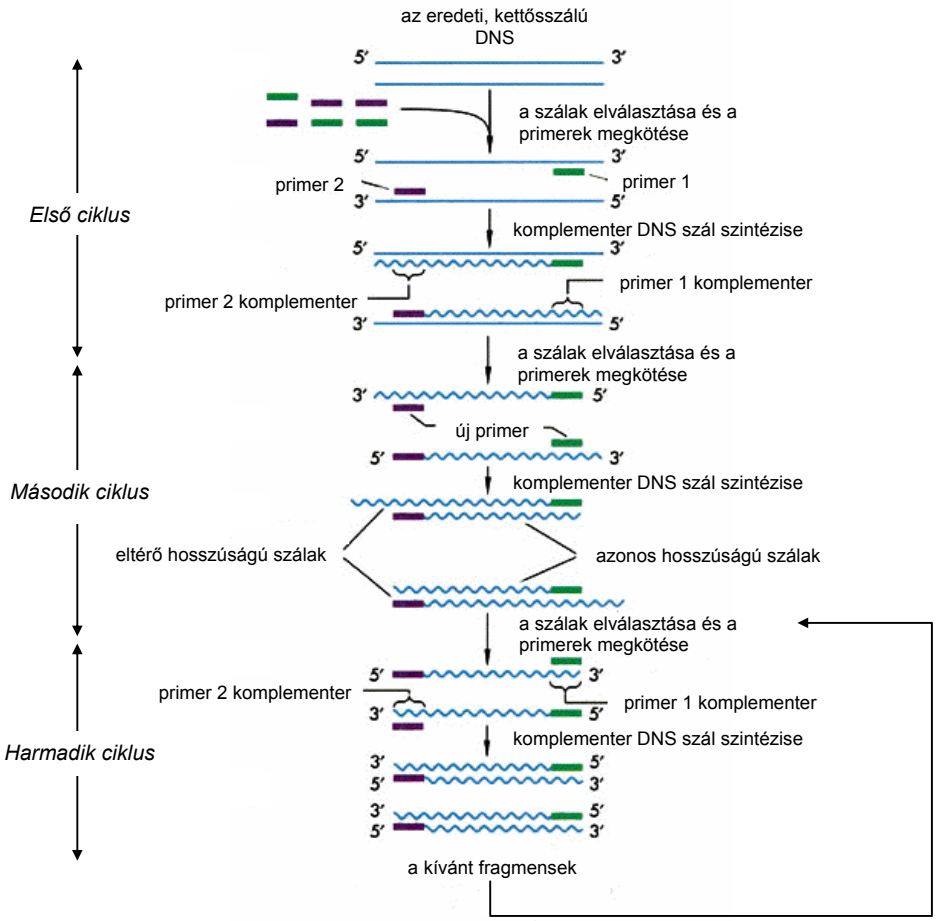
A restrikciós endonukleázok segítségével - ezek olyan baktériumok által termelt enzimek, amelyek nem véletlenszerűen, hanem csak egy adott, néhány nukleotidból álló palindrom szekvenciát képesek hasítani - lehetőség nyílik a DNS-molekulák szekvenciaspecifikus hasítására, és ebből következően a DNS-es restrikciós fragmenshossz alapján történő jellemzésére. Azt a jelenséget, amikor a különböző sejtekből (pl. vér vagy sperma) izolált genomiális DNS-t vagy annak egy darabját egyes restrikciós endonukleázok a különböző genotípusok esetében eltérő módon hasítják, restrikciós fragmenshossz polimorfizmusnak nevezzük, angolul Restriction Fragment Lenght Polymorphism (RFLP).

Az RFLP módszer esetében a genomiális DNS-t egy olyan restrikciós endonukleázzal emésztjük, amely a kimutatandó allélt a többi alléltól eltérő módon hasítja. Ekkor a kérdéses allél az emésztéssel kapott fragmensek száma és mérete alapján pl. Southern blot analízis segítségével (2-6. ábra), specifikus próbával történő hibridizálással azonosítható (hibridizálás = az egyszálú próba DNS megtalálja és kötődik a komplementer DNS szekvenciához). A specifikus próbák klónozott vagy szintetikus DNS fragmensek, melyek a kimutatandó DNS szakasszal komplementer bázissorrendet mutatnak. Ily módon azonosították pl. a κ-CN *A* és *B* allélját *Rando és mtsai* [1988], *Léviziel és mtsai* [1988] valamint *Damiani és mtsai* [1990].



2-6. ábra: A Southern, vagy DNS-DNS hibridizáció főbb lépései. Az agaróz gélen elválasztott DNS-fragmenseket szilárd hordozóra kötjük. A filteren lévő DNS-hez hozzáadjuk a próbát (radioaktívan jelzett, egyszálú DNS), amely a sok „idegen" fragmens között „megtalálja" a komplementer bázissorrendet hordozó „saját" DNS-szakaszát és hozzákötődve megjelöli azt [*Southern*, 1975].

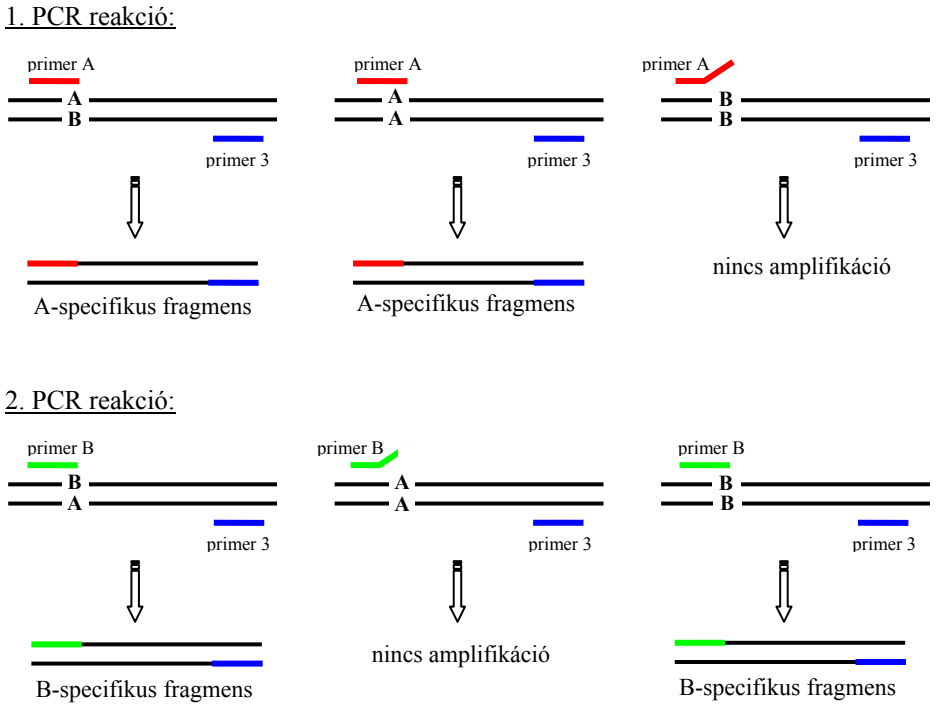
A PCR-RFLP módszer esetében az adott tejfehérje gén bázissorrendjének és a mutáció pontos helyének ismeretében a genomiális DNS-ről, szintetikus oligonukleotid primerek felhasználásával, PCR segítségével nagy mennyiségben szintetizálható a mutációt tartalmazó DNS szakasz (2-7. ábra). Ha ezt az amplifikált DNS szakaszt emésztjük egy olyan restrikciós endonukleázzal, amely a kimutatandó allélt a többi alléltól eltérő módon hasítja, akkor a reakciókeveréket agaróz gélen megfuttatva és a DNS-t festve a kérdéses allél meghatározható. Ily módon azonosíthatók pl. a κ-CN *A*, *B*, *C*, *E*, *F* és *G* allélok [*Medrano és Aguilar-Cordova*, 1990*a*; *Schlieben és mtsai*, 1991; *Schlee és Rottmann*, 1992*a*; *Prinzenberg és mtsai*, 1996], valamint a β-LG *A* és *B* alléljai [*Medrano és Aguilar-Cordova*, 1990*b*].



2-7. ábra: A polimeráz láncreakció (PCR) főbb lépései. A vizsgálandó kettős szálú DNS (templát) denaturálása után két oligonukleotid primer és DNS-polimeráz enzim segítségével DNS-t szintetizálunk a templát-DNS mindkét száláról (első ciklus). A következő ciklusban az újonnan szintetizált szálak is templátként fognak szerepelni, de ebben az esetben a DNS-szintézis már az ellentétes szál primerrel határolt végénél befejeződik. A ciklus többszöri ismétlése azt eredményezi, hogy a két primer közötti DNS-szakasz exponenciálisan amplifikálódik, a ciklusok számától függően.

2.5.3.2. Allélspecifikus polimeráz láncreakció

Ahol a mutáció nem érinti valamely restrikciós endonukleáz hasítási helyét, ott RFLP nem használható fel az allélok azonosítására. Ilyen esetben az allélspecifikus polimeráz láncreakció, angolul Allele Specific Polymerase Chain Reaction (AS-PCR) [*Wu és mtsai*, 1989] jelentheti az egyik lehetséges megoldást. Segítségével minden elképzelhető pontmutáció detektálása megoldható. Minden egyes pontmutáció esetében a genotípus két különálló PCR reakcióval határozható meg. Az első PCR reakciót az egyik allélra specifikus primerrel és egy nem allélspecifikus primerrel végzik, a második PCR reakciót pedig a másik allélra specifikus és a nem allélspecifikus primerrel. Az allélspecifikus primert úgy tervezik meg, hogy szekvenciája pontos tükörképe legyen az egyik allél szekvenciájának, míg a másik alléltól az utolsó, 3´ végén található nukleotidban különbözzön. Megfelelő reakciókörülmények között PCR termék csak akkor képződik, ha a primer szekvenciája pontos tükörképe a tesztelt DNS-nek (2-8. ábra). A DNS genotípusát a PCR termék megléte vagy hiánya alapján lehet eldönteni [*Schlee és Rottmann*, 1992*b*].



1. PCR reakció (*A* allél-specifikus fragmens)	2. PCR reakció (*B* allél-specifikus fragmens)	Genotípus
+	+	*AB*
+	–	*AA*
–	+	*BB*

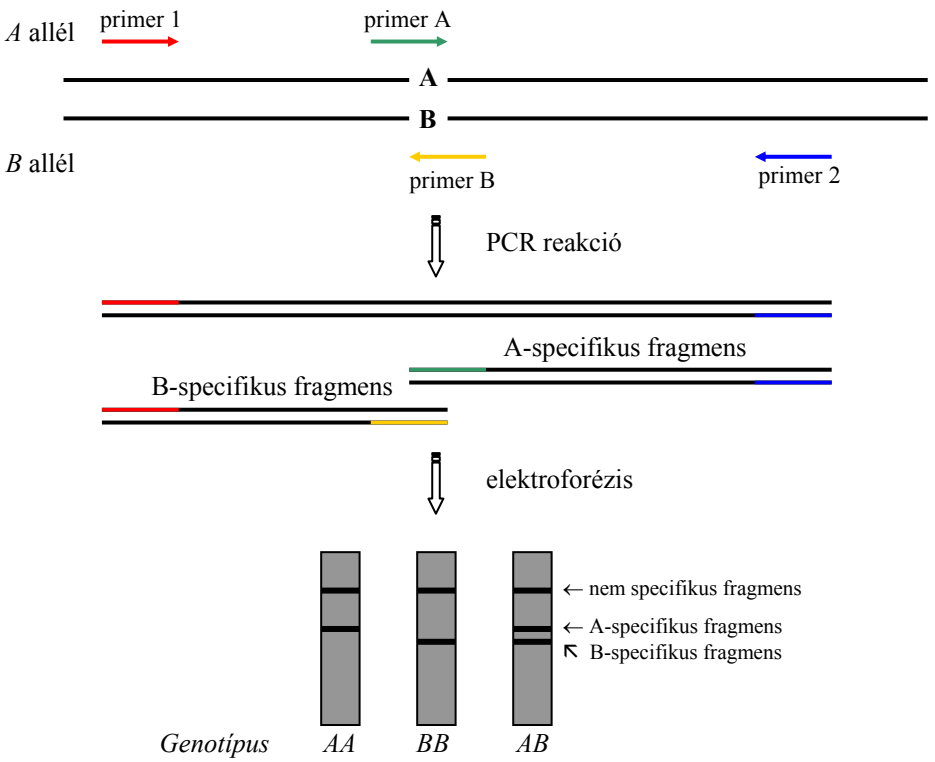
2-8. ábra: Az allélspecifikus polimeráz láncreakció (AS-PCR) lépései. Az ún. allélspecifikus primereket (primer A és primer B) úgy tervezik, hogy szekvenciájuk komplementer az adott allél szekvenciájával (*A* vagy *B*), így 3´ végükön egyetlen nukleotidban eltérnek a másik allél komplementer szekvenciájától. Egy harmadik primer (primer 3) segítségével -melynek szekvenciája 100%-ban komplementer mindkét vizsgálandó allél szekvenciájával- először az egyik allélra specifikus primerrel, majd egy külön reakcióban a másik allélra specifikus primerrel végeznek PCR reakciót. PCR-fragmens csak abban a reakcióban képződik, ahol a primer szekvenciája 100%-ban komplementer a vizsgálandó DNS bázissorrendjével.

2.5.3.3. Bidirekcionális allélspecifikus polimeráz láncreakció

A bidirekcionális allélspecifikus polimeráz láncreakció, a ıul Bidirectional Allele Specific Polymerase Chain Reaction (BAS-PCR) esetében két nem allélspecifikus primerrel, amely a mutációt tartalmazó DNS szakaszt amplifikálja, és két, az egyik ill. másik allélra specifikus primerrel egyetlen PCR reakciót végeznek (2-9. ábra). Megfelelő reakciókörülmények között két vagy három PCR termék képződik: a mutációt tartalmazó teljes DNS szakasz, plusz az egyik és/vagy a másik allélra jellemző DNS darab [*Damiani és mtsai*, 1992].

2.5.3.4. Restrikciós hasítóhely amplifikációval való létrehozása

Ha egy pontmutáció nem érint restrikciós endonukleáz hasítási helyet, akkor RFLP mesterségesen is létrehozható. A PCR reakcióban használt egyik primer szekvenciáját ilyenkor úgy tervezik meg, hogy azok a PCR-termékben egy olyan restrikciós hasítóhelyet hozzanak létre, amellyel a vizsgált allélok megkülönböztethetők egymástól (2-10. ábra). Ebben az esetben amplifikációval létrehozott restrikciós helyről beszélünk, angolul Amplification Created Restriction Site (ACRS). Ezt a technikát alkalmazták pl. *Lien és mtsai* [1992] a β-CN A^1, A^2, A^3 és *B* allél, *Prinzenberg és Erhardt* [1997*a*] a β-LG *I* allél DNS szinten történő azonosítására.



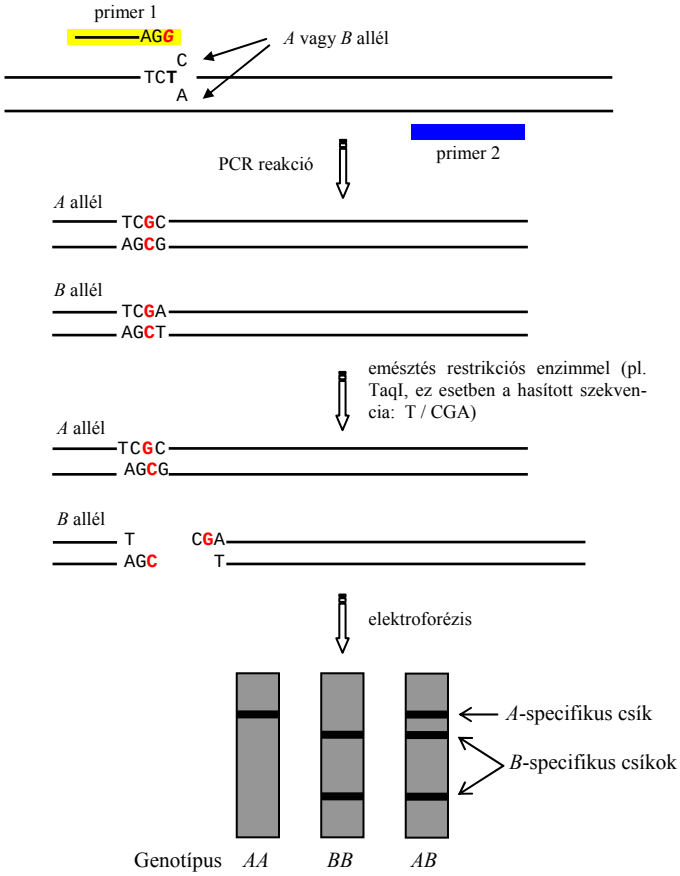
2-9. ábra: Genotipizálás bidirekcionális allélspecifikus polimeráz láncreakcióval (BAS-PCR). A nyilak a PCR primereket jelölik. Primer 1 (piros) és primer 2 (kék): nem allélspecifikus primerek, a pontmutációt tartalmazó DNS szakaszt amplifikálják. Pozíciójuk nem fed át a mutáció helyével. Primer A (zöld) és primer B (sárga) allélspecifikus primerek: pozíciójuk átfed a mutáció helyével, az egyik primer szekvenciája az egyik (A specifikus), a másik primer a másik allél szekvenciájával komplementer nukleotidsorrendet mutat (B specifikus). A-specifikus PCR-fragmens csak akkor keletkezik, ha az eredeti DNS hordozta az *A* allélt, B-specifikus pedig csak ha hordozta a *B* allélt.

2.5.3.5. Primer hossza alapján történő allélmeghatározás

A primer hossza alapján történő allélmeghatározás, angolul Allele Determination by Primer Length (ADPL), amelyet *Li és mtsai* [1990] írtak le először, egy olyan PCR-en alapuló általános technika, amely bármilyen pontmutáció kimutatására alkalmas. A PCR reakcióban az egyes allélokra specifikus primereket eltérő hosszúságúra tervezik, így a reakció során keletkező fragmensek mérete is eltérő (2-11. ábra). A PCR-fragmensek pl. elektroforézissel elválaszthatók, és EtBr-dal festve, az állatok genotípusa meghatározható. *Lindersson és mtsai* [1995] ezt a technikát használták különböző κ-CN, β-CN és β-LG genotípusok meghatározására.

2.5.3.6. Egyes szál konformációs polimorfizmus

A módszer [*Orita és mtsai*, 1989] azon alapul, hogy a denaturált DNS molekulák nem-denaturáló poliakrilamid gélben méretüknek és szekvenciájuknak megfelelő sebességgel vándorolnak. Így ha pl. két PCR fragmens akár egyetlen pontmutációban különbözik, poliakrilamid gélen eltérő mobilitással rendelkeznek. Ez a módszer könnyen kivitelezhető, olcsó és nagyszámú minta tipizálására alkalmas. Az egyes szálú DNS-ek konformációi között különbséget téve (Single-Strand Conformation Polymorphism, SSCP) azonosíthatók többek között pl. az α_{S1}-CN *D* [*Prinzenberg és Erhardt*, 1997*b*] és a κ-CN *A*, *B*, *C*, *E*, *F*, *G*, *H*, *I*, A_1 [*Barroso és mtsai*, 1998; *Prinzenberg és mtsai*, 1999].



2-10. ábra: Restrikciós hasítóhely létrehozása amplifikációval (ACRS) olyan allélok kimutatására, amelyek eredetileg nem mutatnak RFLP-t. Az egyik primer valamely bázisának vagy bázisainak -a felhozott példa esetében az utolsónak- kicserélésével egy adott restrikciós enzimre specifikus restrikciós hasítóhely (itt TaqI) hozható létre az egyik allélnak (itt *B*) megfelelő PCR termékben, amely elektroforetikusan megkülönböztethető a másik alléltól.

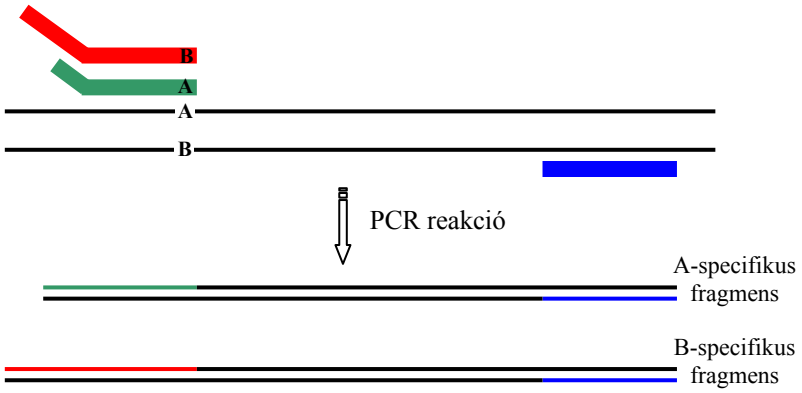
2.6. Tejfehérje allélok gazdasági jelentősége

2.6.1. Genetikai polimorfizmus és tejösszetétel

Egy fehérje különböző genetikai variánsai (allélok) eltérő biokémiai ill. fizikai-kémiai jellemzőik révén befolyásolhatják a tej tulajdonságait. Egy adott allél hatását nem feltétlenül a vizsgált gén okozza, hanem az is elképzelhető, hogy egy hozzá szorosan kapcsolt gén hatására vezethető vissza. Ez is oka lehet annak, hogy az irodalmi adatok gyakran egymásnak ellentmondóak. Ettől függetlenül igaz azonban, hogy a különböző allélok eltérő tulajdonságaik révén különböző mértékben befolyásolhatják a fehérjeszintézis hatékonyságát is, ami viszont kihathat a tej fizikai-kémiai tulajdonságaira.

Amióta *Sherbon és mtsai* [1967] először felismerték, hogy a tehéntej alvadási tulajdonságait a különböző allélok is befolyásolják, számos összefüggésre sikerült fényt deríteni. Mivel az egyéb tejtermékek gyártása mellett a tejfehérjék konzerválásának legjelentősebb módja a sajtgyártás, a tejfehérje kutatások legfőbb célja világszerte annak felderítése, hogy melyek azok a környezeti és genetikai tényezők, amelyek a további feldolgozhatóság szempontjából kedvezően befolyásolják a tej fizikai-kémiai tulajdonságait. Eddig a táplálkozástudomány csupán a tej

fehérjetartalmának növelésére volt képes, most azonban a genetikai összefüggések felismerése révén célzott tenyésztéssel lehetőség nyílik a tejfehérjék „technológiai minőségének” növelésére is.



2-11. ábra: A primer hossza alapján történő allélmeghatározás (ADPL) lényege. A PCR reakciót két eltérő hosszúságú allélspecifikus (zölddel és pirossal jelölve), valamint egy nem allélspecifikus primer (kékkel jelölve) jelenlétében végzik. Az allélspecifikus primerek átfedik a mutáció helyét és 3´ végükön az egyik ill. a másik alléllal komplementer szekvenciát mutatják. 5´ végükön eltérő hosszúságú, egyik alléllal sem komplementer szekvenciával rendelkeznek. A nem allélspecifikus primer egy, a mutációtól távolabb eső szekvenciával homológ. A keletkező PCR-fragmensek hossza az allél típusától függően eltérő.

2.6.1.1. Fehérjetartalom

Amióta az emberiség tejtermeléssel foglalkozik, a tej zsírtartalma volt a minőség legfőbb mércéje. Ez a szemlélet az elmúlt néhány évtizedben gyökeresen megváltozott. A fehérjetartalom rutinszerű mérését és a tej ezzel arányos értékben történő átvételét először Hollandiában vezették be az 50-es évek végén. Azóta egyre több ország tér át erre a tejátvételi rendszerre.

A tej összfehérje-tartalmát, ugyanúgy mint a kazein- ill. savófehérje-tartalmát nemcsak genetikai különbségek, hanem más, környezeti faktorok (pl. évszak, laktáció szakasza, laktáció száma, takarmányozás és a tőgy egészségi állapota) is befolyásolják.

α_{S1}-CN genotípus

Az α_{S1}-CN *BC* típusú tej esetében magasabb az α_{S1}-CN, összes CN és összfehérje-tartalom, mint a *BB* vagy *AB* esetében [*Aleandri és mtsai*, 1990; *Bovenhuis és mtsai*, 1992; *Haenlein és mtsai*, 1987; *Kroeker és mtsai*, 1985; *Lodes és mtsai*, 1997c; *Ng-Kwai-Hang és mtsai*, 1986, 1987, 1990a]. A legalacsonyabb kazein- és fehérjetartalmat α_{S1}-CN *CC* típusú tejben mérték [*Lodes és mtsai*, 1997c]. Más szerzők vizsgálatai a *C* allél genetikai fölényére utalnak, de ezek nem bizonyultak szignifikánsnak [*Buchberger és mtsai*, 1986*b*; *Mariani és mtsai*, 1988; *Ng-Kwai-Hang és mtsai*, 1984; *Eenennaam és Medrano*, 1991*b*]. *McLean és mtsai* [1984] valamint *Gonyon és mtsai* [1987] pedig egyáltalán nem találtak összefüggést az α_{S1}-CN genotípusok és a fehérjetartalom között.

β-CN genotípus

Gonyon és mtsai [1987], *Jakob* [1993], *Ng-Kwai-Hang és mtsai* [1986] valamint *Rampilli és mtsai* [1988] szerint a β-CN genotípusok szignifikánsan befolyásolják a fehérjetartalmat. A β-CN alléloknál az A^1 és A^2 magasabb α_S-CN tartalom mellett alacsonyabb β- és κ-CN tartalmat mutat. *Ng-Kwai-Hang és mtsai* [1986] szerint az A^1B genotípusú tejnek van a legmagasabb fehérje- (3,48%) és kazeintartalma (2,78%), a legalacsonyabb pedig az A^2A^2 típusú tejnek, 3,36 és 2,66%. *Lodes és mtsai* [1997*c*] ezzel szemben a ritkán előforduló, A^2C genotípusú tejben mérték a legmagasabb fehérje- és kazeintartalmat, a *BB* illetve A^2A^2 típusúban pedig a legalacsonyabbat.

Azoknál a vizsgálatoknál [*Buchberger és mtsai*, 1986*b*, 1986*c*; *Graml és mtsai*, 1985, 1986*a*], ahol a különböző *A* variánsok között (A^1, A^2, A^3) nem tettek különbséget, többnyire a ritkább β-CN variánsok az *AA* típusnál magasabb fehérje- ill. kazeintartalmat mutatnak (*BB>AB>AA*, *AC>>AA* és *BC>>AA*). *Graml és mtsai* [1985] szerint a β-CN *AC* genotípus is pozitív hatással van a fehérje- és kazeintartalomra.

Bovenhuis és mtsai [1992] a statisztikai analízis során különbséget tesznek az ún. "egy-génes" és "több-génes" analízis között. Az "egy-génes" analízis során minden tejfehérjét önállóan vizsgáltak. E szerint a β-CN A^1B és *BB* típusú állatok teje szignifikánsan magasabb fehérjetartalmat mutatott, mint az A^1A^1 típusú állatoké. A β-CN A^3 allél jelenléte tendenciaszerűen az A^1A^1 típusnál magasabb fehérjetartalommal jár, de mivel igen ritkán fordul elő a hatására vonatkozó összefüggések többnyire nem szignifikánsak. A "több-génes" statisztikai analízis szerint, amely igyekszik figyelembe venni az esetleges kapcsoltsági effektusokat is, a β-CN genotípusok hatása a fehérjetartalomra már nem bizonyult szignifikánsnak. Ezt más szerzők vizsgálatai is alátámasztották [*Aleandri és mtsai*, 1986; *Haenlein és mtsai*, 1987; *McLean és mtsai*, 1984].

κ-CN genotípus

A κ-CN allélokra vonatkozó vizsgálatok többsége azt mutatja, hogy a *B* allél magasabb κ-CN tartalommal párosul [*Aleandri és mtsai*, 1986; *Gonyon és mtsai*, 1987; *Mariani és mtsai*, 1976; *Kroeker és mtsai*, 1985; *Ng-Kwai-Hang és mtsai*, 1986, 1987, 1990*a*; *Rampilli és mtsai*, 1988; *Eenennaam és Medrano.*, 1991*a*]. *Bovenhuis és mtsai* [1992] hasonló eredményre jutottak. Mind "egy-génes" mind "több-génes" analízissel szignifikáns különbségeket találtak a fehérjetartalomban (*BB>AB>AA*). A *B* allél esetében nemcsak az összkazein-tartalom, hanem az összfehérje-tartalom is magasabb [*Castagnetti és mtsai*, 1994; *Delacroix-Buchet és mtsai*, 1993; *Jakob és Puhan*, 1986*b*; *Ng-Kwai-Hang és mtsai*, 1986; *Schaar*, 1884; *Rampilli és mtsai*, 1988], minek köszönhetően a sajtgyártás egyre növekvő érdeklődést mutat a κ-CN genetikai polimorfizmus iránt.

Jóllehet mára már egyértelműen bizonyított, hogy a magasabb κ-CN tartalom következtében [*Eenennaam és Medrano*, 1991*a*] a *BB* genotípus pozitívan befolyásolja a tej tejipari technológiai értékét - rövidebb az alvadási idő, gyorsabb a szinerézis, kedvezőbb az alvadék minősége és nagyobb a kitermelhető sajt mennyisége [*Feagan és mtsai*, 1972; *Marziali és mtsai*, 1986*a*,*b*,*c*; *Schaar és mtsai*, 1984] - a genetikai háttér és a környezeti hatások szerepe kevéssé tisztázott. Ez lehet az oka annak, hogy látszólag ellentmondó adatok is napvilágot láttak: *Buchberger és mtsai* [1986*b*, 1986*c*], *Schaar és mtsai* [1985], valamint *Graml és mtsai* [1985] helyi fajtákat vizsgálva az *AA* genotípus fölényéről számoltak be (*AA>AB>BB*). *Lodes és mtsai* [1997*c*] pedig egyáltalán nem tudtak szignifikáns összefüggést kimutatni a κ-CN genotípusok és a tej fehérje- ill. kazeintartalma között.

A ritkább, κ-CN *C* allél hatását *Macheboeuf és mtsai* [1993] vizsgálták. Eredményeik szerint a *C* allélt hordozó állatok (κ-CN *AC*, *BC* és *CC*) teje több fehérjét és összkazeint tartalmaz, mint a κ-CN *AA* és a κ-CN *AB* vagy *BB* állatok teje. Ugyanebben a fajtában (Tarentaise) *Delacroix-Buchet és mtsai* [1993] szerint az *AC* típusú tej 0,06%-kal több fehérjét tartalmazott, mint az *AA* típusú, de a legmagasabb fehérjetartalmat a *BC*-típusú tej mutatta. A ritka allélok közül a κ-CN *E* az *A* allélhoz hasonlóan alacsonyabb kazeintartalmat eredményezett [*Oloffs*, 1991].

β-LG genotípus

Aschaffenburg és Drewry [1957] felfedezését, hogy a β-LG *AA* típusú tej több fehérjét tartalmaz mint az *AB* vagy *BB* típusú, azóta számos kutató igazolta [*Aleandri és mtsai*, 1986; *Berg és mtsai*, 1992; *Bovenhius és mtsai*, 1992; *Cerbulis és Farrell*, 1975; *Feagan és mtsai*, 1972; *Graml és mtsai*, 1985; *Janicki*, 1978; *Mariani és mtsai*, 1979*b*; *McLean és mtsai*, 1984; *Ng-Kwai-Hang és mtsai*, 1984, 1986, 1990*a*]. Ez a magasabb fehérjetartalom magasabb β-LG tartalomra vezethető vissza [*Aschaffenburg és Drewry*, 1957; *Cerbulis és Farrell*, 1975; *Komatsu és mtsai*, 1977; *McLean és mtsai*, 1984; *Ng-Kwai-Hang és mtsai*, 1987]. Ha a megnövekedett β-LG tartalommal nem nő arányosan a tej kazein tartalma, akkor megváltozik a kazein/összfehérje arány, az ún. "kazeinszám", ami viszont fontos mérőszáma a tejből kinyerhető sajt mennyiségének. Ha változatlan β-Lg és összfehérje-tartalom mellett nő a kazeintartalom, akkor nő a kazeinszám, ami előnyösebb a sajtgyártás számára. Az irodalmi adatok többsége azt látszik alátámasztani, hogy a β-LG *AA* genotípusú tej a *BB* típusúhoz viszonyítva kevesebb kazeint tartalmaz, és a kazeinszám is alacsonyabb mint a többi genotípusok esetében [*Berg és mtsai*, 1992; *Buchberger és mtsai*, 1982; *Buchberger és mtsai*, 1986*bc*; *Graml és mtsai*, 1985; *Hill*, 1993; *Mariani és mtsai*, 1979*a*; *Mariani*, 1985; *Mariani*

és Leoni, 1985; *McLean és mtsai*, 1984; *Ng-Kwai-Hang és mtsai*, 1986, 1987; *Rampilli és mtsai*, 1988; *Schaar és mtsai*, 1985].

Valószínűleg a genetikai háttér illetve a környezeti hatások különbözősége okozhatja, hogy *Bech és Kristiansen* [1990], *Buchberger és mtsai* [1986*bc*], *Hoogendoorn és mtsai* [1969], *Lodes és mtsai* [1997*c*] *Mariani és mtsai* [1979*a*], *Mariani és Leoni* [1985] és *Schaar és mtsai* [1985] a β-LG *BB* tejek esetében mértek magasabb fehérjetartalmat (*BB>AB>AA*). *Aaltonen és Antila* [1987], *Aleandri és mtsai* [1990], *Gonyon és mtsai* [1987] pedig semmilyen összefüggést nem tapasztaltak a különböző β-LG allélok és a tej fehérjetartalma között.

A főleg Jersey és Angler fajtákban előforduló ritka *C* allél esetében hol a *BC* [*McLean és mtsai*, 1984], hol az *AC* [*Oloffs*, 1991] genotípusú tejek esetében írták le a legalacsonyabb fehérjetartalmat. *Lodes és mtsai* [1997*c*] a β-LG *BC* típusú tejek fehérje- és kazeintartalmát szignifikánsan magasabbnak találták, mint az *AB* típusú tejekét. Szerintük a fehérjetartalom *BC>BB>AD>AB>BD>BW>AA*, a kazeintartalom pedig *BC>AD>BB>AB>BD=AA>BW* sorrendben csökken. *Graml és mtsai* [1985] vizsgálataiban a ritka β-LG *D* allél pozitív hatással volt a kazeintartalomra (*BD>BB>AD>AB>AA*), míg a *C* allél *McLean és mtsai* [1984] szerint negatív hatást gyakorolt. *Aaltonen és Antila* [1987] pedig egyáltalán nem talált összefüggést a β-LG genotípusok és a kazeintartalom között.

2.6.1.2. Zsírtartalom

a_{S1}-CN genotípus

Az α_{S1}-CN lókuszban az eddig megjelent munkák többségében a *C* allél genetikai fölényéről számolnak be [*Aleandri és mtsai*, 1986; *Buchberger és mtsai*, 1986*c*; *Graml és mtsai*, 1985; *McLean és mtsai*, 1984; *Munro*, 1978; *Ng-Kwai-Hang és mtsai*, 1986; *Zebrovskii és mtsai*, 1977]. Az európai fajtáknál ritkán előforduló *A* allél pedig negatív hatást gyakorol a zsírtartalomra (*AB<BB<BC*) [*Ng-Kwai-Hang és mtsai*, 1986]. *Sadler és mtsai* [1968] szerint a legmagasabb zsírtartalommal az *AA* típusú tej rendelkezik, ezt követi a *BC* és a *BB*, valamint a legalacsonyabb zsírtartalommal az *AB* típusú tej. Ezzel ellentétben *Ng-Kwai-Hang és mtsai* [1990*a*] sem az első, sem a második, sem a harmadik laktációban nem tudtak összefüggést kimutatni a tej zsírtartalma és az állatok α_{S1}-CN genotípusa között.

β-CN genotípus

A β-CN allélok közül a legmagasabb zsírtartalmat a *B* allél jelenléte eredményezi [*McLean és mtsai*, 1984; *Ng-Kwai-Hang és mtsai*, 1986]. Különbséget tapasztaltak a különböző *A* allélok között is. Egyes szerzők az A^1A^1 genotípus [*Eenennam és Medrano*, 1991*b*; *Munro*, 1978; *Ng-Kwai-Hang és mtsai*, 1990*a*; *Rampilli és mtsai*, 1988], mások az A^2A^2 genotípus esetében írtak le magasabb zsírtartalmat [*Bech és Kristiansen*, 1990; *Kiddy és mtsai*, 1970; *Lin és mtsai*, 1986; *McLean és mtsai*, 1984]. *Bovenhuis és mtsai* [1992] szerint viszont a különböző *A* allélok közül csak a ritka A^3-nak van negatív hatása a zsírtartalomra. *Graml és mtsai* [1985] szerint az *AA* típusú tejhez képest a β-CN *CC* vagy *AC* szignifikánsan magasabb zsírtartalommal rendelkezik.

κ-CN genotípus

A munkák többségében a κ-CN *A* allélt tartalmazó tejeknél magasabb zsírtartalmat írnak le, mint a *B* allél esetében [*Aleandri és mtsai*, 1986, 1990; *Aaltonen és Antila*, 1987; *Buchberger és mtsai*, 1986*c*; *Eenennam és Medrano*, 1991*b*; *Graml és mtsai*, 1985; *Macheoeuf és mtsai*, 1993; *Ng-Kwai-Hang és mtsai*, 1984, 1990*a*]. *Buchberger és mtsai* [1986*c*] helyi fajtákat vizsgálva arra a következtetésre jutottak, hogy a κ-CN *AA* típusú tejek zsírtartalma 0,16%-kal magasabb, mint a *BB* típusú tejeké. A ritka *C* allél hatása a zsírtartalomra eddig még kevéssé ismert. *Macheboeuf és mtsai* [1993] szerint a "*C*-csoport" (κ-CN *AC*, *BC*, *CC*) és az *AA*-, ill. *AB / BB*-csoport között nincs szignifikáns különbség. *Oloffs és mtsai* [1992] és *Oloffs* [1991] szerint az *AE* genotípus pozitív hatással van a tej zsírtartalmára.

β-LG genotípus

Míg *Cerbulis és Farrell* [1975], *Lin és mtsai* [1986] nem találtak szignifikáns kapcsolatot a β-LG allélok és a tej zsírtartalma között, addig mások ennek ellenkezőjét állítják [*Comberg és mtsai*, 1964; *Graml és mtsai*, 1985,

1986*a*; *Hoogendorn és mtsai*, 1969; *Janicki*, 1978; *McLean és mtsai*, 1984; *Ng-Kwai-Hang és mtsai*, 1984, 1986]. Az esetek többségében a β-LG *B* allél homozigóta (*BB*) vagy heterozigóta (*AB*) formában magasabb zsírszázalékot eredményezett. A β-LG *BB* és β-LG *AA* tehenek közötti 0,05% zsírtartalombeli különbség ipari méretekben már igen jelentősnek mondható. A ritka *D* allél kedvezőtlen hatást gyakorol [*Graml és mtsai*, 1985], míg a *C* allélnak zsírtartalom-növelő hatást tulajdonítanak [*Oloffs és mtsai*, 1992] Holstein és Jersey fajtákban (*AA<AC* és *BB<BC*).

2.6.2. Genetikai polimorfizmus és a tej technológiai értéke

2.6.2.1. Tejfehérje allélok fizikai-kémiai tulajdonságai

A kazein micellák stabilitása kalcium, laktát, citrát és foszfát jelenlétében függ a jelen lévő α_{S1}-, β- és κ-CN alléloktól [*El-Negoumy*, 1974; *Ng-Kwai-Hang és Imafidon*, 1990]. Azok a micellák, amelyek a *BB-AB-AB* kombinációkat tartalmazzák az előbb említett kazeinekre nézve, stabilabbak, mint a *BB-AA-BB* típusú micellák. A stabilitásbeli különbség a β-CN allélok eltérő hidrofób tulajdonságaira vezethető vissza [*Eigel és Randolph*, 1976]. A β-CN *B* allél abban is különbözik az *A*-tól, hogy alacsonyabb a vízkötő kapacitása. [*Kirchmeier és mtsai*, 1983]. A κ-CN-ek esetében a *B* allél hőstabilitása magasabb mint az *A* allélé [*Kirchmeier és mtsai*, 1983; *McLean és mtsai*, 1987], és a kazein micellák mérete is kisebb a *B* allélt tartalmazó tej esetében. A tej hőstabilitását a hőmérséklet és pH mellett a β-LG allélok is befolyásolják [*Feagan*, 1979; *Hillier és mtsai*, 1979; *McLean és mtsai*, 1987]. 90°C alatti hőmérsékleten a β-LG *A* stabilabb mint a β-LG *B*, de 90°C felett a helyzet éppen fordított, és a β-LG *BB* típusú tejnek magasabb a denaturációs hőmérséklete mint az *AB* vagy *AA* típusúnak [*Hillier és mtsai*, 1979].

2.6.2.2. Tejfehérje allélok hatása a tej alvadási tulajdonságaira és a sajtkitermelésre

Mikrobák termelte oltóenzim hatására vagy fiatal emlősállatok (borjú, bárány, malac) gyomrából nyert oltókészítmény hozzáadására a tej megalvad. A tejalvadás folyamata 3 szakaszból áll. Az első fázisban a kazein micellák felületén elhelyezkedő κ-CN molekulák az enzim hatására kettéhasadnak. A második szakaszban a κ-CN molekulák enzimatikus hasítása révén destabilizálódott kazein micellák koagulációja következik be, míg a harmadik és utolsó szakaszban (szinerézis) kialakul az alvadék hálózatos szerkezete és a gél zsugorodása révén kiszorul belőle a tejsavó egy része [*Ketting*, 1981].

Mivel a gélképződés, a koaguláció sebessége és mértéke, valamint az így keletkezett alvadék tulajdonságai nagyon fontos paraméterek a sajtgyártás számára, világszerte intenzív vizsgálatok folynak annak eldöntésére, hogy a tehéntej alvadási tulajdonságai mennyiben függenek a különböző tejfehérje alléloktól.

Alvadási tulajdonságok

α_{S1}-CN genotípus

Az alvadási tulajdonságok (tejalvadás sebessége, a keletkező koagulátum szilárdsága) tekintetében az α_{S1}-CN *BC* genotípus jobbnak tűnik mint a *BB* [*Mariani és mtsai*, 1988; *Sadler és mtsai*, 1968; *Sherbon és mtsai*, 1967; *Pagnacco és Caroli*, 1987]. *Lodes és mtsai* [1997*b*] szerint az alvadási idő *CC<BC<BB* sorrendben nő. A koagulátum szilárdságát tekintve pedig a *CC* genotípus a legrosszabb [*Lodes és mtsai*, 1997*b*; *Pagnacco és Caroli*, 1987].

β-CN genotípus

Az alvadási sebességre és a koagulátum szilárdságára a β-CN *B* allél kedvező hatását írták le [*Feagan és mtsai*, 1972; *Jakob*, 1993; *Lodes és mtsai* 1997*b*; *Mariani és mtsai*, 1986, 1992; *Oloffs*, 1992]. A szerzők többsége nem tesz különbséget az egyes *A* allélok között. Ahol ez mégis megtörténik, ott hol az A^1A^1 típusú tejhez [*Lodes és mtsai* 1997*b*], hol az A^2A^2 típusúhoz [*Rampilli és mtsai*, 1988] rendelnek rövidebb alvadási időt.

κ-CN genotípus

A tejalvadásban a κ-CN játssza a kulcsszerepet. A kutatók többsége egyetért abban, hogy a κ-CN *B* típusú tej jobb mint az *A* típusú, ugyanis rövidebb az alvadási idő, nagyobb a szinerézis sebessége és a keletkező alvadék is

keményebb [*Sherbon és mtsai*, 1967; *Losi és mtsai*, 1973, 1975; *Mariani és mtsai*, 1976; *Tervala és mtsai*, 1983, 1985; *Schaar*, 1984; *Mariani és Leoni*, 1985; *Jakob és Puhan*, 1986*a,b*; *Marziali és Ng-Kwai-Hang*, 1986*a*; *Aaltonen és Antila*, 1987; *Rampilli és mtsai*, 1988]. A ritka κ-CN *C* allél kedvezőtlen hatását többen is leírták [*Dalacroix-Buchet és mtsai*, 1993; *Jakob*, 1993; *Lodes és mtsai*, 1997*b*; *Macheboeuf és mtsai*, 1993]. Az *E* allél pedig az *A* allélhoz hasonlóan rossz alvadási tulajdonságokat eredményez [*Jakob*, 1993; *Lodes és mtsai*, 1997*b*; *Oloffs és mtsai*, 1992].

β-LG genotípus

Jóllehet a β-LG nem vesz közvetlenül részt a tejalvadás folyamatában, mégis találtak összefüggést a különböző β-LG genotípusok és a tej alvadási tulajdonságai között. Az eddigi eredmények azonban igen ellentmondásosak. *Macheboeuf és mtsai* [1993], *Rampilli és mtsai* [1988], *Marziali és Ng-Kwai-Hang* [1986*a*] szerint a β-LG *BB* típusú tej szignifikánsan hosszabb alvadási idővel rendelkezik, mint az *AA* típusú. *Liberatori és mtsai* [1990] és *Mariani és mtsai* [1982] pont az ellenkezőjét állapították meg, *Jakob* [1993], valamint *Rahali és Ménard* [1991] pedig semmilyen összefüggést nem tudtak kimutatni. A koagulátum szilárdságát tekintve a szerzők egy része a *BB* típusú tejből [*Sherbon*, 1967; *Rahali és Ménard*, 1991; *Feagan és mtsai*, 1972; *Mariani és mtsai*, 1982; *Berg és mtsai*, 1992], mások az *AA* típusú tejből képződő alvadéknak tulajdonítanak nagyobb szilárdságot [*Berg és mtsai*, 1992; *Marziali és Ng-Kwai-Hang*, 1986; *Oloffs*, 1991; *Rampillli és mtsai*, 1988].

Sajtgyártás

Számos vizsgálat igazolta, hogy a tejfehérjék genetikai polimorfizmusának a tejalvadási paraméterekre kifejtett hatása befolyásolja a kinyerhető sajt mennyiségét és annak összetételét is, ami viszont meghatározza a sajt minőségét. A sajtkitermelés és a tejfehérje allélok kapcsolatára vonatkozó első vizsgálatokat Észak-Olaszországban végezték [*Russo és Mariani*, 1978]. Észrevették ugyanis, hogy az Egyesült Államokból importált holstein-fríz tehenek rontották a sajt tulajdonságait és a sajtkitermelést. Megállapították, hogy az újonnan bevezetett fajta esetében a β-CN *B* és κ-CN *B* allélok ritkábban fordultak elő, mint a korábban elterjedt fajták esetében (Bruna Alpina, Reggiana és Mondenese).

Az azóta végzett vizsgálatok többsége is azt igazolja, hogy a κ-CN *B* típusú tejből több sajt nyerhető ki, mint az *A* típusú tejből [*Morini és mtsai*, 1979; *Marziali és Ng-Kwai-Hang*, 1986*b*; *Remeuf és mtsai*, 1991]. A κ-CN *B* típusú tej esetében ezen kívül magasabb a sajt zsír- és fehérjetartalma is [*Marziali és Ng-Kwai-Hang*, 1986*c*; *Rahali és Ménard*, 1991].

A β-CN A^1A^1 és β-CN A^1A^2 tejek közül az A^1A^1 típus esetében tapasztaltak magasabb zsír- és fehérjetartalmat a sajtban [*Marziali és Ng-Kwai-Hang*, 1986*c*].

A β-LG *B* is pozitívan látszik befolyásolni a sajtkitermelést, habár közvetlenül nem vesz részt a tejalvadás folyamatában. Nemcsak a sajtkitermelés volt magasabb β-LG *B* allélt tartalmazó tej esetében [*Aleandri és mtsai*, 1990; *Marziali és Ng-Kwai-Hang*, 1986*c*; *Morini és mtsai*, 1982; *Rahali és Ménard*, 1991; *Remeuf és mtsai*, 1991; *Schaar és mtsai*, 1985], hanem több zsír és fehérje is maradt a β-LG *BB* tejből készült sajtban, kevesebb veszett el a szinerézis során [*Berg és mtsai*, 1992; *Marziali és Ng-Kwai-Hang*, 1986*b,c*]. *Graham és mtsai* [1984] szerint a κ-CN *AB*, β-CN *BB* és β-LG *BB* kombináció a kazeintartalmat, a koagulációs tulajdonságokat és a sajthozamot tekintve is előnyösebb, mint az *AA-AA-AA* kombináció.

2.6.3. Genetikai polimorfizmus és a tejtermelés kapcsolata

A tejfehérje polimorfizmus és a tejhozam összefüggését tekintve igen nagy zűrzavar uralkodik az irodalomban. Erre jó példa a β-LG. Számos tanulmány szerint nincs összefüggés a tejhozam és a β-LG allélok között [*McLean és mtsai*, 1984; *Ng-Kwai-Hang és mtsai*, 1984, 1990*a*; *Lin és mtsai*, 1986; *Gonyon és mtsai*, 1987; *Haenlein és mtsai*, 1987]. Egyesek magasabb tejhozamot jeleztek *BB* genotípusú tehenek esetében [*Janicki*, 1978; *Yebroski és Komissarenko*, 1982; *Jairam és Nair*, 1983]. Mások szerint pedig a homozigóta β-LG *A* genotípusú tehenek adják a legtöbb tejet [*Atroshi és mtsai*, 1982; *Ng-Kwai-Hang és mtsai*, 1986], és a β-LG *AB* tehenek nagyobb tejhozamára is akad példa [*Pupkova*,1980].

A CN variánsokra vonatkozó adatok sem igazán megbízhatóak. Míg *McLean és mtsai* [1984], *Gonyon és mtsai* [1987], *Haenlein és mtsai*, [1987] nem tapasztaltak szignifikáns összefüggést az α_{S1}- β- és κ-CN allélok és a tejhozam között, addig *Pupkova* [1980], *Yebroski és Komissarenko* [1982] *Ng-Kwai-Hang és mtsai* [1984, 1986], *Lin és mtsai* [1986] szerint az α_{S1}-CN *BB* tehenek több tejet adnak, mint az *AB* vagy *BC* genotípusúak. Rendszerint magasabb tejhozam társul a β-CN *A* allélhoz [*Yebroski és Komissarenko*, 1982; *Matyukov*, 1983; *Ng-Kwai-Hang és mtsai*, 1984, 1986; *Lin és mtsai*, 1986], pontosabban az A^2 és A^3 -hoz [*Matyukov*, 1983; *Ng-Kwai-Hang és mtsai*, 1986, 1990*a*]. Nem lehet egyértelmű következtetéseket levonni a κ-CN allélokkal kapcsolatban sem. Egyesek szerint nincs összefüggés [*McLean és mtsai*, 1984; *Ng-Kwai-Hang és mtsai*, 1986, 1990*a*], mások szerint viszont a κ-CN *AA* [*Gonyon és mtsai* 1987], κ-CN *AB* [*Yebroski és Komissarenko*, 1982; *Ng-Kwai-Hang és mtsai*, 1986] vagy κ-CN *BB* [*Pupkova*,1980] mutat pozitív kapcsolatot a tejhozammal.

2.6.4. Genetikai polimorfizmus és a termeléssel összefüggő tulajdonságok

2.6.4.1. Növekedés és testsúly

Henderson és Marshall [1996] húsmarhákon folytatott vizsgálatai szerint az *AA* és *BB* genotípusokkal összehasonlítva, ha a tehén κ-CN *AB* genotípusú, az kedvezően hat a borjak súlygyarapodására és választási súlyára.

A β-LG *AA* tejjel táplált borjak növekedési erélye nagyobb mint a *BB* típusú tejjel tápláltaké [*Kriventsov*, 1978; *Singh és mtsai*, 1981]. E megfigyelés egy lehetséges magyarázata az a tény lehet, hogy az *AA* típusú tej több fehérjét tartalmaz. Más vizsgálatok [*Pokalov*, 1975; *Lin és mtsai*, 1987] szerint a β-LG *A* allélt hordozó borjak testtömege nagyobb mint a β-LG *B* allélt hordozóké. Ez esetben a különbség genetikai okokra vezethető vissza, nem pedig az állatok táplálkozására.

2.6.4.2. Szaporaság

Hogy a tehenek milyen korban érik el a tenyészérettséget, kapcsolatban van az α-LA, β-LG és κ-CN genotípusokkal [*Jairam és Nair*, 1983; *Ronda és mtsai*, 1984]. Az α-LA *BB* és β-LG *AB* vagy κ-CN *AB* tehenek rendszerint korábban válnak tenyészéretté, és a β-LG *AB* típusú teheneknél hosszabb a vemhesség időtartama mint akár az *AA* vagy *BB* genotípusok esetében [*Lin és mtsai*, 1987]. Nem találtak viszont összefüggést a β-LG, α_{S1}-, β- és κ-CN genotípusok és a tehenek termékenyülési indexe között [*Hargrove és mtsai*, 1980; *Ng-Kwai-Hang és mtsai*, 1990*b*].

2.6.4.3. Tőgygyulladás

A tőgygyulladás a tejmirigy gyulladásos megbetegedése, mely a tejipar számára igen nagy gazdasági jelenőséggel bír. Amellett, hogy hatással van a tehén egészségi állapotára, drasztikusan befolyásolja nemcsak a termelt tej mennyiségét, hanem annak minőségét is. Az irodalomban fellelhető adatok igen ellentmondásosak. Míg *Jansen és mtsai* [1981] szerint nincs összefüggés a tőgygyulladás előfordulási gyakorisága és a β-CN, κ-CN és β-LG különböző genotípusai között, addig *Giesecke és Osterhoff* [1975], *Stur és mtsai* [1976] szerint a β-LG *AB* teheneknél gyakrabban fordul elő tőgygyulladás. A β-LG *BB* genotípus e betegséggel szembeni nagyobb ellenálló képességére éppen úgy akad példa [*Atroshi és mtsai*, 1982], mint annak ellenkezőjére [*Han és mtsai*, 1986].

3. ANYAGOK ÉS MÓDSZEREK

3.1. Fehérjevizsgálatok

3.1.1. Anyagok

3.1.1.1. Vegyszerek

A fehérjevizsgálatokhoz Fluka, Merck, Pharmacia LKB, Serva, Sigma és Reanal finomvegyszereket használtam. Az amfolinok Pharmacia LKB (Ampholyte pH 2,5-4,5, Pharmalyte pH 4,2-4,9, Pharmalyte pH 4,5-5,4, Ampholyte pH 5-8) és Serva (Servalyte pH 5-6) gyártmányúak voltak. A gélek coomassie festése Serva Blue G (Serva) festékkel történt.

3.1.1.2. Oldatok

CA-IEF elektród puffer: anód: 0,5 M H_3PO_4, katód: 0,5 M NaOH

CA-IEF géloldat: 8 M urea, 15% (w/v) glicerin, 4,85% akrilamid, 0,15% BIS, 0,1% glicin, 1% (tf) Ampholyte pH 2,5-4,5, 0,8% (tf) Pharmalyte pH 4,2-4,9, 1,4% (tf) Pharmalyte pH 4,5-5,4, 1,5% (tf) Servalyte pH5-6, 1,5% (tf) Ampholyte pH 5-8, 0,04% (tf) APS, 0,1% TEMED

CA-IEF minta puffer: 8 M urea, 5% glicerin, 5% 2-ME vagy 30 mM DTT

CA-IPG-IEF natív gélrehidratáló és minta puffer: 10 mM Tris/HCl pH 6,8, 1,15% (w/v) glicerin, 0,5% (w/v) Servalyte pH 5-6

CA-IPG-IEF denaturáló/redukáló gélrehidratáló puffer: 8 M urea, 20% glicerin, 1% DTT, 1% Pharmalyte pH 4,5-5,4; az oldat pH-ját ecetsav oldattal 6,8-ra állítottam be

CA-IPG-IEF denaturáló/redukáló minta puffer: CA-IPG-IEF denaturáló/redukáló gélrehidratáló puffer kiegészítve 5% 2-ME-lal

Fixáló oldat: 15% vagy 20% TCA

Mosó és differenciáló oldat: 25% etanol vagy metanol, 10% ecetsav

Festő oldat: 0,1% vagy 0,15% Serva Blue G, 0,5% $CuSO_4x5H_2O$, 30% etanol vagy metanol, 10% ecetsav

3.1.1.3. Gélek és egyéb segédeszközök

A 0,25 mm vastag CA-IEF gélekhez *GelBond PAG film* gélhordozó fóliát használtam (Pharmacia LKB). Pharmacia LKB gyártmányúak voltak a futtató pufferrel átitatott szűrőpapír csíkok és a minta felvitelére szolgáló 0,5 x 1,0 cm-es szűrőpapír darabkák is.

Az immobilizált pH-gradiensen történő izoelektromos fókuszálást (CA-IPG-IEF) *Immobiline Dry Plate pH 5,0-6,0* és *pH 4,5-5,4* (Pharmacia LKB) gyári gélek felhasználásával végeztem. A mintafelvitel szintén Pharmacia LKB gyártmányú mintafelvivő fésűkkel történt.

3.1.1.4. Állatok

E munka során 4 hazai szarvasmarha fajtához tartozó, összesen 8 tehénállomány tejfehérje genetikai polimorfizmusát vizsgáltam (3-1. táblázat). Ahol nem tudtam a teljes állományt letesztelni, ott a mintavétel során az állatokat véletlenszerűen választottam ki (reprezentatív mintavétel).

A ***magyar szürke (MSZ)*** egyike a legősibb, közvetlenül az őstuloktól *(Bos Primigenius)* származtatható szarvasmarha fajtáknak. A középkorban Európaszerte híres volt kiváló húsáról és a XIX. század végéig gyakorlatilag Magyarország egyeduralkodó szarvasmarha fajtája. Az ötvenes években a kipusztulás fenyegette. Napjainkra az állomány létszáma stabilizálódott, de már csak mint génrezerv és idegenforgalmi látványosság játszik szerepet. Ez a jövőben azonban megváltozhat, mivel egyéb kedvező tulajdonságai mellett a jövő tenyésztési programjai számára genetikai állományát igen értékessé teszi például rendkívüli ellenálló képessége a különböző betegségekkel szemben [*Bodó*, 1986; *Bodó és Réti*, 1987].

Az általam vizsgált tehenek három állományból származtak (3-1. táblázat). Ezek közül a hortobágyi állományt csak két részletben tudtam vizsgálni, ezért itt arra törekedtem, hogy a két mintavétel között ne legyen átfedés.

A ***magyartarka (MT)*** fajtát a XIX. század második felében hozták létre a *MSZ* és a szimentáli fajta keresztezésével. Főleg kettős hasznosítású fajtaként tenyésztik. A fajtaátalakító keresztezést, és ezzel a magyartarka fajta kialakítását elsősorban az indokolta, hogy a tejtermeléssel és hústermeléssel szemben támasztott növekvő igényeket az őshonos *MSZ* fajta már nem volt képes kielégíteni.

A vizsgált tejminták két törzstenyészetből származtak (3-1. táblázat). Termelési adatok csak a mezőhegyesi tenyészetből álltak rendelkezésemre. Az ezen állományhoz tartozó 195 fajtatiszta tehén 45 apaállattól származott.

A ***holstein-fríz (HF)*** jelenleg Magyarország legjelentősebb tejelő szarvasmarha fajtája. Az első sperma mintákat 1966-ban hozták be Kanadából, és 1968 óta a tenyésztők folyamatosan importálnak kanadai és amerikai tenyészállatokat. Magasabb tejhozamának köszönhetően a *HF* egyre inkább kiszorítja a *MT*-t a tejtermelésből.

A vizsgált *HF* állatok tejmintái és termelési adatai egyetlen törzstenyészetből származtak. Az állományra jellemző, hogy az állatoknak csak kb. 60%-a amerikai származású fajtatiszta. A fennmaradó részpopuláció (40%) - zömében r_4 és r_5 nemzedékbe tartozó keresztezett - magyartarka génaránya változó (3-2. táblázat). A vizsgált tehenek 141 apától származtak.

3-1. táblázat: A vizsgált tehénpopulációk áttekintése

Fajta	Származási hely	Mintavétel Időpontja	Állatok száma
Magyartarka (*MT*)	Kocsér	1990. nov.	101
	Mezőhegyes	1995. júl.	195
Magyar szürke (*MSZ*)	Hortobágy	1991. jún.	119
	Hortobágy	1992. dec.	98
	Városföld	1992. szept.	63
	Orosháza	1993. jan.	45
Holstein-fríz (*HF*)	Kiscséripuszta	1992. ápr.	578
Hungarofríz (*HuF*)	Szegvár	1993. nov.	29
	Szentes	1993. nov.	161

3-2. táblázat: A vizsgált holstein-fríz állomány (Kiscséripuszta, Enyingi Á.G.) összetétele

Vérhányad			
HF	***MT***	**Állatok száma**	**(%)**
75%	25%	9	1.56
85%	15%	1	0.17
87.5%	12.5%	50	8.65
93.75%	6.25%	83	14.36
96.88%	3.12%	66	11.42
98.44%	1.56%	21	3.63
99.22%	0.78%	3	0.52
100%	-	345	59.69

A ***hungarofríz (HuF)*** kettős hasznosítású fajta, melyet *MT*, dán jersey és kanadai-amerikai *HF* állatok keresztezésével hoztak létre. Az vizsgált állatok teje és termelési adatai két tenyészetből származtak (3-1. táblázat). A tehenek 0-25% *MT*, 12,5-62,5% jersey és 25-75% *HF* vérhányaddal rendelkeznek és 10 bika utódai.

3.1.2. Módszerek

3.1.2.1. Mintavétel és előkészítés

A tehenenként kb. 20-30 ml tejminta levétele a gépi fejést megelőzően történt kézi fejéssel, ügyelve arra, hogy az egyes egyedek tejmintái egymással ne szennyeződjenek. A tejmintákat 0,004% Na-aziddal történő tartósítás után centrifugálással zsírtalanítottam (800 *g*, 4°C, 10 perc), és a zsírréteget vízlégszivattyúval leszívtam. A tejmintákat felhasználásig -20°C-on tároltam, vagy liofilizáltam.

CA-IEF futtatáshoz 100 µl zsírtalanított tejhez 500 µl CA-IEF minta puffert adtam, vagy 10-20 mg liofilizált tejet oldottam 1 ml minta pufferben.

CA-IPG-IEF-hez vagy a lefagyasztott, zsírtalanított tejet használtam kiindulásként, vagy a liofilizált tejmintákból készítettem 10 mg/ml-es oldatot milliQ vízzel. Savas kicsapással (pH 4,6) és centrifugálással eltávolítottam a kazeineket és a savó frakciót a megfelelő (natív vagy redukáló/denaturáló) CA-IPG-IEF minta pufferrel hígítottam: 4 µl savóhoz 10 µl minta puffert adtam.
A gélelektroforetikus vizsgálatokhoz és a pI meghatározáshoz standardként használt tisztított, liofilizált β-LG mintákat 1 mg/ml-es koncentrációban oldottam fel a megfelelő minta pufferben.

3.1.2.2. β-laktoglobulin izolálása tejből

A β-LG tejből történő tisztítása *Ebeler és mtsai* [1990] módszere szerint történt. A centrifugálással zsírtalanított tejet megnedvesített redős gyorsszűrőn leszűrtem, majd a szűrt sovány tejhez 100 ml-enként 3,7 ml 10 N nátrium-acetát puffert adtam cseppenként (pH 4,5). Ezután a kazeineket centrifugálással eltávolítottam (5000 *g*, 30 min, 4°C) és a felülúszót (savó fehérjék) redőszűrőn keresztül leöntöttem. A felülúszó 100 ml-éhez 3,1 ml 100% TCA-t adtam cseppenként. Szobahőmérsékleten 30 percig állni hagytam, majd 30 perces centrifugálás (15000 *g*) után a felülúszót cellulóz-acetát membránszűrőn (0,45 µm) átszűrtem. A filtrátumot bőséges milliQ-vízzel szemben dializáltam és a dializátumot (β-LG) liofilizáltam.

3.1.2.3. Izoelektromos fókuszálás

Izoelektromos fókuszálás amfolinok jelenlétében (CA-IEF)

A tejminták izoelektromos fókuszálását *Krause és mtsai* [1988] által adaptált módszer alapján végeztem 124 x 258 x 0,25 mm-es poliakrilamid gélen. A polimerizációs oldatot 9,4 ml gél törzsoldat (4,85% akrilamid, 0,15% BIS, 8M urea, 15% glicerin) 10 mg glicin és 0,62 ml amfolin keverékből (100 µl pH 2,5-4,5, 80 µl pH 4,2-4,9, 70 µl pH 4,5-5,0, 70 µl pH 5,0-5,5, 150 µl pH 5-6, 150 µl pH 5-8) készítettem. A gélek futtatásához LKB Multiphor II horizontális gélelktroforézis rendszert használtam (Pharmacia LKB). Anód puffer: 0,5 M H_3PO_4. Katód puffer: 0,5 M NaOH. Mintafelvitel: 18-24 µl/cm. Előfókuszálás 25 percig és minta fókuszálás 60 percig 4 W-on (maximum 2000 V és 15 mA), majd 120 percig 5 mA-en (maximum 2500 V és 20 W). Gélek fixálása 20 percig 15% TCA oldatban. Festés 40 percig 25% etanol, 10% ecetsav, 5% $CuSO_4$ és 0,15% Serva Blue G tartalmú oldatban. Differenciálás több váltás 25% etanolt és 10% ecetsavat tartalmazó oldatban, amíg a háttér ki nem tisztul. A gélek szárítása levegőn, szobahőmérsékleten történt.

Immobilizált pH-gradiensen történő izoelektromos fókuszálás amfolinok jelenlétében (CA-IPG-IEF) natív körülmények között

A ritka β-LG genetikai variánsok azonosítása gyári gélek (Immobiline Dry Plate pH 5,0-6,0, poliakrilamid T=4%, C=3%, 250 x 110 mm, Pharmacia LKB) felhasználásával történt [*Bockhardt*, 1992]. A gyári gélekből pH 5,21-5,57 tartományban 50 x 45 mm-es darabokat vágtam ki, majd e géldarabkákat natív gélrehidratáló oldatban rehidratáltam 2 óra hosszat (gélvastagság rehidratálás után kb. 0,5 mm). A gélek futtatása és festése a PhastSystem automatikus gélelektroforézis- és festő egységgel történt (Pharmacia LKB). Minta felvitel: 1µl/slot. Minta fókuszálás (35 AVh): 150 V, 0,5 mA, 2,0 W, 15°C-on és fókuszálás (2500 AVh): 2000 V, 0,5 mA, 2,0 W, 15°C-on. A gélek festése a következő program szerint történt: 15 perc fixálás 15% TCA-ban, 25°C-on; 1 x 2 perc és 1 x 5 perc mosás 25°C-on 25% metanolt és 10% ecetsavat tartalmazó mosó és differenciáló oldatban; 12 perc festés 25°C-on 0,1% Serva Blue G / 5% $CuSO_4$ / 25% metanol / 10% ecetsav oldatban; differenciálás 2 x 10 percig és 1 x 15 percig 37°C-on a mosó és differenciáló oldatban; és mosás 1 x 5 percig 37°C-on 0,1% glicerin oldatban. A gélek szárítása levegőn, szobahőmérsékleten történt.

Immobilizált pH-gradiensen történő izoelektromos fókuszálás amfolinok jelenlétében (CA-IPG-IEF) denaturáló / redukáló körülmények között

Az Immobiline Dry Plate pH 4,5-5,4 gyári gélből pH 4,74-5,15 tartományban kivágott darabokat 2 óra hosszat rehidratáltam denaturáló/ redukáló gélrehidratáló oldatban. Mintafelvitel: 4 µl/ slot. Fókuszálás 15°C-on, 90 percig (2500 AVh, maximum 0.5 mA és 2000 V mellett) [*Bockhardt*, 1992]. A gélek festése és szárítása ugyanúgy történt mint a natív CA-IPG-IEF gélek esetében.

3.1.2.4. Tejfehérje allélok azonosítása

A kazein- és savófehérjék különböző alléljainak azonosításához ismert genotípusú, liofilizált tejmintákat, kazein- és savófehérje frakciókat használtam kontrollként. Az *F. Grosclaude*tól (Institut National de la Recherche Agronomique, Jouy-en-Josas, Franciaország) és *E. R. B. Graham*től (South Australian Department of Agriculture, Adelaide, Ausztrália) származó referencia mintákat *J. Buchberger* (Müncheni Műszaki Egyetem Tej- és Élemiszeripari Kutatóintézete, Freising-Weihenstephan, Németország) bocsátotta rendelkezésemre.

3.2. DNS vizsgálatok

3.2.1. Anyagok

3.2.1.1. Vegyszerek és enzimek

A DNS kísérletekhez Sigma, Merck, Fluka, Aldrich, Pharmacia vagy BRL gyártmányú finomvegyszereket használtam. A restrikciós endonukleázok és egyéb enzimek a következő helyekről származtak: restrikciós endonukleázok (Amersham, Boehringer Mannheim); Taq DNS polimeráz (Appligen); Proteinase K (Boehringer Mannheim); Rnase (Boehringer Mannheim). A PCR reakciókhoz felhasznált dNTP Perkin Elmer gyártmányú volt.

3.2.1.2. Oligonukleotidok

A β-LG gén 5. exonját amplifikáló 21 bp hosszúságú primer szekvenciákat a β-LG gén szekvenciájának ismeretében [Alexander *és mtsai*, 1993], a MedProbe Oligo 4.0 program segítségével terveztem meg (EXON5BLG5', EXON5BLG3'). [Az 5' és 3' jelölés a DNS 5´oldali (**5'**-3') és 3´ oldali (**3'**-5') szálán kijelölt primer azonosítója.]

Az oligonukleotidokat az MBK Biokémiai és Fehérjetechnológiai Intézetében Antal József készítette:

elnevezés	Szekvencia (5' → 3')
EXON5BLG3'	TGCACACCACCCTGGAGAGCA
EXON5BLG5'	CCTGGGCCGGGTGGCTTCCTG

3.2.1.3. Oldatok

Natív-PAGE DNS mintafelvivő puffer (6 x koncentrált): 0,25% brómfenolkék, 0,25% xilén cianol FF, 30% glicerin
Proteinase K: 10 mg proteináz K / ml milliQ víz
Puffer L (10 x koncentrált): 100 mM Tris/HCl pH 7,5, 100 mM $MgCl_2$, 10 mM DTE
RNase: 10 mg/ml DNase-mentes RNase TE pufferben
Sejtmag lízis puffer: 10 mM Tris (pH 8,2), 400 mM NaCl, 2 mM Na_2EDTA (pH 8,0)
TAE (1 x koncentrált): 40 mM Tris-acetát, 1 mM EDTA
TBE (1 x koncentrált): 90 mM Tris-borát, 2 mM EDTA
TE: 10 mM Tris (pH 8,0), 1 mM EDTA
Véralvadás gátló (citrátos): 3,8% (w/v) trinátrium-citrát, 1,0% (w/v) glükóz
Véralvadás gátló (EDTA-s): 10% Na_2EDTA
Vörösvérsejt lízis puffer: 0,144 M NH_4Cl, 1 mM $NaHCO_3$

3.2.2. Módszerek

3.2.2.1. Mintavétel

Állatonként 10 - 15 ml vér vétele EDTA-s vagy citrátos véralvadásgátlót tartalmazó csövekbe történt. A mintákat feldolgozásig (1 - 2 nap) +4°C-on tároltam.

3.2.2.2. DNS izolálás

A genomiális DNS izolálása kisózásos módszerrel történt. 10 ml vérből centrifugálással elválasztottam a fehérvérsejteket (interfázis) és felvettem 12-14 ml vörösvérsejt lízis pufferben. 20 perc szobahőmérsékleten történő inkubálás, majd centrifugálás után a sejtpelletet reszuszpendáltam 3 ml sejtmag lízis pufferben. A lizátumot 600 µl Proteinase K és 200 µl 10%-os SDS hozzáadása után egy éjszakán keresztül emésztettem 37°C-on. Ezután 1,2 ml 5 M-os NaCl-ot adtam a DNS oldathoz, majd alkoholos kicsapás és mosás után a genomiális DNS-t oldottam TE pufferben.

3.2.2.3. Polimeráz láncreakció

A PCR reakciókat egy Perkin Elmer Cetus programozható PCR készülékben (DNA Termal Cycler) végeztem.

A PCR reakciók összetétele (50 µl végtérfogatban): 500 mM KCl, 100 mM Tris-HCl (pH 8,3), 1,5 mM $MgCl_2$, 200-200 µM dNTP (dATP, dCTP, dGTP, dTTP), 600 ng genomiális DNS, 100 ng 5' primer, 100 ng 3' primer, 2,5 NE Taq polimeráz. A ciklusok száma 35 (95°C, 1 perc; 63°C, 1 perc; 72°C, 20 másodperc).

3.2.2.4. Restrikciós fragmenshossz polimorfizmus

A szarvasmarha β-LG gén 5. exonjában található restrikciós fragmenshossz polimorfizmust (RFLP) Msp I enzimmel történő emésztéssel mutattam ki. A reakciókeveréket (18 µl amplifikált DNS, 2 µl puffer L, 0,5 µl Msp I) 60 percig inkubáltam 37°C-os vízfürdőben. Az emésztett DNS fragmensek nagyságát natív poliakrilamid gélen vizsgáltam.

3-3. táblázat: DNS-gélek ezüstfestése

Lépés	Oldat	Idő
Fixálás	20% TCA	20 perc
Érzékenyítés	5% glutáraldehid	20 perc
Öblítés	milliQ víz	30 másodperc
Mosás	milliQ víz	5 x 5 perc
Festés	0.1% ezüst-nitrát	30 perc
Mosás	MilliQ víz	1 perc
Mosás	2,5% nátrium-karbonát	1 perc
Előhívás	2,5% nátrium-karbonát / 0.04% formaldehid	3-10 perc
Leállítás	5% ecetsav	15 perc
Tartósítás	10% ecetsav / 5% glicerin	10 perc

3.2.2.5. DNS elektroforézis

A PCR termékek elválasztását és a β-LG *J* allél DNS szintű kimutatását a Mighty Small II vertikális gélelektroforézis egység (Pharmacia LKB) felhasználásával 8,5 x 7,5 x 0,1 cm-es natív poliakrilamid gélen végeztem (12%-os elválasztó-, és 4%-os gyüjtőgél) a standard technikáknak megfelelően [*Sambrook és mtsai*, 1989]. Mintakészítés: 10 µl PCR termékhez 2 µl 6 x natív-PAGE DNS mintafelvivő puffert adtam és 5 percig forraltam. Mintafelvitel: 5 µl/slot. A gélek futtatása 50 V-on történt, amíg a jelzőfesték frontja el nem érte a gél alját. A géleket ezüst-nitráttal festettem a következő protokoll szerint.

3.3. Statisztikai számítások

3.3.1. Genotípus- és allélgyakoriságok kiszámítása

3.3.1.1. Genotípus-gyakoriságok

Mivel a tejfehérjék esetében a kodomináns öröklődést figyelembe véve a genotípusok megegyeznek a fenotípusokkal, a genotípus-gyakoriságok meghatározása az adott fenotípust mutató egyedek összeszámolásával történt. Az adott populáción belüli, azonos fenotípust mutató egyedeket a populáció teljes létszámának arányában, tizedes tört formájában fejeztem ki.

3.3.1.2. Allélgyakoriságok

A populáció genotípus-gyakoriságának ismeretében kiszámítható az egyes allélok gyakorisága. Bármely allél gyakoriságát megkapjuk, ha a heterozigóta állatok számához hozzáadjuk a homozigóta állatok számának kétszeresét és az eredményt elosztjuk az állatok számának (N) kétszeresével, pl.:

α_{S1}-CNB = (2 x BB + BC) / 2 x N
β-LG A = (2 x AA + AB + AJ) / 2 x N

A szarvasmarha populációk genetikai egyensúlyának vizsgálatához az elméletileg várt genotípus-gyakoriságokat a tapasztalt genotípus-gyakoriságok felhasználásával a Hardy-Weinberg szabály alapján határoztam meg [*Vági*, 1996].

3.3.2. A fajták közötti genotípus- és allélgyakoriságbeli különbségek vizsgálata

A vizsgált szarvasmarha fajták közötti genotípus- és allélgyakoriságbeli különbségeket ill. a tapasztalt és várt értékek közötti eltéréseket χ^2 -próbával vagy a Fischer-féle teszttel vizsgáltam a Graphpad InStat 2.0 (GraphPad Software, San Diego, CA, USA) számítógépes program segítségével.

3.3.3. Rokonsági kapcsolatok vizsgálata

A különböző szarvasmarha fajták ill. populációk közötti genetikai hasonlóságot *Oishi és Tomita* [1976] módszerével határoztam meg. A számításokat a következő képlet szerint végeztem:

$$D_m = \sum_{i=1}^{n} \sqrt{(X_{ij} - X_{ik})^2}$$

ahol "D_m" a "j" és "k" populációk közötti genetikai távolságot jelöli az "m" lókuszon, "X_{ij}" és "X_{ik}" az "i" allél gyakorisága a két populációban, "n" az allélok száma az adott lókuszon. "X" értéke 0 és 1 között változik. A két populáció közötti átlagos genetikai távolság ($\overline{D}$) az összes lókuszra mért genetikai távolságok átlagával adható meg:

$$\overline{D} = \frac{1}{l} \sum_{m=1}^{l} D_m$$

ahol "l" a vizsgált lókuszok száma.

3.3.4. A különböző termelési adatok közötti összefüggések vizsgálata

A különböző szarvasmarha fajták esetében a termelési adatok, a tejösszetétel és a reprodukciós tulajdonságok közötti összefüggéseket Pearson-féle korrelációszámítással határoztam meg. Az analízis az SPSS 8.0 statisztikai programcsomag felhasználásával készült.

3.3.5. Tejfehérje genotípusok és egyes termelési adatok közötti összefüggések vizsgálata

A tejfehérje genotípusok és a tehenek tenyésztési és termelési adatai közötti összefüggéseket egy-egy holstein-fríz (Enying, n=578, ebből 59,3% amerikai származású fajtatiszta, a többi zömében r_4 és r_5 nemzedékbe tartozó keresztezett) ill. magyartarka törzstenyészetből (Mezőhegyes, n=195) valamint két hungarofríz állományból (Szentes, n=161; Szegvár, n=29) származó állatokon vizsgáltam. Az első és második laktáció adatai kerültek feldolgozásra. Vizsgáltam az állatok tej-, tejfehérje- és tejzsírtermelését, valamint a tej %-os fehérje- és zsírtartalmát. A reprodukciós teljesítményt az első és a második ellés között eltelt idő, valamint a tehénhasználat intenzitási index alapján értékeltem. Ez utóbbi a törzskönyvi adatokból könnyen megállapítható, üzemi és populációgenetikai vizsgálatokra egyaránt alkalmas mutatószám [*Vági*, 1990; *Vági és Baranyi*, 2000), amely a különböző életkorú és eltérő laktációszámú állomány szaporaságát összevontan, az ellések száma szerint meghatározott, kívánatos standard értékekhez viszonyítva fejezi ki. A tehénhasználat intenzitási index (I_v) képlete:

$$I_v = \frac{\textit{ellések száma szerint meghatározott standard tehén ellési életkor (nap)}}{\textit{a tehenek adott számú ellésre vonatkozó tényleges életkora (nap)}} \; x\ 100$$

vagyis

$$I_v^{'} = \frac{AFC_{\,optimális} + (n-1)x365}{AFC_{\,tényleges} + \sum_{i=1}^{n-1} CI_i}$$

ahol "*AFC*" az első ellési életkor, "*CI*" a két ellés között eltelt idő, "*n*" az ellések száma.

A statisztikai kiértékeléshez "egy-génes" és "több-génes" analízist egyaránt alkalmaztam. Mind az egy-, mind a több-génes analízis számításai a STATGRAPHICS 5.0 és az SPSS 8.0 statisztikai programcsomagok felhasználásával történtek. Egy adott lókuszban a különböző genotípusok közötti különbségeket t-teszttel vizsgáltam.

3.3.5.1. "Egy-génes" analízis

Az egy-génes analízis esetében kiindulási hipotézisként feltételeztem, hogy minden lókusz külön-külön hat a vizsgált termelési és reproduktív tulajdonságokra. Ennek megfelelően az adatok kiértékelése egytényezős varianciaanalízissel történt. A ható tényezők jellemző adatait a 3-4. táblázat tartalmazza.

3.3.5.2. "Több-génes" analízis

A több-génes analízis esetében a kiindulási hipotézis az, hogy az egyes lókuszok nem külön-külön, hanem egyszerre, ill. különböző kombinációkban hatnak a vizsgált termelési és reproduktív tulajdonságokra. A több-génes analízis során az adatok elemzése az ún. GLM módszerrel (General Linear Model) történt. A legkisebb négyzetek módszerén alapuló GLM egy igen rugalmas eszköz, amely alkalmas a normális eloszlású függő változók és a többnyire diszkrét, független változók kombinációi közötti összefüggések elemzésére. Az alkalmazott GLM mátrix a következő:

$$(y = x\beta + \varepsilon)$$
$$y = \mu + a_i + b_j + k_k + g_l + e_{ijklm}$$

ahol:

y	a függő változó (pl. tejtermelés) vektora
μ	a vizsgált populáció átlaga
a_i	az α_{S1}-CN genotípus fix hatása (i = 1, 2, 3)
b_j	a β-CN genotípus fix hatása (j = 1, 2, ...11)
k_k	a κ-CN genotípus fix hatása (k = 1, 2, ...6)
g_l	a β-LG genotípus fix hatása (l = 1, 2, 3, 4)
e_{ijklm}	random reziduális hatás.

3-4. táblázat: A statisztikai vizsgálatok jellemző adatai

Ható tényezők	***Változatok száma***	***Változatok megnevezése***
Fajta	3	*HF*, *MT*, *HuF*
Vizsgált egyedek száma:		
HF	568	
MT	134	
HuF	192	
Laktáció sorszáma	2	első, második
Lókuszok	4	α_{S1}-CN, β-CN, κ-CN, β-LG
Lókuszon belüli genotípusok:		
α_{S1}-CN	3	*BB*, *BC*, *CC*
β-CN	11	A^1A^1, A^1A^2, A^1B, A^1C, A^2A^2, A^2B, A^2C, A^3A^1, A^3A^2, *BB*, *BC*
κ-CN	6	*AA*, *AB*, *BB*, *AE*, *BE*, *EE*
β-LG	4	*AA*, *AB*, *BB*, *AD*

4. EREDMÉNYEK

4.1. Tejfehérje genetikai polimorfizmus vizsgálatok hazai szarvasmarha állományokban

A tej tulajdonságait jelentősen befolyásolja egyes komponenseinek mennyiségi és minőségi összetétele. Így bármilyen környezeti vagy genetikai tényezőtől, amely ezt befolyásolja, szintén elvárnánk, hogy hatással legyen a tej minőségére, annak további feldolgozhatóságára és a belőle készült termékek minőségére is. A nyugati országokban nagy intenzitással folyó tejfehérje kutatások, a tej mennyiségét és minőségét befolyásoló különböző környezeti (pl. tartási körülmények, takarmányozás) és genetikai hatások (pl. fajta, tejfehérje genotípusok) vizsgálata arra ösztönözte kutatócsoportunkat, hogy bekapcsolódjunk e kutatási terület munkájába, és a legfontosabb hazai szarvasmarha fajták ill. állományok vizsgálata révén segíthessük az állattenyésztők és tejipari szakemberek munkáját. A hetvenes évek elején *Horváth* [1970, 1972], valamint *Horváth és Mészáros* [1971, 1972] már végeztek tejfehérje genotípus vizsgálatokat *MT*, *MSZ* és szimentáli állományokban. Az általam alkalmazott, akkoriban széles körben elterjedt gélelektroforetikus módszer, a keményítő elektroforézis érzékenysége messze elmarad a napjainkban rendelkezésre álló korszerű metodikáktól (pl. CA-IEF, IPG-IEF, kapilláris elektroforézis), így vizsgálataik során pl. nem tudtak különbséget tenni a β-CN A^1, A^2 és A^3 allélok között. Az általam használt módszer, a CA-IEF alkalmas az összes eddig ismert α_{S1}-, β- és κ-CN, valamint a leggyakoribb β-LG allélok egyidejű, egy futtatással történő meghatározására, a CA-IPG-IEF módszer pedig igen nagy érzékenysége miatt (érzékenységi határ: 0,005 ΔpH) alkalmas a ritka β-LG allélok elkülönítésére is.

4.1.1. Egy új β-laktoglobulin allél (β-LG J*) kimutatása és jellemzése*

Az elmúlt évtizedben a korszerű, egyre nagyobb érzékenységű vizsgálati módszerek alkalmazása egy sor új tejfehérje allél felfedezéséhez vezetett. Ezeket nem ritkán az ősibb, eddig kevésbé vizsgált fajtákban ill. elszigetelt populációkban sikerült kimutatni. Ez adta az ötletet, hogy a tejtermelésben ma már szerepet nem játszó *MSZ* fajtát is bevonjam a vizsgálatokba és a rendelkezésemre álló legérzékenyebb módszerrel történő genetikai vizsgálattal segítsem a génmegőrzés és a fajta variabilitásának fenntartásán dolgozó szakemberek munkáját.

4.1.1.1. β-LG *J* kimutatása magyar szürke tehenek tejéből

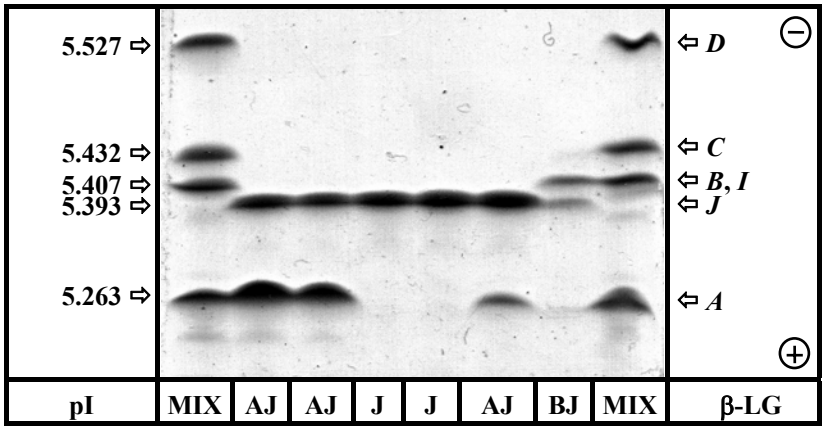
A *MSZ* tejminták elektroforetikus vizsgálata során CA-IPG-IEF módszerrel a mintáknak kb. 10%-ában egy olyan fehérje csíkot észleltem, melyet az irodalmi adatok és a rendelkezésre álló β-LG allél-standard minták segítségével nem tudtam azonosítani. Mivel ebben a szűk pH tartományban a savófehérjék közül csak a β-LG-ok válnak el, és az ismeretlen fehérje a többi β-LG allélhoz képest equimoláris mennyiségben fordult elő, feltételeztem, hogy egy új, eddig ismeretlen allélról lehet szó. Ezt a feltételezett allélt ismeretlen voltára utalva először ideiglenesen β-LG *X*-nek neveztem el [*Baranyi és mtsai*, 1992, 1993]. Végleges betűjelét (β-LG *J*) elsődleges szerkezetének meghatározása után kapta, amikor bizonyítást nyert, hogy valóban egy új allélról van szó [*Godovac-Zimmermann és mtsai*, 1996]. A 4-1. ábrán a leggyakoribb (*A*, *B*) és néhány ritka β-LG allél - közöttük a *J* - elektroforetikus képe látható natív, a 4-2. ábrán pedig denaturáló/redukáló körülmények között. Az egyes allélok izoelektromos pontját (pI) a CA-IPG-IEF gélben észlelt mobilitásuk alapján határoztam meg és hasonlítottam össze (4-1. táblázat).

4-1. táblázat: Néhány szarvasmarha β-LG allél számított pI-ja natív (n) és denaturáló/redukáló (d) körülmények között.

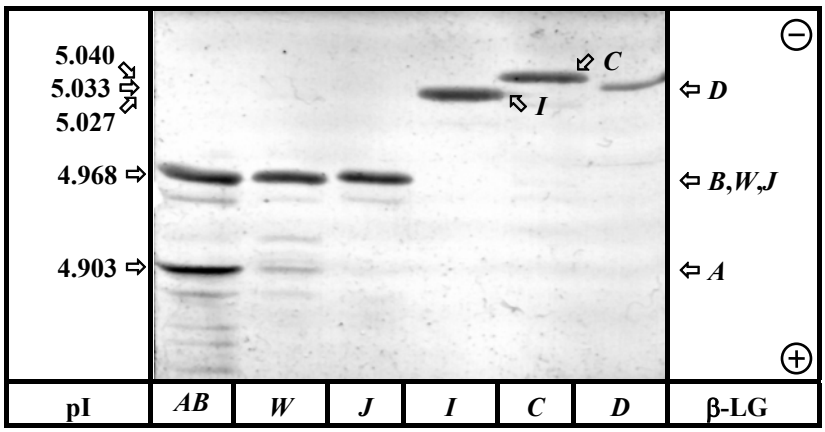
	A	*B*	*C*	*D*	*I*	*J*
pI (n)	5,263	5,407	5,432	5,527	5,407	5,393
pI (d)	4,903	4,968	5,040	5,033	5,027	4,968

4.1.1.2. β-LG *J* elsődleges szerkezete

Az új β-LG allél (*J*) elsődleges szerkezetének meghatározása J. Godovac-Zimmermann és munkatársai (Institut für Molekulare Biotechnologie, Jena, Németország) valamint I. Krause és munkacsoportja (Forschungszentrum für Milch und Lebensmittel Weihenstephan, Technische Universität München, Németország) közreműködésével történt. Mivel homozigóta állat nem állt rendelkezésünkre, a *J* allél izolálását először β-LG *BJ* heterozigóta tejből kíséreltük meg. A β-LG frakció tejből történő izolálását jómagam végeztem *Ebeler és mtsai* [1990] módszere szerint. Következő lépésként I. Krause és munkatársai megkísérelték a *J* allél ioncserélő kromatográfiával történő tisztítását, ami nem járt sikerrel. A *J* allél izolálása heterozigóta formából csupán második



4-1. ábra: β-LG allélok gélelektroforetikus képe (CA-IPG-IEF) natív körülmények között. MIX = β-LG *A*, *B*, *C*, *D* és *I* keveréke. Gradiens = 0.0954 pH/cm.



4-2. ábra: β-LG allélok gélelektroforetikus képe (CA-IPG-IEF) denaturáló/redukáló körülmények között. Gradiens = 0.0858 pH/cm.

nekifutásra, az egyetlen, a vizsgálatok időpontjában életben lévő β-LG *AJ* genotípusú tehén tejének felhasználásával volt lehetséges. Az így tisztított fehérje elsődleges szerkezetének meghatározása Edman-típusú fehérjeszekvenálással, valamint annak tömeganalízissel és tömegspektrometriás peptid fragmens szekvenálással való kombinációjával történt [*Godovac-Zimmermann és mtsai*, 1996].

Az új β-LG allél elsődleges szerkezete a 126-os pozícióban mutat eltérést: ahol a többi allélnál egy prolin található, ott a *J* allél esetében egy leucin helyezkedik el a fehérjeláncban. Ez a néma mutáció valószínűleg a szomszédos (127-es pozícióban elhelyezkedő) glutaminsav karboxil-csoportjának megnövekedett disszociációját

okozza, és ezáltal a molekula töltésének a *B* allélhoz képest 0,014 pH-egységgel savas irányba való eltolódását eredményezi (pI=5,393) (4-1. ábra). Ezt a feltételezést valószínűsíti az is, hogy ez a pozíció hatás redukáló körülmények között teljesen megszűnik (4-2. ábra) és az aminosavcsere nem befolyásolja többé a molekula nettó töltését. A *J* allél CA-IEF-el nem mutatható ki, ezzel a módszerrel hamisan, *B* allélként tipizálható.

4.1.1.3. β-LG *J* kimutatása vérből

Az aminosav sorrend ismeretében a következő feladat egy olyan módszer kidolgozása volt, melynek segítségével DNS szinten, tehát vérből vagy spermából is ki lehet mutatni az új β-LG allélt. Első lépésben a *B* allél ismert nukleinsav-szekvenciáját a különböző aminosavak kodonjainak ismeretében úgy módosítottam, hogy az a fehérje 126-os pozíciójában (ez a fehérjét kódoló gén 5. exonjába esik) egy Leu-t kódoljon (Pro - CCG → Leu - CTG), majd a MedProbe Oligo 4.0 számítógépes program segítségével megterveztem a gén 5. exonját amplifikáló 21 bázispár hosszúságú oligonukleotid primereket (4-3. ábra). Ezután a GCG (Wisconsin Package Version 9.1, Genetics Computer Group, Madison, Wisc., USA) számítógépes programcsomag segítségével olyan restrikciós enzimeket kerestem, amelyek a *J* allélt a többi alléltól eltérően hasítják. Három ilyen restrikciós enzimet találtam: Nci I, Msp I és EcoR II. Ebből kettő (Nci I és Msp I) a CCG kodonban (Pro - pl. *A* és *B* allél), a harmadik (EcoR II) a CTG kodon (Leu - *J* allél) környezetében hasít (4-4. ábra). A hasítóhelyek számának és pozíciójának ismeretében meghatároztam, hogy a genomiális DNS-ből az EXON5BLG3' és EXON5BLG5' primerek segítségével amplifikált, a β-LG gén 5. exonját tartalmazó 206 bp hosszúságú PCR terméket e három enzimmel emésztve milyen fragmensméreteket várhatunk (4-2. táblázat). E három restrikciós enzim közül praktikussági szempontokat figyelembe véve az Msp I-et választottam ki a módszer beállításához. Az enzim az 5. exont tartalmazó PCR fragmenst a *J* allél esetében 3, a többi eddig ismert allél esetében 4 helyen képes hasítani (4-5. ábra). A 85 bp hosszúságú fragmens megléte a *J* allél jelenlétére utal. A többi, eddig ismert allél esetében az 5. exon szekvenciája megegyezik a β-LG *B* allél 5. exonjának szekvenciájával, így a 85 bp-os fragmens nem jelenik meg, mert az Msp I enzim tovább hasítja azt egy 65 és egy 20 bp-os fragmensre. Homozigóta β-LG *JJ* genotípusú állat esetében az Msp I DNS gélmintázatból hiányozna a 65 és 20 bp hosszúságú fragmens (homozigóta állatot eddigi vizsgálataim során azonban nem találtam).

```
      EXON 5 BLG 5'                                          Exon V
TGCACACCACCCTGGAGAGCAGGGGTTGACCCCGTCCCGGCCCCACAG TC AGG ACC
      PCR primer                                  (V)al Arg Thr

CTG GAG GTG GAC GAC GAG GCC CTG GAG AAA TTC GAC AAA GCC CTC
Leu Glu Val Asp Asp Glu Ala Leu Glu Lys Phe Asp Lys Ala Leu

AAG GCC CTG CCC ATG CAC ATC CGG CTG TCC TTC AAC CCA ACC CAG
Lys Ala Leu Pro Met His Ile Arg Leu Ser Phe Asn Pro Thr Gln

  Exon V                                          EXON 5 BLG 3'
CTG GAG G GTGAGCACCCAGGCCCCACCCTGCTCCTGGGGCAGGAAGCCACCCGGCC
Leu Glu G                                          PCR primer

CAGG
```

4-3. ábra: A szarvasmarha β-LG *J* 5. exonjának nukleinsav-szekvenciája.

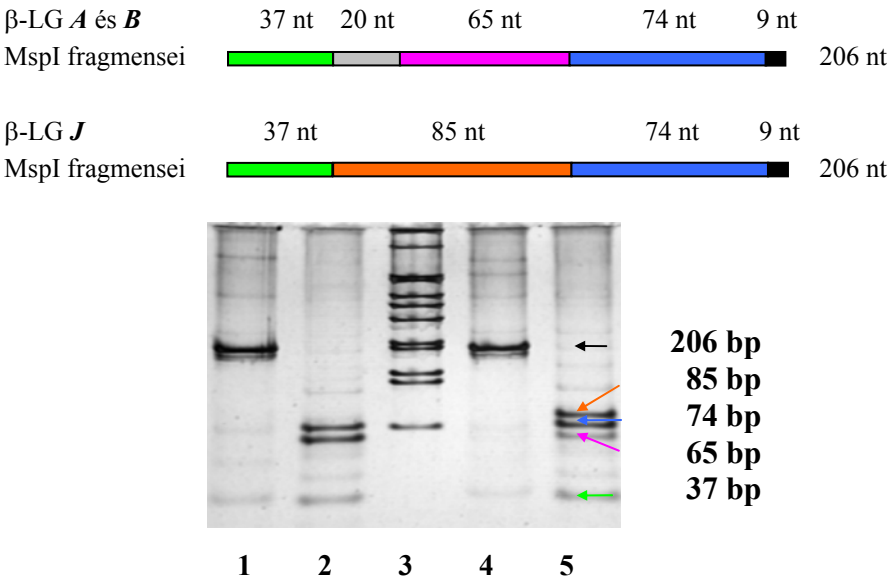
```
                                   Msp I, Nci I
                                       ↓
β-LG A/B   ...CCGGCCCCACAG TC AGG ACC CCG GAG GTG GAC GAC...

                        (V)al Arg Thr Pro Glu Val Asp Asp

                                    EcoR II
                                       ↓
β-LG J     ...CCGGCCCCACAG TC AGG ACC CTG GAG GTG GAC GAC...

                        (V)al Arg Thr Leu Glu Val Asp Asp
```

4-4. ábra: RFLP a β-LG gén 5. exonjában. Az enzimek által felismert nukleotid szekvenciát aláhúzás, a hasítás pontos helyét nyíl jelöli.

Ez a módszer nem használható annak eldöntésére, hogy heterozigóta állat esetében pl. *AJ* vagy *BJ* genotípusról van-e szó. Ez a β-LG gén 4. exonjának amplifikálása után egy másik, az *A* és *B* allél között különbséget tevő enzimmel, pl. Hae III-mal történő emésztés segítségével állapítható meg [*Medrano és Aguilar-Cordova*, 1990*b*].

4-2. táblázat: A β-LG 5. exonját tartalmazó 206 bp hosszúságú PCR-fragmens emésztésekor várható DNS-fragmensek mérete.

Fragmens	EcoR II		Nci I		Msp I	
méret	*β-LG A/B*	*β-LG J*	*β-LG A/B*	*β-LG J*	*β-LG A/B*	*β-LG J*
160 nt				▬		
140 nt			▬			
85 nt	▬	▬				▬
75 nt					▬	▬
66 nt	▬					
65 nt					▬	
45 nt		▬				
37 nt			▬	▬	▬	▬
24 nt	▬	▬				
21 nt		▬				
20 nt			▬		▬	
17 nt	▬	▬				
10 nt	▬	▬				
9 nt			▬	▬	▬	▬
5 nt	▬	▬				



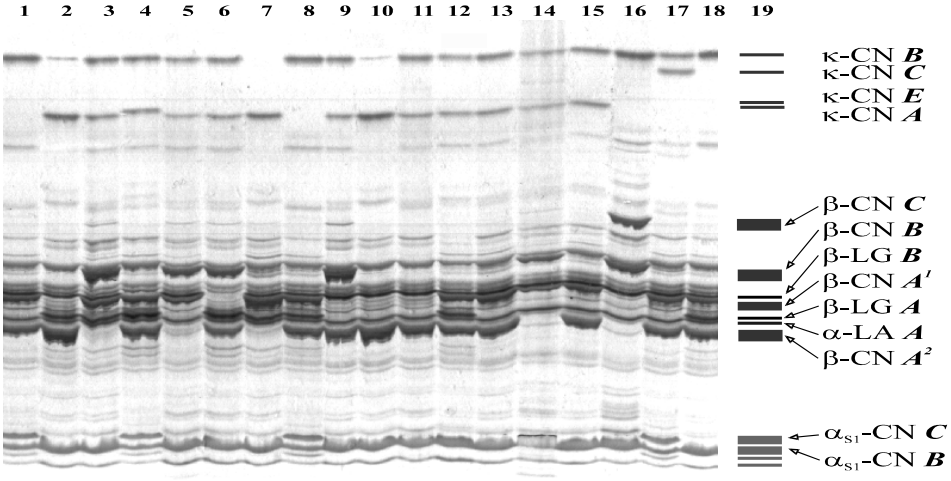
4-5. ábra: β-LG *J* azonosítása a gén 5. exonjának MspI emésztésével. 1. pozíció: emésztetlen exon 5, β-LG *AA*, *AB* vagy *BB* genotípus. 2. pozíció: MspI emésztett exon 5, β-LG *AA*, *AB* vagy *BB* genotípus. 4. pozíció: emésztetlen exon 5, β-LG *AJ* vagy *BJ* genotípus. 5. pozíció: MspI emésztett exon 5, β-LG *AJ* vagy *BJ* genotípus. 3. pozíció: molekulasúly marker. Nucleotid = nt, bázispár = bp.

4.1.2. Genotípus- és allélgyakoriságok hazai szarvasmarha fajtákban

Azzal a céllal, hogy a tenyészállat állományokat genetikailag jellemezzék, az elmúlt három évtizedben világszerte nagy energiát fordítottak a különböző szarvasmarha fajták tejfehérje genetikai vizsgálatára is. Ezek a vizsgálatok azt mutatják, hogy a főbb tejfehérjék különböző alléljai különböző fajtákban különböző gyakorisággal fordulnak elő. A M2-8., M2-9., M2-10., M2-11., M2-12., M2-13., M2-14. és M2-15. táblázatban (ld. függelék) összefoglaltam néhány, eddig vizsgált fajtára vonatkozó allélgyakorisági adatot.

A hazánkban tartott tejelő, vagy kettős hasznosítású fajták ill. populációk tejfehérje polimorfizmusáról a 70-es évek elején végzett néhány vizsgálaton kívül [*Horváth*, 1970, 1972; *Horváth és Mészáros*, 1971; M2-11. táblázat, ld. függelék] alig állnak rendelkezésre adatok [*Ivancsics és mtsai*, 1992]. Csupán a PCR-en alapuló DNS technikák elterjedésével indult meg a hazai bika állomány főleg κ-CN-re történő vizsgálata [*Banykó és mtsai*, 1995; *Zsolnai és Fésűs*, 1994, 1996].

E dolgozat keretében négy hazai, három tejelő (*MT*, *HF*, *HuF*) és egy génrezerv szempontjából jelentős (*MSZ*) szarvasmarha fajta reprezentatív állományainak α_{S1}-, β-, κ-CN és β-LG genetikai polimorfizmusát vizsgáltam. A tehenek genotípusának meghatározását egyedi tejmintákból CA-IEF módszerrel végeztem. Ez a módszer alkalmas minden α_{S1}-, β-, κ-CN valamint a gyakoribb β-LG allélok egyetlen futtatással történő azonosítására, e mellett gélenként mintegy 40 minta futtatható egyszerre. Egy tipikus CA-IEF gél részlete a 4-6. ábrán látható. Az esetleges ritka β-LG allélok jelenlétét CA-IPG-IEF módszerrel vizsgáltam a *MSZ*, *MT* és *HuF* populációban.



4-6. ábra: Szarvasmarha tejminták tipikus elektroforetikus képe (CA-IEF, pH-gradiens = 2,5 - 8,0). A részlet eredeti mérete 9 x 6,8 cm. 19. pozíció: A gélrészleten előforduló tejfehérje allélok sematikus képe. 1-18. pozíció: Hungarofríz tehenek egyedi tejmintái. A tehenek genotípusa:

1. pozíció:	α_{S1}-CN *BC*	β-CN A^2A^1	κ-CN *BB*	β-LG *BB*
2. pozíció:	α_{S1}-CN *BB*	β-CN A^2A^2	κ-CN *AA*	β-LG *AB*
3. pozíció:	α_{S1}-CN *BB*	β-CN A^1B	κ-CN *AB*	β-LG *AB*
4. pozíció:	α_{S1}-CN *BC*	β-CN A^2A^1	κ-CN *AE*	β-LG *AA*
5. pozíció:	α_{S1}-CN *BB*	β-CN A^1B	κ-CN *AB*	β-LG *BB*
6. pozíció:	α_{S1}-CN *BB*	β-CN A^2B	κ-CN *AB*	β-LG *AA*
7. pozíció:	α_{S1}-CN *BB*	β-CN A^1A^1	κ-CN *AA*	β-LG *AB*
8. pozíció:	α_{S1}-CN *BC*	β-CN A^2A^1	κ-CN *BB*	β-LG *AB*
9. pozíció:	α_{S1}-CN *BB*	β-CN A^2B	κ-CN *AB*	β-LG *BB*
10. pozíció:	α_{S1}-CN *BB*	β-CN A^2A^2	κ-CN *AA*	β-LG *BB*
11. pozíció:	α_{S1}-CN *BB*	β-CN A^2A^2	κ-CN *AB*	β-LG *BB*
12. pozíció:	α_{S1}-CN *BB*	β-CN A^2A^1	κ-CN *AB*	β-LG *AB*
13. pozíció:	α_{S1}-CN *BB*	β-CN A^2A^1	κ-CN *AB*	β-LG *BB*
14. pozíció:	α_{S1}-CN *BB*	β-CN A^1B	κ-CN *AB*	β-LG *BB*
15. pozíció:	α_{S1}-CN *BB*	β-CN A^2A^1	κ-CN *AB*	β-LG *BB*
16. pozíció:	α_{S1}-CN *BB*	β-CN *BC*	κ-CN *BB*	β-LG *BB*
17. pozíció:	α_{S1}-CN *BC*	β-CN A^2A^1	κ-CN *BC*	β-LG *BB*
18. pozíció:	α_{S1}-CN *BB*	β-CN A^2A^1	κ-CN *BB*	β-LG *AB*

4.1.2.1. Magyar szürke

A vizsgált *MSZ* tejminták három tenyészetből származnak. Az egyes állományokra és a fajtára jellemző összesített genotípus-, és allélgyakoriság-megoszlásokat a 4-3. ill. 4-4. táblázat mutatja. A tapasztalt genotípus-gyakoriságok és a Hardy-Weinberg törvény alapján számított, várt értékek (M2-3. táblázat, ld. függelék) között nincs szignifikáns különbség, mindhárom populáció genetikai egyensúlyban van. Mindhárom *MSZ* állományban a legnagyobb gyakorisággal az α_{S1}-CN allélek közül a *B* fordul elő. A városföldi és orosházi állományban a *BC* genotípusú egyedek száma a legmagasabb (gyakoriság: 0,6032 és 0,5116), míg a hortobágyi állomány tehenei legnagyobb gyakorisággal az α_{S1}-CN *BB* genotípust hordozzák (0,6557). Az orosházi állományt kivéve - ahol a *BB* és *CC* genotípusok száma közel azonos (gyakoriság: 0,2558 ill. 0,2326) - a *CC* genotípus mutatja a legalacsonyabb előfordulási gyakoriságot (0,0635; 0,0377). A β-CN allélek közül a *MSZ* tehenekben csak három fordult elő: A^1, A^2 és *B*. Az orosházi állomány vizsgált egyedeiből pedig még a *B* allél is hiányzott. A legnagyobb gyakoriságot az A^2 allél mutatja (Városföld: 0,9167; Orosháza: 0,8049; Hortobágy: 0,8090). A leggyakoribb genotípus mindhárom

állományban az A^2A^2 (0,8333, 0,6341 és 0,5291), a legalacsonyabb pedig az A^2B (Városföld: 0,0333), A^1A^1 (Orosháza: 0,0244) és A^1B (Hortobágy: 0,0146). Nem fordult elő a városföldi állományban az A^1A^1 és A^1B genotípus, az orosházi állományban pedig az A^2B és A^1B genotípus. A κ-CN allélek közül csak az *A* és *B* allél van jelen. A legmagasabb allélgyakoriságot mindhárom állományban az *A* allél mutatja. A leggyakoribb genotípus a városföldi állományban az *AA* (0,7143), az orosházi és hortobágyi állományban pedig az *AB* (0,4474 és 0,5817). Az előforduló β-LG *A*, *B* és *J* allélok közül a *B* allélt az állatok 75-87%-a hordozza. A homozigóta *BB* genotípusú állatok aránya a legmagasabb mindhárom állományban (0,7460, 0,5333 és 0,6190). A *J* allél az állatok 4,7-22%-ában van jelen, kizárólag heterozigóta formában. Homozigóta *JJ* egyedeket egyáltalán nem találtam. Ezen kívül hiányzik az *AA* genotípus a városföldi és orosházi állományból, és a városföldi állományból az *AJ* genotípus.

A három *MSZ* populáció genotípus- és allélgyakorisági adataiban tapasztalt különbségek jelentős része szignifikánsnak bizonyult (M2-1. és M2-2. táblázat, ld. függelék).

4-3. táblázat: Genotípus-gyakoriságok a vizsgált *MSZ* állományokban

Fehérje	Genotípus	Városföld N		Orosháza N		Hortobágy N		(összesített) N	
n		63		43		212		318	
α_{S1}-CN	***BB***	21	0,3333	11	0,2558	139	0,6557	171	0,5377
	CC	4	0,0635	10	0,2326	8	0,0377	22	0,0692
	BC	38	0,6032	22	0,5116	65	0,3066	125	0,3931
n		60		41		206		307	
β-CN	***A^2A^2***	50	0,8333	26	0,6341	109	0,5291	185	0,6026
	A^1A^1	-	-	1	0,0244	8	0,0388	9	0,0293
	A^2A^1	8	0,1333	14	0,3415	76	0,3689	98	0,3192
	A^2B	2	0,0333	-	-	10	0,0485	12	0,0391
	A^1B	-	-	-	-	3	0,0146	3	0,0098
n		63		38		208		309	
κ-CN	***AA***	45	0,7143	16	0,4210	72	0,3462	133	0,4304
	BB	3	0,0476	5	0,1316	15	0,0721	23	0,0744
	AB	15	0,2381	17	0,4474	121	0,5817	153	0,4951
n		63		45		210		318	
β-LG	***AA***	-	-	-	-	10	0,0476	10	0,0314
	BB	47	0,7460	24	0,5333	130	0,6190	201	0,6321
	AB	13	0,2064	11	0,2444	52	0,2476	76	0,2390
	AJ	-	-	1	0,0222	1	0,0048	2	0,0063
	BJ	3	0,0476	9	0,2000	17	0,0810	29	0,0912

n = a lókuszonként kiértékelhető minták száma, N = állatok száma

4-4. táblázat: Allélgyakoriságok a vizsgált *MSZ* állományokban

Lókusz	*Allél*	Városföld	Orosháza	Hortobágy	(összesített)
α_{S1}-CN	***B***	0,6349	0,5116	0,8090	0,7343
	C	0,3651	0,4884	0,1910	0,2657
β-CN	***A^2***	0,9167	0,8049	0,7379	0,7818
	A^1	0,0667	0,1951	0,2306	0,1939
	B	0,0167	-	0,0316	0,0244
κ-CN	***A***	0,8333	0,6447	0,6370	0,6780
	B	0,1667	0,3553	0,3630	0,3220
β-LG	***A***	0,1032	0,1333	0,1738	0,1541
	B	0,8731	0,7556	0,7833	0,7972
	J	0,0238	0,1111	0,0429	0,0487

4-5. táblázat: Allélgyakoriságok a vizsgált *MT* állományokban

Lókusz	*Allél*	Kocsér	Mezőhegyes	(összesített)
α_{S1}-*CN*	*B*	0,8861	0,8756	0,8793
	C	0,1139	0,1244	0,1207
β-CN	A^3	-	0,0078	0,0051
	A^2	[c] 0,7178	[d] 0,6114	0,6480
	A^1	[c] 0,2079	[d] 0,3083	0,2738
	B	0,0594	0,0674	0,0646
	C	0,0149	0,0052	0,0085
κ-CN	*A*	0,7475	0,7923	0,7770
	B	0,2178	0,2026	0,2078
	C	[m] 0,0347	[n] -	0,0118
	E	-	0,0051	0,0034
β-LG	*A*	0,4703	0,4487	0,4561
	B	0,5049	0,5487	0,5338
	D	[c] 0,0248	[d] 0,0026	0,0101

az egy soron belül különböző betűkkel jelzett értékek között szignifikáns különbség van:
[c-d] $P<0,05$, [m-n] $P<0,0001$

4.1.2.2. Magyartarka

A két különböző tenyészetből származó *MT* állomány gén-, és genotípus-gyakorisági adatait, valamint a fajtára jellemző összesített értékeket a 4-5. és 4-6. táblázat részletezi. A tapasztalt és a Hardy-Weinberg törvény alapján várt értékek (M2-4. táblázat, ld. függelék) között nincs szignifikáns különbség, mindkét populáció genetikai egyensúlyban van.

4-6. táblázat: Genotípus-gyakoriságok a vizsgált *MT* állományokban

Fehérje	Geno-típus	Kocsér N		Mezőhegyes N		(összesített) N	
n		101		193		294	
α_{S1}-*CN*	*BB*	79	0,7822	148	0,7668	227	0,7721
	CC	1	0,0099	3	0,0155	4	0,0136
	BC	21	0,2079	42	0,2176	63	0,2143
n		101		193		294	
β-CN	A^2A^2	[c] 53	0,5247	[d] 75	0,3886	128	0,4354
	A^1A^1	[a] 4	0,0396	[b] 20	0,1036	24	0,0816
	A^3A^2	-	-	1	0,0052	1	0,0034
	A^3A^1	-	-	2	0,0104	2	0,0068
	A^2A^1	29	0,2871	67	0,3471	96	0,3265
	A^2B	9	0,0891	17	0,0881	26	0,0884
	A^2C	1	0,0099	1	0,0052	2	0,0068
	A^1B	3	0,0297	9	0,0466	12	0,0408
	A^1C	2	0,0198	1	0,0052	3	0,0102
n		101		195		296	
κ-CN	*AA*	55	0,5445	124	0,6359	179	0,6047
	BB	4	0,0396	10	0,0513	14	0,0473
	AB	35	0,3465	59	0,3026	94	0,3176
	AC	[g] 6	0,0594	[h] -	-	6	0,0203
	AE	-	-	2	0,0103	2	0,0068
	BC	1	0,0099	-	-	1	0,0034
n		101		195		296	
β-LG	*AA*	22	0,2178	31	0,1590	53	0,1790
	BB	27	0,2673	51	0,2615	78	0,2635
	AB	[a] 47	0,4654	[b] 112	0,5744	159	0,5372
	AD	[c] 4	0,0396	[d] 1	0,0051	5	0,0169
	BD	1	0,0099	-	-	1	0,0034

n = a lókuszonként kiértékelhető minták száma, N = állatok száma, az egy soron belül különböző betűkkel jelzett értékek között szignifikáns különbség van: [a-b] $P<0,1$ [c-d] $P<0,05$ [g-h] $P<0,005$

Mindkét *MT* populációban a legnagyobb gyakorisággal az α_{S1}-CN *B* allél fordul elő. Az állatok 76-78%-a *BB* genotípust mutat. A ritkább *C* allélt homozigóta formában az állatok 1-1,5%-a hordozza. A kocséri állományból származó tehenek β-CN A^3 allélt nem hordoznak. A legnagyobb gyakoriságot mutató A^2 allél mindkét populációban leggyakrabban homozigóta formában jelenik meg. A kocséri állományban szignifikánsan (*P*=0,0266) magasabb az A^2A^2 genotípus gyakorisága (0,5247), mint a mezőhegyesi populációban (0,3886). A legritkább *C* allél csak heterozigóta formában, az állatok 1-3%-ában található meg. A tesztelt egyedekből a κ-CN lókuszban a kocséri állományban az *E* allél, a mezőhegyesi állományban pedig a *C* allél teljesen hiányzik. Az *A* allél a leggyakoribb (0,7475 ill. 0,7923). Mindkét állományban az *AA* genotípus fordul elő a legnagyobb gyakorisággal (0,5445 ill. 0,6359). Ezt követi az *AB* genotípus (0,3465 ill. 0,3026), míg az igen ritka *AC*, *BC* és *AE* genotípusok az állatok 6 illetve 1-1%-át teszik ki. A β-LG lókuszban a *B* allél fordul elő nagyobb gyakorisággal. Ez tükröződik a genotípusok esetében is: *BB* > *AB* > *AA* sorrendben csökken a megfelelő β-LG genotípust hordozó állatok száma. A ritka *D* allél előfordulási gyakorisága szignifikánsan magasabb a kocséri állományban (0,0248, *P*=0,0193). β-LG *J* allélt *MT* tehenekben nem találtam.

4-7. táblázat: Genotípus-gyakoriságok a vizsgált *HF* állományban

Fehérje	Geno-típus	Tiszta vérű (100% *HF*) N		Keresztezett (*HF* x *MT*) N		Kiscséripuszta (összesített) N	
n		343		233		576	
α_{S1}-CN	***BB***	^{c} 311	0,9067	^{d} 223	0,9571	534	0,9271
	BC	^{c} 32	0,0933	^{d} 10	0,0429	42	0,0729
n		342		233		575	
β-CN	***A^2A^2***	^{c} 67	0,1959	^{d} 66	0,2833	133	0,2313
	A^1A^1	^{i} 84	0,2456	^{j} 31	0,1330	115	0,2000
	BB	-	-	1	0,0043	1	0,0017
	A^3A^2	2	0,0059	1	0,0043	3	0,0052
	A^2A^1	164	0,4795	102	0,4378	266	0,4626
	A^2B	^{c} 11	0,0322	^{d} 18	0,0772	29	0,0504
	A^1B	14	0,0409	14	0,0601	28	0,0487
n		342		233		575	
κ-CN	***AA***	^{c} 193	0,5643	^{d} 108	0,4635	301	0,5235
	BB	^{a} 19	0,0556	^{b} 23	0,0987	42	0,0730
	EE	1	0,0029	3	0,0129	4	0,0070
	AB	93	0,2719	67	0,2876	160	0,2783
	AE	25	0,0731	23	0,0987	48	0,0835
	BE	11	0,0322	9	0,0386	20	0,0348
n		345		233		578	
β-LG	***AA***	74	0,2145	41	0,1760	115	0,1990
	BB	95	0,2754	74	0,3176	169	0,2924
	AB	176	0,5101	118	0,5064	294	0,5086

n = a lókuszonként kiértékelhető minták száma, N = állatok száma, az egy soron belül különböző betűkkel jelzett értékek között szignifikáns különbség van: $^{a-b}$ *P*<0,1, $^{c-d}$ *P*<0,05, $^{i-j}$ *P*=0,001

4.1.2.3. Holstein-fríz

A *HF* fajta esetében egyetlen tenyészet nagyszámú egyedeit vizsgáltam, ezen belül is megkülönböztetve a fajtatiszta és a keresztezett állatokat. Az állományra jellemző genotípus-, és allélgyakorisági adatok a 4-7. ill. 4-8. táblázatban szerepelnek. A Hardy-Weinberg törvény alapján számított, várt értékek (M2-4. táblázat, ld. függelék) és a tapasztalt genotípus-gyakoriságok között nincs szignifikáns különbség, a populáció genetikai egyensúlyban van.

A fajtatiszta és a *MT*-val keresztezett részpopuláció között az α_{S1}-, β- és κ-CN lókuszban találtam szignifikáns különbségeket (4-7. táblázat). Az állományra az α_{S1}-CN *B* allél túlsúlya jellemző (0,9635). A vizsgált állatok közel 93%-a *BB* homozigóta genotípust mutat. A *C* allél (0,0363) homozigóta formában egyáltalán nem is fordult elő. A β-CN lókuszban az A^2 allél fordul elő legnagyobb gyakorisággal (0,4904) és a legmagasabb

genotípus-gyakoriságot az A^2A^1 mutatja (0,4626). A legritkább A^3 allél (0,0026) az állatok 0,5%-ában A^3A^2 genotípus formájában fordul elő. A legritkább genotípus a β-CN *BB*, ezt a teljes állományban csupán egyetlen állat hordozta. A κ-CN lókuszban az *A* allél (0,7043) ill. *AA* genotípus (0,5235) túlsúlya jellemző. *BB* genotípus csupán az állatok 7.3%-ára jellemző. A legritkább *E* allél (0,0661) homozigóta formában egyben a legritkább genotípus is (0,0070). A β-LG allélek közül a *B* (0,5467) valamivel gyakoribb, mint az *A* (0,4533). Az állatok közel 51%-a β-LG *AB*. A *BB* genotípus gyakorisága majdnem 30%, míg az *AA* gyakorisága a 20%-hoz közelít.

4.1.2.4. Hungarofríz

A *HuF* tejmintákat két tenyészet bocsátotta rendelkezésemre. Az egyes állományokra ill. a fajtára jellemző összesített genotípus-, és allélgyakoriságbeli megoszlások a 4-9. és 4-10. táblázatban találhatók. Mindkét populáció genetikai egyensúlyban van, a kapott és várt gyakorisági értékek (M2-5. táblázat, ld. függelék) nem mutatnak szignifikáns különbségeket.

4-8. táblázat: Allélgyakoriságok a vizsgált *HF* állományban

Lókusz	*Allél*	Tiszta vérű (100% *HF*)	Keresztezett (*HF* x *MT*)	Kiscséripuszta (összesített)
α_{S1}-*CN*	*B*	^{c} 0,9533	^{d} 0,9785	0,9635
	C	^{c} 0,0467	^{d} 0,0215	0,0365
β-CN	A^3	0,0029	0,0021	0,0026
	A^2	^{g} 0,4547	^{h} 0,5429	0,4904
	A^1	^{m} 0,5059	^{n} 0,3820	0,4557
	B	^{e} 0,0365	^{f} 0,0730	0,0513
κ-CN	*A*	^{g} 0,7368	^{h} 0,6567	0,7043
	B	^{c} 0,2076	^{d} 0,2618	0,2296
	E	^{a} 0,0556	^{b} 0,0815	0,0661
β-LG	*A*	0,4696	0,4292	0,4533
	B	0,5304	0,5708	0,5467

az egy soron belül különböző betűkkel jelzett értékek között szignifikáns különbség van: $^{a-b}$ $P<0,1$ $^{c-d}$ $P<0,05$ $^{e-f}$ $P<0,01$ $^{g-h}$ $P<0,005$ $^{m-n}$ $P<0,0001$

4-9. táblázat: Allélgyakoriságok a vizsgált *HuF* állományokban

Lókusz	*Allél*	Szentes	Szegvár	*HuF* (összesített)
α_{S1}-*CN*	*B*	0,8900	0,8966	0,8910
	C	0,1101	0,1034	0,1090
β-CN	A^2	0,4375	0,5179	0,4495
	A^1	0,3938	0,3036	0,3803
	B	0,1594	0,1786	0,1622
	C	0,0094	-	0,0080
κ-CN	*A*	0,4686	0,5172	0,4761
	B	0,5094	0,4655	0,5027
	C	0,0031	-	0,0027
	E	0,0189	0,0172	0,0186
β-LG	*A*	^{c} 0,3540	^{d} 0,5000	0,3763
	B	^{c} 0,6460	^{d} 0,5000	0,6237

az egy soron belül különböző betűkkel jelzett értékek között szignifikáns különbség van: $^{c-d}$ $P<0,05$

A két állomány genotípus-gyakoriság megoszlása a β-CN és β-LG lókuszban, allélgyakoriság megoszlása pedig a β-LG lókuszban mutat szignifikáns különbséget. Az α_{S1}-CN genotípusok közül a *BB* a leggyakoribb (0,7987 és 0,7931) a szentesi ill. szegvári populációban. A *B* allél gyakorisága pedig 0,8900 ill. 0,8966. Az α_{S1}-CN *C* allélt homozigóta formában csak a szentesi állomány teheneinek alig 1,9%-a hordozza. A szegvári állományban nem találtam β-CN *C* allélt és a szentesi állományban is ez az allél fordul elő a legritkábban (0,0094). Mindkét

állományban az allélgyakoriságok $A^2>A^1>B$ irányban csökkenő tendenciát mutatnak. A szentesi populációban az A^2A^1 (0,3562), a szegváriban pedig az A^2B (0,3214) genotípus a leggyakoribb. A szegvári állomány vizsgált egyedei nem hordoznak κ-CN *C* allélt sem, míg gyakorisága a szentesi állományban 0,0031-nek adódott. A szentesi állományban a *B* allél (0,5094), a szegvári állományban pedig az *A* allél (0,5172) mutatja a legmagasabb előfordulási gyakoriságot. A különböző κ-CN genotípusok közül mindkét állományban az *AB* állatok részaránya a legmagasabb (0,4780 és 0,4483). A β-LG lókuszban a két előforduló allél (*A* és *B*) a szegvári állományban azonos gyakoriságú (0,5), míg a szentesi állományban a *B* allél a gyakoribb (0,6460). Ez szignifikáns különbséget jelent a két állomány között ($P<0,05$). *J* allélt *HuF* állatokban nem találtam. A szegvári állományban a β-LG *AA* és *BB* genotípusok azonos gyakorisággal fordultak elő (0,1379). A legnagyobb gyakoriságot pedig az *AB* genotípus mutatta (0,7241). A szentesi állományban is az *AB* genotípus volt a leggyakoribb, az *AA* genotípust viszont csak az állatok 12,4%-a hordozta.

4-10. táblázat: Genotípus-gyakoriságok a vizsgált *HuF* állományokban

Fehérje	Genotípus	Szentes N		Szegvár N		*HuF* (összesített) N	
n		159		29		188	
α_{S1}-CN	***BB***	127	0,7987	23	0,7931	150	0,7979
	CC	3	0,0189	-	-	3	0,0159
	BC	29	0,1824	6	0,2069	35	0,1862
n		160		28		188	
β-CN	***A^2A^2***	32	0,2000	6	0,2143	38	0,2021
	A^1A^1	19	0,1187	4	0,1429	23	0,1223
	BB	1	0,0063	-	-	1	0,0053
	A^2A^1	57	0,3562	8	0,2857	65	0,3457
	A^2B	^{g} 18	0,1125	^{h} 9	0,3214	27	0,1436
	A^2C	1	0,0063	-	-	1	0,0053
	A^1B	^{a} 30	0,1875	^{b} 1	0,0357	31	0,1649
	A^1C	1	0,0063	-	-	1	0,0053
	BC	1	0,0063	-	-	1	0,0053
n		159		29		188	
κ-CN	***AA***	35	0,2201	8	0,2759	43	0,2287
	BB	41	0,2579	7	0,2414	48	0,2553
	AB	76	0,4780	13	0,4483	89	0,4734
	AE	3	0,0189	1	0,0345	4	0,0213
	BC	1	0,0063	-	-	1	0,0053
	BE	3	0,0189	-	-	3	0,0160
n		161		29		190	
β-LG	***AA***	20	0,1242	4	0,1379	24	0,1263
	BB	^{i} 67	0,4162	^{j} 4	0,1379	71	0,3737
	AB	^{c} 74	0,4596	^{d} 21	0,7241	95	0.5000

n = a lókuszonként kiértékelhető minták száma, N = állatok száma
az egy soron belül különböző betűkkel jelzett értékek között szignifikáns különbség van: $^{a-b}$ P<0,1 $^{c-d}$ P<0,05 $^{g-h}$ P<0,005 $^{i-j}$ P<0,001

4.1.3. A hazai szarvasmarha fajták összehasonlítása

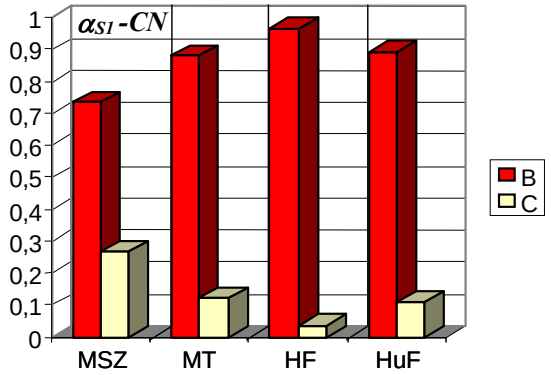
4.1.3.1. α_{S1}-CN genotípus- és allélgyakoriságok

Az α_{S1}-CN *B* és *C* allélja minden eddig vizsgált szarvasmarha populációban megtalálható. A zebuval ellentétben (M2-15. táblázat) közönséges szarvasmarhában a *C* allél minden esetben lényegesen alacsonyabb gyakorisággal fordul elő, mint a *B* allél. A különböző *HF* ill. fekete-tarka szarvasmarha állományokban (M2-8. és M2-9. táblázat, ld. függelék) a *C* allél 0,7 és 7% közötti gyakoriságot mutat. Az európai szimentáli jellegű és vörös-tarka állományokban előfordulása valamivel magasabb (M2-10. és M2-11. táblázat, ld. függelék), de általában így sem haladja meg a 11%-os gyakoriságot. A svájci borzderes, a guernsey és a brown swiss fajták (M2-14. és M2-15. táblázat, ld. függelék), valamint a német és osztrák pinzgaui ill. a német murnau-werdenfelsi populációk (M2-13.

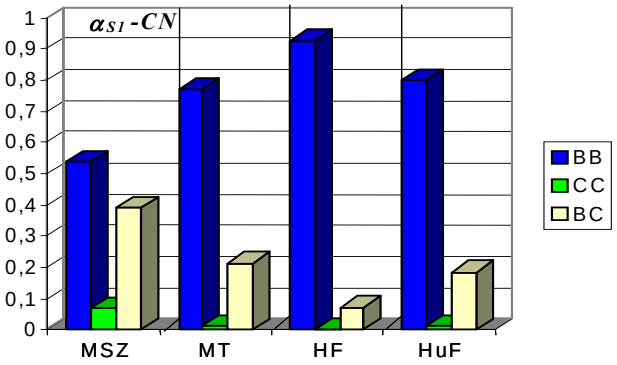
táblázat, ld. függelék) 12-28%-os gyakorisággal hordozzák a *C* allélt. A legmagasabb *C* allélgyakoriságot azonban a jersey mutatja (23-37%) (M2-12. táblázat, ld. függelék).

Ebbe a képbe jól beleillenek a hazai szarvasmarha fajták. A nyugat-európai ill. tengerentúli *HF* állományokhoz hasonlóan a vizsgált magyar *HF* populáció esetében a legalacsonyabb, csupán 3,65% az α_{S1}-CN *C* allél gyakorisága. A *HuF* esetében ez 10,9%, a *MT* -nál pedig 12,07%. A *MSZ* fajtában, akárcsak egyes jersey populációkban és a kis létszámú, elszigetelt pinzgaui populációk esetében a *C* allél aránya igen magas, eléri a 26,57%-ot. Ez mind a *MT*-nál, mind a *HF*-nél és *HuF*-nél szignifikánsan (P<0,0001) magasabb *C* allélgyakoriságot jelent. Egyedül a *MT* és *HuF* közötti különbségek nem szignifikánsak (M2-7. táblázat, ld. függelék). Az α_{S1}-CN lókuszban a 70-es évek elején mért (M2-11. táblázat, ld. függelék) és az általam tapasztalt allélgyakoriságok között az eltérés nem szignifikáns sem a *MSZ* (P=0,5115), sem a *MT* (P=0,1868) esetében. Az igen ritka α_{S1}-CN *A* és *D* allél a vizsgált hazai populációkban nem fordult elő.

A homozigóta α_{S1}-CN *CC* (6,92%) és heterozigóta *BC* (39,31%) állatok aránya a *MSZ* fajtában a legmagasabb (4-8. ábra). Mind a négy fajtában a legnagyobb számban a *BB* genotípust mutató egyedek fordulnak elő, a *MT*, *HF* és *HuF* populációkban azonban arányuk (72-93%) szignifikánsan magasabb (M2-7. táblázat, ld. függelék) mint a *MSZ* esetében (54%). A *MT* és *HuF* genotípus-gyakoriságok viszont nem mutatnak szignifikáns eltérést az α_{S1}-CN lókuszban.



4-7. ábra: α_{S1}-CN allélgyakoriságok a vizsgált hazai szarvasmarha fajtákban.



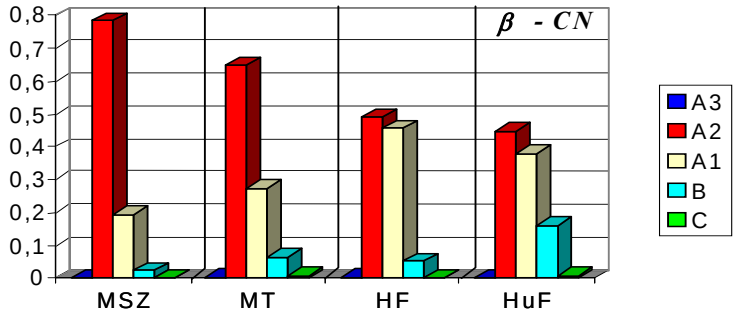
4-8. ábra: α_{S1}-CN genotípus-gyakoriságok a vizsgált hazai szarvasmarha fajtákban.

4.1.3.2. β-CN genotípus- és allélgyakoriságok

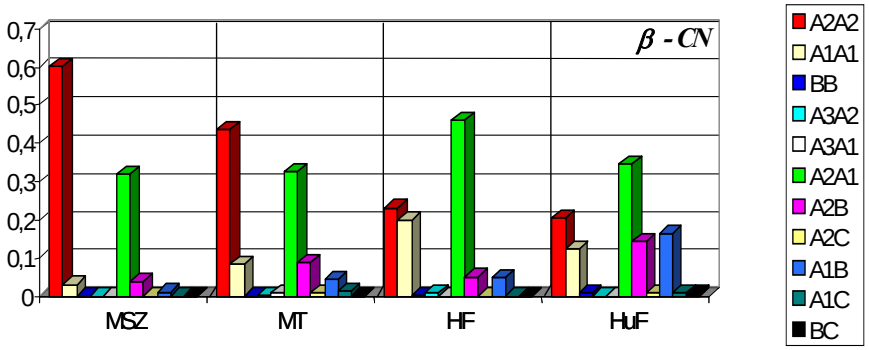
A β-CN allélek közül a legtöbb közönséges szarvasmarha fajtában az *A* allél a domináns. Az európai és tengerentúli fajták közül a legmagasabb A^2 allélgyakoriságot a guernsey fajtában észlelték (M2-15.táblázat, ld. függelék). Az európai szimentáli jellegű állományokban (M2-10. és M2-11. táblázat, ld. függelék), valamint a

jersey, brown swiss és a borzderes populációkban (M2-12., M2-13., M2-14. és M2-15. táblázat, ld. függelék) szintén az A^2 allél a gyakoribb. Az A^1 allél fordul elő nagyobb gyakorisággal az Észak-Európában honos, ill. onnan származó fajtákban (pl. ayrshire), a síkvidéki fekete-tarka állományok egy részében (pl. kanadai és ausztrál holstein), valamint a dán vörös, német vörös és német vörös-tarka fajtában (M2-8., M2-9., M2-14. és M2-15. táblázat, ld. függelék). A hazai populációk vizsgálata során minden esetében az A^2 allél gyakoriságát találtam magasabbnak. Az A^2 allélt hordozó állatok száma *MSZ* (78,18%) > *MT* (64,8%) > *HF* (49,04%) > *HuF* (44,95%) irányban csökken, míg az A^1 allélt hordozó egyedek száma közel hasonló módon növekszik: *MSZ* (19,39%) < *MT* (27,38%) < *HuF* (38,03%) < *HF* (45,57%) (4-9. ábra). Az A^3 allél csak a *MT* és *HF* állományban fordult elő, 0,5% ill. 0,26%-os gyakorisággal (4-5. és 4-8. táblázat). A vizsgált hazai populációk közötti különbségek nem szignifikánsak az A^3 allél esetében, viszont szignifikánsak a *HF* és *HuF* populációk közötti különbségek kivételével az A^2 és A^1 allél esetében (M2-7. táblázat, ld. függelék). Ha nem teszünk különbséget az A^1, A^2 és A^3 allélek között, akkor a 70-es évek elején mért allélgyakoriságokhoz képest a *MSZ* állomány nem változott szignifikánsan. Ezzel szemben a *MT* fajta esetében az elmúlt évtizedekben szignifikánsan (P<0,0001) megnövekedett az *A* allél aránya, méghozzá a *C* allél rovására 81,9%-ról 92,7%-ra (4-5. és M2-11. táblázat, ld. 42. oldal és függelék).

A közönséges szarvasmarha fajták többségében a β-CN *B* allél gyakorisága általában nem haladja meg a 10%-ot. Az ismertebb fajták közül legnagyobb gyakorisággal (20-40%) a svájci borzderes és a vele rokonságban lévő európai borzderes fajtákban (M2-13. és M2-14. táblázat, ld. függelék), valamint a jersey-ben (M2-12. táblázat, ld. függelék) fordul elő. A magyar állományok esetében előfordulási gyakorisága *MSZ* (2,44%) < *HF* (5,13%) < *MT* (6,46%) < *HuF* (16,22%) irányban nő. A *B* allél gyakoriságát tekintve egyedül a *MT* és a *HF* között nincsen szignifikáns különbség (M2-6. táblázat, ld. függelék). A *B* allélra nézve a mai *MSZ* és *MT* populációk nem különböznek szignifikánsan a 70-es évek elején vizsgált állományoktól.



4-9. ábra: β-CN allélgyakoriságok a vizsgált hazai szarvasmarha fajtákban.



4-10. ábra: β-CN genotípus-gyakoriságok a vizsgált hazai szarvasmarha fajtákban.

A β-CN *C* allél kizárólag a *Bos taurus* fajtákban fordul elő. Európai elterjedtségére általában az jellemző, hogy inkább csak a közép-, és dél-európai fajtákban fordul elő, és ott is rendszerint 5% alatti gyakorisággal, míg az észak-európai fajtákból (jersey, ayrshire, holstein-fríz) rendszerint hiányzik. 5% feletti gyakorisággal fordul elő pl. a

lengyel, svájci és magyar szimentáli, valamint a magyar tarka esetében (M2-11. táblázat, ld. függelék). Az általam vizsgált populációk közül a *C* allél a *MSZ*-ben és a *HF*-ben nem fordult elő, míg gyakorisága a *MT*-ban 8,5%, a *HuF*-ben pedig 8% (4-9. ábra). A *MT* állomány β-CN *C* allélgyakorisága ma (4-5. táblázat, ld. 42. oldal) több mint 70%-kal alacsonyabb (P<0,0001) mint a 70-es években (M2-11. táblázat, ld. függelék).

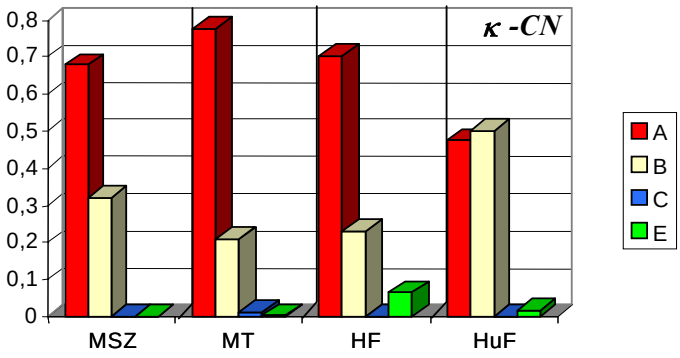
Mind a négy hazai szarvasmarha fajta esetében a β-CN A^2A^2 ill. A^2A^1 genotípusú tehenek fordulnak elő legnagyobb gyakorisággal (4-10. ábra), de míg a *MSZ* és *MT* esetében (4-3. és 4-5. táblázat) az A^2A^2 gyakorisága magasabb (60,26% és 43,54%), mint az A^2A^1 (31,92% és 32,65%), addig a *HF* és *HuF* állományokban (4-7. és 4-10. táblázat) pontosan fordított a helyzet (23,13% és 46,26% ill. 20,21% és 34,57%), ami szignifikáns különbséget jelent (M2-7. táblázat, ld. függelék). A homozigóta A^1A^1 genotípusú tehenek száma a *HF* állományban a legmagasabb (20%) és *HuF*, *MT*, *MSZ* irányban egyre csökken. 1%-os ill. annál alacsonyabb gyakorisággal fordulnak elő a *BB*, A^3A^2, A^3A^1, A^2C, A^1C és *BC* genotípusok. A fajták közötti különbségek az A^1A^1 genotípus esetében egyedül a *MT* és *HuF* között, az A^1B genotípus esetében pedig a *MT* és *HF* között nem szignifikánsak. Szintén nem szignifikánsak a különbségek a *BB*, A^3A^2, A^3A^1, A^2C és *BC* genotípusok esetében (M2-7. táblázat, ld. függelék).

4.1.3.3. κ-CN genotípus- és allélgyakoriságok

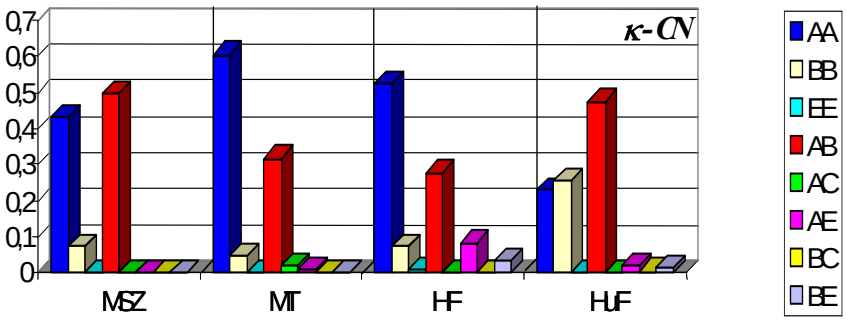
A két leggyakoribb κ-CN allél, az *A* és *B* az eddig vizsgált összes szarvasmarha fajtában megtalálható. A fajták többségében az *A* allél fordul elő nagyobb gyakorisággal (pl. ayrshire, shorthorn, holstein-fríz, német és dán vörös, svájci borzderes, német vörös-tarka, pinzgaui, szimentáli). Ezek általában ugyanazok a fajták, amelyek nagy gyakorisággal hordozzák az α_{S1}-CN *B* és β-CN A^1 allélokat. Más a helyzet pl. a jersey, brown swiss és az olasz mareman esetében. Ezek a κ-CN *B* allélt hordozzák nagyobb gyakorisággal. Ezen adatok azt a megfigyelést látszanak alátámasztani, miszerint a κ-CN *A* allél gyakorisága Európában észak-nyugat dél-kelet irányban csökken [*Manwell és Baker*, 1980]. A hazai állományok a *HuF* kivételével az első kategóriába tartoznak (4-11. ábra), az állatok nagyobb gyakorisággal hordozzák az *A* allélt: *MSZ* (67,8%), *HF* (70,4%) és *MT* (77,7%). A *HuF* esetében, a fajta 25-50%-os jersey vérhányadának köszönhetően az *A* allél gyakorisága csupán 47,6%, míg a *B* allélt hordozó állatok aránya 50,27%. A vizsgált fajták közötti allélgyakoriságbeli különbségek általában szignifikánsak, kivéve az *A* allélgyakoriságokat a *MSZ* és *HF* között, ill. a *B* allélgyakoriságokat a *MT* és *HF* között (M2-7. táblázat, ld. függelék).

A ritka *C* és *E* allélek (amennyiben ezekre történtek vizsgálatok és jelenlétüket detektálták) általában igen alacsony, kevesebb mint 6%-os gyakorisággal fordulnak elő. Ez alól kivétel a finn ayrshire, mely fajtában az *E* allél rendkívül magas, 30,7%-os gyakorisággal fordul elő (M2-15. táblázat, ld. függelék). A hazai fajtákban *C* allélt egyedül a *MT* és *HuF* állományokban sikerült detektálni, gyakorisága 1,18% ill. 0,27%. A fajták közötti, allélgyakoriságbeli eltérések (M2-7. táblázat, ld. függelék) szignifikánsak a *MT* és *MSZ* (P=0,0063), ill. a *MT* és *HF* esetében (P=0,0005). A κ-CN *E* allél mind a *MT* és *HF*, mind a *HuF* tehenek tejéből kimutatható (allélgyakoriságok: 0,34%, 6,61% és 1,86%) (4-5., 4-8. és 4-9. táblázat). Az allélgyakoriságbeli különbségek egyedül a *MSZ* és *MT* között nem szignifikánsak (M2-7. táblázat, ld. függelék).

A vizsgált *MSZ*, *MT* és *HF* populációkban két genotípus (κ-CN *AA* és *AB*), a *HuF*-ben pedig három genotípus (*AA*, *AB* és *BB*) fordul elő 20% feletti gyakorisággal (4-12. ábra). A *BB* genotípus gyakorisága a *HuF* fajtában (25,53%) szignifikánsan (P<0,0001) magasabb, mint a *MSZ*, *MT* és *HF* állományokban (M2-7. táblázat, ld. függelék). Az *AA* genotípus-gyakoriságok minden esetben szignifikánsan eltérnek az egyes fajták között, míg az *AB* genotípus esetében a *MSZ-MT* (P<0,0001), *MSZ-HF* (P<0,0001), *MT-HuF* (P=0,0007) és *HF-HuF* (P<0,0001) fajták között van szignifikáns különbség (M2-7. táblázat, ld. függelék). A ritka *C* allél kizárólag heterozigóta formában fordul elő. *AC* genotípust egyedül a *MT*-ban találtam 2.03%-os gyakorisággal. A κ-CN *BC* genotípus mind a *MT*-ban (0,34%), mind a *HuF*-ben (0,53%) megtalálható, de a fajták közötti gyakoriságbeli különbségek nem szignifikánsak (M2-7. táblázat). Homozigóta *EE* állatokat kizárólag a *HF* fajtában találtam, azonban az alacsonygyakoriság miatt (0,7%) ez nem jelent szignifikáns különbséget a többi fajtához képest (M2-7. táblázat). κ-CN *AE* heterozigóta állatok 0,68%-os (*MT*), 8,35%-os (*HF*) és 2,13%-os (*HuF*) gyakorisággal, *BE* heterozigóta állatok pedig 3,48%-os (*HF*) ill. 1,6%-os (*HuF*) gyakorisággal fordultak elő. Az *AE* genotípus esetében nem szignifikáns a különbség a *MSZ* és *MT* valamint a *MT* és *HuF* között, illetve a *BE* genotípus esetében a *HF* és *HuF* között (M2-7. táblázat).



4-11. ábra: κ-CN allélgyakoriságok a vizsgált hazai szarvasmarha fajtákban.



4-12. ábra: κ-CN genotípus-gyakoriságok a vizsgált hazai szarvasmarha fajtákban.

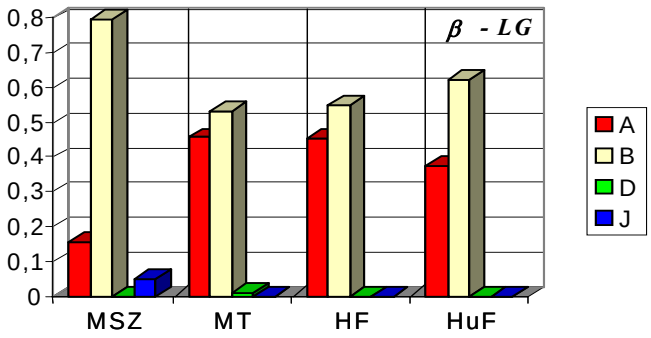
4.1.3.4. β-LG genotípus- és allélgyakoriságok

A β-LG leggyakoribb *A* és *B* allélja minden zebu és közönséges szarvasmarha fajtában kimutatható. A *taurus* fajták túlnyomó többségére a *B* allél nagyobb gyakorisága jellemző. Ez igaz a hazai fajtákra is (4-13. ábra). A *HuF* tehenek 62,37%-a (4-9. táblázat), a *MSZ* tehenek közül pedig még ennél is több, 79,72%-uk (4-4. táblázat) hordozza a *B* allélt. A *MSZ*-hez hasonlóan igen magas β-LG *B* allélgyakoriságot az európai fajták közül eddig csupán a német és dán vörös valamint a pinzgaui fajtában észleltek (M2-13. és M2-14. táblázat, ld. függelék). A *MT* és *HF* esetében (4-6. és 4-8. táblázat) közel azonos gyakorisággal fordul elő az *A* (45,61% ill. 45,33%) és *B* (53,38% ill. 54,67%) allél. Ezzel a *MT* és *HF* szignifikánsan különbözik a többi hazai fajtától és azok *A* és *B* allélgyakoriságai is szignifikánsan eltérnek egymástól (M2-7. táblázat, ld. függelék). A jelen tanulmány keretében vizsgált *MT* populáció nem különbözik szignifikánsan a 70-es évek elején tanulmányozott *MT* állománytól.

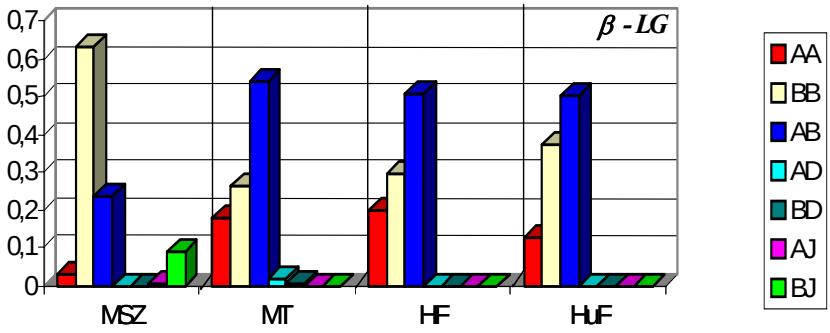
A *D* allél, amelyet először a montbéliard fajtában mutatták ki, és azóta a legtöbb hegyi fajtában is megtalálták (pl. szimentáli, pinzgaui, svájci borzderes), a hazai fajták közül egyedül a *MT*-ban fordul elő, méghozzá 1%-os allélgyakorisággal. A 70-es évek elején végzett vizsgálatok során [*Horváth és Mészáros*, 1971; *Horváth*, 1972] *D* allélt nem találtak a vizsgált populációban, viszont egy tehén heterozigóta formában egy *C* allélt hordozott (allélgyakoriság: 0,08%). De mivel e tehénnek sem felmenő, sem lemenő ági rokonait nem sikerült megtalálniuk, további vizsgálatokat nem folytattak a *C* alléllal kapcsolatban. A jersey ill. angler fajtára jellemző *C* allélt a jelen tanulmány során egyik hazai populációban sem sikerült detektálni. Mivel jelenléte a jersey vérhányaddal rendelkező *HuF* fajtában elvárható lenne, feltételezéseink szerint ezen allél kimutatásához alacsony előfordulási gyakorisága miatt (a dán jersey fajtában pl. 0,6%) nagyobb létszámú populáció vizsgálatára lenne szükség.

A β-LG *J* allélt a *MSZ* fajtában fedeztem fel (allélgyakorisága 4,87%), de azóta megtalálták egy koszovói fajtában is [*Bockhardt*, 1992]. Más fajtákban eddig még nem észlelték.

A *MT*, *HF* és *HF* β-LG genotípus-gyakoriságai hasonló képet mutatnak (4-14. ábra). A három fő genotípus közül mindhárom fajtában a tehenek fele vagy több mint fele a heterozigóta *AB* genotípust mutatja. A tehenek 26-37%-a *BB*, 12-20%-a pedig *AA* genotípusú. Mindhárom fajta szignifikánsan ($P \leq 0{,}0001$) különbözik a *MSZ*-től (M2-7. táblázat, ld. függelék), ahol az állatok több mint 60%-a homozigóta formában a *B* allélt hordozza, az *AB* genotípust pedig csupán az állatok 23,9%-a mutatja, és még a *BJ* genotípus is közel háromszor gyakoribb (9,12 %) mint az *AA* (3,14%).



4-13. ábra: β-LG allélgyakoriságok a vizsgált hazai szarvasmarha fajtákban.



4-14. ábra: β-LG genotípus-gyakoriságok a vizsgált hazai szarvasmarha fajtákban.

4.1.4. Rokonsági kapcsolatok vizsgálata

A négy vizsgált hazai szarvasmarha fajta közötti genetikai hasonlóságot a genetikai távolsági koefficiensek segítségével határoztam meg [*Oishi és Tomita*, 1976]. A négy tejfehérje lókuszra (α_{S1}-, β-, κ-CN és β-LG) vonatkozó genetikai távolságokat az anyag és módszerekben megadott képlet alapján, az adott fajtákra jellemző, azok állományainak összesített adataiból nyert allélgyakorisági értékek felhasználásával határoztam meg. A fajták közötti átlagos genetikai távolságokat a 4-11. táblázatban foglaltam össze. Ezek szerint a vizsgált fajták közötti átlagos genetikai távolságok *HF-MT* (0,119) < *HF-HuF* (0,178) < *HuF-MT* (0,201) < *MSZ-MT* (0,231) < *MSZ-HuF* (0,297) < *MSZ-HF* (0,307) irányban nőnek.

Ezek a genetikai távolságok teljes mértékben megegyeznek azon távolságokkal, amelyeket olyan meggondolások alapján várnánk, hogy ismerjük mely fajták és milyen génaránnyal vettek részt a különböző állományok kialakításában. A legkisebb genetikai távolság (0,119) a *HF* és *MT* között van, ami várható annak ismeretében, hogy a vizsgált *HF* állomány nem fajtatiszta, hanem egy része r_4 és r_5 nemzedékbe tartozó keresztezett (az állatok kb. 40%-a 0,78-25% *MT* vérhányaddal rendelkezik). A *HuF* fajta kialakításában 0-25%-ban *MT*, 12,5-62,5%-ban jersey és 25-75%-ban kanadai-amerikai *HF* vett részt. Érthető tehát, hogy a *HuF* genetikai távolsága a kialakításában legnagyobb %-ban szerepet játszó fajtához, a *HF*-hez a legkisebb (0,178), és valamivel nagyobb a

genetikai távolság (0,201) a fajta kialakításában szintén, de kisebb %-ban résztvevő *MT*-hoz. A *MSZ*-hez pedig már csak nagyon távoli genetikai kapcsolat fűzi (0,297), ami annak a következménye, hogy az részt vett a *MT* fajta kialakításában. A legnagyobb genetikai távolság (0,307) pedig hasonló meggondolások alapján a *MSZ* és a *HF* között van: csak a *MT* vérhányaddal rendelkező egyedeken keresztül van igen távoli kapcsolata a *MSZ* fajtához.

4-11. táblázat: Négy hazai szarvasmarha fajta átlagos genetikai távolsága *Oishi és Tomita* [1976] módszere szerint

	MSZ	***MT***	***HF***	***HuF***
Magyar szürke (MSZ)	0,0			
Magyartarka (MT)	0,231	0,0		
Holstein-fríz (HF)	0,307	0,119	0,0	
Hungarofríz (HuF)	0,297	0,201	0,178	0,0

4.2. Tejfehérje polimorfizmus hatása a termelési paraméterekre

A tejtermelésre használt fajtáknál - *HF*, *MT*, *HuF* - vizsgáltam a különböző tejfehérje genotípusok hatását az állatok termelési paramétereire és a tej összetételére (standard 305 napos tej-, tejfehérje- és zsírtermelés, fehérje %, zsír %), valamint a reproduktív teljesítményre (átlagos ellésszám, az első és második ellés között eltelt idő, tehénhasználat intenzitása). A vizsgált *HF* és *MT* állatok tejmintái és termelési adatai egy-egy törzstenyészetből származtak, a *HuF* tehenekét pedig két tenyészetből gyűjtöttem be. Mindhárom fajtánál mind az első, mind a második laktáció termelési adatait értékeltem. A statisztikai értékelésbe bevont állatok számát a M2-16. táblázatban tüntettem fel (ld. függelék).

4.2.1. Tejhozam

Igen nagyszámú, a tejfehérje genetikai polimorfizmus és a tejhozam kapcsolatát taglaló irodalmi adat áll rendelkezésre. Azonban a különböző tanulmányok nem mindig jutnak azonos következtetésekre, sőt, gyakran egyenesen ellentmondanak egymásnak. Ennek oka többféle lehet. A különböző vizsgálatok eredményei általában nem igazán összevethetők. Különböző fajtákról van szó, eltér a tanulmányozott populációk létszáma, nem azonos a vizsgálatokba bevont allélok frekvencia megoszlása, különböznek a tejhozam meghatározására alkalmazott módszerek, és a statisztikai analízis során igen nehezen lehet figyelembe venni olyan, a tejhozamra szignifikánsan ható tényezőket, mint pl. a tehén életkora, az évszak hatása, a laktációk száma, vagy az állatok egészségi állapota és genetikai háttere. Ahhoz, hogy bármilyen megbízható következtetést le lehessen vonni előbb a fent említett faktorokra korrigálni kell az eredményeket. Így az egyes allélok hatása a tejhozamra szűkebb értelemben csupán statisztikai összefüggés, és az allélok között megfigyelhető különbségek esetében egyszerű egybeesésről van csak szó. A valódi, ok-okozati összefüggésekről a legtöbb esetben igen keveset lehet tudni [*Ng-Kwai-Hang*, 1997].

A hazai fajták esetében a különböző genotípusoknak a populáció átlagos tejtermelésétől való eltérését a M2-7. és M2-8. ábrában (ld. függelék) foglaltam össze. A populációátlagokat a M2-17. táblázat (ld. függelék) tartalmazza.

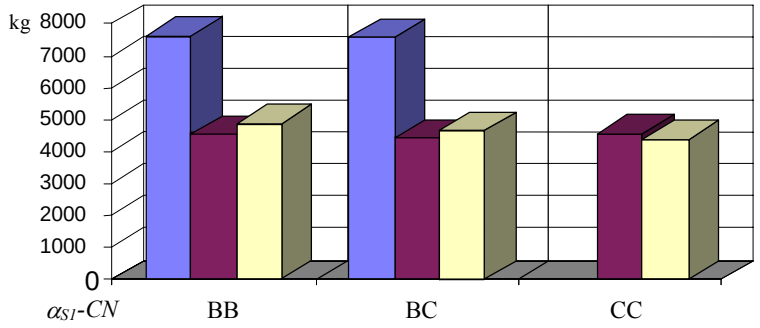
α_{S1}-CN

Az α_{S1}-CN lókuszban a kutatók egy része [*McLean és mtsai*, 1984; *Gonyon és mtsai*, 1987; *Haenlein és mtsai*, 1987; *Ng-Kwai-Hang és mtsai*, 1990*a*; *Bovenhuis és mtsai*, 1992; *Kim és mtsai*, 1996] ayrshire, brown swiss, jersey, guernsey és holstein-fríz állományokat vizsgálva több laktáción keresztül, nem talált szignifikáns különbséget az egyes genotípusok tejhozama között. Ahol azonban voltak ilyen különbségek [*Pupkova*, 1980; *Yebrosky és Komissarenko*, 1982; *Ng-Kwai-Hang és mtsai*, 1984, 1986, 1990*a*; *Lin és mtsai*, 1986; *Aleandri és mtsai*, 1990; *Mao és mtsai*, 1992; *Chung és mtsai*, 1991; *Jing és Manzhu*, 1992; *Sang és mtsai*, 1994], ott minden esetben következetesen a *B* allél tejtermelése bizonyult magasabbnak. A hazai *HF*, *MT* és *HuF* populációkban az első laktációban hasonló tendenciát tapasztaltam az α_{S1}-CN genotípusok között (4-15. ábra). A legmagasabb átlagos

tejtermelést a *BB* genotípusú tehenek produkálták: 3 (*HF*), 33 (*MT*) és 43 kg-mal (*HuF*) többet mint a populációátlagok. A második laktációban ez a tendencia megváltozott a *HF* és *MT* állományban: a *BC* genotípusú *HF* tehenek átlagosan 169 kg-mal, a *CC* genotípusú *MT* tehenek pedig 393 kg-mal múlták felül a *BB* genotípusok tejtermelését, ill. 160 és 423 kg-mal a populációátlagokat. A *HF* állományban a *BB* genotípusú egyedek a populáció átlagtermelését sem érék el.

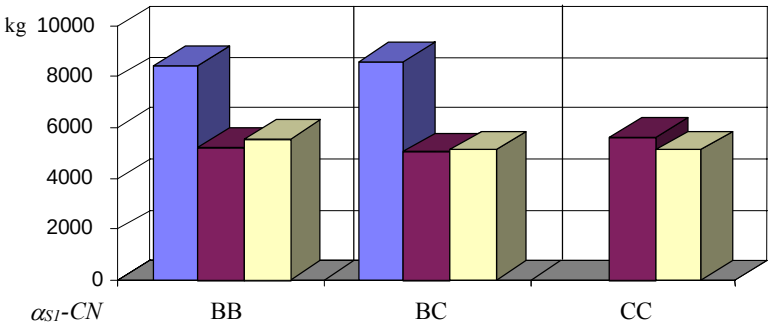
A *HuF* fajta esetében az α_{S1}-CN genotípusok az egytényezős varianciaanalízis szerint (M2-18. táblázat, ld. függelék) közel szignifikáns (P<0,1) hatással vannak a termelt tej mennyiségére. A *BB* genotípusok termelése (5546 kg) szignifikánsan (P=0,021) magasabb (M2-17. táblázat, ld. függelék), mint a *BC* genotípusoké (5120 kg), vagyis +85 ill. -341 kg-mal tér el a populációátlagtól.

Tejhozam (1. laktáció)



HF	7[illegible]4 ± 60	7577 ± 219	-
MT	4[illegible]4 ± 81	4477 ± 146	4562 ± 521
HuF	4[illegible]0 ± 78	4641 ± 209	4374 ± 442

Tejhozam (2. laktáció)



HF	8[illegible]6 ± 84	8585 ± 297	-
MT	5[illegible]8 ± 94	5040 ± 145	5631 ± 895
HuF	5[illegible]6 ± 80 *j*	5120 ± 164 *j*	5124 ± 808

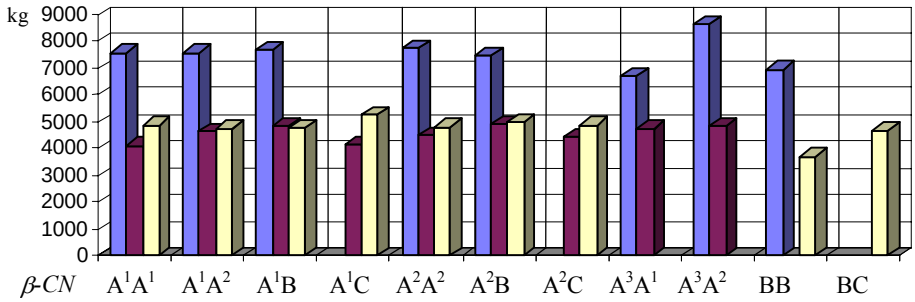
4-15. ábra: Az α_{S1}-CN genotípusok hatása a standard 305 napos tejhozamra (kg ± SE). *j-j P*=0,021.

β-CN

McLean [1984], *Gonyon* [1987], *Haenlein* [1987], *Aleandri* [1990] valamint *Lin* [1986] és munkatársaik nem találtak szignifikáns kapcsolatot a β-CN genotípusok és a tejhozam között. Az ayrshire fajtában *Kim és mtsai* [1996], valamint *Ikonen és mtsai* [1999] az A^2 allél fölényéről számoltak be az A^1 alléllal szemben. *Bovenhuis és mtsai* [1992], *Ng-Kwai-Hang és mtsai* [1984, 1986, 1990*a*], *Chung és mtsai* [1991], és *Matyukov* [1983] egyaránt arra a következtetésre jutottak, hogy a β-CN A^2 allél jelenléte magasabb tejtermelést eredményez, mint akár az A^1,

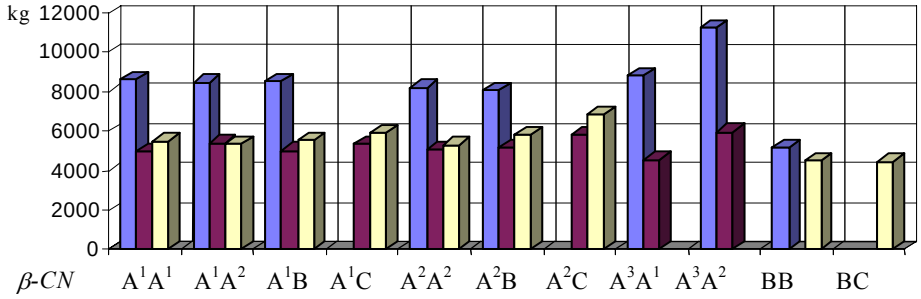
akár a *B* allél. A legnagyobb tejhozamot az A^2A^3 (6568 kg), a legalacsonyabbat pedig az A^2B genotípusú tehenek produkálták [*Ng-Kwai-Hang és mtsai*, 1990*a*]. Ezzel jó egyezést mutatnak az általam vizsgált *HF* állományban kapott eredmények. A *MT* és *HuF* állományban azonban más tendenciák érvényesülnek (4-16. ábra). A β-CN lókuszban az A^3A^2 (*HF*), A^2B (*MT*) ill. A^1C (*HuF*) állatok első laktációs tejtermelése volt a legnagyobb, átlagosan 1044 (*HF*), 328 (*MT*) és 449 (*HuF*) kg-mal több mint a 7611, 4561 és 4817 kg-os populációátlagok (M2-7. ábra, ld. függelék).

Tejhozam (1. laktáció)



β-CN	A^1A^1	A^1A^2	A^1B	A^1C	A^2A^2	A^2B	A^2C	A^3A^1	A^3A^2	BB	BC
HF	7561 ± 134	7573 ± 82	7678 ± 315	-	7757 ± 121	7456 ± 297	-	6706	8655 ±1212	6946	-
MT	4116 ± 246	4634 ± 102	4824 ± 243	4173	4506 ± 134	4889 ± 208	4438	4737 ± 630	4826	-	-
HuF	4881 ± 185	4736 ± 140	4774 ± 203	5266	4812 ± 165	4975 ± 153	4873	-	-	3715	4674

Tejhozam (2. laktáció)



β-CN	A^1A^1	A^1A^2	A^1B	A^1C	A^2A^2	A^2B	A^2C	A^3A^1	A^3A^2	BB	BC
HF	8627 ±174 *a,c*	8474 ± 111 *d*	8500 ± 394 *b*	-	8183 ± 183 *a,e*	8067 ± 367 *f*	-	8814	11190 ± 1633 *b,c,d,e,f*	5144	-
MT	4957 ± 241	5401 ± 151	5031 ± 252	5371	5093 ± 124	5133 ± 268	5836	4555 ± 131	5947	-	-
HuF	5497 ± 175	5342 ± 132	5544 ± 221	5873	5296 ± 141	5790 ± 159	6805	-	-	4509	4454

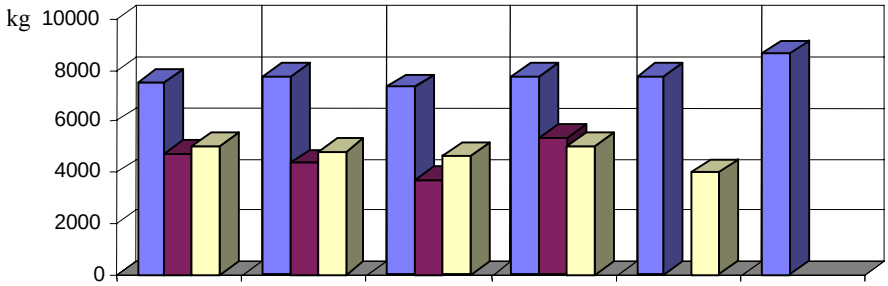
4-16. ábra: Az β-CN genotípusok hatása a standard 305 napos tejhozamra (kg ± SE). *a-a P*=0,082; *b-b P*=0,038; *c-c P*=0,022; *d-d P*=0,064; *e-e P*=0,026; *f-f P*=0,031.

A második laktációban a *HF* és *MT* fajtában ugyancsak az A^3A^2 genotípusú tehenek adták a legnagyobb mennyiségű tejet, 2535 és 1121 kg-mal többet mint az első laktációban, ami 2765 ill. 739 kg-mal magasabb, mint a 8425 és 5208 kg-os populációátlagok (M2-8. ábra, ld. függelék). A *HF* állományban a β-CN genotípusok közel szignifikáns (P<0,1) hatással vannak a tejhozamra (egytényezős varianciaanalízis, M2-18. táblázat, ld. függelék). T-teszt segítségével e lókuszon belül a ritka A^2A^3 genotípus tejtermelése szignifikánsan magasabb mint a leggyakoribb genotípusoké (4-16. ábra). GLM módszerrel egyetlen esetben sem sikerült szignifikáns kapcsolatot kimutatni a tejhozam és a β-CN genotípusok között (M2-19. táblázat, ld. függelék).

κ-CN

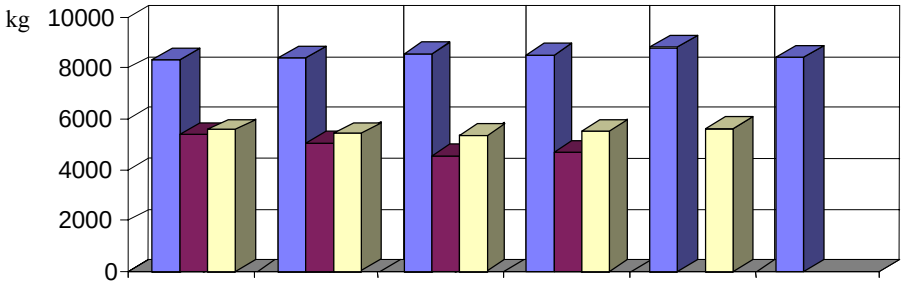
A κ-CN genotípusok hatására vonatkozóan különböző tendenciákról számoltak be. Számos kutató, közöttük *McLean és mtsai* [1984], *Haenlein és mtsai* [1987], *Ng-Kwai-Hang és mtsai* [1984, 1990a], *Lin és mtsai* [1986] nem talált különbséget a κ-CN lókusz különböző genotípusai között. Ezzel szemben *Bovenhuis és mtsai* [1992], *Gonyon és mtsai* [1987], valamint *Chung és mtsai* [1991, 1996] a holstein-fríz fajtában a tejhozamra vonatkozóan az *AA* genotípus fölényét tudták kimutatni (*AA>AB>BB*). *Ozbeyaz és mtsai* [1991] szerint a jersey fajtában a κ-CN *AA* bizonyult jobbnak, *Kim és mtsai* [1994] valamint *Ng-Kwai-Hang és mtsai* [1986] szerint pedig a heterozigóta *AB* tehenek több tejet termeltek, mint bármely homozigóta. A ritka *EE* genotípus kivételével ez utóbbi tendenciát mutatja a hazai *HF* állomány is (4-17. ábra). Akárcsak a finn ayrshire fajtában [*Ikonen és mtsai*, 1999] az első laktáció során itt is a homozigóta κ-CN *EE* egyedek termelése volt a legkedvezőbb. Ezt követték a heterozigóta (*AB>AE>BE*) állatok. A legkevesebb tejet a *BB* genotípus adta, átlagosan 301 kg-mal maradt el a populációátlagtól (M2-7. ábra, ld. függelék). Az első laktációban legkevesebbet termelő *BB* genotípus a második laktációban (M2-8. ábra, ld. függelék) átlagosan 176 kg-mal haladta meg a populáció átlagos tejhozamát. Ezt egyedül a *BE* genotípus

Tejhozam (1. laktáció)



κ-CN	AA	AB	BB	AE	BE	EE
HF	7534 ± 80	7752 ± 112	7310 ± 224	7748 ± 186	7743 ± 309	8635 ± 725
MT	4725 ± 85 *a,b*	4371 ± 121 *a,c*	3709 ± 311 *b,c*	5368	-	-
HuF	5031 ± 145 *d*	4798 ± 117	4659 ± 115 *d*	5043 ± 631	3999	-

Tejhozam (2. laktáció)

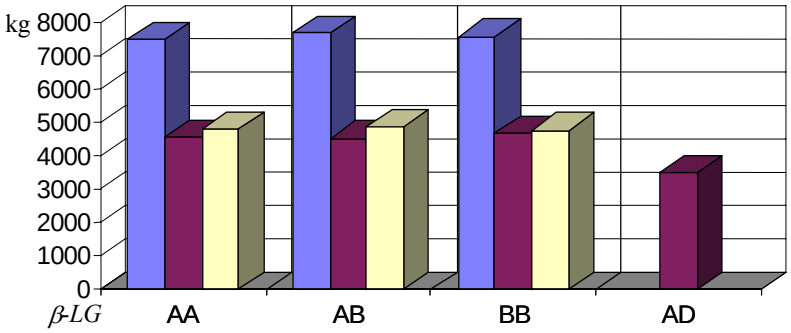


κ-CN	AA	AB	BB	AE	BE	EE
HF	8327 ± 111	8450 ± 150	8601 ± 321	8514 ± 303	8838 ± 444	8452 ± 413
MT	5399 ± 102 *g,h*	5061 ± 139 *g,i*	4524 ± 227 *h,i*	4687	-	-
HuF	5587 ± 122	5427 ± 119	5399 ± 131	5547 ± 732	5630 ± 754	-

4-17. ábra: A κ-CN genotípusok hatása a standard 305 napos tejtermelésre (kg ± SE). *a-a P*=0,016; *b-b P*=0,001; *c-c P*=0,051; *d-d P*=0,046; *g-g P*=0,049; *h-h P*=0,004; *i-i P*=0,096.

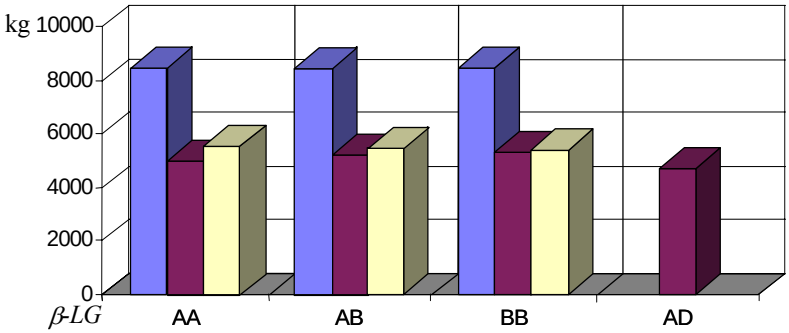
volt képes felülmúlni 8838 kg-os termeléssel (ami 413 kg-mal van a populációátlag felett). Mind a *MT* mind a *HuF* tehenek esetében *AE>AA>AB>BB*(*>BE*) irányban csökken az első laktációs tejtermelés. A *MT* populációban az egyetlen *AE* genotípust mutató egyed 807 kg-mal haladta meg, a *BB* egyedek pedig 852 kg-mal maradtak el a populációátlagtól. A *HuF* tehenek esetében ez +226 ill. -158 kg volt. Itt a legkevesebb tejet egy *BE* genotípusú tehén termelte, 818 kg-mal maradva el a populáció átlagos tejtermelésétől. A második laktációban a *HF* tehenek esetében *BE>BB>AE>EE>AB>AA* irányban csökken a tejtermelés (4-17. ábra). A legmagasabb teljesítményt nyújtó *BE* genotípus 413 kg-mal múlja felül, a legkevesebbet termelő *AA* genotípus pedig 98 kg-mal marad el a populáció átlagtermelésétől. Ha a ritka genotípusokat nem vettem figyelembe, akkor a második laktációs *MT* és *HuF* állományban ugyanaz a tendencia érvényesült, mint az első laktációban (*AA>AB>BB*). Mindkét laktációban szignifikánsnak adódott a κ-CN lókusz genetikai hatása (M2-18. és M2-19. táblázat, ld. függelék) a *MT* állományban mind egytényezős varianciaanalízissel (*P*<0,001), mind GLM módszerrel (*P*=0,05) vizsgálva, és szintén szignifikáns a *HuF* fajtában (*P*<0,05) GLM módszerrel nézve az első laktációban.

Tejhozam (1. laktáció)



HF	7486 ± 117	7665 ± 86	7593 ± 105	-
MT	4570 ± 141	4524 ± 95	4673 ± 155	3496
HuF	4804 ± 219	4861 ± 107	4767 ± 109	-

Tejhozam (2. laktáció)



HF	8416 ± 189	8447 ± 114	8409 ± 140	-
MT	4963 ± 207	5235 ± 106	5345 ± 154	4663
HuF	5565 ± 175	5502 ± 101	5378 ± 124	-

4-18. ábra: A β-LG genotípusok hatása a standard 305 napos tejhozamra (kg ± SE).

β-LG

A β-LG genotípusok esetében a kutatók egy része több fajtát is vizsgálva nem talált összefüggést a tejhozammal [*Comberg és mtsai*, 1964; *Gonyon és mtsai*, 1987; *Haenlein és mtsai*, 1987; *Jairam és Nair*, 1983; *Lin és mtsai*, 1986; *McLean és mtsai*, 1984; *Ng-Kwai-Hang és mtsai*, 1984, 1990*a*].

A hazai fajták közül egyedül GLM módszerrel vizsgálva és kizárólag a *HuF* állomány esetében van a β-LG lókusznak szignifikáns (P<0,05) hatása az első laktációs tejtermelésre (M2-18. és M2-19. táblázat, ld. függelék).

Bár az egyes genotípusok közötti különbségek nem szignifikánsak, mind az első, mind a második laktációs *HF* állatok, valamint az első laktációs *HuF* tehenek közül az *AB* heterozigóta genotípus adta a legtöbb tejet (7665 kg és 8447 kg, ill. 4861 kg) (4-18. ábra), ami megegyezik *Pupkova* [1980] és *Curic és mtsai* [1993] által az észt tarka ill. kroát szimentáli fajtában megfigyeltekkel. *Comberg és mtsai* [1964] ugyancsak az *AB* genotípus fölényét tapasztalták az *AA* genotípussal szemben, de náluk a lókusz hatása is szignifikánsnak adódott. *Ng-Kwai-Hang és mtsai* [1986], *Bovenhuis és mtsai* [1992], *Aleandri és mtsai* [1990] szintén a β-LG genotípusok szignifikáns hatását de ezen belül az *A* allél magasabb tejhozamát tapasztalták. *Ikonen és mtsai* [1999] vizsgálatai szerint pedig a lókusz hatása közel szignifikáns (P=0,051). A hazai állományokban az egyes β-LG genotípusok hatása nem adódott ugyan szignifikánsnak, de a második laktációban hasonló tendencia érvényesül: az *AA* genotípusú *HuF* tehenek termelték a legtöbb tejet (5565 kg), ami 104 kg-mal magasabb a populáció átlagánál (M2-8. ábra, ld. függelék). A *MT* állományban pedig, akárcsak a *Janicki* [1978] által tanulmányozott holstein-fríz populációban, mind az első, mind a második laktációban a β-LG *BB* egyedek termelése volt a legmagasabb.

Az egyes állományokra jellemző átlagos tejtermelés az első laktációban 7611 (*HF*), 4561 (*MT*) és 4817 kg-nak (*HuF*) adódott. Ez 814, 647 illetve 644 kg-mal volt kevesebb, mint a második laktációban (M2-17. táblázat, ld. függelék).

4.2.2. Fehérjetartalom

4.2.2.1. 305 napos tejfehérje-termelés

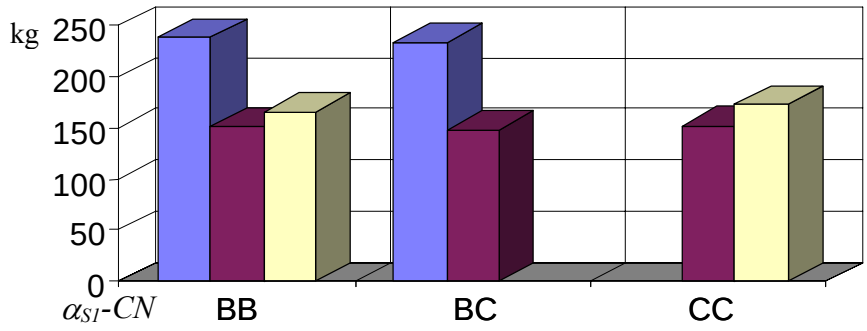
A vizsgált tehénpopulációk átlagos első és második laktációs tejfehérje-termelését a M2-17. táblázat (ld. függelék) tartalmazza. Az átlagos, standard 305 napos tejfehérje-termelésnek a megfelelő populációátlagoktól való eltérését a M2-9. és M2-10. ábra szemlélteti (ld. függelék).

α_{S1}-CN

A tejfehérje genotípusok és a tej összetételének kapcsolatát vizsgáló szerzők egy része arra a következtetésre jutott, hogy nincs kapcsolat az α_{S1}-CN genotípusok és a tej fehérjetartalma között [*Kim*, 1994; *Gonyon és mtsai*, 1987; *Ng-Kwai-Hang, és mtsai*, 1990*a*; *McLean és mtsai*, 1984]. *Aleandri és mtsai* [1990] valamint *Bovenhuis és mtsai* [1992] viszont arról számolnak be, hogy az α_{S1}-CN lókusz szignifikáns hatással van a fehérjetermelésre. A hazai fajták vizsgálata során sem "egy-génes" analízissel, sem GLM módszerrel nem sikerült egyik laktációban sem szignifikáns kapcsolatot kimutatni a tejfehérje-termelés és az α_{S1}-CN genotípusok között (M2-18. és M2-19. táblázat, ld. függelék). Azonban mind a három fajtában és mindkét laktációban a *BB* genotípust hordozó állatok felülmúlták az *AB* genotípusokat (4-19. ábra). Ez tendenciájában megegyezik *Lin és mtsai* [1986], *Graml és mtsai* [1986*a*], *McLean és mtsai* [1984], *Ng-Kwai-Hang és mtsai* [1984], valamint *Aleandri és mtsai* [1990] megfigyelésével. Ők e lókusz szignifikáns hatásáról számoltak be, és szintén a *BB* genotípus magasabb tejfehérje-termelését tapasztalták. A hazai fajták mindegyike esetében a *BB* genotípusok tejfehérje-termelése meghaladta a megfelelő populációátlagokat, és az első laktációban 4,5 (*HF*), 2,77 (*MT*) ill. 4,1 kg-mal (*HuF*), a második laktációban pedig 11,4 (*HF*), 7,2 (*MT*) és 7 kg-mal (*HuF*) múlták felül a *BC* genotípusok termelését, melyek mindig a populációátlagok alatt maradtak (M2-9. és M2-10. ábra). Ahol a *C* allél homozigóta formában is előfordult (*MT* és *HuF*), ott a *CC* genotípusok még a *BB* genotípusnál is kedvezőbb fehérjetermelést mutattak. Homozigóta *CC* genotípusú állatokat, azok alacsony előfordulási gyakorisága miatt, csak kevesen vontak be vizsgálataikba. *Graml és mtsai* (1986*a*] a bajor tarka fajtában hasonló tendenciát figyeltek meg (*CC*>*BB*>*BC*), a

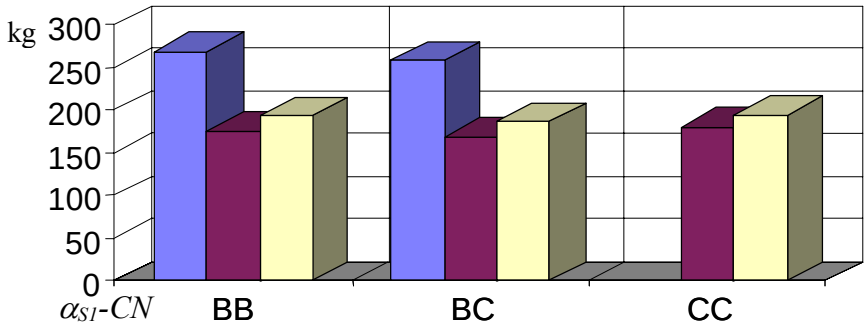
bajor Braunvieh - brown swiss keresztezett állatok esetében azonban azt találták, hogy a *CC* genotípus fehérjetermelése meghaladta ugyan a *BC* genotípusét, de alulmaradt a *BB*-vel szemben.

Fehérjetermelés (1. laktáció)



HF	238,3 ± 2,0	233,8 ± 8,8	-
MT	151,7 ± 2,5	148,3 ± 5,0	152,6 ± 13,3
HuF	165,9 ± 3,1	161,8 ± 8,5	172,3 ± 17,0

Fehérjetermelés (2. laktáció)



HF	269,6 ± 2,9	258,2 ± 12,0	
MT	175,7 ± 3,0	168,5 ± 4,4	179,8 ± 27,6
HuF	192,7 ± 2,9	185,7 ± 5,4	194,5 ± 29,6

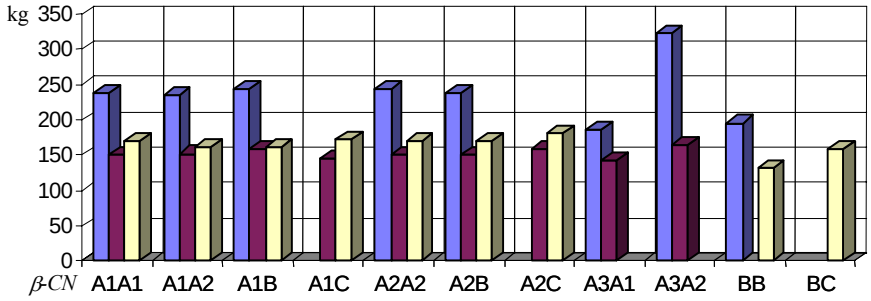
4-19. ábra: Az α_{S1}-CN genotípusok hatása a standard 305 napos tejfehérje-termelésre (kg ± SE).

β-CN

A kutatók egy része [pl. *Bech és Kristiansen*, 1990; *Bovenhuis és mtsai*, 1992; *Graml és mtsai*, 1986*a*; *Ikonen és mtsai* [1999]; *Lin és mtsai*, 1986; *NgKwai-Hang és mtsai*, 1984] a β-CN genotípusok és a tejfehérje-termelés szignifikáns kapcsolatáról számolnak be. *Bech és Kristiansen* [1990] a dán vörös és fekete-tarka fajtákat vizsgálva arra a megállapításra jutott, hogy mind az első, mind a második laktációban az A^2A^2 genotípusok felülmúlják az A^1A^1 genotípusok termelését. *NgKwai-Hang és mtsai* [1984] a homozigóta β-CN *A* genotípusok (A^1, A^2 vagy A^3) fölényéről számoltak be. *Bovenhuis és mtsai* [1992] mind "egy-génes" (*P*=0,007), mind "több-génes" analízissel (*P*=0,005) a β-CN lókusz szignifikáns hatását állapították meg holstein-fríz keresztezett állományokban. *Graml és mtsai* [1986*a*] a különböző *A* allélok között különbséget nem téve *P*=0,05 szinten találtak szignifikáns összefüggést a fehérjetermelés és a β-CN lókusz között. Az általuk vizsgált állományokban *BC>AC>BB>AA>AB* tendencia szerint alakult az állatok teljesítménye. *Lin és mtsai* [1986], *Ikonen és mtsai* [1999] pedig az A^2 allél fölényéről ($A^2A^2>A^1A^2>A^1A^1$) számoltak be. *Aleandri és mtsai* [1990], *Ng-Kwai-Hang és mtsai* [1990*a*], *McLean és mtsai* [1984] szerint viszont a β-CN genotípusok hatása nem szignifikáns. Hozzájuk hasonlóan én sem tudtam

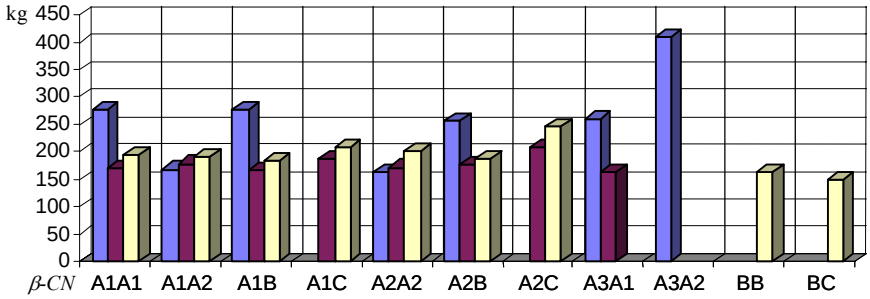
szignifikáns kapcsolatot kimutatni (M2-18. és M2-19. táblázat, ld. függelék). A hazai fajtákban, ahol jelen voltak, minden esetben a ritka A^2A^3 (*HF* 1+2.lakt., *MT* 1. lakt.) ill. A^2C (*MT* 2. lakt., *HuF* 1+2. lakt.) genotípus mutatta a legmagasabb fehérjetermelést (4-20. ábra), messze meghaladva a populációátlagokat (M2-9. és M2-10. ábra, ld. függelék). A szintén ritka *BB*, *BC* és A^3A^1 genotípusok pedig következetesen, minden fajtában, a laktáció számától függetlenül átlagon aluli fehérjetermelést produkáltak. A többi genotípus esetében ilyen általános érvényű tendencia nem állapítható meg, azok a vizsgált fajtától függően hol a populációátlagok felett, hol alatta termelnek. Csak a leggyakoribb (A^2A^2, A^1A^2, A^1A^1) genotípusokat tekintve a *HF* populációban az első laktáció során az $A^2A^2>A^1A^1>A^1A^2$ tendencia érvényesül, itt az A^2A^2 genotípusok átlagos fehérjetermelése 243,7 kg, ami 5,7 kg-mal haladja meg a populáció átlagát, ill. 6,7 kg-mal az A^1A^1, és 8,5 kg-mal az A^1A^2 genotípusok termelését. A második laktációban ez a tendencia megváltozik ($A^1A^1>A^1A^2>A^2A^2$), az A^1A^1 termelése 9,2 kg-mal haladja meg a populáció átlagát és 110,3 ill. 116,1 kg-mal az A^1A^2 ill. A^2A^2 genotípusok átlagos termelését. A *MT* állományban mindkét laktációban az A^1A^2 genotípus termeli a legtöbb fehérjét, 151,7 és 178,1 kg-ot, vagyis 0,7 ill. 3,7 kg-mal többet a populációátlagnál. A legalacsonyabb fehérje-kg-ot az első laktációban az A^2A^2, a másodikban viszont az A^1A^1 produkálja. Ez az első laktációban az átlagos termelés körül alakul (+0,1 kg), míg a másodikban alatta marad (-4,2 kg). Egyedül a *HuF* tehenek körében mutatkozik mind az első, mind a második laktációban ugyanaz a tendencia ($A^2A^2>A^1A^1>A^1A^2$). Az A^2A^2 mintegy 8,3 (1. lakt.) ill. 10,9 kg-mal (2. lakt.) múlja felül az A^1A^2 genotípust.

Fehérjetermelés (1. laktáció)



HF	237,0 ± 4,4	235,2 ± 2,7	242,0 ± 9,6	-	243,7 ± 3,9	237,9 ± 9,7	-	186,9	322,8	195,2	-
MT	151,1 ± 6,9	151,7 ± 3,3	159,3 ± 7,0	144,4	149,5 ± 4,0	150,5 ± 0,2	158,5	141,4	163,9	-	-
HuF	169,3 ± 9,1	161,6 ± 5,2	160,8 ± 6,1	171,7	169,9 ± 6,1	170,6 ± 8,1	180,8	-	-	131,7	158,7

Fehérjetermelés (2. laktáció)



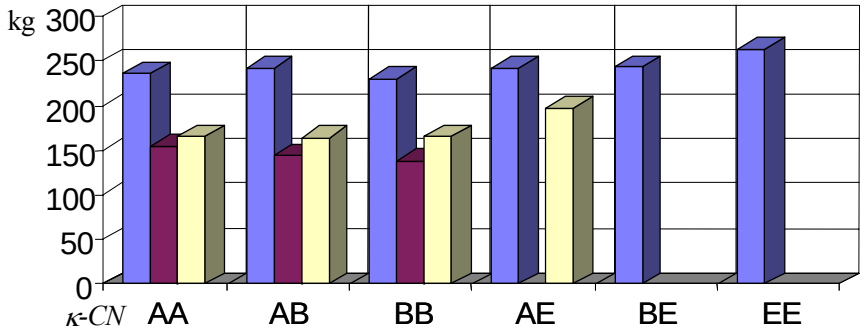
HF	277,9 ± 6,2	167,6 ± 4,1	277,2 ± 2,8	-	161,8 ± 6,1	257,4 ±15,3	-	260,1	409,8	-	-
MT	170,2 ± 8,3	178,1 ± 4,5	165,7 ± 9,2	187,0	171,4 ± 3,6	176,4 ±10,4	207,5	162,0 ± 5,3	-	-	-
HuF	193,7 ± 6,5	190,5 ± 4,4	183,6 ± 8,9	206,4	201,4 ± 5,3	186,3 ± 5,1	246,2	-	-	163,1	149,3

4-20. ábra: A β-CN genotípusok hatása a standard 305 napos tejfehérje-termelésre (kg ± SE).

κ-CN

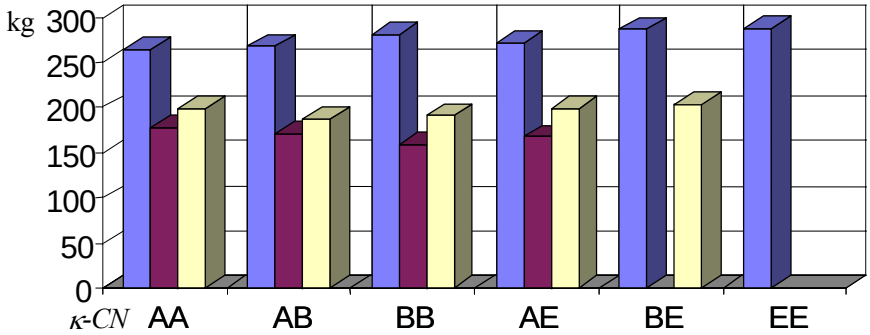
A κ-CN lókuszban legáltalánosabban előforduló genotípusok az *AA*, *AB* és *BB*. A fellelhető irodalmak többsége ezen genotípusokra vonatkozik. *Ng-Kwai-Hang és mtsai* [1984, 1990*a*], *Aleandri és mtsai* [1990] holstein-fríz tehenek termelési adatait vizsgálva a κ-CN lókusz tejfehérje-termelésre gyakorolt szignifikáns (P<0,05) hatását mutatták ki, és mindkét csoport a *BB* genotípus fölényét tapasztalta. Ezzel szemben *Bovenhuis és mtsai* [1992], *Graml és mtsai* [1986*a*] *Ikonen és mtsai* [1999], valamint *Lin és mtsai* [1986] nem találtak szignifikáns kapcsolatot a κ-CN lókusszal. *Graml és mtsai* [1986*a*] a vizsgált fajtától függően azonban hol az *AA* (bajor fekete-tarka) hol a *BB* (bajor Braunvieh - brown swiss keresztezett) genotípus lókuszon belüli legmagasabb tejfehérje-termeléséről számoltak be. *Lin és mtsai* [1986] szerint pedig a *BB* genotípus a legelőnyösebb (*BB*>*AB*>*AA*). *Ikonen és mtsai* [1999] vizsgálatai kiterjedtek a ritka, κ-CN *E* allélt tartalmazó genotípusok vizsgálatára is. Az általuk vizsgált finn ayrshire fajtában a κ-CN genotípusok közül a *BE* volt a legkedvezőbb (*BE*>*AB*>*AE*> >*EE*>*BB*>*AA*). A hazai

Fehérjetermelés (1. laktáció)



	AA	AB	BB	AE	BE	EE
HF	236,1 ± 2,7	241,3 ± 3,7	230,5 ± 6,8	241,5 ± 5,9	243,3 ± 9,3	263,4 ± 22,3
MT	154,8 ± 2,5 *a*	143,9 ± 4,2 *a*	137,7 ± 8,8	-	-	-
HuF	165,5 ± 3,9	163,6 ± 4,9	165,0 ± 4,5	196,5 ± 32,4	-	-

Fehérjetermelés (2. laktáció)



	AA	AB	BB	AE	BE	EE
HF	264,7 ± 4,0	267,9 ± 5,4	281,3 ± 10,5	270,9 ± 10,3	286,5 ± 13,6	287,9 ± 14,7
MT	178,0 ± 3,2	171,3 ± 4,9	160,0 ± 9,3	167,3	-	-
HuF	198,8 ± 4,4	187,5 ± 3,7	190,8 ± 5,5	198,6 ± 46,3	203,0	-

4-21. ábra: A κ-CN genotípusok hatása a standard 305 napos tejfehérje-termelésre (kg ± SE). *a-a P*=0,022.

fajták sem mutatnak egységes képet. A κ-CN lókusz hatása a vizsgált hazai állományok esetében egy kivétellel nem szignifikáns. Az első laktációs *MT* állományban találtam egyértelműen szignifikáns (P<0,05) összefüggést a

tejfehérje-termelés és a κ-CN genotípusok között (M2-18. és M2-19. táblázat, ld. függelék), ahol a termelt tejfehérje mennyisége *AA* (154,8 kg) > *AB* (143,9 kg) > *BB* (137,7 kg) irányban csökkent, ami +3,8, -7,1 ill. -13,3 kg-mal tér el a populáció átlagos termelésétől (M2-9. és M2-10. ábra, ld. függelék). Az *AA* ill. *AB* genotípusok közötti különbség t-próbával vizsgálva szignifikánsnak adódott (*P*=0,022). Ez a tendencia, attól függetlenül, hogy a lókusz hatása már nem szignifikáns, a második laktációban sem változik. Továbbra is az *AA* genotípusok termelik a legtöbb fehérjét, átlagosan 178 kg-ot (4-21. ábra), ami 6,7 ill. 18 kg-mal haladja meg az *AB* ill. *BB* genotípusokat, és 3,6 kg-mal a populációátlagot. A *HuF* tehenek körében az *AA*>*BB*>*AB* tendencia érvényesül. A *BB* és *AB* genotípusok éves átlagos fehérjetermelése mindkét laktációban a populációátlag alatt maradt (-0,3 és -0,4, ill. -1,7 és -3,7 kg), csupán az *AA* tehenek haladták azt meg 0,2 ill. 7,6 kg-mal. A *HF* állományban különböző tendencia érvényesült a különböző laktációkban. Az elsőben az *AB* genotípus 5,2 ill. 10,8 kg-mal múlta felül az *AA* ill. *BB* genotípusokat és 3,3 kg-mal a populáció 238 kg-os átlagát. A másodikban pedig a *BB* genotípus bizonyult 13,4 ill. 16,6 kg-mal jobbnak mint az *AB* ill. *AA*, 12,6 kg-mal többet termelve, mint a populáció átlaga. Általánosan érvényes, hogy ahol a ritka *EE* ill. *BE* genotípusok előfordulnak, ott ezek mindig meghaladják nemcsak a populáció átlagtermelését, hanem az *AA*, *AB* és *BB* genotípusok termelését is. E mellett az *E* allél homozigóta formában még előnyösebb, mint heterozigótaként (*EE*>*BE*).

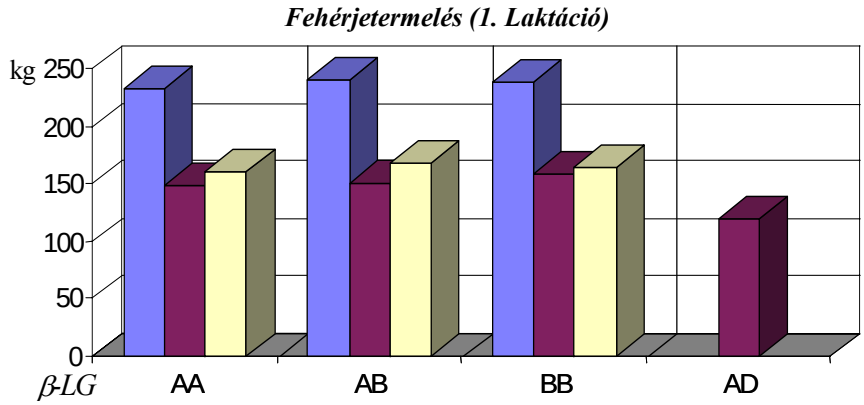
β-LG

A β-LG lókusz szignifikáns hatásáról a fehérjetermelésre több kutatócsoport is beszámolt [*Aleandri és mtsai*, 1990; *Bech és Kristiansen*, 1990; *Bovenhuis és mtsai*, 1992; *Ng-Kwai-Hang és mtsai*, 1984, 1990*a*]. *Aleandri és mtsai* [1990] és *Ng-Kwai-Hang és mtsai* [1984] holstein-fríz, *Ikonen és mtsai* [1999] pedig finn ayrshire tehenek tejfehérje-termelését értékelve arra a következtetésre jutottak, hogy a lókuszon belül az *AA* genotípus a legelőnyösebb, felülmúlja mind a *BB*, mind az *AB* genotípusok termelését. Ezzel szemben *Bech és Kristiansen* [1990], valamint *Bovenhuis és mtsai* [1992] vizsgálatai azt mutatták, hogy a *BB* genotípus termelése a legmagasabb. *Graml és mtsai* [1986*a*], *Lin és mtsai* [1986] nem tudtak szignifikáns kapcsolatot kimutatni a β-LG lókusz és a tejfehérje-termelés között, de a bajor fajtákban az *AA*>*AB*>*BB*, míg a holstein-fríz - ayrshire keresztezett állatok esetében a *AA*>*BB*>*AB* tendencia volt megfigyelhető. Ahol a ritka *AD* és *BD* genotípus képviselve volt, ott azok termelése felülmúlta az összes többi genotípust [*Graml és mtsai*, 1986*a*].

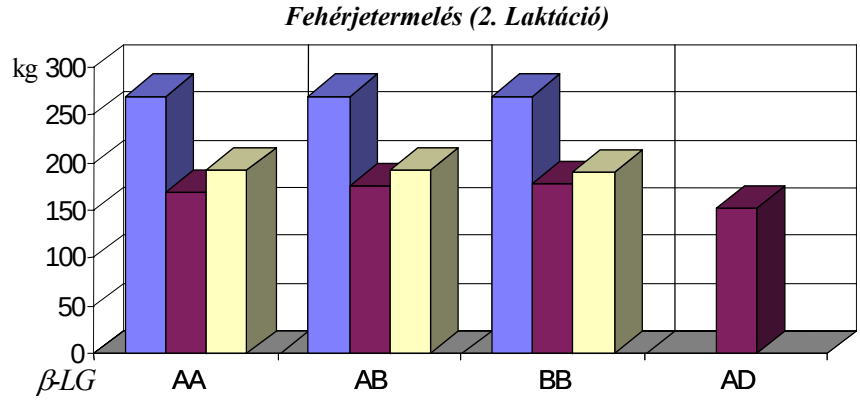
A hazai állományok közül csupán az első laktációs *HuF* állományban bizonyult a β-LG lókusz hatása közel szignifikánsnak (*P*<0,1) (M2-19. táblázat, ld. függelék). Itt az egyes genotípusok közötti különbségek ugyan nem szignifikánsak, de a legmagasabb fehérjetermeléssel az *AB* genotípus rendelkezik (4-22. ábra), 2,6 kg-mal magasabbal, mint a populációátlag (M2-9. ábra, ld. függelék). A *BB* és *AA* genotípusok 1,9 ill. 4.5 kg híján nem érik el ezt az átlagot. A második laktációban ez a sorrend kissé megváltozik (M2-10. ábra, ld. függelék), a legelőnyösebb genotípus marad az *AB* (193 kg), de az *AA* genotípus (192,2 kg) itt már felülmúlja a *BB*-t (189 kg), a populáció átlaga pedig 191,2 kg-ra emelkedik. A *MT* esetében mindkét laktációban a *BB*>*AB*>*AA* sorrend érvényes (4-22. ábra). A *BB* genotípusú tehenek az első laktációban 6,7 kg-mal, a másodikban pedig 3,3 kg-mal haladják meg a populáció átlagát (151 ill. 174,4 kg). A *HF* tehenek esetében különböző tendencia érvényesül az első és második laktációban. Az elsőben az *AB* genotípus rendelkezik a legmagasabb fehérje-kg értékkel, a legalacsonyabbal pedig az *AA* (4-22. ábra). A második laktációban az *AA* és *BB* termelése azonos (269,4 kg), ami 1 kg-mal haladja meg az *AB* genotípust.

4.2.2.2. A tej %-os fehérjetartalma

A tej %-os fehérje-tartalmának alakulását a 4-23., 4-24., 4-25. és 4-26. ábra szemlélteti. A %-os fehérjetartalom populációátlagtól való eltérését a M2-11. és M2-12. ábra tünteti fel (ld. függelék). A tej fehérjetartalma a *HF* fajtában a legalacsonyabb, a populáció átlaga az első laktációban 3,12%, a másodikban pedig 3,18%. A *MT* teheneké átlagosan 3,30 ill. 3,36% fehérjét tartalmaz, míg a legmagasabb fehérjetartalma a *HuF* tehenek tejének volt, ez mintegy 3,61% ill. 3,67% (M2-17. táblázat, ld. függelék).



HF	231,8 ± 3,7	240,1 ± 2,8	238,4 ± 3,4	-
MT	147,6 ± 5,3	150,6 ± 2,8	157,7 ± 4,6	118,6
HuF	160,8 ± 6,5	167,9 ± 4,8	163,4 ± 3,9	-



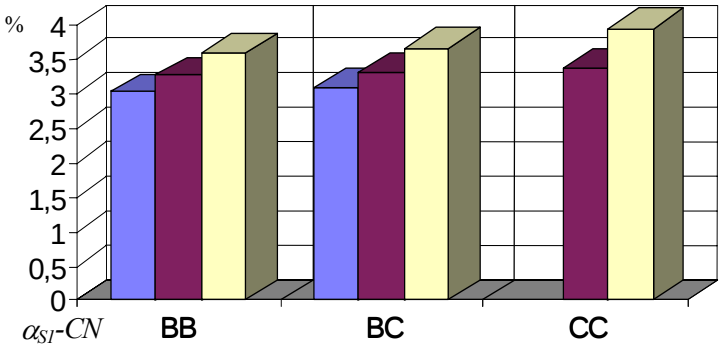
HF	269,4 ± 6,3	268,4 ± 4,1	269,4 ± 5,2	-
MT	168,1 ± 6,5	175,4 ± 3,6	177,7 ± 4,5	151,5
HuF	192,2 ± 7,4	193,0 ± 3,6	189,0 ± 4,1	-

4-22. ábra: A β-LG genotípusok hatása a standard 305 napos tejfehérje-termelésre (kg ± SE).

α_{S1}-CN

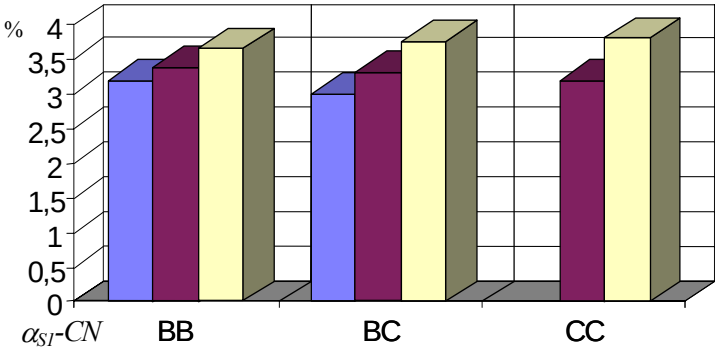
Kim [1994], *Gonyon és mtsai* [1987], *McLean és mtsai* [1984] nem tudtak szignifikáns összefüggést kimutatni a tej %-os fehérjetartalma és az α_{S1}-CN genotípusok között. A szerzők többsége [*Aleandri és mtsai*, 1990; *Bovenhuis és mtsai*, 1992; *Buchberger és mtsai*, 1982; *Haenlein és mtsai*, 1987; *Hoogendoorn és mtsai*, 1969; *Lodes és mtsai*, 1997; *Ng-Kwai-Hang és mtsai*, 1990*a*] szerint viszont az α_{S1}-CN lókusz szignifikáns hatással van a fehérje-tartalomra. E szerzők *Haenlein és mtsai* [1987] kivételével, aki *Graml és mtsai*-hoz [1985] hasonlóan a *CC* genotípusnál találta a legmagasabb fehérjetartalmat, általában a *BC* genotípus fölényéről számoltak be. A *BC* genotípus fölényét egyetlen hazai fajta sem mutatta (4-23. ábra). Az első laktációs *MT* és mindkét laktációban a *HuF* tehenek közül a *CC* tejének fehérjetartalma volt a legmagasabb, 3,36% (*MT*, 1. lakt.), 3,94% (*HuF*, 1. lakt.) és 3,80% (*HuF*, 2. lakt.), ami 0,06, 0,33 ill. 0,13%-kal haladta meg a populációátlagokat (M2-11. és M2-12. ábra, ld. függelék). Az első laktációs *MT* állatok esetében tapasztalható *CC>BC>BB* tendencia a második laktációban pont az ellenkezőjére fordul. A *CC* genotípus már nem a legjobb, hanem a legalacsonyabb fehérje %-ot produkálja (3,20%), a *BB* pedig a legmagasabbat (3,38%). A *HF* populációban mind az első, mind a második laktáció során azonos

Fehérjetartalom (1. laktáció)



HF	3,13 ± 0,01	3,08 ± 0,08	-
MT	3,29 ± 0,02	3,30 ± 0,05	3,36 ± 0,09
HuF	3,59 ± 0,02 *a*	3,67 ± 0,05 *b*	3,94 ± 0,07 *a,b*

Fehérjetartalom (2. laktáció)



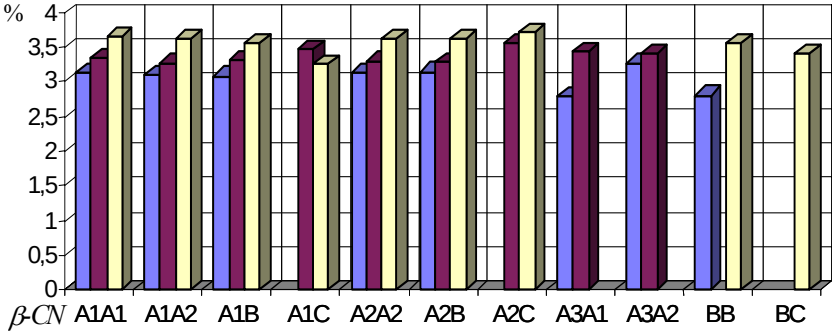
HF	3,20 ± 0,01 *c*	3,00 ± 0,07 *c*	-
MT	3,38 ± 0,02	3,31 ± 0,05	3,20 ± 0,10
HuF	3,65 ± 0,02 *d,e*	3,75 ± 0,04 *d*	3,80 ± 0,05 *e*

4-23. ábra: Az α_{S1}-CN genotípusok hatása a tej fehérje-tartalmára (% ± SE).
a-a P=0,013; *b-b P*=0,064; *c-c P*<0,0005; *d-d P*=0,021; *e-e P*=0,080.

tendencia érvényesül. A *BB* állatok tejének átlagos fehérjetartalma (3,13% ill. 3,20%) magasabb mint a *BC* állatoké (3,08 ill. 3,00%). E lókuszon belül nincs olyan genotípus, amely laktációtól és fajtától függetlenül átlagon felüli %-os fehérjetartalmat mutatna.

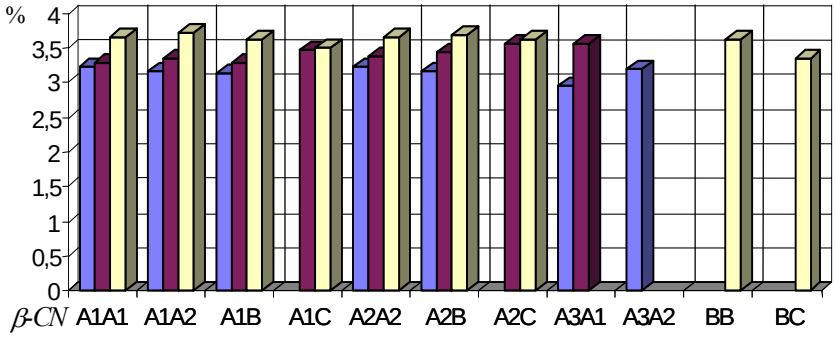
Ellentétben *Haenlein és mtsai*val [1987], akik mind "egy-génes", mind "több-génes" analízissel az α_{S1}-CN lókusz szignifikáns hatását írták le a guernsey fajtában, *Bovenhuis és mtsai* [1992] holstein-fríz állatokat vizsgálva csak az "egy-génes" modell segítségével találtak szignifikáns hatást (*P*=0,003). "Több-génes" analízissel már nem, ill. csak közel szignifikánsnak (*P*=0,089) adódott a kapcsolat. Hasonló a helyzet a hazai *HF* és *HuF* állományban. Egytényezős varianciaanalízissel kiértékelve az állatok termelési eredményeit a *HuF* állatok esetében mindkét laktációban (*P*<0,05), a *HF* teheneknél pedig a második laktációban (*P*<0,0005) találtam szignifikáns összefüggést (M2-18. táblázat, ld. függelék). GLM módszerrel a lókusz hatása nem szignifikáns (M2-19. táblázat, ld. függelék), de az egyes genotípusok közötti különbségek t-próbával szignifikánsnak bizonyultak (4-23. ábra). A *MT* állományban pedig sem az első, sem a második laktációban nincs szignifikáns hatása az α_{S1}-CN lókusznak.

Fehérjetartalom (1. laktáció)



HF	3,13 ±0,03	3,11 ±0,01	3,09 ±0,06	-	3,14 ±0,02	3,15 ±0,05	-	2,79	3,27	2,81	-
MT	3,34 ±0,05	3,27 ±0,03	3,31 ±0,07	3,46	3,30 ±0,03	3,29 ±0,10	3,57	3,57	3,44	-	-
HuF	3,65 ±0,07	3,62 ±0,04	3,56 ±0,06	3,26	3,62 ±0,05	3,62 ±0,06	3,71	-	-	3,55	3,40

Fehérjetartalom (2. laktáció)



HF	3,22 ±0,03	3,16 ±0,02	3,13 ±0,02	-	3,21 ±0,02	3,17 ±0,08	-	2,95	3,20	-	-
MT	3,29 ±0,06	3,34 ±0,04	3,29 ±0,02	3,48	3,37 ±0,04	3,44 ±0,08	3,56	3,55 ±0,01	-	-	-
HuF	3,65 ±0,06	3,72 ±0,04	3,63 ±0,05	3,51	3,66 ±0,03	3,67 ±0,04	3,62	-	-	3,62	3,35

4-24. ábra: A β-CN genotípusok hatása a tej fehérje-tartalmára (% ± SE).

β-CN

Aleandri és mtsai [1990], *Haenlein és mtsai* [1987], *Hartung és Gernand* [1993] *Kim* [1994], *McLean és mtsai* [1984], valamint *Ng-Kwai-Hang és mtsai* [1990*a*] nem tudtak összefüggést kimutatni a β-CN genotípusok és a fehérjetartalom között. A β-LG lókusz szignifikáns hatását írták le *Bech és Kristiansen* [1990] jersey, *Hoogendoorn és mtsai* [1969] tejelő shorthorn, *Ikonen és mtsai* [1999] finn ayrshire fajtában, *Bovenhuis és mtsai* [1992] holstein-fríz típusú keresztezett állományban, és *Lodes és mtsai* [1997] több német fajtához tartozó egyedi tejminták vizsgálata alapján. *Bovenhuis és mtsai* [1992] és *Ng-Kwai-Hang és mtsai* [1986] arról számoltak be, hogy az A^1B és *BB* tej fehérjetartalma magasabb mint a A^1A^1 tejé, és *Ikonen és mtsai* [1999] szerint az A^2A^2 ill. A^1A^2 is jobb, mint az A^1A^1 ($A^2A^2 > A^1A^2 > A^1A^1$). *Gonyon és mtsai* [1987] is igazolták *Ng-Kwai-Hang és mtsa*inak [1986] azt a megfigyelését, miszerint a β-CN A^1 allél előnyösebb, mint az A^2. *Bech és Kristiansen* [1990] azt tapasztalták, hogy az A^2A^2 genotípus magasabb fehérjetartalmat mutat, mint a *BB*. *Lodes és mtsai* [1997] vizsgálati eredményei szerint is szignifikáns különbségek vannak az egyes genotípusok fehérjetartalma között: a legalacsonyabb fehérje %-kal a *BB* vagy A^2A^2 tejek, míg a legmagasabbal az A^2C genotípushoz tartozók rendelkeznek. *Graml és mtsai* [1985] a

három *A* allél (A^1, A^2, A^3) között különbséget nem téve a legmagasabb fehérjetartalmat az *AC* genotípushoz rendelte. A hazai állományok esetében leggyakrabban a legritkább genotípusok, pl. A^2C vagy A^3A^2 mutatják a legmagasabb fehérjetartalmat (1. laktáció: *HF* - A^3A^2, *MT* - A^2C, *HuF* - A^2C; 2. laktáció: *MT* - A^2C) (4-24. ábra). Ezekből az adatokból azonban nem lehet messzemenő következtetéseket levonni, mert rendszerint csupán 1-1 állatról van szó, így statisztikai értékelés nem lehetséges. Azonban utalni szeretnék a kiemelkedő teljesítményt nyújtó, ritka genotípusokat hordozó egyedek potenciális jelentőségére az embriódonor ill. sejtmagdonorként történő hasznosítás terén. A β-CN lókusz gyakoribb, fajtánként legalább 4 egyeddel képviselt genotípusai az A^2A^2, A^2A^1, A^1A^1, A^1B és A^2B (M2-16. táblázat, ld. függelék). Ezek közül azonban egyetlen olyan genotípust sem találtam, amely következetesen, fajtától és laktációszámtól függetlenül mindig a populációátlag feletti vagy alatti fehérjetartalmat mutatott volna, az A^1B genotípus azonban az első laktációs *MT* állomány kivételével mindig a legalacsonyabb fehérje %-ot produkálja. Az első laktációs *HF* állományban és a második laktációs *MT* állatok esetében a leggyakoribb genotípusok közül az A^2B volt a legelőnyösebb, 3,15%-os és 3,44%-os fehérjetartalommal, ami 0,03 ill. 0,08%-kal haladta meg a populáció-átlagokat (M2-11. és M2-12. ábra, ld. függelék), és 0,06 ill. 0,15%-kal a leggyengébb A^1B genotípust. Az első laktációs *MT* és részben a *HuF* állományban (itt A^1A^1=A^1A^2=A^2A^2), valamint a második laktációs *HF* populációban a statisztikailag értékelhető számmal képviselt genotípusok közül az A^1A^1 mutatja a legmagasabb fehérje %-ot (3,34%, 3,65% és 3,22%), mely mindhárom esetben 0,04%-kal haladja meg a populációátlagokat. A második laktációs *HuF* állomány az egyetlen, ahol az A^1A^2 genotípus fehérjetartalma meghaladja mind az A^2A^2, mind az A^1A^1 genotípusokat (4-24. ábra). A *HF* populációban laktációszámtól függetlenül, és az első laktációs *MT* állományban az A^1A^2 genotípus mindig rosszabb, mint a homozigóta A^1 és A^2. A második laktációs *MT* állatok közül az A^1A^2 fehérjetartalma az A^2A^2 és A^1A^1 közé esik, az első laktációs *HuF* tehenek körében pedig A^1A^1 vezet, 0,03%-kal felülmúlva az azonos, 3,62%-os fehérjetartalmú tejet produkáló A^1A^2, A^2A^2, és A^2B genotípusokat. Egytényezős varianciaanalízissel egyetlen esetben sem, GLM módszerrel pedig csak a második laktációs *MT* állományban találtam szignifikáns (P<0,05) kapcsolatot β-CN lókusz és a tej %-os fehérjetartalma között (M2-18. és M2-19. táblázat, ld. függelék).

κ-CN

Bár *Haenlein és mtsai* [1987], *Kim* [1994], *Lodes és mtsai* [1997] valamint *McLean és mtsai* [1984] nem találtak szignifikáns különbséget a κ-CN lókusz különböző genotípusai között, a lókusz szignifikáns hatását is több szerző leírta [*Aleandri és mtsai*, 1990; *Bovenhuis és mtsai*, 1992; *Gonyon és mtsai*, 1987; *Hoogendoorn és mtsai*, 1969; *Ikonen és mtsai*, 1999; *Munró*, 1978; *Ng-Kwai-Hang és mtsai*, 1984, 1986, 1990*a*], és mind arról számoltak be, hogy a *BB* genotípus mutatja a legmagasabb fehérjetartalmat, és legtöbbször a *BB*>*AB*>*AA* tendencia figyelhető meg. *Graml és mtsai* [1985] viszont több mint 4000 tejmintát megvizsgálva az *AA* genotípus esetében találtak magasabb fehérje %-ot, bár a különbség nem volt szignifikáns. A ritka *AC*, *AE*, *BC* és *BE* genotípusok hatását eddig csak kevesen vizsgálták. *Lodes és mtsai* [1997] szerint az *AC* genotípus alacsonyabb fehérje-tartalommal bír, mint az *AA*, míg a *BC* és *BB* tejek között nincs különbség. A κ-CN *AE* típusú tej 0,03%-kal alacsonyabb fehérjetartalmat mutatott, mint az *AA*, a *BE* tej pedig alig magasabbat, mint a *BB*. *Delacroix-Buchet és mtsai* [1993] az *AC* és *AA* genotípusok közül az *AC*-t találták előnyösebbnek. *Oloffs* [1991] az *AE* ill. *BE* genotípusokat az *AA* ill. *BB* genotípusokkal közel azonosra értékelte.

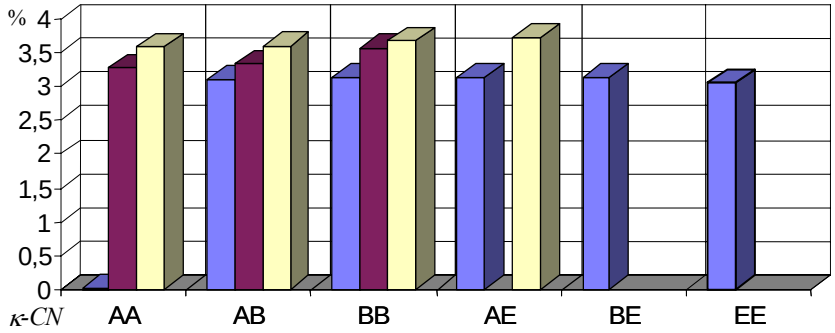
A gyakoribb genotípusok (*AA*, *AB*, *BB*) a hazai fajták közül a *MT* és *HuF* állományban az irodalmi adatok többségével megegyező módon a *BB*>*AB*>*AA* tendencia érvényesül mindkét laktációban (4-25. ábra). A *HF* tehenek esetében azonban az első laktáció során *BB*>*AA*>*AB* a sorrend. A *BB* genotípus 0,01%-kal haladta meg az *AA*-t, 0,04%-kal az *AB* genotípust és 0,02%-kal a populáció átlagát (3,12%). A második laktációban az *AA* és *BB* genotípusú állatok teje azonosan 3,18% fehérjét tartalmazott, ami éppen megfelel a populációátlagnak, és 0,01%-kal több, mint az *AB* genotípus.

A ritka genotípusok sem mutatnak sokkal egyöntetűbb képet. *Oloffs* [1991] eredményeihez hasonlóan az első laktációs *HF* állományban a *BE* ill. *AE* genotípusok a *BB* ill. *AA*-val megegyező fehérje %-ot mutatnak (*BB*=*BE*>*AA*=*AE*). Ez 3.14 ill. 3.13%, ami 0,02 ill. 0,01%-kal haladja meg a populáció átlagát (3,12%). A négy egyeddel képviselt *EE* genotípus pedig a lókusz leggyengébb értékét mutatja (3,05%). A második laktációban az egyetlen *EE* genotípusú állat termelte a legmagasabb fehérjetartalmú tejet (3,41%), 0,23%-kal magasabbat, mint a populáció átlaga (M2-12. ábra, ld. függelék), és a többi ritka genotípus is magasabb fehérje %-ot produkált, mint az

AA, *AB* és *BB* genotípusok (*EE*>*BE*>*AE*>...). A második laktációs *MT* állatok közül egyetlen állat képviselte az *AE* genotípust (M2-17. táblázat, ld. függelék). Tejének fehérjetartalma a *BB* és *AB* genotípus közé esett. A *HuF* állományban az első laktációban a lókuszon belül az *AE* genotípus a legkedvezőbb, 0,11%-kal haladja meg a 3,61%-os populációátlagot. A második laktációban a *BE* képviseli az egyik, az *AE* pedig a másik végletet (*BE*>*BB*>*AB*>*AA*>*AE*). A *BE* genotípust egyetlen állat, az *AE*-t három képviseli. Tejük fehérjetartalma 0,49%-kal haladja meg, ill. 0,10%-kal marad el a populáció átlagától.

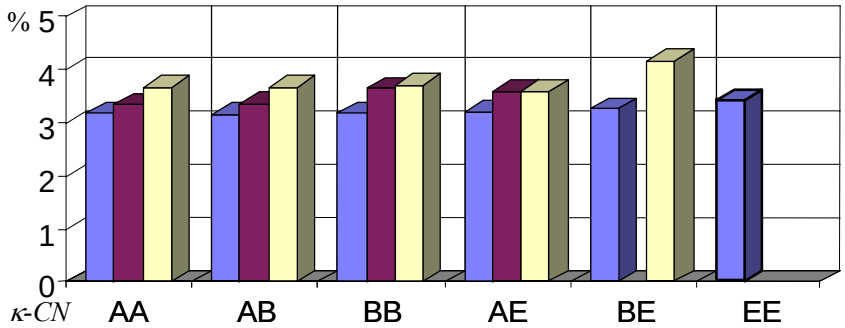
A κ-CN *BB* és ahol jelen volt ott a *BE* genotípus is következetesen, a fajtától és a laktáció számától függetlenül a populáció átlagát meghaladó fehérje %-ot eredményezett, egyedül a második laktációs *HF* esetében volt azonos a populációátlag értékével (M2-11. és M2-12. ábra, ld. függelék).

Fehérjetartalom (1. laktáció)



	AA	AB	BB	AE	BE	EE
HF	3,13 ± 0,02	3,10 ± 0,02	3,14 ± 0,03	3,13 ± 0,02	3,14 ± 0,06	3,05 ± 0,03
MT	3,27 ± 0,02 *a,b*	3,33 ± 0,03 *a*	3,57 ± 0,06 *b*	–	–	–
HuF	3,58 ± 0,04 *c*	3,59 ± 0,03 *d*	3,67 ± 0,05	3,72 ± 0,04 *c,d*	–	–

Fehérjetartalom (2. laktáció)



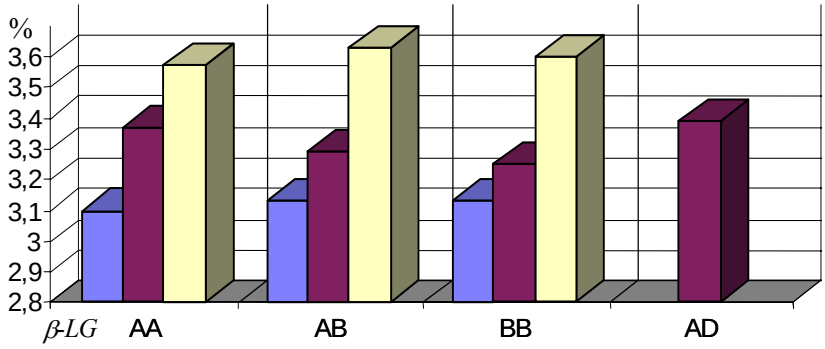
	AA	AB	BB	AE	BE	EE
HF	3,18 ± 0,02	3,17 ± 0,03	3,18 ± 0,04	3,21 ± 0,04	3,25 ± 0,04	3,41 ± 0,08
MT	3,33 ± 0,02 *e*	3,35 ± 0,04 *f*	3,64 ± 0,08 *e,f*	3,57	–	–
HuF	3,66 ± 0,04	3,67 ± 0,03	3,69 ± 0,04	3,57 ± 0,02	4,16	–

4-25. ábra: A κ-CN genotípusok hatása a tej fehérje-tartalmára (% ± SE).
a-a P=0,086; *b-b P*=0,015; *c-c P*=0,018; *d-d P*=0,025; *e-e P*<0,0005; *f-f P*=0,003.

A κ-CN lókusznak mind az első (*P*<0,05), mind a második laktációban (*P*<0,005) egytényezős varianciaanalízissel és GLM módszerrel egyaránt szignifikáns hatása van a tej %-os fehérje-tartalmára a *MT* állományban (M2-18. és M2-19. táblázat, ld. függelék). Itt az egyes genotípusok közötti különbségek is szignifikánsak (4-25. ábra). Ez megegyezik *Bovenhuis és mtsai* [1992] eredményeivel, akik a κ-CN lókusz hatását

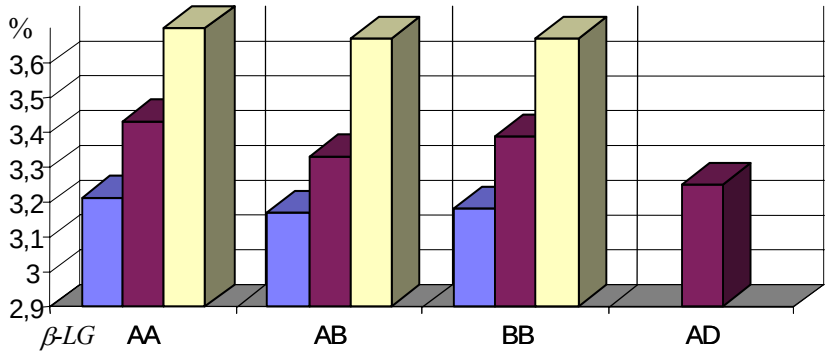
"egy-génes" analízissel és "több-génes" módszerrel egyaránt szignifikánsnak (P<0,001) találták holstein-fríz típusú keresztezett populációkat vizsgálva. *Hoogendoorn és mtsai* [1969] jersey fajtában (P<0,05), *Ikonen és mtsai* [1999] a finn ayrshireben (P<0,001), *Ng-Kwai-Hang és mtsai* [1990*a*] kanadai holstein állatokban (P<0,01 az első és második laktációban, P<0,05 a harmadik laktációban) mutatták ki a κ-CN lókusz szignifikáns hatását. A *HF* és *HuF* fajtában azonban nem tudtam ilyen kapcsolatot kimutatni.

Fehérjetartalom (1. laktáció)



HF	3,10 ± 0,02	3,13 ± 0,01	3,13 ± 0,03	-
MT	3.37 ± 0,05	3,29 ± 0,02	3,25 ± 0,03	3,39
HuF	3,57 ± 0,06	3,63 ± 0,03	3,60 ± 0,03	-

Fehérjetartalom (2. laktáció)



HF	3,21 ± 0,03	3,17 ± 0,02	3,18 ± 0,03	-
MT	3,43 ± 0,05	3,33 ± 0,03	3,39 ± 0,05	3,25
HuF	3,70 ± 0,06	3,67 ± 0,03	3,67 ± 0,03	-

4-26. ábra: A β-LG genotípusok hatása a tej fehérje-tartalmára (% ± SE).

β-LG

Bár néhány szerző [pl. *Hill*, 1993; *Hill és Paterson*, 1994; *Haenlein és mtsai*, 1987] nem tudtak összefüggést kimutatni, a vizsgálatok többsége szerint a β-LG lókuszban az *A* allél magasabb fehérje-tartalommal bír, mint a *B* [*Aleandri és* mtsai, 1990; *Ikonen és mtsai*, 1999; *McLean és mtsai*, 1984; *Ng-Kwai-Hang és mtsai*, 1984, 1986, 1990*a*; *Mao és mtsai*, 1992; *Sacchi és mtsai*, 1993; *Rozzi és mtsai*, 1989; *Graml és mtsai*, 1985]. Ezzel ellentétben a *B* allél magasabb fehérje-tartalmát tapasztalták *Bovenhuis és mtsai* [1992], *Bech és Kristiansen* [1990], valamint *Lodes és mtsai* [1997].

A hazai fajtáknál a második laktációban következetesen az *AA* genotípus mutatta a legmagasabb

fehérjekoncentrációt (4-26. ábra). A *HF* és *MT* állományokban a homozigóta genotípusok megelőzik a heterozigóta genotípust (*AA*>*BB*>*AB*), a *HuF*-ben pedig az *AB* és *BB* tejek zsírtartalma megegyezik (*AA*>*AB*=*BB*). Az *AA* genotípusú állatok tejének fehérjetartalma 0,03 (*HF*), 0,07 (*MT*) és 0,03%-kal (*HuF*) lépik túl a populációátlagokat (3,18%, 3,36% és %) (M2-11. és M2-12. ábra), ill. 0,04, 0,10 és 0,03%-kal a megfelelő fajta *AB* genotípusának fehérje %-át. Az első laktációban a *HF* populációban az *AB* és *BB* genotípusok azonos fehérjetartalmat produkáltak, 0,03%-kal megelőzve az *AA* genotípust (*AB*=*BB*>*AA*), amely 0,02%-kal marad a populáció átlagértéke alatt. A *MT*-ban az *A* allél a kedvezőbb, a legalacsonyabb fehérje %-ot a *BB* genotípusú tej mutatja, 0,05%-kal kevesebbet, mint a populációátlag. Az első laktációs *HuF* állományban pedig *AB*>*BB*>*AA* irányban csökken a fehérjetartalom. Itt az *AB* genotípus 0,02%-kal haladja meg, az *AA* pedig 0,04%-kal marad el a populáció átlagától (3,61%).

A ritka genotípusok közül egyedül az *AD* képviseltette magát a *MT* állományban. Az első laktációban az összes β-LG genotípus közül a legmagasabb, a második laktációban pedig a legalacsonyabb fehérjetartalmat mutatta. Mivel azonban csupán egyetlen állatról van szó, a statisztikai értékelésbe nem tudtam bevonni és termelési adataiból sem lehet következtetéseket levonni.

A β-LG lókuszon belül nem találtam olyan genotípust, amely a fajtától és laktációszámtól függetlenül átlagon felüli vagy átlagon aluli fehérje %-ot eredményezett volna.

Ellentétben *Bech és Kristiansen* [1990], *Lodes és mtsai* [1997], valamint *Ng-Kwai-Hang és mtsai* [1986, 1990*a*] eredményeivel, akik a β-LG lókusz szignifikáns hatását írták le dán, német és kanadai szarvasmarha fajtákban, a *HF* és *HuF* állatok esetében semmilyen összefüggést sem sikerült kimutatnom sem "egy-génes" analízissel, sem GLM módszerrel (M2-18. és M2-19. táblázat, ld. függelék). Az első laktációs *MT* populációban viszont, *Gonyon és mtsai*hoz [1987] és *Ikonen és mtsai*hoz [1999] hasonlóan a lókusz közel szignifikáns hatását (P<0,1) tudtam kimutatni egytényezős varianciaanalízissel. Ha azonban a többi lókusz esetleges hatását is figyelembe vesszük (GLM módszer), többé már egyáltalán nem szignifikáns a β-LG genotípusok és a tej fehérje-tartalmának kapcsolata (M2-18. és M2-19. táblázat, ld. függelék).

4.2.3. Zsírtartalom

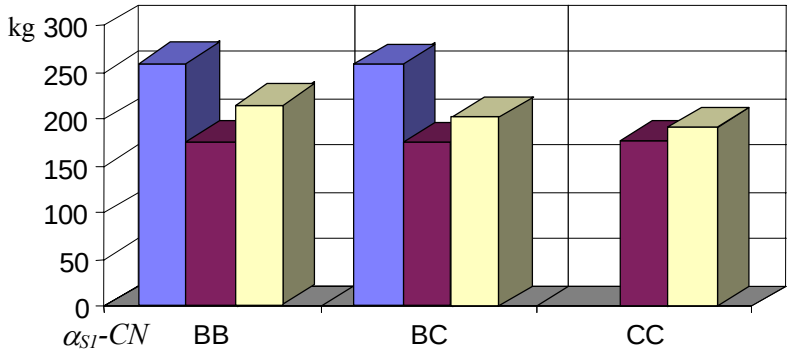
4.2.3.1. 305 napos tejzsírtermelés

A *HF*, *MT* és *HuF* tehenek első és második laktációs standard 305 napos tejzsírtermelését a 4-27., 4-28., 4-29. és 4-30. ábra tartalmazza. A különböző fajták teljes populációra vetített átlagos tejzsírtermelését a M2-17. táblázat tartalmazza (ld. függelék). Az egyes genotípusok standard 305 napos tejzsír-termelésének a megfelelő populációátlagoktól való eltérését az első laktációban a M2-13. ábra, a második laktációban pedig a M2-14. ábra szemlélteti (ld. függelék).

α_{S1}-CN

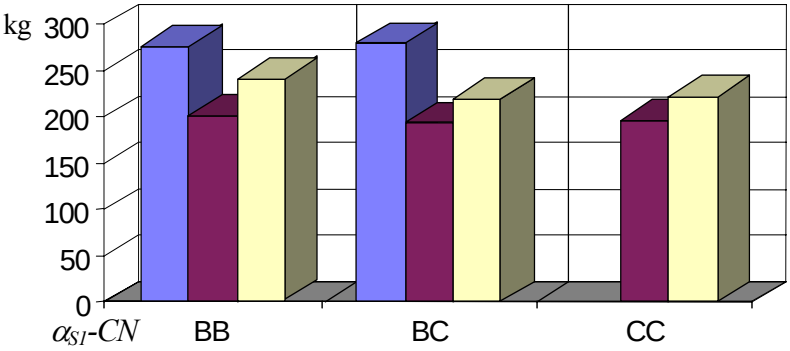
Aleandri és mtsai [1990], *Chung és mtsai* [1991] és *Farnir és mtsai* [1994] az α_{S1}-CN genotípusok szignifikáns hatását írták le. Az *Aleandri és mtsai* [1990] által tanulmányozott 2005 holstein-fríz tehén termelési adatai szerint a *BB* genotípus mintegy 16 kg-mal termelt több tejzsírt, mint a *BC* genotípus. *Chung és mtsai* [1991], valamint *Farnir és mtsai* [1994] szintén a *BB* genotípus zsírtermelését találták magasabbnak. Az irodalmi adatok többsége [*Bovenhuis és mtsai*, 1992; *Graml és mtsai*, 1986; *Hoogendoorn és mtsai*, 1969; *Lin és mtsai*, 1986; *McLean és mtsai*, 1984; *Ng-Kwai-Hang és mtsai*, 1990*a*] arra enged következtetni, hogy nincs kapcsolat az α_{S1}-CN lókusz és a tejzsírtermelés között. Én is erre a következtetésre jutottam a hazai szarvasmarha faják standard 305 napos tejzsírtermelési adatainak kiértékelésekor. GLM módszerrel (M2-19. táblázat, ld. függelék) egyetlen esetben sem tudtam szignifikáns kapcsolatot ki mutatni az α_{S1}-CN lókusz és a zsírtermelés között. Egyedül az egytényezős varianciaanalízis utal arra, hogy a második laktációban a lókusznak közel szignifikáns (P<0,1) hatása lehet (M2-18. táblázat, ld. függelék).

Zsírtermelés (1. laktáció)



HF	259,4 ± 2,0	258,6 ± 7,8	–
MT	175,9 ± 2,9	174,3 ± 5,4	176,5 ± 16,1
HuF	215,8 ± 3,5	202,6 ± 7,3	190,4 ± 7,6

Zsírtermelés (2. laktáció)

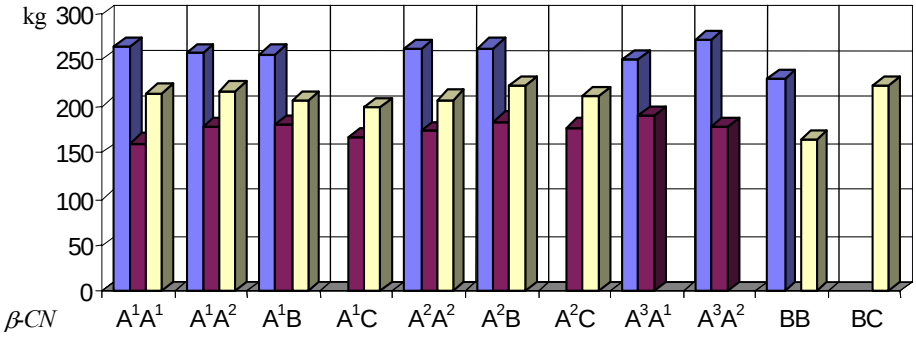


HF	276,3 ± 2,9	279,4 ± 12,2	–
MT	201,1 ± 3,8	193,5 ± 9,1	197,2 ± 32,5
HuF	240,7 ± 3,8 *a*	220,3 ± 7,5 *a*	222,3 ± 30,4

4-27. ábra: Az α_{S1}-CN genotípusok hatása a standard 305 napos tejzsírtermelésre (kg ± SE). *a-a P*=0,020.

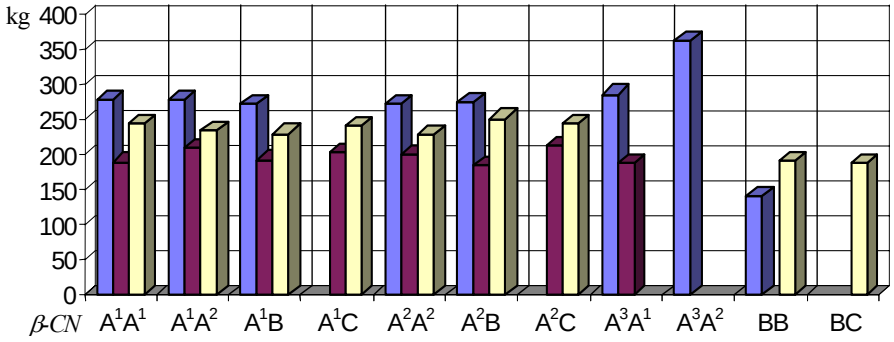
Nincsen olyan α_{S1}-CN genotípus, amely fajtától és laktációszámtól függetlenül a populációátlag alatti vagy feletti tejzsírtermelést eredményezett volna (M2-13. és M2-14. ábra, ld. függelék). Az *Aleandri és mtsai* [1990], *Bovenhuis és mtsai* [1992], *Graml és mtsai* [1986], valamint *Lin és mtsai* [1986] által tanulmányozott állományokhoz hasonlóan az első laktációs *HF* populációban, valamint a *MT* és *HuF* fajtában mindkét laktáció során a *BB* genotípusú állatok több tejzsírt termeltek, mint a *BC* genotípusúak (4-27. ábra). Ez az éves termelés szintjén 0,8 kg (*HF*, 1. lakt.), 1,6 és 7,6 kg (*MT*, 1. és 2. lakt.), ill. 13,2 és 20,4 kg (*HuF*, 1. és 2. lakt.) többletet jelent a *BC* genotípushoz képest. A *BB* genotípus egyedül az első laktációs *HF* állatoknál nem éri el a megfelelő populációátlagokat (M2-13. ábra, ld. függelék). Ebben az esetben a lókuszon belül a legtöbb tejzsírt a *BC* egyedek termelték, 3,0 ill. 3,1 kg-mal túlszárnyalva a populációátlagot ill. a *BB* genotípust. Ez megegyezik a *McLean és mtsai* [1984] által, tapasztaltakkal, akik szintén a *BC* genotípus fölényéről számoltak be.

Zsírtermelés (1. laktáció)



HF	263,3 ± 4,9	257,1 ± 2,6	256,0 ± 9,4	-	260,9 ± 4,0	262,8 ±10,6	-	250,7	271,5 ± 13	229,0	-
MT	160,3 ± 8, 8	178,4 ± 3,5	179,6 ± 4,3	166,1	172,8 ± 5,1	183,8 ± 8,3	176,7	188,9 ±26,6	177,8	-	-
HuF	214,1 ± 5, 9	216,2 ± 6,5	205,2 ± 8,5	199,4	206,9 ± 6,9	222,3 ± 6,4	211,1	-	-	163,7	222,3

Zsírtermelés (2. laktáció)



HF	277,6 ± 5,8	278,1 ± 4,1	271,2 ±11,2	-	272,4 ± 6,0	272,4 ± 6,0	-	286,1	361,8 ± 15	140,6	-
MT	188,9 ± 9,8	208,1 ± 5,6	192,0 ±13,6	204,2	198,8 ± 5,5	183,5 ±16,5	211,3	186,5 ±0,55	-	-	-
HuF	243,0 ± 8,1	235,5 ± 6,8	229,8 ± 9,3	241,5	228,7 ± 7,0	251,7 ± 6,5	242,8	-	-	191,4	187,5

4-28. ábra: A β-CN genotípusok hatása a standard 305 napos tejzsírtermelésre (kg ± SE).

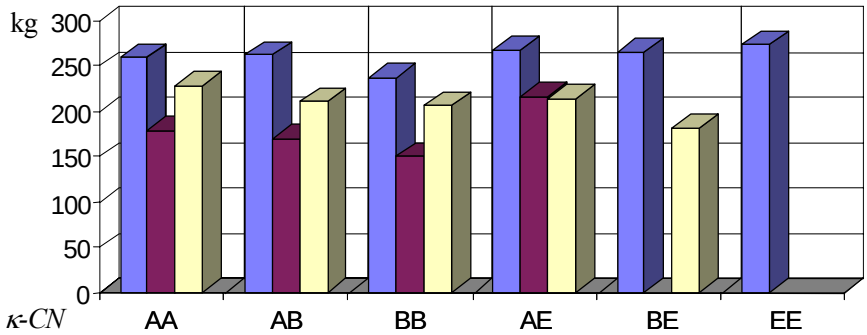
β-CN

Graml és mtsai [1986] a β-CN genotípusok szignifikáns hatásáról számoltak be és a bajor barna (Braunvieh) populációban a *B* allél tejzsír-termelésének fölényét észlelték. Akárcsak *Aleandri és mtsai* [1990], *Bovenhuis és mtsai* [1992*], Ikonen és mtsai* [1999], *Lin és mtsai* [1986], *McLean és mtsai* [1984], valamint *Ng-Kwai-Hang és mtsai* [1990*a*], én sem találtam szignifikáns összefüggést a β-CN genotípusok és a tejzsírtermelés között sem "egy-génes", sem "több-génes" analízissel (M2-18. és M2-19. táblázat, ld. függelék). A statisztikailag értékelhető, gyakoribb genotípusok közül (A^1A^1, A^2A^2, A^1A^2, A^1B, A^2B) a *HF* és *HuF* állományban a laktáció számától függetlenül az A^1A^1 genotípus tejzsírtermelése megelőzi az A^2A^2 genotípusét (4-28. ábra). Ugyanezt a tendenciát tapasztalták *Aleandri és mtsai* [1990] valamint *McLean és mtsai* [1984] is. A *MT* populációban az A^1A^2 genotípus mindig, a *HF* állományban pedig a második laktációban előnyösebb, mint az A^2A^2 és A^1A^1. Az A^2B pedig a *MT*-ban az első laktációban a legmagasabb ($A^2B>A^1A^2>A^2A^2>A^1A^1$), a második laktációban viszont a legalacsonyabb ($A^1A^2>A^2A^2>A^1A^1>A^2B$) tejzsír-kg értékkel bír, míg a *HF*-ben teljesítménye a laktáció számától

függetlenül az A^1A^1 és A^2A^2 genotípusok közé esik (4-28. ábra). A *HuF* állatok közül szintén laktációszámtól függetlenül az A^2B tehenek tejzsírtermelése a legmagasabb a β-CN lókuszon belül, 9 és 15 kg-mal több, mint a megfelelő első és második laktációs populációátlag (M2-13. és M2-14. ábra, ld. függelék).

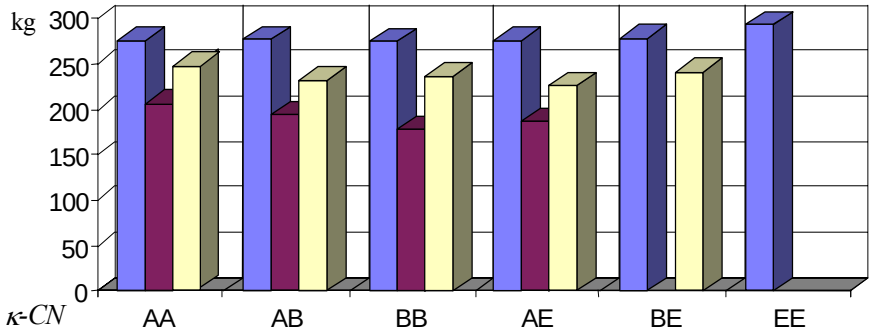
Csak két ritka genotípus esetében mondható el az, hogy ahol előfordul, ott laktációszámtól és fajtától függetlenül, következetesen átlagon felüli (A^3A^2) illetve átlagon aluli (*BB*) tejzsír mennyiséget produkál.

Zsírtermelés (1. laktáció)



	AA	AB	BB	AE	BE	EE
HF	259,4 ± 2,7 *a*	261,7 ± 3,7 *b*	237,3 ± 7,3 *a,b,c,d*	267,6 ± 6,2 *c*	264,9 ± 6,7 *d*	272,8 ± 29,9
MT	179,5 ± 3,1 *e,f*	170,2 ± 4,6 *e*	149,7 ±11,0 *f*	215,5	–	–
HuF	227,7 ± 6,6 *g,h*	210,6 ± 4,8 *g*	205,6 ± 5,1 *h*	213,4 ±24,2	182,0	–

Zsírtermelés (2. laktáció)



	AA	AB	BB	AE	BE	EE
HF	276,2 ± 3,9	276,5 ± 5,5	274,3 ±11,8	275,4 ± 9,4	277,0 ±12,5	292,7 ± 20,5
MT	205,7 ± 4,6 *i*	194,0 ± 5,8	177,7 ± 7,3 *i*	187,1	–	–
HuF	248,7 ± 6,3 *j*	231,5 ± 5,4 *j*	236,5 ± 6,4	225,9 ± 23,6	241,6 ± 19,9	–

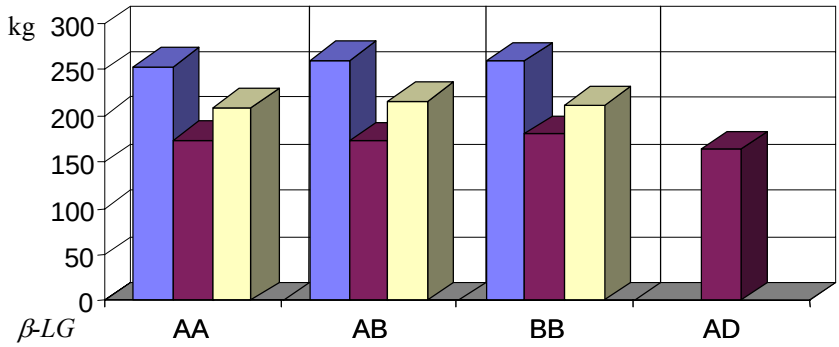
4-29. ábra: A κ-CN genotípusok hatása a standard 305 napos tejzsírtermelésre (kg ± SE).
$^{a\text{-}a}$ P=0,005; $^{b\text{-}b}$ P=0,003; $^{c\text{-}c}$ P=0,002; $^{d\text{-}d}$ P=0,019; $^{e\text{-}e}$ P=0,082;
$^{f\text{-}f}$ P=0,008; $^{g\text{-}g}$ P=0,038; $^{h\text{-}h}$ P=0,010; $^{i\text{-}i}$ P=0,042; $^{j\text{-}j}$ P=0,055.

κ-CN

A κ-CN genotípusok és a tejzsír mennyisége között a kutatók egy része [*Aleandri és mtsai*, 1990; *Graml és mtsai*, 1986; *Ikonen és mtsai*, 1999; *Lin és mtsai*, 1986; *McLean és mtsai*, 1984] nem találtak szignifikáns összefüggést. Ezzel szemben *Bovenhuis és mtsai* [1992] és *Ng-Kwai-Hang és mtsai* [1990*a*] a lókusz szignifikáns (P<005) hatását bizonyították "egy-génes" analízissel holstein-fríz állományokban. A hazai fajták esetében egytényezős varianciaanalízissel sikerült ugyanilyen szinten (P<0,05) szignifikáns összefüggést kimutatni az első laktációs *HF* és *MT* populációban (M2-18. táblázat, ld. függelék). GLM módszerrel pedig az első és második

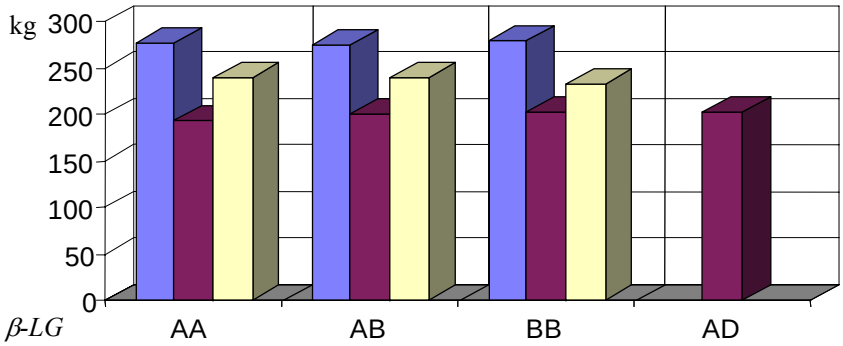
laktációs *MT* és *HuF* állományban találtam a κ-CN genotípusoknak a tejzsírtermelésre gyakorolt közel szignifikáns (P<0,1) hatását (9.19. táblázat, ld. függelék). A *HF* esetében a legtöbb zsírt az *EE* genotípusú állatok termelték, átlagosan 273,8 (1. lakt.) és 292,7 kg-ot (2. lakt.), ami 13,4 ill. 16,3 kg-mal haladja meg az első ill. második laktációs a populációátlagot (M2-13. és M2-14. ábra, ld. függelék). A *MT* és *HuF* állományban (az egyetlen első laktációs, *AE* genotípusú egyedet figyelmen kívül hagyva) mindkét laktációban az *AA* genotípus a legkedvezőbb (4-29. ábra). A *BB* genotípus tejzsírtermelése viszont fajtától és laktációszámtól függetlenül mindig a populációátlag alatt marad, gyakran a lókusz leggyengébb eredményét produkálva.

Zsírtermelés (1. laktáció)



HF	253,6 ± 4,0	261,0 ± 2,7	260,2 ± 3,8	-
MT	175,2 ± 4,8	173,2 ± 3,4	180,4 ± 5,9	164,3
HuF	210,0 ± 10,5	216,0 ± 4,8	211,5 ± 4,0	-

Zsírtermelés (2. laktáció)



HF	277,5 ± 6,3	275,1 ± 4,0	278,2 ± 5,0	-
MT	194,0 ± 8,3	199,8 ± 4,8	202,3 ± 6,0	202,3
HuF	239,4 ± 9,2	240,0 ± 5,1	232,1 ± 5,2	-

4-30. ábra: A β-LG genotípusok hatása a standard 305 napos tejzsírtermelésre (kg ± SE).

β-LG

Ikonen és mtsai [1999] közel szignifikáns, *Bech és Kristiansen* [1990] valamint *Lin és mtsai* [1986] pedig szignifikáns kapcsolatot írtak le a β-LG lókusz és a tejzsírtermelés között. Ezzel szemben a hazai szarvasmarha fajtákban más szerzőkhöz hasonlóan [*Aleandri és mtsai*, 1990; *Bovenhuis és mtsai*, 1992; *Graml és mtsai*, 1986; *McLean és mtsai*, 1984; *Ng-Kwai-Hang és mtsai*, 1990*a*] nem sikerült semmilyen összefüggést kimutatnom (M2-18. és M2-19. táblázat, ld. függelék).

Egyetlen olyan genotípus sincsen, amely fajtától és laktációszámtól függetlenül átlagon felüli vagy az alatti tejzsír-kg értéket eredményezett volna (M2-13. és M2-14. ábra, ld. függelék). A külföldi szerzők fajtától ill. állománytól függően hol az *AA* [*Lin és mtsai*, 1986], hol az *AB* [*McLean és mtsai*, 1984], vagy a *BB* [*Aleandri és mtsai*, 1990; *Bech és Kristiansen*, 1990; *Bovenhuis és mtsai*, 1992; *Graml és mtsai*, 1986; *Ikonen és mtsai*, 1999] genotípus kedvezőbb hatását írták le. Hasonlóan vegyes a kép a hazai fajtákban is (4-30. ábra). A *HF* állományban az első laktációban *AB*>*BB*>*AA*, a másodikban *BB*>*AA*>*AB* irányban csökken a termelt zsír mennyisége. A legjobb genotípusok átlagosan 7,4 (1. lakt.) ill. 3,1 kg-mal (2. lakt.) termelnek több zsírt, mint a legrosszabbak. A *MT*-ban mindkét laktációban a *BB* genotípus a legkedvezőbb, 5,2 ill. 2,9 kg-mal jobb, mint az első illetve második laktációs populációátlag (M2-13. és M2-14. ábra, ld. függelék). A *HuF* állatok közül mindkét laktációban az *AB* tehenek zsírtermelése volt a legmagasabb, átlagosan 5,1 ill. 7,9 kg-mal szárnyalva túl a leggyengébb genotípusokat (1. lakt. *AA*, 2. lakt. *BB*).

A ritka genotípusokra vonatkozóan kevés irodalmi adat áll rendelkezésre. *Graml és mtsai* [1986] szerint a ritka *BD* és *AD* genotípusok megelőzik az összes többi genotípust. A *MT* állományban az egyetlen *AD* genotípusú állat a második laktációban valóban egyike a legjobbaknak, az első laktációban azonban a leggyengébb eredményt mutatja (4-30. ábra).

4.2.3.2. A tej %-os zsírtartalma

A különböző hazai szarvasmarha állományok első és második laktációs tejének átlagos zsírtartalma a M2-17. táblázatban szerepel (ld. függelék). Az egyes genotípusok populációátlagtól való eltérését az első laktáció során a M2-15. ábra, a második laktációban pedig a M2-16. ábra szemlélteti (ld. függelék).

α_{S1}-CN

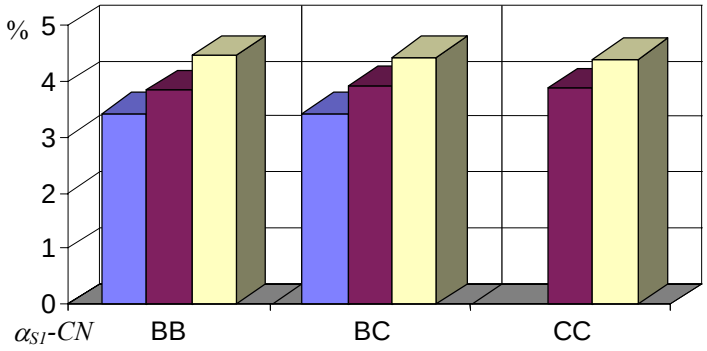
Aleandri és mtsai [1990], *Bovenhuis és mtsai* [1992], *Gonyon és mtsai* [1987], *Hoogendoorn és mtsai* [1969], *Lodes* [1995] és *Ng-Kwai-Hang és mtsai* [1990*a*] nem találtak szignifikáns összefüggést az α_{S1}-Cn lókusz és a tej zsírtartalma között, és a vizsgált fajtától illetve állománytól függően a *BB*, vagy a *BC* genotípus fölényét tapasztalták. Ezzel szemben *Munro* [1978] valamint *Ng-Kwai-Hang és mtsai* [1986] a *BC* genotípusok szignifikáns hatását írták le. Ök a *BC* genotípus magasabb zsírtartalmáról számoltak be. A homozigóta *CC* genotípus hatására igen kevés adat áll rendelkezésre. *Lodes* [1995] úgy találta, hogy a *BC* és *CC* tejek egyformán előnyösek a zsírtartalom szempontjából (*BC*=*CC*>*BB*), *McLean és mtsai* [1984] pedig a *BC* és *BB* genotípus közé rangsorolta (*BC*>*CC*>*BB*).

A hazai állományok vizsgálata során nem találtam szignifikáns kapcsolatot az α_{S1}-CN lókusz és a tej zsírtartalma között (M2-18. és M2-19. táblázat, ld. függelék). A *HF* és *HuF* állományban a laktáció számától függetlenül a *BB* genotípusok tejének zsírtartalma alig tért el a populációátlagtól (M2-15. és M2-16. ábra, ld. függelék), de minden esetben magasabb átlagos zsírtartalmat mutatott, mint a *BC* genotípus (4-31. ábra). Fordított a helyzet a *MT*-nál. Itt mind az első, mind a második laktációban a *BC* genotípus az előnyösebb, a tej zsírtartalma 0,07 (1. lakt.) ill. 0,01%-kal (2. lakt.) magasabb, mint a *BB* genotípusnál. Homozigóta *CC* genotípust a *MT* és HuF állományban egyaránt 3-3 egyed képviseli (M2-16. táblázat, ld. függelék). A *CC* típusú tejek zsírtartalma az első laktációs *HuF* és második laktációs *MT* tehenek esetében az összes α_{S1}-CN genotípus közül a legalacsonyabb értéket mutatja, átlagosan 0,05 ill. 0,34%-kal elmaradva a populációátlagtól (M2-15. és M2-16. ábra, ld. függelék). Az első laktációs *MT* állományban a *CC* genotípus zsírtartalma a *BC* és *BB* közé esik, míg a második laktációs *HuF* tejek közül a *CC* mutatja a lókuszon belül legmagasabb zsír %-ot (4-31. ábra).

β-CN

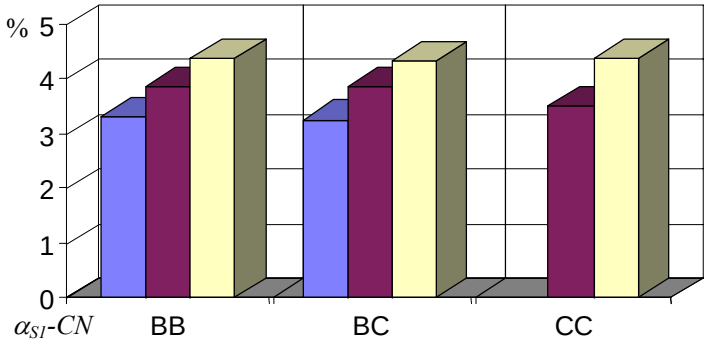
A kutatók egy rész [*Aleandri és mtsai*, 1990; *Chung és mtsai*, 1991; *Gonyon és mtsai*, 1987; *Haenlein és mtsai*, 1987; *Kim*, 1994; *Lodes*, 1995] nem talált szignifikáns kapcsolatot az α_{S1}-CN genotípusok és a tej zsírtartalma között. Más szerzők szerint viszont szignifikáns a kapcsolat [*Bech és Kristiansen*, 1990; *Bovenhuis és mtsai*, 1992; *Hoogendoorn és mtsai*, 1969; *Ikonen és mtsai*, 1999; *Kiddy és mtsai*, 1970; *Munro*, 1978; *Ng-Kwai-Hang és mtsai*, 1986, 1990*a*]. A hazai fajtákban a lókusz szignifikáns hatását egyetlen esetben sem tapasztaltam (M2-18. és M2-19. táblázat, ld. függelék).

Zsírtartalom (1. laktáció)



HF	3,44 ± 0,02	3,43 ± 0,06	–
MT	3,84 ± 0,03	3,91 ± 0,05	3,89 ± 0,09
HuF	4,47 ± 0,04	4,47 ± 0,04	4,41 ± 0,26

Zsírtartalom (2. laktáció)



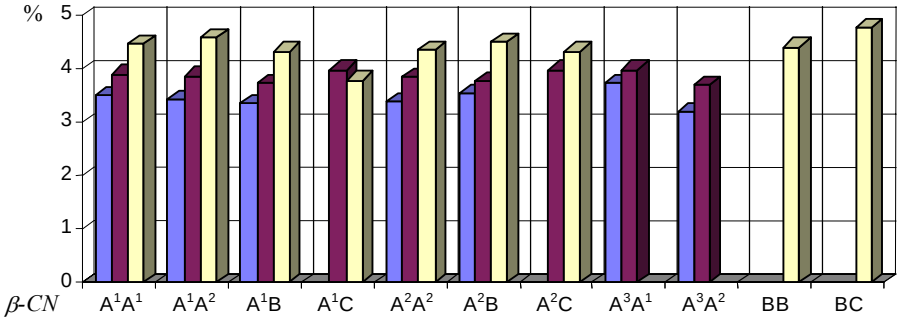
HF	3,31 ± 0,02	3,25 ± 0,08	-
MT	3,85 ± 0,04	3,86 ± 0,15	3,50 ± 0,13
HuF	4,36 ± 0,04	4,33 ± 0,06	4,37 ± 0,27

4-31. ábra: Az α_{S1}-CN genotípusok hatása a tej zsírtartalmára (% ± SE).

Egyetlen olyan genotípus sincsen, amely fajtától és laktációszámtól függetlenül átlagon felüli vagy az alatti tejzsír-kg értéket eredményezett volna (M2-13. és M2-14. ábra, ld. függelék). A külföldi szerzők fajtától ill. állománytól függően hol az *AA* [*Lin és mtsai*, 1986], hol az *AB* [*McLean és mtsai*, 1984], vagy a *BB* [*Aleandri és mtsai*, 1990; *Bech és Kristiansen*, 1990; *Bovenhuis és mtsai*, 1992; *Graml és mtsai*, 1986; *Ikonen és mtsai*, 1999] genotípus kedvezőbb hatását írták le. Hasonlóan vegyes a kép a hazai fajtákban is (4-30. ábra). A *HF* állományban az első laktációban *AB*>*BB*>*AA*, a másodikban *BB*>*AA*>*AB* irányban csökken a termelt zsír mennyisége. A legjobb genotípusok átlagosan 7,4 (1. lakt.) ill. 3,1 kg-mal (2. lakt.) termelnek több zsírt, mint a legrosszabbak. A *MT*-ban mindkét laktációban a *BB* genotípus a legkedvezőbb, 5,2 ill. 2,9 kg-mal jobb, mint az első illetve második laktációs populációátlag (M2-13. és M2-14. ábra, ld. függelék). A *HuF* állatok közül mindkét laktációban az *AB* tehenek zsírtermelése volt a legmagasabb, átlagosan 5,1 ill. 7,9 kg-mal szárnyalva túl a leggyengébb genotípusokat (1. lakt. *AA*, 2. lakt. *BB*).

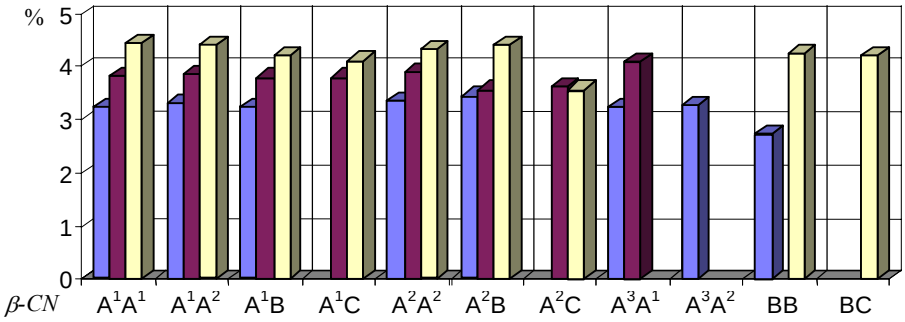
A leggyakoribb genotípusok esetében (A^1A^1, A^1A^2, A^2A^2) általában az A^1A^1> vagy = A^1A^2>A^2A^2 tendencia érvényesül a tej zsírtartalmát figyelembe véve [*Aleandri és mtsai*, 1990; *Ikonen és mtsai*, 1999; *Lodes*, 1995; *Munro*, 1978; *Ng-Kwai-Hang és mtsai*, 1986, 1990*a*], de *McLean és mtsai* [1984], valamint *Kiddy és mtsai* [1970] az A^2 allél

Zsírtartalom (1. laktáció)



HF	3,50 ±0,04	3,43 ±0,03	3,36 ±0,07	–	3,39 ±0,04	3,55 ±0,09	–	3,74	3,18 ±0,29	–	–
MT	3,91 ±0,06	3,87 ±0,04	3,74 ±0,10	3,98	3,84 ±0,04	3,76 ±0,06	3,98	3,98 ±0,03	3,68	–	–
HuF	4,46 ±0,12	4,57 ±0,06	4,33 ±0,09	3,79	4,36 ±0,07	4,50 ±0,10	4,33	-	–	4,41	4,76

Zsírtartalom (2. laktáció)



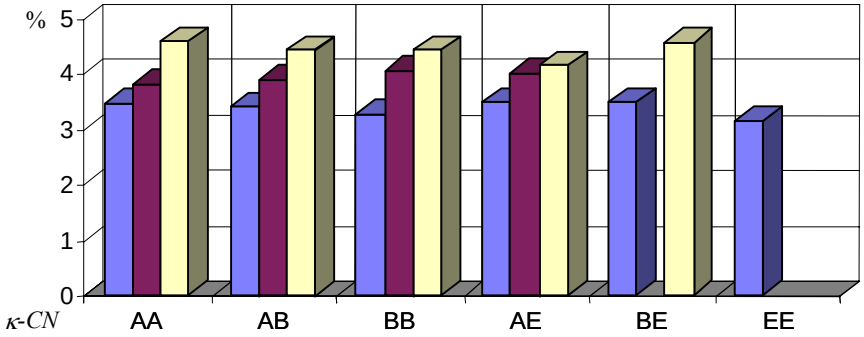
HF	3,25 ± 0,05	3,30 ± 0,03	3,23 ± 0,08	–	3,36 ± 0,04	3,45 ± 0,11	–	3,25	3,28 ± 0,34	2,73	–
MT	3,82 ± 0,08	3,87 ± 0,06	3,80 ± 0,09	3,80	3,89 ± 0,06	3,57 ± 0,24	3,62	4,10 ± 0,11	–	–	–
HuF	4,45 ± 0,11	4,41 ± 0,06	4,20 ± 0,08	4,11	4,33 ± 0,06	4,39 ± 0,08	3,57	–	–	4,24	4,21

4-32. ábra: A β-CN genotípusok hatása a tej zsírtartalmára (% ± SE).

magasabb tejzsírtartalmáról számoltak be. Az első laktációs *HF* és *MT*, valamint a második laktációs *HuF* állományban az $A^1A^1>A^1A^2>A^2A^2$ sorrend érvényesül (4-32. ábra). Az A^1A^1 genotípusok tejének zsírtartalma átlagosan 0,11 (*HF*), 0,07 (*MT*) és 0,12%-kal (*HuF*) haladja meg az A^2A^2 genotípus zsírtartalmát, és 0,06%-kal (*HF* és *MT*) ill. 0,09%-kal (*HuF*) a megfelelő populációátlagokat (M2-15. és M2-16. ábra, ld. függelék). Fordított tendencia ($A^2A^2>A^1A^2>A^1A^1$) érvényesül az első laktációs *HF* és *MT* állományban. Az A^2B genotípus a *HF* állományban (az egyetlen első laktációs A^3A^1 állatot figyelmen kívül hagyva) a lókusz legmagasabb tejzsír %-át mutatja.

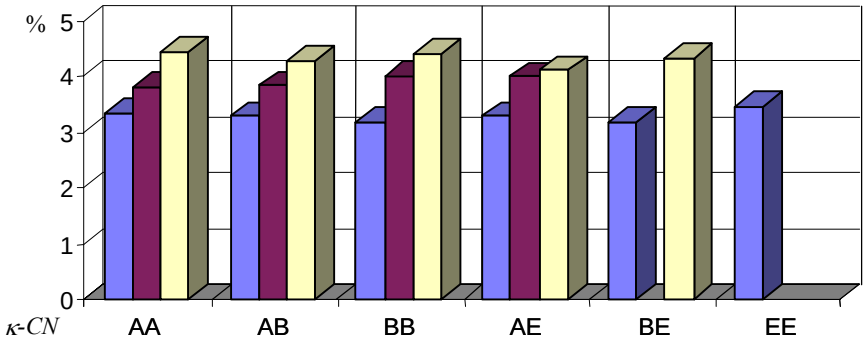
A ritka A^1B, A^3A^2 ill. *BB* genotípusok, ahol jelen vannak, ott fajtától és laktációszámtól függetlenül populációátlag alatti tejzsírtartalommal rendelkeznek (M2-15. és M2-16. ábra, ld. függelék).

Zsírtartalom (1. laktáció)



HF	3,47 ± 0,02 *a,b*	3,40 ± 0,03 *a,c*	3,27 ± 0,07 *b,c,d*	3,48 ± 0,05 *d*	3,48 ± 0,10	3,16 ± 0,21
MT	3,81 ± 0,03 *e,f*	3,90 ± 0,05 *e*	4,06 ± 0,10 *f*	4,01	-	-
HuF	4,58 ± 0,08	4,43 ± 0,05	4,43 ± 0,07	4,15 ± 0,16	4,55	-

Zsírtartalom (2. laktáció)



HF	3,34 ± 0,03	3,29 ± 0,04	3,19 ± 0,07	3,29 ± 0,09	3,18 ± 0,09	3,46 ± 0,08
MT	3,82 ± 0,06	3,84 ± 0,06	4,01 ± 0,11	3,99	-	-
HuF	4,44 ± 0,07	4,30 ± 0,04	4,41 ± 0,09	4,11 ± 0,20	4,32 ± 0,22	-

4-33. ábra: A κ-CN genotípusok hatása a tej zsírtartalmára (% ± SE).
$^{a\text{-}a}$ P=0,066 $^{b\text{-}b}$ P=0,006 $^{c\text{-}c}$ P=0,099 $^{d\text{-}d}$ P=0,024 $^{e\text{-}e}$ P=0,086 $^{f\text{-}f}$ P=0,015.

κ-CN

A κ-CN genotípusok és a tej zsírtartalma közötti összefüggést vizsgáló cikkek túlnyomó többsége általában csak az általánosan előforduló *A* és *B* allélt hasonlítja össze. A kutatók többsége egyetért abban, hogy a κ-CN *BB* tejnek magasabb a zsírtartalma. Azon szerzők közül, akik nem találtak szignifikáns kapcsolatot a κ-CN allélok és a zsírtartalom között, feltétlenül említést érdemelnek *Aleandri és mtsai* [1990], *Bovenhuis és mtsai* [1992], *Gonyon és mtsai* [1987], *Haenlein és mtsai* [1987], *Hoogendoorn és mtsai* [1969], *Kim* [1994] és *McLean és mtsai* [1984]. 1908 holstein-fríz tehenet két laktáción keresztül vizsgálva *Ng-Kwai-Hang és mtsai* [1986] a κ-CN lókusz szignifikáns (P<0,01) hatását és a *BB* tej magasabb (*BB*>*AA*>*AB*) zsírtartalmát figyelték meg. Ugyanez a csoport később [*Ng-Kwai-Hang és mtsai*, 1990*a*] egy másik holstein-fríz populációt tanulmányozva három laktáción keresztül, arról számolt be, hogy az *AA* genotípusú tej tartalmaz magasabb zsír %-ot. Hasonló eredményeket tettek közzé *Jing és Manzhu* [1992], valamint *Chung és mtsai* [1991]. *Curic és mtsai* [1993] szimentáli fajtában a *BC* genotípus magasabb zsírtartalmát figyelték meg.

A hazai fajták közül az első laktációs *MT* állományban GLM módszerrel szignifikáns ($P<0,05$) összefüggést kaptam a κ-CN lókusz és a tej zsírtartalma között. Ugyanebben az állományban egytényezős varianciaanalízissel, akárcsak *Ikonen és mtsai* [1999], én is a lókusznak már csak közel szignifikáns hatását tudtam megfigyelni.

Az első laktációs *HF* állományban a κ-CN genotípusoknak csak egytényezős variancia-analízissel volt szignifikáns hatása ($P<0,05$). Az első laktációs *HuF* populációban, valamint a második laktáció során egyik hazai fajtában sem tapasztaltam szignifikáns kapcsolatot a tej zsírtartalmával (M2-18. és M2-19. táblázat, ld. függelék). Ettől függetlenül, a *HF* és *HuF* állományban mindkét laktációban az *AA* genotípus teje több zsírt tartalmazott, mint az *AB* illetve *BB* (4-33. ábra). E két fajtában az *AA* genotípusok tejének átlagos zsírtartalma mindig meghaladta a populációátlagot (M2-15. és M2-16. ábra, ld. függelék). A *MT*-ban pedig pont ellenkező tendencia figyelhető meg: *BB>AB>AA* irányban csökken a zsírtartalom (4-33. ábra). A *MT*-ban a κ-CN genotípusok közül az *AA* az egyetlen, melynek zsírtartalma a populációátlag alatt marad (M2-15. és M2-16. ábra, ld. függelék).

A ritka κ-CN allélek közül a hazai populációkban egyedül az *E* fordul elő. *Lodes* [1995] eredményei szerint az *AE* és *BE* genotípusok zsírtartalma magasabb, mint az *AA*, *AB* és *BB* genotípusoké. Az első laktációs *HF* állományban én is ezt tapasztaltam. A ritka *EE* genotípus pedig a lókusz legalacsonyabb zsírtartalmát produkálta (4-33. ábra), akárcsak az *Ikonen és mtsai* [1999] által tanulmányozott finn ayrshire állományban. Ez a legjobb és legrosszabb genotípus között a zsírtartalomban 0,31% különbséget jelent. A második laktációban a tendencia megváltozik, az *EE* genotípus teje mutatja a legmagasabb, a *BE* pedig a legalacsonyabb zsírtartalmat. A *HuF* állományban az első laktáció során az *AE*, a második laktációban pedig a *BE* genotípus a leggyengébb. Nem találtam egyetlen olyan genotípust sem, amely fajtától és laktációszámtól függetlenül minden esetben a populációátlag alatti, vagy feletti zsírtartalmat eredményezett volna (M2-15. és M2-16. ábra, ld. függelék)

β-LG

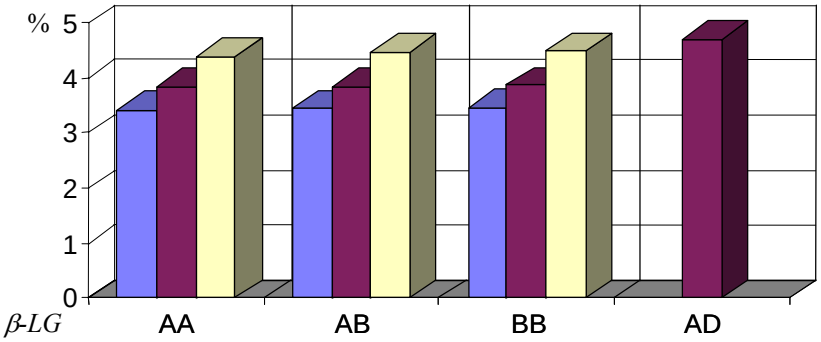
A β-LG volt az első tejfehérje, amelyről állapították, hogy befolyásolja a tejösszetételt. A témával foglalkozó kutatók zöme, pl. *Bovenhuis és mtsai* [1992], *Gonyon és mtsai* [1987], *Haenlein és mtsai* [1987], *Hoogendoorn és mtsai* [1969], *Ikonen és mtsai* [1999], *Lodes* [1995] és *Ng-Kwai-Hang és mtsai* [1986] szignifikáns kapcsolatot állapítottak meg a β-LG lókusz és a tej zsírtartalma között. A hazai állományok közül egyedül a *MT*-ban tudtam szignifikáns hatást kimutatni (M2-18. és M2-19. táblázat, ld. függelék). Akárcsak *Aleandri és mtsai* [1990], *Gonyon és mtsai* [1987], valamint *Ng-Kwai-Hang és mtsai* [1990*a*] az általam tanulmányozott szarvasmarha állományokban, én sem találtam a hazai *HF* és *MT* populációban a β-LG lókusz szignifikáns hatását. A cikkek általában arról számolnak be, hogy akár szignifikáns a lókusz hatása, akár nem, a *BB* genotípus magasabb tejzsírtartalommal párosul, mint az *AA* és *AB*. Ez a hazai fajták esetében csak az első laktációban valósul meg (4-34. ábra) A második laktációban az *AA* vagy ugyanolyan jó, mint a *BB* genotípus (*HF*), vagy jobb, mint a *BB* ill. AB (*MT*), vagy pedig, hasonlóan az első laktációhoz, rosszabb mindkettőnél (*HuF*).

4.3. Tejfehérje polimorfizmus hatása a reproduktív tulajdonságokra

A különböző tejfehérje genotípusok és a fertilitás kapcsolatát az első és második ellés között eltelt idő és a tehénhasználat intenzitási index (I_v) segítségével értékeltem. Ezen kívül néztem az állományok átlagos ellésszámát is.

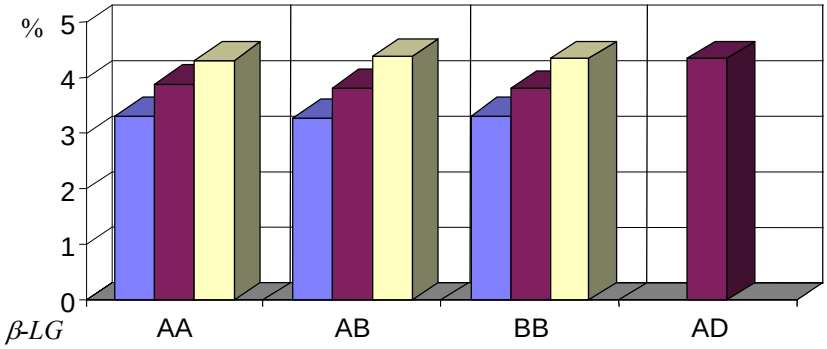
A tehenek fertilitása a tejtermelés gazdaságosságának egyik meghatározó tényezője. A fertilitás vizsgálatára számos módszert használnak a termelésellenőrzés [*Mészáros és mtsai*, 1998], és a reprodukció genetikai paramétereinek vizsgálata során [*Choma és mtsai*, 1999]. Ebben a munkában a fertilitás értékelésére a hagyományos kifejezési módok - az első és második ellés között eltelt idő és az átlagos ellésszám - mellett a tehénhasználat

Zsírtartalom (1. laktáció)



HF	3,41 ± 0,04	3,44 ± 0,02	3,45 ± 0,03	–
MT	3,85 ± 0,06	3,84 ± 0,03	3,86 ± 0,06	4,7
HuF	4,39 ± 0,10	4,47 ± 0,05	4,48 ± 0,05	–

Zsírtartalom (2. laktáció)



HF	3,33 ± 0,05	3,28 ± 0,03	3,33 ± 0,04	–
MT	3,91 ± 0,08	3,82 ± 0,05	3,81 ± 0,09	4,34
HuF	4,33 ± 0,08	4,38 ± 0,05	4,34 ± 0,05	–

4-34. ábra: A β-LG genotípusok hatása a tej zsírtartalmára (% ± SE).

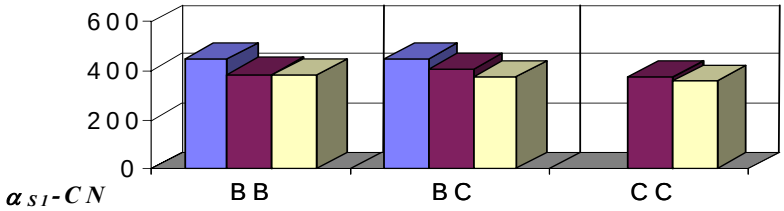
intenzitási indexet (I_v) alkalmaztam [*Vági*, 1990], mely szemben a hagyományos mutatókkal, normális eloszlást mutat. A tehénhasználat intenzitási indexet célszerű a tehenek átlagos ellésszám mutatóival együtt használni, ugyanis a két paraméter együttesen a "szaporasági kapacitás" komponenseiként is értelmezhető. Az I. és II. ellés között eltelt idő, az átlagos ellésszám és a tehénhasználat intenzitási index értékeinek populációátlagtól való eltérését a M2-17., M2-18. és M2-19. ábra szemlélteti, a populáció-átlagokat pedig a M2-20. táblázat foglalja össze (ld. függelék).

Az egyes tejfehérje lókuszok fertilitásra gyakorolt hatását "egy-génes" analízissel vizsgáltam (M2-21. táblázat, ld. függelék).

α_{S1}-CN

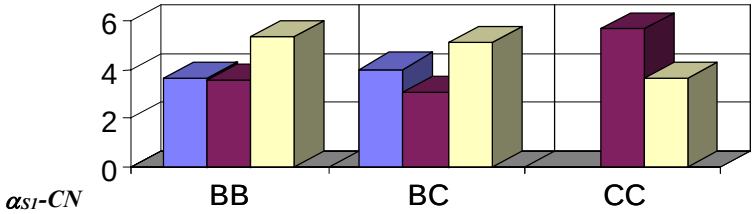
Egyik hazai tejelő állományban sem tudtam szignifikáns összefüggést kimutatni az α_{S1}-CN genotípusok és az I. és II. ellés között eltelt idő, valamint a tehénhasználat intenzitása között (M2-21. táblázat, ld. függelék). Az I. és II. ellés között eltelt idő, az átlagos ellésszám és a tehénhasználat intenzitásának értékeit a különböző genotípusokra ill. fajtákra lebontva a 4-35. ábra tartalmazza.

I. és II. ellés között eltelt idő (nap)



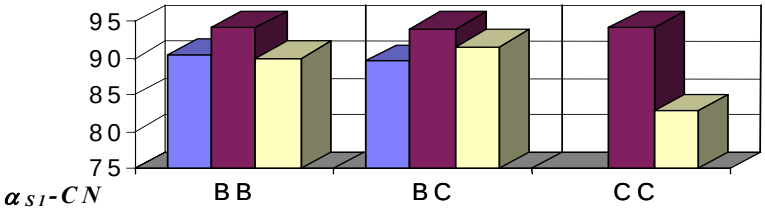
HF	441,3 ± 4,7	446,5 ± 16,8	–
MT	383,7 ± 5,2	404,8 ± 14,5	373,7 ± 7,9
HuF	379,9 ± 4,4	371,2 ± 7,7	356,0 ± 8,7

Átlagos ellésszám (db)



HF	3,64 ± 0,07	4,03 ± 0,24	–
MT	3,59 ± 0,15	3,09 ± 0,24	5,67 ± 0,33
HuF	5,34 ± 0,16	5,10 ± 0,31	3,67 ± 0,67

Tehénhasználat intenzitása (%)

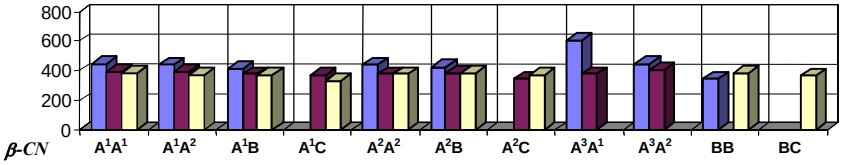


HF	90,40 ± 0,38	89,60 ± 1,27	–
MT	94,05 ± 0,92	93,98 ± 2,34	94,17 ± 1,40
HuF	89,96 ± 0,91	91,62 ± 1,40	82,79 ± 3,26

4-35. ábra: Az α_{S1}-CN genotípusok hatása a vizsgált tejelő szarvasmarha állományok fertilitására.

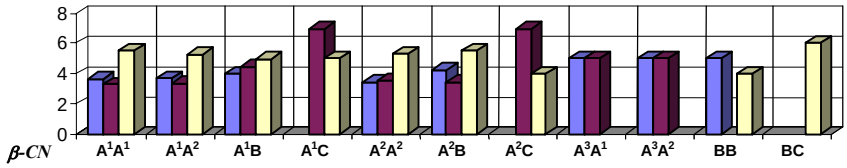
A reproduktív tulajdonságok szempontjából nincs szignifikáns különbség az egyes genotípusok között. Egységes tendencia egyedül a *MT* esetében tapasztalható. A legelőnyösebb genotípus az α_{S1}-CN *CC*. Ezeknél az állatoknál legrövidebb az I. és II. ellés között eltelt idő, legmagasabb az átlagos ellésszám és a tehénhasználat intenzitása. A *BB* genotípus rosszabb, mint a *CC*, de minden esetben előnyösebb, mint a leggyengébb, α_{S1}-CN *BC* genotípus (4-35. ábra). A *HuF* tehenek közül a *CC* genotípusok esetében legrövidebb ugyan az első két laktáció között eltelt idő, de egyben legalacsonyabb az átlagos ellésszám és az I_v értéke is. Az átlagos ellésszám a *BB* genotípusnál, a tehénhasználat intenzitása viszont a *BC* genotípusnál a legkedvezőbb. A *HF* populációban ezzel ellentétes tendenciák érvényesülnek. A *BB* állatoknál rövidebb az I. és II. ellés között eltelt idő és magasabb az I_v értéke, mint a *BC* esetében, ahol viszont magasabb az átlagos ellésszám, mint a *BB* állatoknál.

I. és II. ellés között eltelt idő (nap)



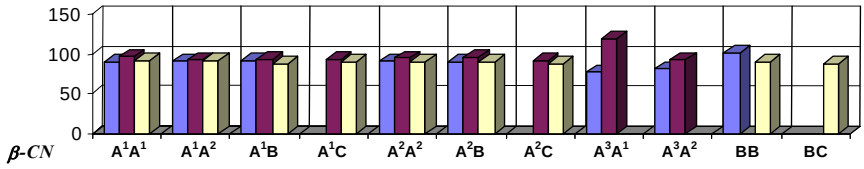
HF	447,4 ±10,3	442,4 ±6,7	418,8 ±24,0	–	442,3 ±9,5	423,5 ±16,9	–	606	444,5 ±33,5	346,0	–
MT	392,1 ±18,7	398,0 ±8,7	379,3 ±26,9	375,0	377,4 ±7,0	386,2 ±17,0	346,0	379,0 ±41,0	405,0	–	–
HuF	381,8 ±10,5	374,1 ±5,3	373,9 ±9,1	334,0	379,2 ±9,5	384,0 ±12,7	374,0	–	–	386,0	368,0

Átlagos ellésszám (db)



HF	3,62 ±0,15	3,70 ±0,10	4,00 ±0,41	–	3,42 ±0,16	4,23 ±0,38	–	5,00	5,00	5,00	–
MT	3,31 ±0,36	3,36 ±0,21	4,43 ±0,30	7,00	3,52 ±0,21	3,44 ±0,34	7,00	5,00	5,00	–	–
HuF	5,50 ±0,46	5,23 ±0,23	4,96 ±0,39	5,00	5,31 ±0,33	5,52 ±0,38	4,00	–	–	4,00	6,00

Tehénhasználat intenzitása (%)



HF	89,87 ±0,79	90,41 ±0,53	91,85 ±1,74	–	90,63 ±0,72	89,90 ±1,79	–	76,92	80,86 ±1,80	101,6	–
MT	96,33 ±1,92	92,31 ±2,05	93,72 ±2,29	92,87	94,28 ±0,83	95,88 ±2,01	92,15	119,37	119,37	–	–
HuF	91,43 ±1,54	91,43 ±1,04	87,28 ±3,41	89,70	89,86 ±1,36	89,67 ±1,99	87,35	–	–	88,89	88,32

4-36. ábra: Az β-CN genotípusok hatása a vizsgált tejelő szarvasmarha állományok fertilitására.

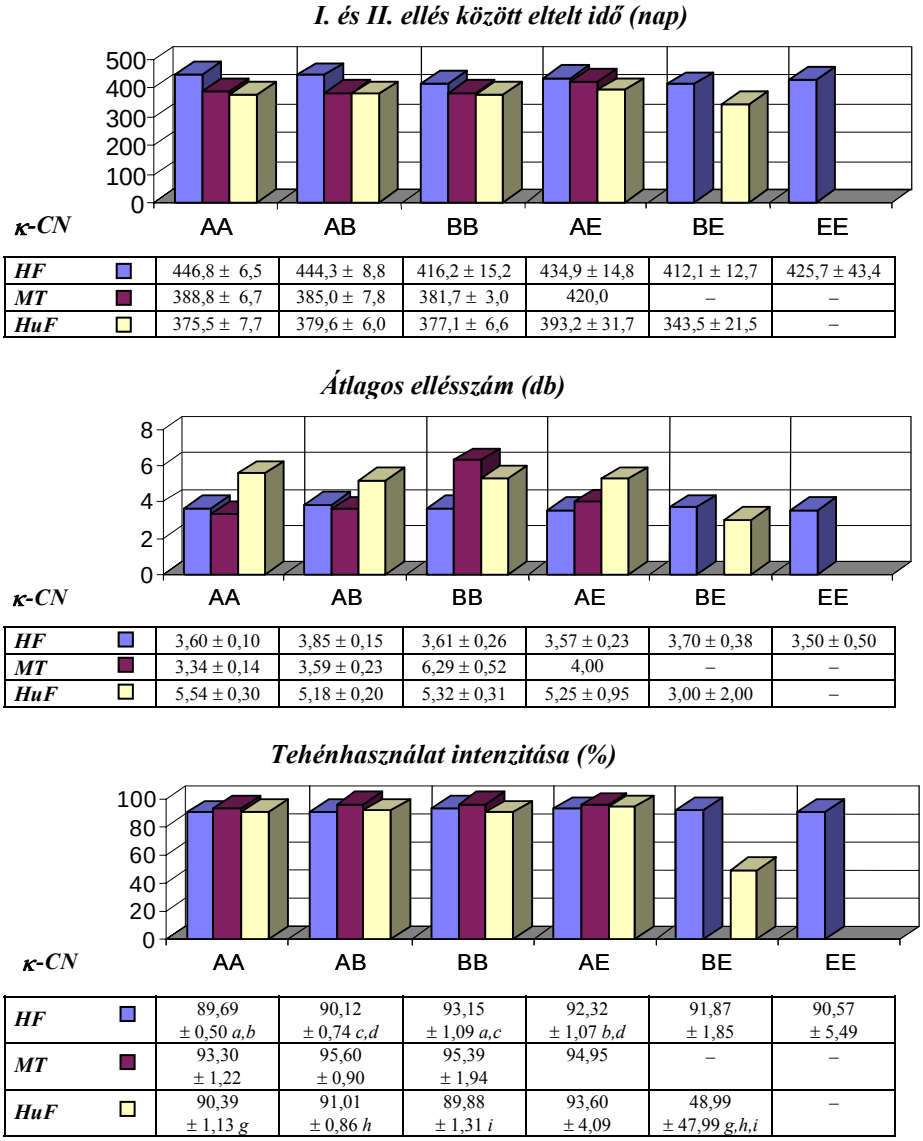
β-CN

A β-CN lókusz egyetlen hazai fajtában sem gyakorolt szignifikáns hatást az állatok reproduktív tulajdonságaira (M2-21. táblázat, ld. függelék).

Mindhárom vizsgált fajtánál az összes lókusz összes genotípusa közül a β-CN genotípusok esetében volt a legrövidebb az első és második ellés között eltelt idő (4-36. ábra): 346 nap a *HF* (β-CN *BB*) és *MT* állományban (β-CN A^2C), ill. 334 nap a *HuF* állatok esetében (β-CN A^1C). A két ellés között eltelt leghosszabb időt (606 nap) a *HF* állományban az egyetlen β-CN A^3A^1 genotípusú állat esetében észlelték, ez 165,5 nappal hosszabb, mint a populáció átlaga (M2-17. ábra, ld. függelék).

A legalább 9 egyeddel képviselt genotípusok esetében sem tapasztalható a β-CN lókuszon belül egységes tendencia (4-36. ábra). A populációátlagnál rövidebb az I. és II. ellés között eltelt idő a *HF* fajtában az A^1B és A^2B, a *MT*-ban az A^2A^2 és A^2B, valamint a *HuF*-ban az A^1A^1, A^2B és A^2A^2 genotípusok esetében. Az átlagos ellésszám populációátlagon felüli értéket mutat az A^2B, A^1B és A^1A^1 genotípusú *HF* tehenek, valamint az A^2B, A^1A^1 és A^2A^2 genotípusú *HuF* tehenek esetében. A *MT* állományban egyedül a ritka A^1B genotípus esetében átlagon felüli az

ellésszám (M2-18. ábra, ld. függelék). Az I_v értéke pedig a *HF* β-CN A^1B, A^2A^2, A^1A^2, *MT* A^1A^1, A^2B, A^2A^2 és *HuF* A^1A^1, A^1A^2 tehenek esetében haladja meg a megfelelő populációátlagokat (M2-19. ábra, ld. függelék).



4-37. ábra: Az κ-CN genotípusok hatása a vizsgált tejelő szarvasmarha állományok fertilitására.
a-a P=0,005; *b-b P*=0,045; *c-c P*=0,048; *d-d P*=0,094; *g-g, h-h, i-i P*<0,0005.

κ-CN

Egytényezős varianciaanalízissel vizsgálva a *HF* állományt, közel szignifikáns (*P*<0,1) a κ-CN lókusznak a tehénhasználat intenzitási indexre gyakorolt hatása. A *HuF* populációban szignifikáns (*P*<0,001) a κ-CN genotípusok és az I_v kapcsolata, a *MT* állományban pedig egyetlen esetben sem tapasztaltam szignifikáns összefüggést a κ-CN lókusz és a tehenek reproduktív teljesítménye között (M2-21. táblázat, ld. függelék).

Az összes lókuszt figyelembe véve, a fertilitás szempontjából legrosszabb, vagyis a két ellés között eltelt leghosszabb időt a *MT* és *HuF* állományban a κ-CN *AE* genotípus esetében észlelték (420 ill. 393,2 nap). *Jairam és Nair* [1983] szignifikáns kapcsolatot (*P*<0,01) igazolt a κ-CN lókusz és az első és második ellés között eltelt idő között. Az általa tanulmányozott tharparkar és vörös sindhi fajtában a *BB* genotípusú teheneknél rövidebb volt az első és második ellés között eltelt idő, mint az *AA* esetében. A hazai állományokban ilyen szignifikáns összefüggést

nem tapasztaltam, de a *HF* és *MT* fajtában ugyanez a tendencia érvényesül (4-37. ábra). A κ-CN lókuszon belül a *HF* állományban a *BE* genotípus esetében a legrövidebb az I. és II. ellés között eltelt idő. A populációátlag alatti, vagyis a fertilitás szempontjából kedvező genotípusok a *BE<BB<EE<AE*. A *MT* állatok közül szintén populációátlagon aluli értéket mutatnak a *BB<AB* genotípusok, a *HuF* állományban pedig a *BE<AA<BB*. A populációátlagtól való átlagos eltérés a *HF* κ-CN *BE* és *AE* genotípusok esetében majdnem egy hónap (25,3 ill. 29,4 nap), a *HuF* fajtában az *AE* állatoknál pedig több mint egy hónap (34,3 nap) (M2-17. ábra, ld. függelék). Populációátlagon felüli tehénhasználat intenzitási index érteket mutatnak csökkenő sorrendben a *HF* állományban a κ-CN *BB>AE>BE>EE*, a *MT*-ban az *AB>BB>AE*, a *HuF*-ben pedig az *AE>AB>AA* genotípusok (M2-19. ábra, ld. függelék). Az átlagos ellésszám szempontjából, amely azt tükrözi, hogy az állatok mennyi ideig tarthatók a termelésben, nincsen fajtától függetlenül, egységesen megfigyelgető tendencia. A *HF* állományban az *AB* genotípusok, a *MT*-ban a *BB*, a *HuF*-ben pedig az *AA* tehenek voltak leghosszabb ideig aktív szolgálatban (4-37. ábra; M2-18. ábra, ld. függelék). A reproduktív tulajdonságok szempontjából egységes tendencia érvényesül a *MT* és *HuF* állományban. A *MT* állatok esetében a *BB* és *AB* minden szempontból előnyösebb, mint az *AA*, a *HuF* állományban pedig fordított a helyzet, az *AA* kedvezőbb, mint a *BB*.

β-LG

Az egytényezős varianciaanalízis szerint a *HF* állományban a β-LG genotípusok szignifikáns ($P<0{,}001$) hatással vannak az első és második ellés között eltelt időre, valamint a tehénhasználat intenzitási indexre A *HuF* fajtában pedig közel szignifikáns ($P<0{,}1$) a lókusz I_v-re gyakorolt hatása. A vizsgált *MT* állományban viszont egyetlen esetben sem tapasztaltam szignifikáns összefüggést a β-LG genotípusok és a tehenek reproduktív teljesítménye között (M2-21. táblázat, ld. függelék).

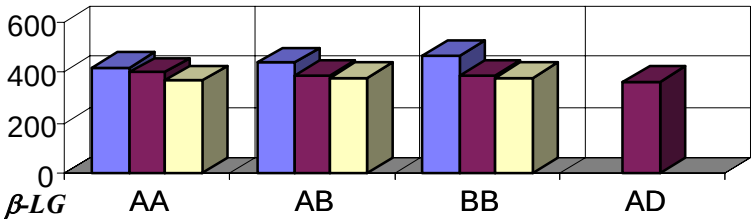
A *HF* állományban mindhárom vizsgált paramétert figyelembe véve az *AA* genotípus előnyösebb, mint az *AB* ill. *BB* (*AA>AB>BB*) (4-38. ábra). A tehénhasználat intenzitási index esetében az *AA* és *BB* genotípusok közötti különbség szignifikáns ($P<0{,}007$). A *MT* fajtában nem ennyire egységes a kép, de az igaz, hogy az *AB* genotípus mindig előnyösebb, mint az *AA*, és csak az I_v érték esetében nem éri el a populációátlagot (M2-19. ábra, ld. függelék). A *HuF* teheneknél *AA<BB<AB* irányban nő az I. és II. ellés között eltelt idő, *AB>BB>AA* irányban csökken az átlagos ellésszám és a tehénhasználat intenzitása. A *BB* genotípusok pedig mindhárom paraméter tekintetében a populációátlag alatt maradnak.

4.4. A különböző termelési paraméterek közötti összefüggések vizsgálata

Egy szelekciós stratégia kidolgozása során figyelembe kell venni, hogy a termelt tej, tejfehérje és tejzsír mennyisége, a tej %-os fehérje- és zsírtartalma egymástól nem független paraméterek. Ha az egyik paraméterre szelektálunk, akkor a vele pozitív vagy negatív korrelációban lévő paraméter is megváltozik. Így pl. a tej-kg és a tejzsír-kg ($r= 0{,}9$), ill. tej-kg és tejfehérje-kg között igen szoros pozitív korreláció van. A tejmennyiség és zsír %, valamint a tejmennyiség és a fehérje % között negatív (populációk szerint eltérő szorosságú), a tejfehérje % és tejzsír % között pedig pozitív ($r= 0{,}4$ - $0{,}6$) korreláció tapasztalható [*Guba*, 1985].

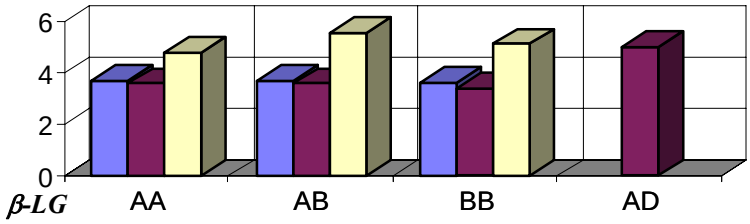
Az e dolgozatban vizsgált hazai szarvasmarha fajták esetében a termelési paraméterek -a termelt tej mennyisége, a tejösszetétel és a reprodukciós tulajdonságok- között fennálló korrelációkat a M2-22., M2-23. és M2-24. táblázat (ld. függelék) tartalmazza. A termelt tej mennyisége és összetétele közötti korrelációk nem mutatnak lényeges eltérést a fent leírt tendenciákhoz képest. Az I. és II. ellés között eltelt idő fajtánként eltérő szorosságú pozitív korrelációt mutat a tej-kg ill. fehérje-kg értékekkel, és a *MT* és *HuF* fajtában a zsír-kg értékekkel is. A tehénhaszálat intenzitási index (I_v) esetében pedig különböző szorosságú, negatív korrelációt tapasztaltam a tej-kg és fehérje-kg értékekkel, valamint az I-II. ellés között eltelt idővel.

I. és II. ellés között eltelt idő (nap)



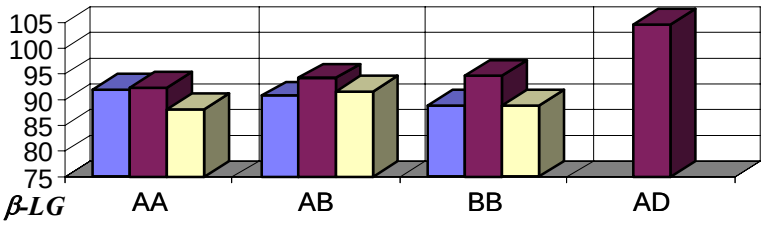
HF	418,6 ± 9,4	437,7 ± 5,6	463,6 ± 10,1	–
MT	397,0 ± 12,7	384,5 ± 6,3	388,1 ± 10,6	361,0
HuF	366,5 ± 9,1	380,1 ± 5,9	378,0 ± 5,5	–

Átlagos ellésszám (db)



HF	3,71 ± 0,16	3,67 ± 0,10	3,64 ± 0,13	–
MT	3,57 ± 0,33	3,58 ± 0,17	3,39 ± 0,23	5,00
HuF	4,76 ± 0,41	5,52 ± 0,21	5,10 ± 0,21	–

Tehénhasználat intenzitása (%)



HF	91,88 ± 0,74 *e*	90,59 ± 0,49 *f*	88,98 ± 0,73 *e,f*	–
MT	92,32 ± 1,25	94,04 ± 1,33	94,46 ± 0,96	104,54
HuF	88,07 ± 4,62	91,56 ± 0,89 *j*	88,91 ± 0,89 *j*	–

4-38. ábra: Az β-LG genotípusok hatása a vizsgált tejelő szarvasmarha állományok fertilitására. *e-e P*=0,007; *f-f P*=0,058; *j-j P*=0,040.

4.5. Új tudományos eredmények

- A magyar szürke tehenek tejében egy eddig nem ismert, új β-laktoglobulin allélt (β-LG *J*) sikerült kimutatni CA-IPG-IEF módszerrel. Ennek izoelektromos pontja (pI=5,393) natív körülmények között 0,014 pH egységgel savasabb, mint a *B* allélé.
- Két német munkacsoporttal együttműködve meghatároztam az új β-LG allél aminosav sorrendjét. Elsődleges szerkezete egyetlen aminosavban tér el a *B* alléltól. A 126. pozícióban, ahol a többi allélnál egy prolin található, ott a *J* allél esetében egy leucin helyezkedik el a fehérjeláncban.
- A tenyésztők munkáját segítendő beállítottam egy polimeráz láncreakción (PCR) és restrikciós fragmenshossz polimorfizmuson (RFLP) alapuló módszert, melynek segítségével vérmintából izolált genomiális DNS-t MspI enzimmel emésztve már akár az állat születésével egyidőben megállapítható, hogy hordozza-e a β-LG *J* allélt vagy sem.
- A hetvenes évek eleje óta egyedül én vizsgáltam, az akkoriban használatos módszernél (keményítő elektroforézis) sokkal érzékenyebb gélelektroforetikus technikákkal (CA-IEF és CA-IPG-IEF) hazai magyartarka és magyar szürke tehenek tejfehérje genotípusát. Saját eredményeimet az irodalmi adatokkal összevetve megállapítottam, hogy az elmúlt húsz év alatt a *MSZ* állományban az α_{S1}-CN és β-CN lókuszban nem változtak szignifikánsan a géngyakoriságok, míg a *MT* állományban a β-CN *A* allél gyakorisága szignifikánsan megnőtt, a β-CN *C* allélé pedig csökkent.
- A κ-CN genotípus-vizsgálatok mellet először határoztam meg hazai tejelő holstein-fríz (fajtatiszta valamint magyartarkával keresztezett) és hungarofríz állományok α_{S1}-, és β-CN, valamint β-LG tejfehérje genotípus-megoszlását.
- Először vizsgáltam két különböző statisztikai módszerrel („egy-génes” és „több-génes” analízissel) – melyeket célszerű együttesen alkalmazni – hogy a főbb hazai tejelő szarvasmarha állományok esetében a különböző tejfehérje genotípusoknak milyen hatása van a termelt tej, tejfehérje és tejzsír mennyiségére, ill. a tej összetételére. Az irodalmi adatokhoz hasonlóan a genotípusok hatása a hazai állományokban is erősen függött az állatok genetikai hátterétől (fajta). A tejfehérje lókuszok közül a κ-CN az, amely a legtöbb vizsgált paramétert befolyásolja. Az első laktációs *MT* állomány esetében pl. szignifikáns hatást gyakorol nemcsak a tejhozamra, a fehérje- és zsírtermelésre, hanem a tej fehérje- és zsírtartalmára is.
- Megvizsgáltam a tejfehérje genotípusok és egyes reproduktív tulajdonságok közötti összefüggéseket is. Itt is erős fajtafüggést tapasztaltam. A κ-CN és a β-LG lókusz szignifikáns hatását sikerült kimutatni az I. és II. ellés között eltelt időre, ill. a tehénhasználat intenzitási indexre.

5. KÖVETKEZTETÉSEK ÉS JAVASLATOK

Az elmúlt 15-20 év során világszerte intenzíven folyó tejfehérje kutatások arra utalnak, hogy egyes allélok kapcsolatban állhatnak a termelési paraméterekkel, a tej összetételével, ill. annak fizikai-kémiai tulajdonságaival. Ezek az eredmények nagy érdeklődésre számíthatnak a tenyésztők körében, mert ha a tejfehérje géneket szelekciós markerként lehetne használni a tenyésztésben, akkor ez a szelekció hatékonyságának növelése révén új lehetőségeket nyitna a tejhozam emelésére és a tejösszetétel javítására irányuló erőfeszítések terén.

A tejfehérje allélok és a termelési paraméterek, valamint a tejösszetétel közötti összefüggések vizsgálata során a tejfehérje genotípusok meghatározására használt egyre nagyobb számú és érzékenyebb módszer az általánosan előforduló, gyakori allélek mellett egy sor új, ritka allél felfedezését is eredményezte. Ilyen új, korábban nem ismert allél például a *MSZ* fajtában talált β-LG *J*. Ezt az allélt azóta kimutatták még egy szintén *Bos primigenius* eredetű koszovói fajtában is. Feltétlenül érdemes lenne megvizsgálni, hogy ez az új β-LG allél hogyan befolyásolja a tej minőségét, összetételét ill. fizikai-kémiai tulajdonságait, és van-e hatása a tejhozamra vagy a reproduktív tulajdonságokra.

A tejfehérje genotípusoknak a termelési paraméterekre (pl. tejhozam) gyakorolt hatására vonatkozó irodalmi adatok igen ellentmondásosak. A valódi ok-okozati összefüggésekről a legtöbb esetben igen keveset lehet tudni. Feltételezik azonban, hogy az egyes tejfehérje genotípusok hatása általában nem közvetlenül, hanem más, kapcsolt géneken keresztül, közvetve érvényesül, és számos környezeti és genetikai tényező mellett (pl. a tehén életkora, évszak hatása, laktációk száma, egészségi állapot, genetikai háttér) a kiértékeléshez alkalmazott mérési módszerek és statisztikai modellek is számottevően befolyásolhatják. Így az irodalmi adatok közvetlenül nem alkalmazhatók a hazai szarvasmarha állományokra. Ezért, mielőtt nekiállhatnánk egy tejfehérje markereket is magába foglaló, tejhozam emelésére vagy tejösszetétel megváltozatására irányuló szelekciós stratégia kidolgozásának, rendkívül fontosnak tartom a hazai fajták ill. állományok vizsgálatát, és nemcsak a tenyésztésben, hanem a termelésben használt állatok tejfehérje genotípusának meghatározását is, valamint a termelési paraméterekkel ill. tejösszetétellel mutatott összefüggések tanulmányozását.

Megállapítható, hogy a tanulmányozott hazai állományokban fajtától függetlenül, mind "egy-génes", mind "több-génes" analízissel vizsgálva a κ-CN és β-LG genotípusok nagyobb hatást gyakorolnak a tejhozamra, tejösszetételre és a fertilitásra, mint az α_{S1}- és β-CN genotípusok.

A tej fehérje- és kazeintartalma, az alvadási idő, valamint az alvadék keménysége és a sajtkinyerés szempontjából kedvezőbb κ-CN *B* allélt számos ország szarvasmarha-tenyésztői (pl. Svájc, Dánia, Olaszország) a szelekció során előnyben részesítik. A jelen munkában tanulmányozott szarvasmarha állományok esetében a κ-CN *BB* genotípusú egyedek a vizsgált paraméterek közül (tejhozam, fehérjetermelés, zsírtermelés, fehérjetartalom, zsírtartalom, reproduktív tulajdonságok) egyedül a tej %-os fehérjetartalmában mutattak mindkét laktációban, fajtától függetlenül, átlagon felüli teljesítményt. A *B* allél gyakoriságának növelése támogatandó törekvés akkor, ha a szelekció célja a tej összetételének ill. technológiai értékének a sajtgyártás szempontjából kedvezőbb irányú megváltoztatása. Nem szabad azonban figyelmen kívül hagyni, hogy pl. a tejhozam és a tej zsír- és fehérjetartalma negatív korrelációt mutat, míg a zsír % és a fehérje % között pozitív korreláció érvényesül.

A másik tejfehérje allél, melyet érdemes lenne bizonyos szelekciós stratégiákba bevonni a β-LG *B*. Az irodalmi adatok szerint ez az allél a kazeintartalom és kazeinszám, a zsírtartalom és a kinyerhető sajt mennyisége szempontjából kedvezőbb, mint a β-LG *A*. A hazai állományokban és az alkalmazott módszerekkel e lokusz nem mutatott szignifikáns hatást a tejhozam, tejzsír- és tejfehérje-termelés, ill. a tej fehérje- és zsírtartalmának alakulására. A β-LG *BB* genotípusú egyedek egyetlen esetben sem produkáltak fajtától függetlenül átlagon felüli eredményeket.

A ritka allélok ill. genotípusok hatásának statisztikai értékelése az alacsony egyedszám miatt (1-4 állat) nem volt lehetséges. Annak kiderítésére, hogy ezek a ritka allélok (α_{S1}-CN *C*, β-CN A^3, *B* és *C*, κ-CN *E*, β-LG *D*) hogyan befolyásolják a tej összetételét ill. a termelési és reproduktív paramétereket még további, nagyobb számú egyeden végzett vizsgálatok szükségesek.

A tejfehérje genetikai polimorfizmus jó segítséget nyújthat a meglévő szarvasmarha populációk ill. fajták (pl. *MSZ*) genetikai variabilitásának és diverzitásának fenntartását célzó szelekciós stratégiák kidolgozásában is.

A *MSZ* tejfehérje-genotípus vizsgálatok pozitív visszhangját jelzi, hogy e dolgozatom tárgyát képező állományok vizsgálatán felül 1997-ben a Magyar Állattenyésztők Egyesülete Magyar Szürke Baráti Körének megbízá-

sából több mint 120 *MSZ* tehén β-LG genotípusának meghatározását végeztem el. Ezen kívül az Alta Genetics (Calgary, Kanada) európai részlegének munkatársai is nagy érdeklődést mutattak az új β-LG allél iránt.

A továbbiakban javaslom a jelen dolgozat keretében vizsgált állományok esetében a következő generációk tejfehérje genotípus vizsgálatát. Az általam tipizált tehenek valószínűleg mára már kikerültek a termelésből, helyüket pedig leányaik, unokáik vették át. Ezek genotípusát is meghatározva lehetőség nyílna a haplotípusok vizsgálatára, sőt, QTL analízisre is.

Javasolnám továbbá a *MSZ* tej további vizsgálatát olyan szempontból, hogy a *J* allél hogyan befolyásolja a sajtgyártással kapcsolatos tulajdonságokat. Mivel azonban a *MSZ* igen nehezen kezelhető, célszerű lenne keresztezéssel más fajtába átvinni a *J* allélt és úgy vizsgálni a hatását.

6. ÖSSZEFOGLALÁS

A tejfehérjék igen fontos szerepet játszanak a humán táplálkozásban. A fejlett országokban a lakosság összfehérje szükségletének mintegy 30%-át a tej és tejtermékek biztosítják. A tejfehérje genetikai polimorfizmus felfedezése új megvilágításba helyezte a tej minőségében és a feldolgozása során, különösen a sajtgyártás területén tapasztalt különbségeket. Az elmúlt évtizedekben bizonyítást nyert, hogy a főbb tejfehérjék mindegyike kisebb-nagyobb mértékben befolyásolja a tej összetételét vagy a tejfeldolgozás szempontjából fontos tulajdonságokat (pl. hőstabilitás, alvadási idő), esetleg mindkettőt. Sőt, egyes országokban már a tenyésztésben is figyelembe veszik a tejfehérjék genetikai polimorfizmusát és előnyben részesítik pl. a κ-CN *B* allélt hordozó egyedeket. A magyarországi tejelő szarvasmarha állomány minőségi javításához, ill. az alacsony létszámú, génrezervként fontos szerepet játszó magyar szürke állomány genetikai diverzitásának megőrzéséhez elengedhetetlen a meglévő populációk génállományának felmérése, és egy ennek megfelelő szelekciós stratégia kidolgozása.

Munkám fő célja a legfontosabb hazai szarvasmarha fajták ill. állományok tejfehérje genetikai összetételének meghatározása, egy új tejfehérje allél (β-laktoglobulin *J*) bemutatása és jellemzése, valamint a főbb hazai tejelő fajták esetében a különböző tejfehérje allélok és a tejösszetétel, termelési tulajdonságok és reproduktív tulajdonságok közötti összefüggések vizsgálata.

Négy hazai szarvasmarha fajtához tartozó, közel 1400 tehén (magyar szürke [*MSZ*] - 325, magyartarka [*MT*] - 296, holstein-fríz [*HF*] - 578, hungarofríz [*HuF*] - 190) α_{S1}-, β-, κ-kazein [CN] és β-laktoglobulin [LG] genotípusát állapítottam meg egyedi tejmintákból izoelektromos fokuszálással. Meghatároztam az egyes fajtákra, ill. állományokra jellemző genotípus és allélgyakoriságokat, valamint az egyes fajták közötti genetikai távolságokat.

A vizsgált szarvasmaha állományok genetikai egyensúlyban vannak, a tapasztalt és a Hardy-Weinberg törvény alapján számolt várt genotípus gyakoriságok között nincsen szignifikáns eltérés. Az α_{S1}-CN *B* és *C* alléljai minden eddig vizsgált szarvasmarha populációban, így a hazai állományokban is megtalálhatók. A nyugat-európai ill. tengerentúli *HF* állományokhoz hasonlóan a hazai fajták közül is a *HF* populáció esetében a legalacsonyabb, csupán 3,65% az α_{S1}-CN *C* allél gyakorisága. A *HuF* esetében ez 10,9%, a *MT* -nál pedig 12,07%. A *MSZ* fajtában a *C* allél aránya viszont igen magas, eléri a 26,57%-ot. Ez mind a *MT*-nál, mind a *HF*-nél és *HuF*-nél szignifikánsan magasabb (P<0,0001) *C* allélgyakoriságot jelent. Egyedül a *MT* és *HuF* közötti különbségek nem szignifikánsak. Az α_{S1}-CN lókuszban a 70-es évek elején és az általam (90-es évek) tapasztalt allélgyakoriságok között az eltérés nem szignifikáns sem a *MSZ*, sem a *MT* esetében. Az igen ritka α_{S1}-CN *A* és *D* allél a vizsgált hazai populációkban nem fordult elő. A β-CN lokuszban a hazai populációk vizsgálata során minden esetben az A^2 allél gyakoriságát találtam magasabbnak. Az A^2 allélt hordozó állatok száma *MSZ* (78,18%) > *MT* (64,8%) > *HF* (49,04%) > *HuF* (44,95%) irányban csökken, míg az A^1 allélt hordozó egyedek száma közel hasonló módon nő: *MSZ* (19,39%) < *MT* (27,38%) < *HuF* (38,03%) < *HF* (45,57%). Az A^3 allél csak a *MT* és *HF* állományban fordult elő, 0,5% ill. 0,26%-os gyakorisággal. Az vizsgált hazai populációk közötti különbségek nem szignifikánsak az A^3 allél esetében, viszont szignifikánsak a *HF* és *HuF* populációk közötti különbségek kivételével az A^2 és A^1 allél esetében. Ha nem teszünk különbséget az A^1, A^2 és A^3 allélek között, akkor a 70-es évek elején mért allélgyakoriságokhoz képest a *MSZ* állomány mára nem változott szignifikánsan. Ezzel szemben a *MT* fajta esetében az elmúlt két évtizedben szignifikánsan (P<0,0001) megnövekedett (81,9%-ról 92,7%-ra) az *A* allél aránya, méghozzá a *C* rovására. A közönséges szarvasmarha fajták többségében a β-CN *B* allél gyakorisága nem haladja meg a 10%-ot. A hazai állományok esetében előfordulási gyakorisága 2,44% (*MSZ*), 5,13% (*HF*), 6,46% (*MT*) és 16,22% (*HuF*). A *B* allél gyakoriságát tekintve egyedül a *MT* és a *HF* között nincsen szignifikáns különbség. A *B* allélra nézve a mai *MSZ* és *MT* populációk nem különböznek szignifikánsan a 70-es évek elején vizsgált állományoktól. A β-CN *C* allél a *MSZ*-ében és a *HF*-ben nem fordul elő, míg gyakorisága a *MT*-ban 0,85%, a *HuF*-ben pedig 0,8%. A *MT* állomány β-CN *C* allélgyakorisága ma több mint 70%-kal alacsonyabb (P<0,0001) mint a 70-es években. A két leggyakoribb κ-CN allél, az *A* és *B* az eddig vizsgált összes szarvasmarha fajtában megtalálható. A fajták többségében az *A* allél fordul elő nagyobb gyakorisággal. A hazai állományok a *HuF* kivételével ebbe a kategóriába tartoznak: *MSZ* (67,8%), *HF* (70,4%) és *MT* (77,7%). A *HuF* esetében, a fajta 12,5-62,5%-os jersey vérhányadának köszönhetően az *A* allél gyakorisága csupán 47,6%, míg a *B* allélt hordozó állatok aránya 50,27%. A vizsgált fajták közötti allélgyakoriságbeli különbségek általában szignifikánsak, kivéve az *A* allélgyakoriságokat a *MSZ* és *HF* között, ill. a *B* allélgyakoriságokat a *MT* és *HF* között. A ritka κ-CN *C* allélt kizárólag heterozigóta formában és csak a *MT* és *HuF* állományokban sikerült detektálni, 1,18% ill. 0,27% gyakorisággal. A fajták közötti, allélgyakoriságbeli eltéré-

sek szignifikánsak a *MT* és *MSZ* (*P*=0,0063), ill. a *MT* és *HF* esetében (*P*=0,0005). A κ-CN *E* allél mind a *MT* és *HF*, mind a *HuF* tehenek tejéből kimutatható (allélgyakoriságok: 0,34%, 6,61% és 1,86%), és az allélgyakoriságbeli különbségek egyedül a *MSZ* és *MT* között nem szignifikánsak. A β-LG allélok közül a *Bos taurus* fajták túlnyomó többségére a *B* allél nagyobb gyakorisága jellemző. Ez igaz a hazai fajtákra is. A *HuF* tehenek 62,37%-a, a *MSZ* tehenek közül pedig még ennél is több, 79,72% hordozza a *B* allélt. A *MT* és *HF* esetében közel azonos gyakorisággal fordul elő az *A* (45,61% ill. 45,33%) és *B* (53,38% ill. 54,67%) allél. Ezzel a *MT* és *HF* szignifikánsan különbözik a többi hazai fajtától és azok *A* és *B* allélgyakoriságai is szignifikánsan eltérnek egymástól. A jelen tanulmány keretében vizsgált *MT* populáció β-LG allélgyakoriságai nem különböznek szignifikánsan a 70-es évek elején tanulmányozott *MT* állománytól. A ritka *D* allél a hazai fajták közül egyedül a *MT*-ban fordul elő, méghozzá 1%-os gyakorisággal. A *MSZ* fajtában ezen kívül sikerült kimutatni egy új, az irodalomból eddig még nem ismert β-LG allélt (β-LG *J*), melynek allélgyakorisága 4,87%, és a többi hazai fajtában nem fordul elő.

A vizsgált hazai szarvasmarha fajták közötti, a négy tejfehérje lokuszra vonatkozó átlagos genetikai távolságokat *Oishi és Tomita* (1976) módszere alapján, az egyes fajtákra jellemző, azok állományainak összesített adataiból nyert allélgyakorisági értékek felhasználásával határoztam meg. Ezek szerint a vizsgált fajták közötti átlagos genetikai távolságok *HF-MT* (0,119) < *HF-HuF* (0,178) < *HuF-MT* (0,201) < *MSZ-MT* (0,231) < *MSZ-HuF* (0,297) < *MSZ-HF* (0,307) irányban nőnek. Ez teljes mértékben egyezik azon távolságokkal, amelyeket olyan meggondolások alapján várnánk, hogy ismerjük mely fajták és mekkora vérhányaddal vettek részt a különböző állományok kialakításában.

A *MSZ* tehenek tejfehérje genotípusának meghatározása során felfedezett új β-LG *J* allél immobilizált pH-gradiensen történő izoelektromos fokuszálással (CA-IPG-IEF) mutatható ki natív körülmények között. Izoelektromos pontja (pI=5,393) 0,014 pH-egységgel savasabb, mint a β-LG *B* allélé. Két német kutatócsoporttal együttműködve izoláltuk az új allélt és meghatároztuk elsődleges szerkezetét. Aminosavlánca a β-LG *B* allélhoz képest a 126. pozícióban mutat eltérést: ahol a többi allélnál egy prolin található, ott a *J* allél esetében egy leucin helyezkedik el a fehérjeláncban. Ez az aminosavcsere (néma mutáció) valószínűleg a szomszédos (127. pozícióban lévő) glutaminsav karboxil csoportjának megnövekedett disszociációját okozva felelős az izoelektromos pont savas irányba történt eltolódásáért. Ezt igazolja az a tény is, hogy denaturáló/redukáló körülmények között a *B* és *J* allél közötti pH-különbség megszűnik. A tenyésztők munkáját segítendő kidolgoztunk egy polimeráz láncreakción (PCR) és restrikciós fragmenshossz polimorfizmuson (RFLP) alapuló módszert, melynek segítségével már akár az állat születésével egyidőben megállapítható, hogy hordozza-e a β-LG *J* allélt vagy sem. A vérmintából készített genomiális DNS felhasználásával, a β-LG gén 5. exonjának amplifikálása után MspI enzimmel emésztve a PCR reakcióterméket, majd elektroforetikusan megfuttatva és festve, megállapítható a *J* allélra jellemző 85 nukleotid hosszúságú DNS fragment jelenléte vagy hiánya.

Egy-egy *MT* és *HF*, valamint két *HuF* állomány termelési adatait felhasználva, statisztikai módszerekkel vizsgáltam a különböző tejfehérje genotípusok és a 305 napos standard tejhozam, tejfehérje- és zsírtermelés, a tej összetétele (fehérjetartalom, zsírtartalom), valamint a reproduktív tulajdonságok (első és második ellés között eltelt idő, átlagos ellésszám, tehénhasználat intenzitása) közötti összefüggéseket. Amint az már az irodalmi adatokból is várható volt, az egyes tejfehérje genotípusoknak a tej összetételére ill. a termelési paraméterekre gyakorolt hatása közvetve érvényesül, és számos környezeti és genetikai tényező mellett (pl. a tehén életkora, évszak hatása, laktációk száma, egészségi állapot, genetikai háttér) a kiértékeléshez alkalmazott mérési módszerek és statisztikai modellek is jelentősen befolyásolják. Az α_{S1}-CN lokusz hatása szignifikáns vagy közel szignifikáns "egy-génes" analízissel vizsgálva a tejhozamra (*HuF*, 2. laktáció *P*<0,1), a fehérjetartalomra (*HF*, 2. lakt. *P*<0,0005; *HuF*, 1. és 2. lakt. *P*<0,05) és a tejzsír-termelésre (*HuF*, 2. lakt. *P*<0,1). A β-CN lokusz hatása szignifikáns vagy közel szignifikáns "egy-génes" analízissel vizsgálva a tejhozamra (*HF*, 2. lakt. *P*<0,1), "több-génes" analízissel pedig a fehérjetartalomra (*MT*, 2. lakt. *P*<0,05). A κ-CN lokusz hatása szignifikáns vagy közel szignifikáns "egy-génes" analízissel vizsgálva a tejhozamra (*MT*, 1. lakt. *P*<0,001és 2. lakt. *P*<0,05), a tejfehérje-termelésre (*MT*, 1. lakt. *P*<0,05), a fehérje-tartalomra (*MT*, 1. lakt. *P*<0,05 és 2. lakt. *P*<0,005), a zsírtermelésre (*HF*, 1. lakt. *P*<0,05; *MT*, 1. lakt. *P*<0,05) és a zsírtartalomra (*HF*, 1. lakt. *P*<0,05; *MT*, 1. lakt. *P*<0,1), "több-génes" analízissel pedig a tejhozamra (*MT*, 1. lakt. *P*<0,005 és 2. lakt. *P*<0,05; *HuF*, 1. lakt. *P*<0,05), a tejfehérje-termelésre (*MT*, 1. lakt. *P*<0,05), a fehérje-tartalomra (*MT*, 1. lakt. *P*<0,05 és 2. lakt. *P*<0,005), a tejzsír-termelésre (*MT*, 1. és 2. lakt. *P*<0,1; *HuF*, 1. lakt. *P*<0,1 és 2. lakt. *P*<0,1) és a tej zsírtartalmára (*MT*, 1. lakt. *P*<0,05). A β-LG genotípusok hatása pedig közel szignifikáns ill. szignifikáns "egy-génes" analízissel vizsgálva a tej fehérje- (*MT*, 1. lakt. *P*<0,1) és zsírtartalmára

(*MT*, 1. lakt. *P*<0,05).

A tejfehérje genotípusok a reproduktív tulajdonságokat is befolyásolják. A *HF* állományban az első és második ellés között eltelt időre a β-LG lokusz fejt ki szignifikáns hatást (*P*<0,001). A populációátlagok *HuF* (377,8 nap) < *MT* (387,4 nap) < *HF* (441,5 nap) tendencia szerint változnak. A tehénhasználat intenzitási index alakulására a *HF* állományban a κ-CN lokusz közel szignifikáns (*P*<0,1), a β-LG lokusz pedig szignifikáns (*P*<0,001) hatást gyakorol, a *HuF* állományban pedig a κ-CN lokusz hatása szignifikáns (*P*<0,001), míg a β-LG genotípusok csak közel szignifikáns (*P*<0,1) hatással bírnak. A tehénhasználat intenzitása a *MT* állományban a legmagasabb, a populációátlagok 90,36% (*HF*), 94,06% (*MT*) és 90,13% (*HuF*). A három vizsgált fajta közül leghosszabb ideig a *HuF* teheneket tartják a termelésben, itt az átlagos ellésszám 5,27, ami 30 ill. 33%-kal magasabb, mint *HF* és *MT* populációban.

Megállapítható, hogy a tanulmányozott hazai állományokban fajtától függetlenül a κ-CN és β-LG genotípusok nagyobb hatást gyakorolnak a tejhozamra, tejösszetételre és a fertilitásra, mint az α_{S1}- és β-CN genotípusok. Az új szelekciós stratégiák kidolgozása során a κ-CN *B* allél gyakoriságának növelése támogatandó törekvés akkor, ha a szelekció célja a tej összetételének ill. technológiai értékének a sajtgyártás szempontjából kedvezőbb irányba történő megváltoztatása. Nem szabad azonban figyelmen kívül hagyni, hogy pl. a tejhozam és a tejzsírtermelés általában negatív korrelációt mutat a tej fehérjetartalmával, ugyanakkor a zsír % pozitív korrelációban van a fehérje %-kal. A ritka allélok hatásának statisztikai értékelése az alacsony egyedszám miatt e munkában nem volt lehetséges, ez további vizsgálatokat igényel. A ritka allélek megőrzése, vagyis a meglévő szarvasmarha populációk ill. fajták genetikai variabilitásának és diverzitásának fenntartása igen fontos szempont a kis létszámú populációk (pl. *MSZ*) esetében. A tejfehérje polimorfizmus jó segítséget nyújthat az állattenyésztők számára ilyen szelekciós stratégiák kidolgozásában is.

SUMMARY

Milk proteins play an important role in human nutrition. In the developed countries about 30% of the required total protein intake is provided by milk and milk products. The discovery of milk protein polymorphisms have put the differences observed in the quality of milk and during milk processing, in particular cheesemaking in a new light. In the last decades it has been proved, that each of the main milk proteins to a smaller or higher degree have an effect on milk composition or on some properties important during milk processing (e.g. heat stability, clotting time) or on both. In fact, in some countries milk protein polymorphisms are considered in breeding programs and animals bearing for e.g. the κ-casein *B* allele are preferred. To improve the quality of the Hungarian dairy cow populations or to preserve genetic diversity in breeds with a small population, which play an important role as a genetic resource (e.g. Hungarian grey) it is essential to examine the genetic pool of the existing populations and accordingly to establish a proper selection strategy.

The main objectives of this work are to describe the milk protein genetic composition of the most important Hungarian cattle breeds, to demonstrate and characterise a new milk protein genetic variant (β-lactoglobulin *J*) and to examine the effect of different milk protein genetic variants on milk production, milk composition and reproductive properties.

Individual milk samples of nearly 1400 cows belonging to four Hungarian cattle breeds (325 Hungarian grey [*MSZ*], 296 Hungarian red spotted [*MT*], 578 Hungarian Holstein Friesian [*HF*] and 190 Hungarofriesian [*HuF*]) were typed for α_{S1}-, β-, κ-casein (CN) and β-lactoglobulin (LG) using isoelectric focusing. Genotype and gene frequencies for the different breeds were determined and genetic distances were calculated.

The examined cattle populations are in genetic equilibrium, found and expected genotype frequencies, the latter calculated according to the Hardy-Weinberg law, are not significantly different. Like in all cattle populations examined so far α_{S1}-CN *B* and *C* variants are also present in the Hungarian breeds. As in western European or transatlantic Holstein populations among the Hungarian dairy breeds studied the *HF* has the lowest α_{S1}-CN *C* gene frequency, only 3.65%. In case of the *HuF* it amounts to 10.9% and in *MT* 2.07%. The highest α_{S1}-CN *C* gene frequency is found in *MSZ*, 26.5%. This is significantly ($P<0.0001$) higher than in *MT*, *HF* and *HuF*. Only between *MT* and *HuF* is the difference not significant. In case of the *MSZ* and *MT* breed the gene frequencies at the α_{S1}-CN locus have not significantly changed during the past 20-25 years. The very rare α_{S1}-CN *A* and *D* alleles are not present in the examined Hungarian cow populations. In the β-CN locus the A^2 is the most common allele in all Hungarian cattle breeds. Its frequency decreases in order *MSZ* (78.18%) > *MT* (64.8%) > *HF* (49.04%) > *HuF* (44.95%), while the frequency of the A^1 allele nearly in the same order increases: *MSZ* (19.39%) > *MT* (27.38%) > *HuF* (38.03%) > *HF* (45.57%). Variant A^3 is only present in the *MT* and *HF* populations with a frequency of 0.5% and 0.26%. At the β-CN locus differences between the gene frequencies in the Hungarian populations are not significant for variant A^3, but are significant for variants A^1 and A^2, except between *HF* and *HuF*. If we don't distinguish between variants A^1, A^2 and A^3 the gene frequency for β-CN *A* measured in the seventies has not significantly changed in the *MSZ* breed compared to the present population. On the other hand in *MT* it has significantly ($P<0.0001$) increased from 81.9% to 92.7% at the cost of allele *C*. In the most common cattle breeds the frequency of β-CN *B* is usually not higher than 10%. In the Hungarian cattle populations its frequency is 2.44% (*MSZ*), 5.13% (*HF*), 6.46% (*MT*) and 16.22% (*HuF*). Differences in β-CN *B* frequencies between the Hungarian breeds are significant, except between *MT* and *HF*, which is not significant. In *MSZ* and *MT* the *B* allele frequencies have not significantly changed in the past 20-25 years. Variant *C* is not present in the *MSZ* and *HF* breed, but its frequency amounts to 0.85% in *MT* and 0.8% in *HuF*. Compared to the seventies in the *MT* breed the β-CN *C* allele is over 70% more frequent today ($P<0.0001$). The two most common genetic variants of κ-CN (*A* and *B*) are present in all cattle breeds. In most breeds variant *A* is more frequent. Except *HuF* this is also true for the examined Hungarian cow populations belong to this group: 67.8% (*MSZ*), 70.4% (*HF*) and 77.7% (*MT*). In the *HuF* breed thanks to its 12,5-62,5% Jersey bloodshare the κ-CN *A* gene frequency is only 47.6%, while the *B* allele reaches 50.27%. In most cases differences for this variants between the breeds studied are usually significant, except for variant *A* between *MSZ* and *HF* and for variant *B* between *MT* and *HF*. The rare κ-CN *C* allele appears only as heterozygote and only in *MT* and *HuF* animals with a gene frequency of 1.18% and 0.27%. The differences in gene frequencies are significant between *MT* and *MSZ* ($P<0.0063$) and between *MT* and *HF* ($P<0.0005$). κ-CN variant *E* is present in the milk of the *MT*, *HF* and also *HuF* cows (gene frequencies are 0.34%, 6.61% and 1.86%) and only the difference

between *MSZ* and *MT* is not significant. In most of the *Bos taurus* breeds β-LG *B* is the more common allele. This is also true for the Hungarian breeds. Among the *HuF* cows 62.37%, and the *MSZ* cows even more, 79.72% have the *B* allele. In the *MT* and *HF* breeds the frequencies of β-LG variant *A* and *B* are almost equal (0.4561 and 0.5338 for *MT*, 0.4533 and 0.5467 for *HF*). The differences between the Hungarian breeds are all significant for β-LG *A* and *B*, except between *MT* and *HF*. The gene frequencies at the β-LG locus in the present *MT* population are not significantly different from that in the seventies. The rare *D* allele occurs only in *MT* animals with a frequency of 1%. In *MSZ* it was also possible to demonstrate the presence of a new β-LG genetic variant (β-LG *J*) in nearly 10% of the cows. This genetic variant could not be found in the other Hungarian cattle populations examined.

The overall genetic distances between the Hungarian cattle breeds studied are based on the gene frequencies of the four milk protein loci typed and were calculated according to the method of *Oishi and Tomita* (1976). The genetic distances are increasing in order *HF-MT* (0.119) < *HF-HuF* (0.178) < *HuF-MT* (0.201) < *MSZ-MT* (0.231) < *MSZ-HuF* (0.297) < *MSZ-HF* (0.307). This is in good agreement with distances expected by considering the known genetic composition of the breeds examined.

The new β-LG *J* variant discovered during phenotyping *MSZ* milk samples can be separated by immobilized pH-gradient isoelectric focusing in the presence of carrier ampholytes under native conditions. Its isoelectric point (pI=5.393) is 0.014 pH-units higher than that of variant B. In co-operation with two German research groups the new β-LG genetic variant has been purified and its primary sequence determined. The amino acid sequence shows a "silent" exchange of a Pro to Leu at position 126 compared to variant *B*. Very likely this amino acid substitution results in an increased dissociation of the carboxyl group of the neighbouring Glu (at position 127), leading to an acidic shift of about 0.014 pH-units as compared to β-LG *B*. This is also supported by the fact, that under denaturing/reducing conditions the pH difference between variant *B* and *J* is lost. To help the work of the breeders a method using polymerase chain reaction (PCR) and restriction fragment length polymorphism (RFLP) has been established to identify allele *J* from blood samples. After preparation of genomic DNA the 5th exon of the β-LG gene has been amplified and after digestion of the PCR fragment with MspI restriction enzyme the presence or absence of a 85 nucleotide DNA fragment characteristic for the *J* allele can be detected.

Production parameters of one *MT*, one *HF* and two *HuF* populations were evaluated using statistical methods to examine the effect of different milk protein genetic variants on the standard 305 day milk-, protein-, and fat production, on milk composition (protein and fat content), and on reproduction parameters (time between first and second calvings, average calvings and cow utilisation intensity index). As expected from data found in the literature the effect of different milk protein loci on milk composition an production parameters was dependent not only on environmental factors and genetic background (e.g. age, lactation number, health of the cow, breed) but was also dependent on the method of measurement and the statistical models used ("single-gene" or "multi-gene" analysis). Using "single-gene" analysis the α_{S1}-CN locus had a significant or near significant effect on milk production (*HuF*, first lactation, $P<0.1$), protein content (*HF*, second lactation, $P<0.0005$; *HuF*, first and second lactation, $P<0.05$) and fat production (*HuF*, second lactation, $P<0.1$). The β-CN locus showed significant or near significant effects on milk production (*HF*, second lactation, $P<0.1$) with "single-gene" analysis and on milk content (*MT*, second lactation, $P<0.05$) using "multi-gene" analysis. According to "single-gene" analysis the κ-CN locus had significant or near significant effect on milk production (*MT*, first lactation, $P<0.001$, and second lactation, $P<0.05$), protein production (*MT*, first lactation, $P<0.05$), protein content (*MT*, first lactation, $P<0.05$), fat production (*HF*, first lactation, $P<0.05$; *MT*, first lactation, $P<0.05$), and on fat content (*HF*, first lactation, $P<0.05$, and *MT*, first lactation, $P<0.1$), while "multi-gene" analysis revealed effects on milk production (*MT*, first lactation, $P<0.005$, and second lactation, $P<0.05$; *HuF*, first lactation, $P<0.05$), protein production (*MT*, first lactation, $P<0.05$), protein content (*MT*, first lactation, $P<0.05$, and second lactation, $P<0.005$), fat production (*MT*, first and second lactation, $P<0.1$; *HuF*, first and second lactation, $P<0.1$), and fat content (*MT*, first lactation, $P<0.05$). By "single-gene" analysis the β-LG genotypes had in the first lactation *MT* breed near significant ($P<0.1$) effect on protein content and significant effect ($P<0.05$) on fat content.

The reproduction parameters are also effected by the different milk protein genotypes. In the *HF* population the β-LG locus had a significant ($P<0.001$) effect on the time between first and second calvings. The population means are 377.8 days (*HuF*), 387.4 days (*MT*), and 441.5 days (*HF*). The cow utilisation intensity index (I_v) was near significantly influenced by the κ-CN locus ($P<0.1$), and significantly by the β-LG locus ($P<0.001$) in the *HF* population, while in *HuF* the effect of the κ-CN locus was significant ($P<0.001$) and that of the β-LG locus near

significant ($P<0.1$). The highest I_v could be measured in *MT*. The population means are 90.36% (*HF*), 94.06% (*MT*), and 90.13% (*HuF*). Among the three examined cow populations animals belonging to the *HuF* breed are kept for the longest time in production. In this breed the number of average calvings is 5.27, which is 30% and 33% higher than in the *HF* and *MT* populations.

It can be stated, that in the Hungarian dairy cattle populations examined κ-CN and β-LG genotypes have a greater effect on milk production, milk composition, and fertility, than α_{S1}-, and β-CN genotypes. Increasing the number of animals bearing the κ-CN B allele in new breeding strategies is recommended in case the aim of the selection strategy is for e.g. to improve milk composition or technological properties for cheesemaking. But it must be considered, that for e.g. milk and fat yield are in negative correlation with protein content in milk, and protein content is in positive correlation with fat content. The statistical analysis of the effect of rare milk protein genetic variants was not possible in this work due to the low number of animals bearing these rare alleles. This should be done in the future. The preservation of rare alleles, maintaining the genetic variability and diversity of present cattle populations is very important in case of breeds with a low population number (e.g. *MSZ*). Considering milk protein genetic polymorphisms may help the breeders to develop such breeding strategies.

M1. IRODALOMJEGYZÉK

Aaltonen, M.L. és Antila, V. (1987). Milk renneting properties and the genetic variants of proteins. *Milchwissenschaft*, **42**, 490-492.

Abe, T., Komatsu, M., Oishi, T. és Kageyama, A. (1975). Genetic polymorphism of milk proteins in Japanese and European cattle breeds in Japan. *Jap. J. Zootechn. Sci.*, **46**, 591-599.

Addeo, F., Chianese, L., Di Luccia, A., Petrilli, P., Mauriello, R. és Anelli, G. (1983). Identification of bovine casein variants by gel isoelectric focusing. *Milchwissenschaft*, **38**, 586-588.

Aleandri, R., Nardone, A. és Russo, V. (1986). Milk yield for the cheesemaking process: Quantitative trait loci and selection strategies. *III. World Congress on Genetics*, Applied to Livestock Production, Lincoln, Nebraska, USA, 64-69.

Aleandri, R., Schneider, J.C. és Buttazzoni, L.G. (1990). The effect of milk protein polymorphisms on milk components and cheese-producing ability. *J. Dairy Sci.*, **73**, 341-255.

Alexander, L.J., Stewart, A.F., Mackinlay, A.G., Kapelinskaya, T.V., Tkach, T.M. és Gorodetsky, S.I. (1988). Isolation and characterization of the bovine kappa-casein gene. *Eur. J. Biochem.*, **178**, 395-401.

Alexander, L.J., Hayes, G., Bawden, W., Stewart, A.F. és Macinlay, A.G. (1993). Complete nucleotide sequence of the bovine β-lactoglobulin gene. *Anim. Biotechn.*, **4**, 1-10.

Andrews, A.T., Taylor, M.D. és Owen, A.J. (1985). Rapid analysis of bovine milk proteins by fast protein liquid chromatography. *J. Chrom.*, **348**, 177-185.

Arave, C.W. (1967). Procedure for simultaneous phenotyping of β-casein and β-lactoglobulin variants in cow's milk. *J. Dairy Sci.*, **50**, 1320-1322.

Aschaffenburg, R. (1961). Inherited casein variants in cow's milk. *Nature*, **192**, 431-432.

Aschaffenburg, R. (1964). Protein phenotyping by direct polyacrylamide gel electrophoresis of whole milk. *Biochim. Biophys. Acta*, **82**, 188-191.

Aschaffenburg, R. (1965). Variants of milk proteins and their pattern of inheritance. *J. Dairy Sci.*, **48**, 128-132.

Aschaffenburg, R. (1966). Modified procedure of starch gel electrophoresis for β-casein phenotyping. *J. Dairy Sci.*, **49**, 1284-1285.

Aschaffenburg, R. (1968). Genetic variants of milk proteins: their breed distribution. *J. Dairy Res.*, **35**, 447-460.

Aschaffenburg, R. és Drewry, J. (1955). Occurrence of different β-lactoglobulins in cow's milk. *Nature*, **176**, 218-219.

Aschaffenburg, R. és Drewry, J. (1957). Genetics of the β-lactoglobulins of cow's milk. *Nature*, **180**, 376-378.

Aschaffenburg, R. és Thymann, M. (1965). Simultaneous phenotyping procedure for the principal proteins of cow's milk. *J. Dairy Sci.*, **48**, 1524-1526.

Aschaffenburg, R., Sen, A. és Thompson, M.P. (1968). Genetic variants of casein in Indian and African Zebu cattle. *Comp. Biochem. Physiol.*, **25**, 177-184.

Atroshi, F., Kangasniemi, R., Honkanon-Buzalski, T. és Sandholm, M. (1982). Beta-lactoglobulin phenotypes in Finnish Ayrshire and Friesian cattle with special reference to mastitis indicators. *Acta Vet. Scand.*, **23**, 135-143.

Babukov, A.V. (1978). Intrapopulation variability of the beta-casein locus in Black Pied cattle of the USSR and its effect on realisation of productive qualities. *Nau. Tru. Lenin. Sel'sko. Inst.*, **342**, 43-44.

Babukov, A.V., Mityutko, V.E. és Komissarenko, A.D. (1982). Use of genofond of polymorphic milk proteins for improvement of Black- and White cattle. *Proc. XXI Intern. Dairy Congr. Moscow*, Vol. 1, Book 1, p.39.

Baker, C.M.A. és Manwell, C. (1980). Chemical classification of cattle. 1. Breed groups. *Anim. Blood Grps. Biochem. Genet.*, **11**, 127-150.

Banykó, Gy., Baricz, A., Tavakkolian, J.S. és Bősze, Zs. (1995). Tejelő tehenek kappa-kazein allélpolimorfizmusának meghatározása bikaondó PCR-RFLP-módszerrel való vizsgálatával. *Magyar Állatorvosok Lapja*, **9**, 553-556.

Baranyi, M., Bősze, Zs., Buchberger, J. és Krause, I. (1992). Tejfehérje genetikai polimorfizmus vizsgálata magyar tarka és magyar szürke szarvasmarha fajtákban. *Állattenyésztés és Takarmányozás*, Tom. 41, no. 5, 427-439.

Baranyi, M., Bősze, Zs., Buchberger, J. és Krause, I. (1993). Genetic polymorphism of milk proteins in Hungarian Spotted and Hungarian Grey cattle: A possible new genetic variant of β-lactoglobulin. *J. Dairy Sci.*, **76**, 630-636.

Baranyi, M., Bősze, Zs., Buchberger, J. és Krause, I. (1996). Genetic polymorphism of milk proteins in Hungarian cattle. *Arch. Tierz., Dummerstorf*, **39**, 489-496.

Barroso, A., Dunner, S. és Canon, J. (1998). Technical note: Detection of bovine kappa-casein variants A, B, C, and E by means of polymerase chain reaction-single strand conformation polymorphism (PCR-SSCP). *J. Anim. Sci.*, **76**, 1535-1538.

Bartlet-Jones, M., Jeffrey, W.A., Hansen, H.F. és Pappin, D.J.C. (1994). Peptide ladder sequencing by mass spectrometry using a novel, volatile degradation reagent. *Rapid Commun. Mass. Spectrom.*, **8**, 737-742.

Bech, A.M. és Kristiansen, K.R. (1990). Milk protein polymorphismus in Danish dairy cattle and the influence of genetic variants on milk yield. *J. Dairy Res.*, **57**, 53-62.

Bell, K. (1962). One-dimensional starch gel electrophoresis of bovine skim milk. *Nature*, **195**, 705-706.

Bell, K. (1967). The detection and occurrence of bovine β-lactoglobulin C. *Biochim. Biophys. Acta*, **147**,100-108.

Bell, K. és McKenzie, H.A. (1967). The isolation and properties of bovine β-lactoglobulin C. *Biochim. Biophys. Acta*, **147**,109-122.

Bell, K., McKenzie, H.A., Murphy, W.H. és Shaw, D.C. (1970). β-lactoglobulin droughmaster: a unique protein variant. *Biochim. Biophys. Acta*, **214**, 427-436.

Bell, K., McKenzie, H.A. és Shaw, D.C. (1981*a*). Bovine β-lactoglobulin E, F and G of Bali (Banteng) Cattle, *Bos (Bibos) javanicus. Aust. J. Biol. Sci.*, **34**, 133-147.

Bell, K., McKenzie, H.A., Muller, V., Rogers, C. és Shaw, D.C. (1981*b*). Equine whey proteins. *Comp. Biochem. Physiol.*, **68B**, 225-236.

Berg, G. van den, Escher, J.T.M., Koning, P.J. de és Bovenhuis, H. (1992). Genetic polymorphism of κ-casein and β-lactoglobulin in relation to milk composition and processing properties. *Neth. Milk Dairy J.*, **46**, 145-168.

Bettini, T.M. és Masina, P. (1972). Proteine e polimorfismo proteico del latte vaccino. *Produz. Anim.*, **11**, 107-126.

Blumberg, B.S. és Tombs, M.P. (1958). Possible polymorphism of bovine α-lactalbumin. *Nature*, **181**, 683-684.

Bockhardt, A. (1992). Isoelektrische Fokussierung von β-Lactoglobulin-Varianten und α-Lactalbumin unter nativen und reduzierend-dissoziirenden Bedingungen. Diplomamunka. Technische Universität, München-Weihenstephan, Németország.

Bodó, I. (1986). The Hungarian Grey cattle podolian breed. In: First *Conv. Allev. Bov. Podol. Mezzog. Ital.*, p. 287-296.

Bodó, I. és Réti, J. (1987). The Hungarian Grey cattle in modern beef production. *World review of Animal Production*, XXIII(2), 69-72.

Bolla, P., Caroli, A. és Ceriotti, G. (1983). Analisi genetica delle proteine latte nella razza bovina Rendera. *Atti Soc. Ital. Sci. Vet.*, **37**, 432-436.

Bonsing, J. és Mackinlay, A.G. (1987). Recent studies on nucleotide sequences encoding the caseins. *J. Dairy Res.*, **54**, 447-461.

Bovenhuis, H. és Verstege, A.J.M. (1989). Improved method for phenotyping milk protein variants by isoelectric focusing using PhastSystem. *Neth. Milk Dairy J.*, **43**, 447-451.

Bovenhuis, H. és Arendonk, J.A.M. van (1991). Estimation of milk protein gene frequencies in crossbred cattle by maximum likelihood. *J. Dairy Sci.*, **74**, 2728-2736.

Bovenhuis, H., Arendonk, J.A.M. van és Korver, S. (1992). Associations between milk protein polymorphisms and milk production traits. *J. Dairy Sci.*, **75**, 2549-2559.

Braunitzer, G. Chen, R., Schrank, B és Stangl, A. (1973). Die Sequenzanalyse des β-lactoglobulins. *Hoppe Seyler's Z. Physiol. Chem.*, **354**, 867-878.

Bremel, R.D. (1995). α-Lactalbumin regulation and its role in lactation. In: *Intracellular Signalling in the Mammary Gland*. Szerk.: Wilde, C.J. és mtsi., Plenum Press, New York. p. 121-129.

Brew, K., Castellino, F.J., Vanaman, T.C. és Hill, R.L. (1970). The complete amino acid sequence of bovine α-lactalbumin. *J. Biol. Chem.*, **245**, 4570-4582.

Brignon, G., Ribadeau-Dumas, B., Garnier, J., Pantaloni, D., Guinard, S., Basch, J.J. és Timasheff, S.N. (1969). Chemical and physico-chemical characterization of genetic variant D of bovine β-lactoglobulin D. *Arch. Biochem. Biophys.*, **129**, 720-727.

Brignon, G., Ribadeau-Dumas, B., Grosclaude, F. és Mercier, J.C. (1971). Structure primaire de la caseine bovine. Sequence partielle. *Eur. J. Biochem.*, **22**, 179-185.

Brignon, G., Mercier, J.C., Ribadeau-Dumas, B. és Das, B.C. (1972). Structure primaire de la paracaseine kappa bovine. *FEBS Lett.*, **27**, 301-305.

Brignon, G. és Ribadeau-Dumas, B. (1973). Localisation dans la chain peptidique de la β–lactoglobulin bovine de la substitution Glu/Gln differenciant les varients genetiques B et D. *FEBS Lett.*, **33**, 73-76.

Brignon, G., Ribadeau-Dumas, B., Mercier, J.C., Pélissier, J.P. és Das, B.C. (1977). Complete amino acid sequence of bovine alpha S2-casein. *FEBS Lett.*, **76**, 274-279.

Brodbeck, U., Denton, W.L., Tanahashi, N. és Ebner, K.E. (1967). The isolation and identification of the B protein of lactose synthetase as alpha-lactalbumin. *J. Biol. Chem.*, **242**, 1391-1397.

Buchberger, J., Kiermeier, F., Kirchmeier, O., Graml, R. és Pirchner, F. (1982). Effect of genetic variants of milk proteins on milk composition. *Proc. XXI Intern. Dairy Congr. Moscow*, Vol.1., Book 1, 40-41.

Buchberger, J., Graml, R. és Klostermeyer, H. (1986*a*). Genfrequenzen der Milchproteine beim bayerischen Gelbvieh, beim Pinzgauer und beim Murnau-Werdenfelser Rind. *Bayer. Landwirtsch. Jahrb.*, **63**, 267-272.

Buchberger, J., Graml, R. és Klostermeyer, H. (1986*b*). Rasseneinflüsse und pleiotrope Wirkungen von Milchproteingenotypen auf die Milcheiweiβzusammensetzung beim Rind. *Bayr. Landwirtsch. Jahrbuch*, **63**, 387-394.

Buchberger, J., Graml, R. és Klostermeyer, H. (1986*c*). Einfluss der Rassen Fleckvieh und Pinzgauer, der Krezungen Fleckvieh x Pinzgauer und Fleckvieh x Red Holstein sowie pleiotrope Wirkungen von Milchproteingenotypen suf Milchleistungseigenschaften. *Bayr. Landwirtsch. Jahrbuch*, **63**, 817-831.

Buchberger, J., Graml, R. és Klostermeyer, H. és Pirchner, F. (1986 ?). Pleiotrope Wirkungen von β-Lactoglobulin- und Casein Genotypen auf Milchfett- und Milchproteinmengen des Bayerischen Fleckviehs und Braunviehs. *Z. Tierzüchtg. Züchtungsbiol.*, **103**, 33-45.

Caldwell, J., Wesseli, D.F. és Cartwright, T.C. (1971). Occurrence of αS1- and β-casein types in five breeds of beef cattle. *J. Anim. Sci.*, **32**, 601-604.

Cannan, R.K., Palmer, A.H. és Kibrick, A.C. (1942). Hydrogen ion dissociation curve of β-lactoglobulin. *J. Biol. Chem.*, **142**, 803-833.

Carles, C. (1986). Fractionation of bovine caseins by reverse phase high performance liquid chromatography: identification of a genetic variant. *J. Dairy Res.*, **53**, 35-41.

Carles, C., Huet, J.C. és Ribadeau-Dumas, B. (1988). A new strategy for primary structure determination of proteins: application to bovine beta-casein. *FEBS Lett.*, **229**, 265-272.

Castagnetti, G.B., Bagni, A., Chiavari, C., Ferri, G., Losi, G. és Mariani, P. (1994). Chemical composition and coagulation properties of milk from Reggia breed dairy cows with different casein β- and κ-genotypes. In *Cheese yield and factors affecting its control*, Int. Dairy Federation, Brüssel, 151-159.

Cerbulis, J. és Farrell, H.M. (1975). Composition of milks of dairy cattle. I. Protein, lactose, and fat contents and distribution of protein fractions. *J. Dairy Sci.*, **58**, 817-827.

Chianese, L., Di Luccia,A., Maurielle, R., Ferrara, L., Zehender, G. és Addeo, F. (1988). Polimorfizmo biochimico delle proteine in bovine di razza Podolica. *Zootec. Nutr. Anim.*, **14**, 189-197.

Choma, J., Maraćek, I. és Havrila, A. (1999). Changes of the dairy herd reproduction structure in the two years period. The 1st Middle-European Buiatrics Congress. May 27-29. 1999. Balatonfüred. p. 204-206.

Chung, E.R., Kim, D.K. és Han, S.K. (1991). Relationship between biochemical genetic markers and lactation traits in Holstein dairy cattle. *Korean J. Dairy Sci.*, **13**, 240-253.

Chung, H.Y, Lee, H.K., Chen, K.J., You, C.H. Park, K.D., Kim, K.N. és Chung, E.R. (1996). Studies on the relationship between biochemical polymorphisms and production traits in dairy cattle. *Korean J. Dairy Sci.*, **18**, 7-16.

Conti, A., Napolitano, L., Cantisani, A.M., Davoli, R. és Dall'Olio, S. (1988). Bovine β-lactoglobulin H: isolation by preparative isoelectric focusing in immobilized pH gradients and preliminary characterisation. *J. Biochem. Biophys. Meth.*, **16**, 205-214.

Comberg, G., Meyer, H. és Growing, M. (1964). Correlations between beta-lactoglobulin types in cattle and age at first calving, milk yield and fat contents. *Züchtungskunde*, **36**, 248-255.

Corradini, C. (1969). Distribution of the genetic variants of αS1-, β-, and κ-caseins in milk from Jersey cows in the Netherlands. *Neth. Milk Dairy J.*, **23**, 79-83.

Curik, I., Kaps, M., Lukac-Havranek, J. és Antunac, N. (1993) Association of milk protein genotypes with first-lactation traits in Croatian Simmentals. *Stocarstvo*, **47**, 15-22

Curik, I., Havranek, J. és Samarzija, D. (1997). Milk protein polymorphism and genetic structure of Croatian Simmental cattle. In: *Milk protein polymorphism*, Proceedings of the International Dairy Federation seminar "Milk Protein Polymorphism II" held in Palmerston North, New Zealand, February 1997.

Dalgleish, D.G. (1986). Analysis by fast protein liquid chromatography of variants of κ-casein and their relevance to micellar structure and renneting. *J. Dairy Res.*, **53**, 43-51.

Dalgleish, D.G. (1992). The enzymatic coagulation of milk. In: *Advanced Dairy Chemistry-1: Proteins*. Szerk.: Fox, P.F., Elsevier, London és New York. p. 579-619.

Damiani, G., Ferretti, L., Rognoni, G. és Sgaramella, V. (1990). Restriction fragment lenght polymorphism analysis of the kappa-casein locus. *Anim. Genet.*, **21**, 107-114.

Damiana, G., Pilla, F., Leone, P. és Caccio, S. (1992). Direct sequencing and bidirectional allele specific polymerase chain reaction of the bovine beta-casein B cariant. *Anim. Genet.*, **23**, 561-565.

Davoli, R., Dall'Olio, S. és Bigi, D. (1988). A new β-lactoglobulin variant is bovine milk. *Scienza e Technica Lattiero-Casearia*, **39**, 439-442.

Delacroix-Buchet, A., Lefier, D. és Nuyts-Petit, V. (1993). Polymorphisme de la caséine κ de trois races bovines francaises et aptitude a la coagulation. *Lait*, **73**, 61-72.

DeShazer, D., Wood, G.E. és Friedman, R.L. (1994). Klenow co-sequencing: a method for eliminating "stops". *BioTechniques*, **17**, 286-287.

DiStasio, L. és Dupont, E. (1983). La popolazione bovina 'castana': affinita genetiche con le razze Valdostana P.N. e Herens. *Atti Soc. Ital. Sci. Vet.*, **37**, 505-507.

DiStasio, L. és Merlin P. (1979). Polimorfismo biochimici del latte nella razza bovina Grigio Alpina. *Rivista di Zootecnia e Veterinaria*, **2**, 64-67.

Ebeler, S.E., Philipps, S.G. és Kinsella, J.E. (1990). Purification of β-lactoglobulin: Isolation of genetic variants and influence of purification method on secondary structure. *Milchwissenschaft*, **45**, 694-698.

Eenennaam, A.L. van és Medrano, J.F. (1991*a*). Differences in allelic protein expression in the milk of heterozygous κ-casein cows. *J. Dairy Sci.*, **74**, 1491-1496.

Eenennaam, A.L. van és Medrano, J.F. (1991*b*). Milk protein polymorphisms in California dairy cattle. *J. Dairy Sci.*, **74**, 1730-1742.

Eigel, W.N. és Randolph, H.E. (1976). Comparison of calcium sensitivities of alpha s_1-B, beta-A2, and gamma- A2 caseins and their stabilization by kappa-casein A. *J. Dairy Sci.*, **59**, 203-206.

Eigel, W.N., Butler, J.E., Ernstrom, C.A., Farrell, H.M. Jr., Har walker, V.R., Jenness, R, és Whitney, R.M. (1984). Nomenclature of proteins of cow`s milk: fifth edition. *J. Dairy Sci.*, **67**, 1599-1631.

El-Negoumy, A.M. (1974). Effect of polymorphism on casein stability in salt solutions of varying complexity before and after mixing. *J. Dairy Sci.*, **57**, 1170-1176.

Epstein, H. (1971). *The Origin of the Domestic Animals of Africa*, Vol. 1. Africana Publishing Corporation, New York.

Erhardt, G. (1989). κ-Kaseine in Rindermilch - Nachwies eines weiteren Alleles (κ-CN^E) in verschiedenen Rinderrassen. *J. Anim. Breed. Genet.*, **106**, 225-331.

Erhardt, G. (1993). A new α_{S1}-casein allele in bovine milk and its occurrence in different breeds. *Anim. Genet.*, **24**, 65-66.

Erhardt, G. (1993*b*). Allele frequencies of milk proteins in German cattle breeds and demonstration of α_{S2}-casein variants by isoelectric focusing. *Arch. Tierz.*, **36**, 145-152.

Erhardt, G. (1996). Detection of a new κ-casein variant in milk of Pinzgauer cattle. *Anim. Genet.*, **27**, 105-107.

Farnir, F.P., Laloux, J., Georges, M., Leroy, P.L. és Beduin, J.M. (1994). Association of milk protein polymorphisms with milk production traits in two Belgian dairy breeds using an animal model. Proc. 5th World Congr. Genetics Appl. Livestock Prod., **19**, 337-340.

Feagan, J.T., Bailey, L.A., Hehir, A.F., McLean, D.M. és Ellis, N.G.S. (1972). Coagulation of milk proteins. I. Effect of genetic variants of milk proteins on rennet coagulation and heat stability of normal milk. *Aust. J. Dairy Technol.*, **27**, 129-134.

Feagan, J.T. (1979). Factors affecting protein composition of milk and their significance to dairy processing. *Aust. J. Dairy Technol.*, **34**, 77-81.

Ferretti, C., Leone, P. és Sgaramella, V. (1990). Long range restriction analysis of the bovine casein genes. *Nucl. Acids Res.*, **18**, 6829-6833.

Fries, R., Eggen, A. és Womack, J.E. (1993). The bovine genome map. *Mammalian Genome*, **4**, 405-428.

Giesecke, W.H. és Osterhoff, D.R. (1975). Milk protein phenotyping as a practicable genetic means of augmenting conventional methods of mastitis control and preservation. *Ann. Bull. Int. Dairy Fed.*, **85**, 223-233.

Godovac-Zimmermann, J. és Braunitzer, G. (1987). Modern aspects of the primary structure and function of β-lactoglobulins. *Milchwissenschaft*, **42**, 294-297.

Godovac-Zimmermann, J. (1988). The structural motif of beta-lactoglobulin and retinol-binding protein: a basic framework for binding and

transport of small hydrophobic molecules? *Trends Biochem. Sci.*, **13**, 64-66.

Godovac-Zimmermann, J., Conti, A., Liberatori, J. és Braunitzer, G. (1985). Homology between the primary structures of β-lactoglobulins and human retinol-binding protein: Evidence for a similar biological function? *Biol. Chem. Hoppe-Seyler*, **366**, 431-434.

Godovac-Zimmermann, J., Krause, I., Buchberger, J., Weiss, G. és Klostermeyer, H. (1990). A novel wild-type β-lactoglobulin W and its primary sequence. *Biol. Chem. Hoppe-Seyler*, **371**, 255-260.

Godovac-Zimmermann, J., Krause, I., Baranyi, M., Fischer-Frühholz, S., Juszczak, J., Buchberger, J. és Klostermeyer, H. (1996). Isolation and rapid sequence characterization of two novel bovine β-lactoglobulins I and J. *J Prot. Chem.*, **15**, 743-750.

Gonyon, D.S, Mather, R.E., Hines, H.C., Haenlein, G.F.W., Arave, C.W. és Gaunt, S.N. (1987). Association of bovine blood and milk polymorphisms with lactation traits: Holsteins. *J. Dairy Sci.*, **70**, 2585-2598.

Graham, E.R.B., McLean, D.M. és Zviedrans, P. (1984). The effect of milk protein genotypes on the cheesemaking properties of milk and on the yield of cheese. *4th Conf. Aust. Ass. Anim. Breed. Genet.*, Adelaide, 4-6 June, pp. 136-137.

Graml, R., Buchberger, J., Kirchmeyer, H. és Pirchner, F. (1985). Pleiotrope Wirkungen von β-Lactoglobulin- und Casein Genotypen auf Milchinhaltsstoffe des Bayerischen Fleckviehs und Braunviehs. *Z. Tierzüchtg. Züchtungsbiol.*, **102**, 355-370.

Graml, R., Buchberger, J., Klostermeyer, H. és Pirchner, F. (1984*a*). Untersuchungen über die Genfrequenzen der Caseine und β-Lactoglobuline bei der Bayerischen Braunviehpopulation. *Züchtungskunde*, **56**, 221-230.

Graml, R., Buchberger, J., Kirchmeier, O., Kiermeier, F. és Pirchner, F. (1984*b*). Genfrequenzschätzung bei Milchproteinen des bayerischen Fleckviehs. *Züchtungskunde*, **56**, 73-87.

Graml, R., Buchberger, J., Klostermeyer, H. és Pirchner, F. (1986*a*). Pleiotrope Wirkungen von β-Lactoglobulin- und Casein-Genotypen auf Milchfett- und Milchproteinmengen des bayerischen Fleckviehs und Braunviehs. *J. anim. Breedg. Genet.*, **103**, 33-45.

Graml, R., Ohmayer, G., Pirchner, F., Erhardt, L., Buchberger, J. és Mostageer, A. (1986*b*). Biochemical polymorphism in Egyptian Baladi cattle and their relationship with other breeds. *Anim. Genet.*, **17**, 61-76.

Grosclaude, F. (1974). Analyse génétique et biochimique du polymorphisme électrophorétique des caséines α_{S1}, β et κ chez les bovines (*Bos taurus*) et les zébus (*Bos indicus*). *Disszertáció*, University of Paris VII.

Grosclaude, F. (1988). Le polymorphisme génétique des principales lactoprotéines. Relations avec la quantité, la composition et les aptitudes fromageres du lait. *INRA Prod. Anim.*, **1**, 5-17.

Grosclaude, F., Joudrier, P. és Mahé, M.F. (1979). A genetic and biochemical analysis of a polymorphism of bovine α_{S2}-casein. *J. Dairy Res.*, **46**, 211-213.

Grosclaude, F., Mahé, M.F. és Mercier, J.C. (1974*a*). A comparaison du polymorphisme genetique des lactoproteines du Zebu et des bovine. *Ann. Genet. Sel. Anim.*, **6**, 305-329.

Grosclaude, F., Mahé, M.F. és Voglino, G.F. (1974*b*). Le variant βE et le code de phosphorylation des caseines bovines. *FEBS Lett.*,**45**, 3-5.

Grosclaude, F., Mahé, M.F. és Accolas, J.P. (1982). Note sur le polymorphisme génétique des lactoprotéines de bovins et de yaks Mongols. *Ann. Génét. Sél. Anim.*, **14**, 545-550.

Grosclaude, F., Mahé, M.F. és Mercier, J.C. (1974). A comparaison du polymorphisme génétique des lactoprotéines du Zébu et des bovins. *Ann. Genet. Sel. Anim.*, **6**, 305-329.

Grosclaude, F., Mahé, M.F. és Ribadeau-Dumas, B. (1973). Structure primaire de la caséine α_{S1} et de la caséine β bovines. Correctif. *Eur. J. Biochem.*, **40**, 323-324.

Grosclaude, F., Mahé, M.F., Mercier, J.C. és Ribadeau-Dumas, B. (1970).Localisation, dans la partie NH_2-terminale de la caséine α_{S1} -bovine, d'une délétion de 13 acides aminés differenciant le variant A des variants B et C. *FEBS Letters*, **11**, 109-112.

Grosclaude, F., Mahé, M.F., Mercier, J.C. és Ribadeau-Dumas, B. (1972). Caractérisation des variants génétiques des caséines α_{S1} et β bovines. *Eur. J. Biochem.*, **26**, 328-337.

Grosclaude, F., Pujolle, J., Garnier, J. és Ribadeau-Dumas, B. (1965). Genetic control of the κ-casein in cow's milk: Close linkage of the κ-Cn locus with the α_{S1}-Cn- and β-Cn-loci. *Compt. Rend. Acad. Sci.*, **261**, 5229-5232. Idézet: *Anim. Breed. Abstr.*, 1966, **35**, 189.

Grosclaude, F., Pujolle, J., Garnier, J. és Ribadeau-Dumas, B. (1966*a*). Mise en évidence de deux variants supplémentaires des protéines du lait de vache: α_{S1}-Cn^D et Lg^D. *Anim. Biochim. Biophys.*, **6**, 215-222.

Grosclaude, F., Pujolle, J., Ribadeau-Dumas, B. és Garnier, J. (1966*b*). Analyse génétique du groupe de loci de structure synthétisant les caseines bovines. In: *Polymorphismes Biochimiques des Animaux*. INRA, Párizs. p. 415-420.

Grosclaude, F., Mahé, M.F., Mercier, J.C., Bonnemaire, J. és Tessier, J.H. (1976*a*). Polymorphisme des lactoprotéines de bovines Népalais. I. Mise en évidence, chez le yak, et caractérisation biochimique de deux nouveaux variants: β-lactoglobuline D (yak) et caséine α_{S1}-E. *Ann. Genet. Sel. Anim.*, **8**, 461-479.

Grosclaude, F., Mahé, M.F., Mercier, J.-C., Bonnemaire, J. és Tessier, J.H. (1976*b*). Polymorphisme des lactoprotéines de bovines Népalais. II. Polymorphisme des caséine 'α_S-mineurs'; le locus α_{S2}-Cn est il lié aux loci α_{S1}-Cn, β-Cn et κ-Cn? *Ann. Genet. Sel. Anim.*, **8**, 481-491.

Guillou, H., Miranda, G. és Pélissier, J.P. (1987). Analyse quantitative des caséines dans le lait de vache par chromatographie liquide rapide d'áchange d'ions (FPLC). *Le Lait*, **67**, 135-148.

Haenlein, G.F.W., Gonyon, D.S., Mather, R.E. és Hines, H.C. (1987). Association of bovine blood and milk polymorphisms with lactation traits. Guernseys. *J. Dairy Sci.*, **70**, 2599-2609.

Han, S.K., Chang, K.J. és Chung, E.Y. (1986). Relationship between milk protein polymorphisms and bacterial mastitis in Holstein-Friesian cattle. *Korean J. Anim. Sci.*, **28**, 37-42.

Han, S.K., Chang, K.J. és Lee, K.M. (1983). Studies on the genetic polymorphism of milk proteins in Korean cattle. *Proc. 5th World Conf. Anim. Prod.*, **2**, 51-52.

Hargrove, G.L., Kiddy, C.A., Young, C.W., Hunter, A.G., Trimberger, G.W. és Mather, R.E. (1980). Genetic polymorphisms of blood and milk and reproduction in Holstein cattle. *J. Dairy Sci.*, **63**, 1154-1166.

Hartung, H. és Gernandt, E. (1993). Influence of protein genotypes of beta- and kappa-casein in milk from German Black Pied dairy cows on milk composition and coagulation properties. VDLUFA Kongres, Hamburg. Qualität und Hygiene von Lebensmitteln in Produktion und Verarbeitung. p. 429-432.

Hill, J.P. (1993). The relatonship between β-lactoglobulin phenotypes and milk composition in New Zealand dairy cattle. *J. Dairy Sci.*, **76**, 281-286.

Hill, J.P. és Paterson, G.R. (1994). The variation in milk composition from individual beta-lactoglobulin AA and BB phenotype cows. *Proc. N.Z. Soc. Anim. Prod.*, **54**, 293-295.

Hill, R.L. és Brew, K. (1975). Lactose synthetase. *Adv. Enzymol. Relat. Areas Mol. Biol.*, **43**, 411-490.

Hill, R.J. és Wake, R.G. (1969). Amphiphile nature of κ-casein as the basis for its micelle stabilizing property. *Nature*, **221**, 635-639.

Hillier, R.M., Lyster, R.L.J. és Cheeseman, G.C. (1979). Thermal denaturation of alpha-lactalbumin and beta-lactoglobulin in cheese whey: effect of total solids concentration and pH. *J. Dairy Res.*, **46**, 103-111.

Hiroaka, Y., Segawa, T., Kuwajima, K., Sugai, S. és Murai, N. (1980). Alpha-lactalbumin: a calcium metallo-protein. *Biochem. Biophys. Res. Commun.*, **93**, 1098-1104.

Hoogendorn, M.P., Moxley, J.E., Hawes, R.O. és MacRae, H.F. (1969). Separation and gene frequencies of blood serum transferrin, casein and beta-lactoglobulin loci of dairy cattle and their effects on certain production traits. *Can. J. Anim. Sci.*, **49**, 331-341.

Horváth, I. (1970). Milk casein polymorphism in Hungarian Spotted cattle and ancestor breeds. *Acta Vet. Acad. Scien. Hungaricae*, **20**, 35-44.

Horváth, I. (1972). β-Lactoglobulin polymorphism in the milk of Hungarian Spotted cows. *Acta Vet. Acad. Scien. Hungaricae*, **22**, 81-84.

Horváth, I. és Mészáros, I. (1971). Comparative examination of milk casein polymorphism in native Hungarian and imported cattle breeds. *Acta Vet. Acad. Scien. Hungaricae*, **21**, 221-230.

Horváth, I. és Mészáros, I. (1972). Casein types in Hungarian spotted cattle and other breeds playing a role in its development. In *Proc. XIIIth Europ. Conf. Anim. Blood Grps Biochem. Polym.*, Budapest, 1970, pp. 217-223.

Hu, C.C. ás Mao, F.C. (1995). Kappa-casein genotyping and its correlation with milk producing ability of Holstein bulls. *Taiwan J. Vet. med. Anim. husbandry*, **65**, 247-254.

Humphrey, R.S. és Newsome, L.J. (1984). High performance ion-exchange chromatography of the major bovine milk proteins. *N.Z. J. Dairy Sci. Technol.*, **19**, 197-204.

Ikonen, T., Ruottinen, O., Erhardt, G., és Ojala, M. (1996). Allele frequencies of the major milk proteins in the Finnish Ayrshire and detection of a new κ-casein variant. *Anim. Genet.*, **27**, 179-181.

Jairam, B.T. és Nair, P.G. (1983). Genetic polymorphisms of milk proteins and economic characters in dairy animals. *Ind. J. Anim. Sci.*, **53**, 1-8.

Jakob, E. (1993). Beziehungen zwischen dem genetischen Polymorphismus der Milchproteine und der Labfähigkeit von Milch. *Disszertáció*, Eidgenössische Technische Hochschule Zürich.

Jakob, E. és Puhan, Z. (1986a). The significance of genetic variants of kappa-casein for rennetability of milk. *Deut. Molk. Zeit.*, **107**, 833-834.

Jakob, E. és Puhan, Z. (1986b). Unterschiede zwischen labträger und normalgerinnender Milch unter besonderer Berücksichtigung der Caseinfraktion. *Scheiz. Milchw. Forschung*, **15**, 27-29.

Janicki, C. (1978). Beta-lactoglobulin and some milk production characteristics of Holstein-Friesian cows in Poland imported from USA and Canada. *Rocz. Akad. Roln. Poz.*, **25**, 169-175.

Jansen, N.E., Klastrup, O. Madsen, P.S., Madsen, P. és Nielsen, S.M. (1981). The influence of milk protein types on mastitis. 32nd Ann. Meeting. EAAP III, P6.

Jimenez-Flores, R., Kang, Y.C. és Ribadeau-Dumas, B. (1987). Cloning and sequence analysis of bovine beta-casein cDNA. *Biochem. Biophys. Res. Commun.*, **142**, 617-621.

Jing, L. és Manzhu, L. (1992). Genetic polymorphism of milk protein and correlation with production traits. *Acta Vet. Zootech. Sin.*, **23**, 112-117.

Jollés, J., Alais, C. és Jollés, P. (1970). Chemical structure of cow kappa-casein: study of the soluble tryptic peptides. *Helv. Chim. Acta*, **53**, 1918-1926.

Jollés, J., Schoentgen, F., Alais, C. és Jollés, P. (1972). [cím ismeretlen] *Chimia*, **26**, 645.

Jollés, J., Levy-Toledano, S., Fiat, A.M., Soria, C., Gillessen, D, Thomaidis, A., Dunn, F.W. és Caen, J.P. (1986). Analogy between fibrinigen and casein. Effect of an undecapeptide isolated from kappa-casein on platelet function. *Eur. J. Biochem.*, **158**, 379-382.

Josephson, R.V. (1972). Isoelectric focusing of bovine milk caseins. *J. Dairy Sci.*, **55**, 1535-1543.

Ketting, F. (1981). A tej alvadása. In: *Tejipari kézikönyv*. Szerk.: Balatoni M. és Ketting F. Budapest: Mezőgazdasági Kiadó. p. 64-69.

Kiddy, C.A., McCann, R.E. és Thatcher, W.W. (1968). Gene frequencies in milk protein polymorphisms in dairy cattle. *Immunogenetics Letter*, **5**, 150-152.

Kiddy, C.A., Mc Cann, R.E. és Wilson, R.L. (1970). Production characteristics of cows of different milk protein genetic types. 18th International Dairy Congress, Sydney, IE 486.

Kim, S. (1994). Genetic polymorphism of milk proteins and their association with production traits in Ayrshire, Jersey, Brown Swiss and Canadienne. *M.Sc. Thesis*, McGill University, Montreal, QC.

Kim, S., Ng-Kwai-Hang, K.F. és Hayes, J.F. (1996). The relationship between milk protein phenotypes and lactation traits in Ayrshires and Jerseys. *Asian Australasian J. Anim. Sci.*, **9**, 685-693.

Kirchmeier, O., Mehana, A., Graml, R. Buchberger, J. és Pirchner, J. (1983). Studies on physico-chemical properties of casein: genetic and seasonal effects. *Milchwissenschaft*, **38**, 589-591.

Komatsu, M. és Abe, T. (1980). Milk casein haplotypes in nine Japanese and European cattle breeds. *Jap. J. Zootechn. Sci.*, **51**, 799-802.

Komatsu, M., Abe, T. és Oishi, T. (1977). Relationship between beta-lactoglobulin types and the concentrations of beta-lactoglobulin and alpha-lactalbumin in milk. *Jap. J. Zootech. Sci.*, **48**, 237-242.

Krause, I., Bockhardt, A, Lodes, A., Luginger, D., Sperrer, I., Biechl, C., Buchberger, J. és Klostermeyer, H. High resolution separation of β-lactoglobulin variants under native and denaturing conditions on taylor-cut immobiline gels using PHAST System. *(Előkészületben)*

Krause, I., Buchberger, J., Weiss, G., Pflügler, M. és Klostermeyer, H. (1988). Isoelectric focusing in immobilized pH gradients with carrier ampholytes added for high-resolution phenotyping of β-lactoglobulins: Characterization of a new genetic variant. *Electrophoresis*, **9**, 609-613.

Kriventsov, Y.M. (1978). Relationship between the preweaning growth of crossbred heifers and the beta-lactoglobulin type of the milk of nurse cows. *Sel'skok. Nauk. Lenina.*, **7**, 29-30.

Kroeker, E.M., Ng-Kwai-Hang, K.F., Hayes, J.F. és Moxley, J.E. (1985). Effects of environmental factors and milk protein polymorphism on composition of casein fraction in bovine milk. *J. Dairy Sci.*, **68**, 1752-1757.

Kronman, M.J. (1989). Metal-ion binding and the molecular conformational properties of alpha-lactalbumin. *C.R.C. Crit. Rev. Biochem. and Mol. Biol.*, **24**, 565-667.

Larsen, B. és Thymann, W. (1966). Studies on milk protein polymorphism in Danish cattle and the interaction of the controlling genes. *Acta Vet. Scand.*, **7**, 189-205.

Larsen, B., Gruchy, C.L. és Moustgaad, J. (1974). Studies on blood groups and polymorphic protein systems in Jersey cattle on the Isle of Jersey. *Acta Agric. Scand.*, **24**, 99-110.

Larson, B.L. (1979). Biosynthesis and secretion of milk proteins: a review. *J. Dairy Sci.*, **46**, 161-174.

Lévéziel, H., Méténier, L., Mahé, M.F., Choplain, J., Furet, J.P., Paboeuf, G., Mercier, J.C. és Grosclaude, F. (1988). Identification of the two common alleles of the bovine κ-casein locus by the RFLP technique, using the enzyme HindIII. *Génét. Sél. Evol.*, **20**, 247-253.

Li, H., Cui, X. és Arnheim N. (1990). Direct electrophoretic detection of the allelic state of single DNA molecules in human sperm by using the polymerase chain reaction. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, **87**, 4580-4584.

Liberatori, J., Tambone, C., Finzi, A., Bolla, P., Caroli, A. és Bardin, M.G. (1990). Piedmontese cow milk: protein composition and clotting aptitude evaluation. In *XXIII. Int. Dairy Congress, Montreal, Brief Comm.*, Vol. I., Int. Dairy Federation, Brüssel, 61.

Lien, S., Aleström, P., Klungland, H. és Rogne, S. (1992). Detection of multiple β-casein (CASB) alleles by amplification created restriction sites (ACRS). *Anim. Genet.*, **23**, 333-338.

Lin, C.Y., McAllister, A.J., Ng-Kwai-Hang, K.F. és Hayes, J.F. (1986). Effects of milk protein loci on first lactation production in dairy cattle. *J. Dairy Sci.*, **69**, 704-712.

Lin, C.Y., McAllister, A.J., Ng-Kwai-Hang, K.F., Hayes, J.F., Batra, T.R., Lee, A.J., Roy, G.L., Vesley, J.A., Wauthy, J.M. és Winter, K.A. (1987). Association of milk protein types with growth and reproductive performance of dairy heifers. *J. Dairy Sci.*, **70**, 29-39.

Lindersson, M., Lundén, A. és Andersson, L. (1995). Genotyping bovine milk proteins using allele discrimination by primer length and automated DNS sizing technology. *Anim. Genet.*, **26**, 67-72.

Lodes, A. (1995). Beziehungen zwischen Zusammensetzung und Labgerinnungs-eigenschaften der Milch und genetischen Varianten der Milchproteine. *Disszertáció*, Technische Universität München.

Lodes, A., Buchberger, J., Krause, I., Aumann, J. és Klostermeyer, H. (1997b). The influence of genetic variants of milk proteins on the composition and technological properties of milk. 2. Rennet coagulation time and firmness of the rennet curd. *Milchwissenschaft*, **51**, 543-548.

Lodes, A., Buchberger, J., Krause, I., Aumann, J. és Klostermeyer, H. (1997c). The influence of genetic variants of milk proteins on the composition and technological properties of milk. 3. Content of protein, casein, whey protein, and casein number. *Milchwissenschaft*, **52**, 3-8.

Losi, G., Capella, P. Castagnetti, G.B., Grazia, L., Zambonelli, C., Mariani, P és Russo, V. (1973). Influenza delle variants genetiche della caseine κ sulla formazione e sulle caracteristiche della cagliata. *Scien. Tecn. Alimenti.*, **3**, 373-376.

Losi, G., Castagnetti, G.B. és Morini, D. (1975). Importanza delle varianti genetiche delle proteine del latte per l'industria lattiero-casearia. *Mondo del Latte.*, **29**, 727-739.

Macheboeuf, D., Coulon, J.-B. és D'Hour, P. (1993). Effect of breed, protein genetic variants and feeding on cow's milk coagulation properties. *J. Dairy Res.*, **60**, 43-54.

Mahé, M.F. és Grosclaude, F. (1982). Polymorphisme de la caseine α_{S2} des bovines: caracterisation de variant C du yak (Bos grunniens). *Ann. Genet. Sel. Anim.*, **14**, 401-416.

Mahé, M.F., Miranda, G., Queval, R., Bado, A., Zafindrajaona, P.S. és Grosclaude, F. (1999). Genetic polymorphism of milk proteins in African *Bos taurus* and *Bos indicus* populations. Characterization of variants α_{S1}-Cn H and κ-Cn J. *Genet. sel. Evol.*, **31**, 239-253.

Mann, M., Hojrup, P. és Roepstorff, P. (1993). Use of mass spectrometric molecular weight information to identify proteins in sequence databases. *Biol. Mass. Spectrom.*, **22**, 338-435.

Manwell, C, és Baker, C.M.A. (1980). Chemical classification of cattle. 2. Phylogenetic tree and specific status of the Zebu. *Anim. Blood Groups Biochem. Genet.*, **11**,151-162.

Mao, I.L., Buttazzori, L.G. és Aleandri, R. (1992). Effects of polymorphic milk protein genes on milk yield and composition traits in Holstein cattle. *Acta Agric. Scand.*, **42**, 1-7.

Mariani, P. (1985). Casein content in Friesian cow's milk. *Scien. Tecn. Latt. Casear.*, **63**, 191-209.

Mariani, P. és Leoni, M. (1985). Il tempo di coagulazione del latte in rapporto alla varianti genetiche delle casein β et κ. *Ann. Fac. med. Vet. univ. parma*, **5**, 185-195.

Mariani, P. és Russo, V. (1977). Polimorfizmo genetico della α-lattalbumina nelle razze bovine. *Riv. Zootec. Vet.*, **5**, 603-613.

Mariani, P., Bonatti, P. és Pecorari, M. (1988). Rennet coagulation properties of cow milk in relation to alpha s_1-casein genotype. *Scien. Tecn. Latt. Casear.*, **39**, 431-438.

Mariani, P., Losi, G., Morini, D. és Castagnetti, G.B. (1979*b*). Citric acid content in milk of cows with different kappa-casein genotypes. *Scien.*

Tecn. Latt. Casear., **30**, 375-384.

Mariani, P., Losi, G., Russo, V., Castagnetti, G.B., Grazia, L., Morini, D. és Fossa, E. (1976). Caseification tests made with milk characterised by variant A and B of κ-casein in the production of Parmigiano-Reggiano cheese. *Scien. Tecn. Latt. Casear.*, **27**, 208-227.

Mariani, P., Meazza, M., Resmini, P., Pagani, M.A., Pecorari, M. és Fossa, E. (1986). Observation on beta-casein types and renneting properties of milk. *Ind. del Latte.*,**22**, 35-58.

Mariani, P., Morini, D., Castagnetti, G.B. és Losi, G. (1982). La consistenza del coagulo in latta caratterizzati dalle varianti A e B della beta-lattoglobulina. *L'industria del latte*, **18**, 9-12.

Mariani, P., Morini, D., Losi, G., Castagnetti, G.B., Fossa, E. és Russo, V. (1979*a*). Ripartizione delle frazioni azotate del latte in vacche charatterzatte da genetipo diverso nel locus β-lactoglobulina. *Scien. Tecn. Latt. Casear.*, **30**, 153-176.

Mariani, P., Zanzucchi, G., Bonatti, P., Fossa, E. és Pecorari, M. (1992). Charatteristiche di coagulazione del latte in rapporto al tipo genetico della β.caseina in vacche di razza Bruna. *Sci. Tecn. Latt. Casear.*, **43**, 7-17.

Mariani, P., Zanzucchi, G., Summer, A., Senese, C., Rando, A., Masina, P. és Pecorari, M. (1996). Effects of the α_{S1}-Cn G allele on the main characteristics and nitrogen fractions of milk from Italian Brown cows. *Sci. Tec. Latt. Casear.*, **47**, 245-260.

Marziali, A.S. és Ng-Kwai-Hang, K.F. (1986*a*). Effects of milk composition and genetic polymorphism on coagulation properties of milk. *J. Dairy Sci.*, **69**, 1793-1798.

Marziali, A.S. és Ng-Kwai-Hang, K.F. (1986*b*). Relationship between milk protein polymorphisms and cheese yielding capacity. *J. Dairy Sci.*, **69**, 1193-1201.

Marziali, A.S. és Ng-Kwai-Hang, K.F. (1986*c*). Effects of milk composition and genetic polymorphism on cheese composition. *J. Dairy Sci.*, **69**, 2533-2542.

Matyukov, V.S. (1983). The value of β-casein polymorphism for selection in cattle. *Selsk. Khoz. Biol.*, **18**, 73-78.

McAlpine, A.S. és Sayer, L. (1990). β-lactoglobulin: a protein drug carrier? *Biochem. Soc. Trans.*, **197** 407-417.

McLean, D.M., Graham, E.R.B., Ponzoni, R.W. és McKenzie, H.A. (1984). Effects of milk protein genetic variants on milk yield and composition. *J. Dairy Res.*, **51**, 531-546.

McLean, D.M., Graham, E.R.B., Ponzoni, R.W. és McKenzie, H.A. (1987). Effects of milk protein genetic variants and composition on heat stability of milk. *J. Dairy Sci.*, **45**, 219-235.

Medrano, J.F. és Aguilar-Cordova, E. (1990*a*). Genotyping of bovine κ-casein loci following DNA sequence amplification. *Biotechnology*, **8**, 144-146.

Medrano, J.F. és Aguilar-Cordova, E. (1990*b*). Polymerase chain reaction amplification of bovine β-lactoglobulin genomic sequenses and identification of genetic variants by RFLP analysis. *Anim. Biotechn.*, **1**, 73-77.

Mercier, J.C. és Gaye, P. (1982). Early events in secretion of main milk proteins: occurrence of precursors. *J. Dairy Sci.*, **65**, 299-316.

Mercier, J.C., Grosclaude, F. és Ribadeau-Dumas, B. (1971). Structure primaire de la caséine α_{S1}. Séquence complete. *Eur. J. Biochem.*, **23**, 41-51.

Mercier, J.C., Uro, J., Ribadeau-Dumas, B. és Grosclaude, F. (1972). Structure primaire du caseinomacropeptide de la caseine kappa B I bovine *Eur. J. Biochem.*, **27**, 535-547.

Mercier, J.C., Brignon, G. és Ribadeau-Dumas, B. (1973). Structure primaire de la caséine κB bovine. Séquence complete. *Eur. J. Biochem.*, **35**, 222-235.

Mercier, J.C., Grosclaude, F. és Martin, P. (1991). La caséine κ et la famille multigénique des trois caséines « sensibles au calcium ». Polymorphisme, biosynthese et évolution. In: *Société Française de Génétique*, n° 3, vol. 7, p. I-VIII.

Merlin, P. és Di Stasio, L. (1982). Study of milk proteins loci in some decreasing Italian cattle breeds. *Ann. Génét. Sél. Anim.*, **14**, 17-28.

Mészáros, Gy., Tomjanovics, G. és Szádvári, J. (1998). Tejtermelő tehenészetek tenyésztés-ökonómiai értékelésének módszerei és eredményei. 10. Magyar Buiatrikus Kongresszus, 1998. május 21-23. Siófok. p. 206-211.

Michalak, W. (1967). Anomalous electrophoretic pattern of milk proteins. *J. Dairy Sci.*, **50**, 1319-1320.

Michalak, W. (1969). Hereditary polymorphism of milk proteins in some breeds of cattle raised in Poland. Part II: *Biul. Zaki. Hodowli Dosw. Zwierzat, Pol. Akad. Nauk.*, **15**, 89-111.

Miranda, G. és Pelissier, J.P. (1983). Kinteic studies of *in vivo* digestion of bovine unheated skim-milk proteins in rat stomach. *J. Dairy Res.*, **50**, 27-36.

Miranda, G., Anglade, P., Mahé, M.F. és Erhardt, G. (1993). Biochemical characterization of the bovine genetic κ-casein C and E variants. *Anim. Genet.*, **24**, 27-31.

Mitra, A., Schlee, P., Krause, I., Blusch, J, Werner, T., Balakrishnan, C.R. és Pirchner, F. (1998). Kappa-casein polymorphism in indian dairy cattle and buffalo: A new genetic variant in buffalo. *Anim. Biotechn.*, **9**, 81-87.

Monteagudo, L.V., Arruga, M.V., Tejedor, M.T., Savva, D. és Skidmore, C.J. (1992). Mapping of six genes in cattle using a panel of interspecific hamster x cattle hybrid clones. *Anim. Genet.*, **23** (suppl. 1), 82.

Morini, D., Castagnetti, G.B., Chiavari, C., Grazia, L., Losi, G., Davoli, R. és Bosi, P. (1982). Prova di caseificazione con latte caratterizzato dalle varianti A e B della β-lattoglobulina nella produzione del fromaggio Parmigiano-Reggiano. *Scien. Tecn. Latt. Casear.*, **33**, 475-492.

Morini, D., Losi, G., Castagnetti, G.B. és Mariani, P. (1979). Cheesemaking experiments with milk characterized by kappa-casein variants A and B: characteristics of the ripened cheese. *Scien. Tecn. Lett.-Casear.*, **30**, 243-262.

Munro, G.L. (1978). Effect of genetic variants of milk proteins on yield and composition of milk. *Proc. XX Intern. Dairy Congr. Paris*, p. 10.

Neelin, J.M. (1964). Variants of κ-casein revealed by improved starch gel electrophoresis. *J. Dairy Sci.*, **47**, 506.

Ng-Kwai-Hang, K.F., Hayes, J.F., Moxley, J.E. és Monardes, H.G. (1984). Association of genetic variants of casein and milk serum proteins with milk, fat, and protein production by dairy cattle. *J. Dairy Sci.*, **67**, 835-840.

Ng-Kwai-Hang, K.F., Hayes, J.F., Moxley, J.E. és Monardes, H.G. (1986). Relationship between milk protein polymorphisms and major milk constituents in Holstein-Friesian cows. *J. Dairy Sci.*, **69**, 22-26.

Ng-Kwai-Hang, K.F., Hayes, J.F., Moxley, J.E. és Monardes, H.G. (1987). Variation in milk protein concentration associated with genetic polymorphism and environmental factors. *J. Dairy Sci.*, **70**, 563-570.

Ng-Kwai-Hang, K.F. és Pélissier, J.P. (1989). Rapid separation of bovine caseins by mass ion exchange chromatography. *J. Dairy Res.*, **56**, 391-397.

Ng-Kwai-Hang, K.F. és Imafidon, G.I. (1990). Effect of genetic variants of κ-casein and β-casein on stability of calcium-caseinate model systems. *23rd Int. Dairy Congr.* 2: No. 688.

Ng-Kwai-Hang, K.F., Monardes, H.G. és Hayes, J.F. (1990*a*). Association between genetic polymorphism of milk proteins and production traits during three lactations. *J. Dairy Sci.*, **73**, 3414-3420.

Ng-Kwai-Hang, K.F., Monardes, H.G. és Hayes, J.F. (1990*b*). Association between genetic polymorphism of milk proteins and parameters of reproduction in Holstein cows. Research Report, Department of Animal Science, MacDonald College, McGill University, pp. 6-7.

Ng-Kwai-Hang, K.F. (1997). A review of the relationship between milk protein polymorphism and milk composition/milk production. In: *Milk Protein Polymorphism*. Proceedings of the IDF Seminar "Milk Protein Polymorphism II" held in Palmerston North, New Zealand, February 1997. p. 22-37.

Oishi, T. és Tomita, T. (1976). Blood groups and serum protein polymorphisms in the Pitman-Moore and Ohmini strains of miniature pigs. *Anim. Blood Grps. Biochem. Genet.*, **7**, 27-32.

Oloffs, K. (1991). Genetische Grundlagen der Käsereitauglichkeit von Rohmilch. *Disszertáció*, Christian-Alberts-Universität Kiel.

Oloffs, K., Schulte-Coerne, H., Pabst, K. és Gravert, H.O. (1992). Die Bedeutung der Proteinvarianten für genetische Unterschiede in der Käsereitauglichkeit der Milch. *Züchtungskunde*, **64**, 20-26.

Orita, M., Suzuki, Y., Sekiya, T. és Hayashi, K. (1989). Rapid and sensitive detection of point mutations and DNA polymorphisms using polymerase chain reaction. *Genomics*, **5**, 874-879.

Orkin, S.H. (1990). Globine gene regulation and switching: Circa 1990. *Cell*, **63**, 665-672.

Ortner, M., Essel, A. és Solkner, J. (1995). On the importance of various milk protein genotypes in cattle breeding. *Züchtungskunde*, **67**, 353-367.

Ozbeyaz, C., Alpan, O., Bayraktar, M. és Akcan, A. (1991). Milk protein polymorphism and its effect on first-lactation yield in Jersey cows. *Lal. Hayvana. Arast. Enst. Derg.*, **31**, 27-33.

Pagnacco, G. és Caroli, A. (1987). Effect of casein and β-lactoglobulin genotypes on renneting properties of milk. *J. Dairy Res.*, **54**, 479-485.

Palmer, A.H. (1934). The preparation of crystalline globulin from the albumin fraction of cow's milk. *J. Biol. Chem.*, **104**, 359-372.

Papiz, M.Z., Sawyer, L., Eliopoulos, E.E., North, A.C.T., Findlay, J.B.C., Sivaprasadarao, R., Jones, T.A., Newcomer, M.E. és Kraulis, P.J. (1986). The structure of β-lactoglobulin and its similarity to plasma retinol-binding protein. *Nature*, **324**, 383-385.

Pappin, D.J. (1997). Peptide mass fingerprinting using MALDI-TOF mass spectrometry. *Methods Mol. Biol.*, **64**, 165-173.

Pappin, D.J.C., Hojrup, P. és Bleasby, A.J. (1993). Rapid identification of proteins by peptide-mass fingerprinting. *Curr. Biol.*, **3**, 327-332.

Pearce, R.J. (1983). Analysis of whey proteins by high performance liquid chromatography. *Aust. J. Dairy Technol.*, **38**, 114-117.

Pearce, R.J. és Zadow, J.G. (1978). Isoelectric focusing of milk proteins. *Proc. XX. Intern. Dairy Congr. (Paris)*, p. 217-218.

Peterson, R.F. (1969). Electrofocusing of milk proteins. *J. Dairy Sci.*, **52**, 903. (Abstr.)

Peterson, R.F. és Kopfler, F.C. (1966). Detection of new types of β-casein by poyacrylamide gel electrophoresis at acid pH: a proposed nomenclature. *Biochem. Biophys. Res. Commun.*, **22**, 388-392.

Piez, K.A., Davie, E.W., Folk, J.I. és Gladner, J.A. (1961). β-lactoglobulins A and B. *J. Biol. Chem.*, **236**, 2912-2916.

Pokalov, V.P. (1975). Relationship of blood serum and milk proteins with body weight of cows. *Anim. Breeding Abstr.*, **44**, 4147.

Prinzenberg, E.M. és Erhardt, G. (1997*a*). Bovine β-lactoglobulin I is identified by amplification created restriction site using *Sma*I. *Anim. Genet.*, **28**, 370-383.

Prinzenberg, E.M. és Erhardt, G. (1997*b*). SSCP identifies bovine $CSN1S1^{D}$. *Anim. Genet.*, **28**, 453-461.

Prinzenberg, E.M. és Erhardt, G. (1999). A new CSN3 allele in Bos indicus cattle is characterised by MspI PCR-RFLP. *Anim. Genet.*, **30**, 164.

Prinzenberg, E.M., Krause, I. és Erhardt, G. (1999). SSCP analysis at the bovine *CSN3* locus discriminates six alleles corresponding to known protein variants (*A, B, C, D, E, F, G*) and three new DNA polymorphisms (*H, I,* A_1). *Anim. Biotechn.*, **10**, 49-62.

Prinzenberg, E.M., Hiendleder, S., Ikonen, T. és Erhardt, G. (1996). Molecular genetic characterisation of new bovine κ-casein alleles $CSN3^{F}$ and $CSN3^{G}$ and genotyping by PCR-RFLP. *Anim. Genet.*, **27**, 347-349.

Prinzenberg, E.M., Anglade, P., Ribadeau-Dumas, B. és Erhardt, G. (1998). Biochemical characterization of bovine α_{S1}-casein F and genotyping with sequence-specific primers. *J. Dairy Sci.*, **65**, 223-231.

Pupkova, G.V. (1980). Milk protein polymorphism and milk production of Estonian Black Pied cows. *Dairy Sci. Abstr.*, **45**, 6620.

Putz, M., Averdunk, G., Aumann, J. és Buchberger, J. (1991*a*). Genotypen für Milchprotein beim Braunvieh. *Tierzüchter*, **43**, 245-247.

Putz, M., Averdunk, G., Aumann, J. és Buchberger, J. (1991*b*). Genotypen für Milchprotein beim bayrischen Fleckvieh. *Tierzüchter*, **43**, 479-481.

Rahali, V. és Ménard, J.L. (1991). Influence des variants génétiques de la β-lactoglobuline et la κ-caséine sur la composition du lait et son aptitude fromagere. *Lait*, **71**, 275-297.

Raimondi, R. (1982). Marcatori Genetici in popolazioni animali scarsamente valorizzate o in via estinzione. Progetto finalizzato Difese delle risorse genetiche delle popolazioni animali; obiettivi e risultati. Milano. p. 120-138.

Rampilli, M., Caroli, A., Bolla, P. és Pirlo, G. (1988). Relationi tra genotipi lattoproteici, composizione caseinica e attitudine alla coagulazione del latte nel corso della lattazione. *Scien. Tecn. Latt. Casear.*, **39**, 262-279.

Rando, A., Di Gregorio, P. és Masina, P. (1988). Identification of bovine kappa-casein genotypes at the DNA level. *Anim. Genet.*, **19**, 51-54.

Rando, A., Ramunno, L., Di Gregorio, P. és Masina, P. (1992). A rare insertion in the bovine α_{S1}-casein gene. *Anim. Genet.*, **23**, suppl.1, p. 55.

Rando, A., Di Gregorio, P., Ramunno, L., Mariani, P., Fiorella, A. és Senese, C. (1998). Characterization of the CSN1AG allele of the bovine alpha s1-casein locus by the insertion of a relict of a long interspersed element. *J. Dairy Sci.*, **81**, 1735-1742.

Remeuf, F., Cossin, V., Dervin, C., Leonir, J. és Tomassone, R. (1991). Relations entre les caracteres physico-chimiques des laits et leur aptitude fromagere. *Lait*, **71**, 397-421.

Ribadeau-Dumas, B., Brignon, G., Grosclaude, F. és Mercier, J.-C. (1972) Structure primaire de la caséine β bovine. Séquence complete. *Eur. J. Biochem.*, **25**, 505-514.

Rijnkels, M., Kooiman, P.M., de Boer, H.A. és Pieper, F.R. (1997). Organization of the bovine casein gene locus. *Mamm. Genome*, **8**, 148-152.

Ronda, R., Perez-Beato, O. és Granado, A. (1984). Relationship between milk production and quantitative parameters in 3/4 Holstein-Friesian x 1/4 Zebu cows. *Rev. Sol. Anim.*, **6**, 593-603.

Rozzi, P., Serventi, P. ás Ronchi, S. (1989). Effetto delle varianti di κ-caseina e β-lactoglobulina sugli indici genetici produttivi di bovine di razza Frisona. *Sci. Tecn. Latt.-Caes.*, **40**, 411-422.

Russo, V. és Mariani, P. (1974). Polimorfismo delle proteine del latte nelle razza bovine da carne. III. Chianina. *Riv. Zootec. Vet.*, **2**, 139-143.

Russo, V. és Mariani, P. (1978). Polimorfismo delle proteine del latte e relazioni tra varianti genetiche e caratteristiche di interesse zootecnico, tecnologico e caseario. *Riv. Zootecn. Vet.*, **5**, 289-304.

Sacchi, P., Cauvin, E. és Turi, R.M. (1993). Relationship between milk protein polymorphism and production traits during two lactations in Friesian cows reared in Turin area. *Scien. Tecn. Latt.-Caes.*, **44**, 20-32.

Sadler, A.M., Kiddy, C.A., McCann, R.E. és Mattingly, W.A. (1968). Acid production and curd toughness in milk of different α_{S1}-casein types. *J. Dairy Sci.*, **51**, 28-30.

Said, H.M., Ong, D.E. és Shingleton, J.L. (1989). Intestinal uptake of retinol: enhancement by bovine milk β-lactoglobulin. *Am. J. Clin. Nutr.*, **49**, 690-694.

Sambrook, J., Fritsch, E.F. és Maniatis, T. (1989). Molecular cloning: A laboratory manual. Szerk.: Nolan, C., Cold Spring Harbor Laboratory Press, USA. Book 1, p. 6.36-6.43.

Sang, B.C., Ahn, B.S., Sang, B.D. és Cho, Y.Y. (1994). Association of genetic variants of milk proteins with lactation traits in Holstein cows. *Proc. 7th AAAP Anim. Sci. Congr.*, Vol. 2, p. 217-218.

Sawyer, W.H. (1968). Heat denaturation of bovine β-lactoglobulins and relevance of disulfide aggregation. *J. Dairy Sci.*, **51**, 323-329.

Schaar, J. (1984). Effects of κ-casein genetic variants and lactation number on the renneting properties of individual milks. *J. Dairy Res.*, **51**, 397-406.

Schaar, J., Hansson, B. és Petterson, H.E. (1985). Effect of genetic variants of κ-casein and β-lactoglobulin on cheesemaking. *J. Dairy Res.*, **52**, 429-437.

Schlee, P. és Rottmann, O. (1992*a*). Identification of bovine κ-casein C using the polymerase chain reaction. *J. Anim. Breed. Genet.*, **109**, 153-155.

Schlee, P. és Rottmann, O. (1992*b*). Genotyping of bovine β-casein, β-lactoglobulin and α-lactalbumin using the polymerase chain reaction. *J. Anim. Breed. Genet.*, **109**, 456-464.

Schlieben, S., Erhardt, G. és Senft, B. (1991). Genotyping of bovine κ-casein ($\kappa\text{-CN}^A$, $\kappa\text{-CN}^B$, $\kappa\text{-CN}^C$, $\kappa\text{-CN}^E$) following DNA sequence amplification and direct sequencing of $\kappa\text{-CN}^E$ PCR product. *Anim. Genet.*, **22**, 333-342.

Schmidt, D.G. (1964). Starch gel electrophoresis of κ-casein. *Biochim. Biophys. Acta*, **90**, 411-414.

Schmidt, D.G. (1980). Colloidal aspects of casein. *Neth. Milk Dairy J.*, **34**, 42-64.

Schroeder, W.A., Shelton, J.B., Shelton, J.R., Powars, D., Friedman, S., Baker, J., Finklestein, J.Z., Miller, B. Johnson, C.S., Sharpsteen, J.R., Sieger, L. és Kawaoka, E. (1982). Identification of eleven human haemoglobin variants by high-performance liquid chromatography: additional data on functional properties and clinical expression. *Biochem. Genet.*, **20**, 133-152.

Seibert, B. , Erhardt, G. és Senft, B. (1985). Procedure for simultaneous phenotyping of genetic variants in cow's milk by isoelectric focusing. *Anim. Blood Grps and Biochem. Genet.*, **16**, 183-191.

Sherbon, J.W., Ledford, R.A. és Regenstein, J. (1967). Variants of milk proteins and their possible relation to milk properties. *J. Dairy Sci.*, **50**, 951.

Singh, H., Bhat, P.N. és Singh, R. (1981). Association of protein polymorphic genotypes with certain performance traits in crossbred cattle. *Int. J. Anim. Sci.*, **51**, 5-10.

Stewart, A.F., Willis, I.M. és Mackinlay, A.G. (1984). Nucleotide sequences of bovine alpha S1- and kappa-casein cDNAs. *Nucl. Acids Res.*, **12**, 3895-3907.

Stewart, A.F., Bonsing, J., Beattie, C.W., Shah, F., Willis, I.M. és Mackinlay, A.G. (1987). Complete nucleotide sequences of bovine alpha S2- and beta-casein cDNAs: comparisons with related sequences in other species. *Mol. Biol. Evol.*, **4**, 231-241.

Stur, I. Neumeister, E., Mayr, B., Glawisching, E. és Schleger, W. (1976). Relationships between mastitis resistance, degree of heterozygosis and milk proteins in Austrian Brown cattle. *Wien. Tier. Monat.*, **63**, 352-356.

Svedberg, T, (1938). The ultracentrifuge and its field of research. *Ind. Eng. Chem.*, **10**, 113-129.

Swaisgood, H.E. (1985). In *Food Chemistry*, 2nd ed. O.R. Fennema. Marcel Dekker, New York, pp. 791-827.

Swaisgood, H.E. (1992). Chemistry of the caseins. In: *Advanced Dairy Chemistry.-Vol.1: Proteins.* Szerk.: Fox, P.F. London: Elsevier Applied Science. p. 63-110.

Szmelik, L., Zagulski, T. és Michalak, W. (1971). Investigations on genetic polymorphism of β-casein in cattle bred in Poland. *Biul. Inst. Genet. Hodowli Zwierzat Pol. Acad. Nauk.*, **23**, 51-65.

Tabor, S. és Richardson, C.C. (1987). DNA sequence analysis with a modified T7 DNA polymerase. Proc. Natl. Acad. Sci. USA, **84**, 4767-4771.

Tervala, H.L., Antila, V., Syvaejaervi, J. és Lindstroem, U.B. (1983). Variations in the renneting properties of milk. *Meij. Aika.*, **41**, 24-33.

Tervala, H.L., Antila, V. és Syvaejaervi, J. (1985). Factors affecting the renneting properties of milk. *Meij. Aika.*, **43**, 16-25.

Thompson, M.P. (1966). DEAE-cellulose-urea chromatography of casein in the presence of 2-mercaptoethanol. *J. Dairy Sci.*, **49**, 792-795.

Thompson, M.P. (1970). Phenotyping milk proteins: A review. *J. Dairy Sci.*, **53**, 1341-1348.

Thompson, M.P. és Pepper, L. (1964). Genetic polymorphism in caseins of cow's milk. IV. Isolation and properties of β-casein A, B, and C. *J. Dairy Sci.*, **47**, 633-636.

Thompson, M.P., Kiddy, C.A., Pepper, L. és Zittle, C.A. (1962). Variations in the α_S-casein fraction of individual cow's milk. *Nature*, **195**, 1001-1002.

Thompson, M.P., Kiddy, C.A., Johnston, J.O. és Weinberg, R.M. (1964). Genetic polymorphism in caseins of cow's milk. II. Confirmation of the genetic control of β-casein variation. *J. Dairy Sci.*, **47**, 378-381.

Threadgill, D.W. és Womack, J.E. (1990). Genomic analysis of the major bovine milk protein genes. *Nucl. Acids Res.*, **18**, 6935-6942.

Vági, J. és Baranyi, M. (2000). A tejfehérje kazein és β-laktoglobulin genotípusok kapcsolata a tehenek tejtermelésével és fertilitásával holstein-fríz, magyartarka és keresztezett állományokban. *Állattenyésztés és Takarmányozás*, Vol. 49, No 2. (Nyomdában)

Visser, S., Slangen, K.J. és Rollema, H.S. (1986). High performance liquid chromatography of bovine caseins with the application of various stationary phases. *Milchwissenschaft*, **41**, 559-562.

Visser, S., Slangen, C.J., Langenwerf, F.M., van Dongen, W.D. és Haverkamp, J. (1995). Identification of a new genetic variant of bovine β-casein using reversed-phase high-performance liquid chromatography and mass spectrometric analysis. *J. Chromatogr.*, **711**, 141-150.

Voglino, G.F. (1972). A new β-casein variant in Piedmont cattle. *Anim. Blood Grps Biochem. Genet.*, **3**, 61-62.

Walstra, P. (1979). The voluminosity of bovine casein micelles and some of its implications. *J. Dairy Res.*, **46**, 317-323.

Walstra, P. (1990). On the stability of casein micelles. *J. Dairy Sci.*, **46**, 317-323.

Walstra, P. és Jenness, R. (1984). *Dairy Chemistry and Physics*, John Wiley, New York.

Wemheuer, W., Hooss, D. és Swalve, H.H. (1995). The effect of genotype of kappa-casein on estimated breeding value of actual bulls out of the Holstein population from four countries. *Züchtungskunde*, **67**, 248-262.

Westermeier, R. (1993). *Electrophoresis in Practice. A Guide to Theory and Practice*. VCH Verlagsgesellschaft mbH, Weinheim, Németország.

Winkelman, A.M. és Wickham, B.W. (1997). Associations between milk protein genetic variants and production traits in New Zealand dairy cattle. In.: *Milk protein polymorphism*. Proceedings of the IDF seminar held in Palmerston North, Nw Zealand, February 1997. p. 38-46.

Woychik, J.H. (1964). Polymorphism in κ-casein of cow's milk. *Biochem. Biophys. Res. Commun.*, **16**, 267-271.

Wu, D.Y., Ugozzoli, L., Pal, B.K. és Wallace, R.B. (1989). Allele-specific enzymatic amplification of beta-globin genomic DNA for diagnosis of sickle cell anemia. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, **86**, 2757-2760.

Yaguchi, M. és Rosen, D. (1971). Chromatographic separation of milk proteins: A review. *J. Dairy Sci.*, **54**, 1725-1743.

Yebroski, L.S. és Komissarenko, A. (1982). Effect of genotype on intra-breed variation in the amino acid content of milk proteins. *Proc. XXI Intern. Dairy Congr. (Moscow)*, Vol. 1, Book 1, p. 46.

Yoshikawa, M., Mizukami, T., Sasaki, R. és Chiba, H. (1978). Pre-β-lactoglobulin synthesis by mRNA from bovine mammary gland. *Agri. Biol. Chem.*, **138**, 101-109.

Yu-Lee, L.Y. és Rosen, J.M. (1983). The rat casein multigene family. I. The fine structure of the gamma-casein gene. *J. Biol. Chem.*, **258**, 10794-10804.

Zebrovskii, L.S., Babukov, A.V. és Mityutko, V.E. (1977). The relationship of polymorphic proteins with productivity in Black Pied cattle. *Zhivotnovodstvo*, **7**, 25-27.

Zikakis, J.P., Haenlein, G.F.W., Hines, H.C., Mather, R.E. és Tung, S. (1974). Gene frequencies of electrophoretically determined polymorphisms in Guernsey blood and milk. *J. Dairy Sci.*, **57**, 405-410.

Zsolnai, A. és Fésüs, L. (1996). Simultaneous analysis of bovine kappa-casein and BLAD alleles by multiplex PCR followed by parallel digestion with two restriction enzymes. *Anim. Genet.*, **27**, 207-209.

M2. FÜGGELÉK

```
  1
H-Arg-Pro-Lys-His-Pro-Ile-Lys-His-Gln-Gly-Leu-Pro-Gln- Glu-Val-Leu-Asn-Glu-Asn-Leu-

 21
Leu-Arg-Phe-Phe-Val-Ala -Pro-Phe-Pro-Glu-Val-Phe-Gly-Lys-Glu-Lys-Val-Asn-Glu-Leu-

 41
Ser-Lys-Asp-Ile-Gly-SerP-Glu-SerP-Thr-Glu-Asp-Gln- Ala-Met-Glu-Asp-Ile-Lys-Gln-Met-

 61
Glu-Ala-Glu-SerP-Ile-SerP-SerP-SerP-Glu-Glu-Ile-Val-Pro-Asn-SerP-Val-Glu-Gln-Lys-His-

 81
Ile-Gln-Lys-Glu-Asp-Val-Pro-Ser-Glu-Arg-Tyr-Leu-Gly-Tyr-Leu-Glu-Gln-Leu-Leu-Arg-

101
Leu-Lys-Lys-Tyr-Lys-Val-Pro-Gln-Leu-Glu-Ile-Val-Pro-Asp-SerP-Ala-Glu-Glu-Arg-Leu-

121
His-Ser-Met-Lys-Glu-Gly-Ile-His-Ala-Gln-Gln-Lys-Glu-Pro-Met-Ile-Gly-Val-Asn-Gln-

141
Glu-Leu-Ala-Tyr-Phe-Tyr-Pro-Glu-Leu-Phe-Arg-Gln-Phe-Tyr-Gln-Leu-Asp-Ala-Tyr-Pro-

161
Ser-Gly-Ala-Trp-Tyr-Tyr-Val-Pro-Leu-Gly-Thr-Gln-Tyr-Thr-Asp-Ala-Pro-Ser-Phe-Ser-

181                                                                 199
Asp-Ile-Pro-Asn-Pro-Ile-Gly-Ser-Glu-Asn-Ser-Glu-Lys-Thr-Thr-Met-Pro-Leu-Trp.OH
```

9-1. ábra: Az α_{S1}-CN *B* variáns elsődleges szerkezete. A poszttranszlációs foszforiláció helyét dőlt betű jelzi (*SerP*, *ThrP*) (*Mercier és mtsai*, 1971).

```
   1
H.Lys-Asn-Thr-Met-Glu-His-Val-SerP-SerP-SerP-Glu-Glu-Ser-Ile-Ile-SerP-Gln-Glu-Thr-Tyr-

  21
 Lys-Gln-Glu-Lys-Asn-Met-Ala-Ile-Asn-Pro-Ser-Lys-Glu-Asn-Leu-Cys-Ser-Thr-Phe-Cys-

  41
 Lys-Glu-Val-Val-Arg-Asn-Ala-Asn-Glu-Glu-Glu-Tyr-Ser-Ile-Gly-SerP-SerP-SerP-Glu-Glu-

  61
 SerP-Ala-Glu-Val-Ala-Thr-Glu-Glu-Val-Lys-Ile-Thr-Val-Asp-Asp-Lys-His-Tyr-Gln-Lys-

  81
 Ala-Leu-Asn-Glu-Ile-Asn-Gln-Phe-Tyr-Gln-Lys-Phe-Pro-Gln-Tyr-Leu-Gln-Tyr-Leu-Tyr-

 101
 Gln-Gly-Pro-Ile-Val-Leu-Asn-Pro-Trp-Asp-Gln-Val-Lys-Arg-Asn-Ala-Val-Pro-Ile-Thr-

 121
 Pro-Thr-Leu-Asn-Arg-Glu-Gln-Leu-SerP-Thr-SerP-Glu-Glu-Asn-Ser-Lys-Lys-Thr-Val-Asp-

 141
 Met-Glu-SerP-Thr-Glu-Val-Phe-Thr-Lys-Lys-Thr-Lys-Leu-Thr-Glu-Glu-Glu-Lys-Asn-Arg-

 161
 Leu-Asn-Phe-Leu-Lys-Lys-Ile-Ser-Gln-Arg-Tyr-Gln-Lys-Phe-Ala-Leu-Pro-Gln-Tyr-Leu-

 181
 Lys-Thr-Val-Tyr-Gln-His-Gln-Lys-Ala-Met-Lys-Pro-Trp-Ile-Gln-Pro-Lys-Thr-Lys-Val-
                                                    (Leu)
 201                    207
 Ile-Pro-Tyr-Val-Arg-Tyr-Leu.OH
```

9-2. ábra: Az α_{S2}-CN *A* variáns elsődleges szerkezete. A poszttranszlációs foszforiláció helyét dőlt betű jelzi (*SerP*). (*Brignon és mtsai*, 1977)

```
  1
H-Arg-Glu-Leu-Glu-Glu-Leu-Asn-Val-Pro-Gly-Glu-Ile-Val-Glu-SerP-Leu-SerP-SerP-SerP-Glu-

 21
Glu-Ser-Ile-Thr-Arg-Ile-Asn-Lys-Lys-Ile-Glu-Lys-Phe-Gln-SerP-Glu-Glu-Gln-Gln-Gln-

 41
Thr-Glu-Asp-Glu-Leu-Gln-Asp-Lys-Ile-His-Pro-Phe-Ala-Gln-Thr-Gln-Ser-Leu-Val-Tyr-

 61
Pro-Phe-Pro-Gly-Pro-Ile-Pro-Asn-Ser-Leu-Pro-Gln-Asn-Ile-Pro-Pro-Leu-Thr-Gln-Thr-

 81
Pro-Val-Val-Val-Pro-Pro-Phe-Leu-Gln-Pro-Glu-Val-Met-Glu-Val-Ser-Lys-Val-Lys-Glu-

101
Ala-Met-Ala-Pro-Lys-His-Lys-Glu-Met-Pro-Phe-Pro-Lys-Tyr-Pro-Val-Glu-Pro-Phe-Thr-

121
Glu-Ser-Gln-Ser-Leu-Thr-Leu-Thr-Asp-Val-Glu-Asn-Leu-His-Leu-Pro-Leu-Pro-Leu-Leu-

141
Gln-Ser-Trp-Met-His-Gln-Pro-His-Gln-Pro-Leu-Pro-Pro-Thr-Val-Met-Phe-Pro-Pro-Gln-

161
Ser-Val-Leu-Ser-Leu-Ser-Gln-Ser-Lys-Val-Leu-Pro-Val-Pro-Gln-Lys-Ala-Val-Pro-Tyr-

181
Pro-Gln-Arg-Asp-Met-Pro-Ile-Gln-Ala-Phe-Leu-Leu-Tyr-Gln-Glu-Pro-Val-Leu-Gly-Pro-

201                           209
Val-Arg-Gly-Pro-Phe-Pro-Ile-Ile-Val.OH
```

9-3. ábra: A β-CN A^2 variáns elsődleges szerkezete. A poszt-transzlációs foszfori-láció helyét dőlt betű jelzi (*SerP*) (*Brignon és mtsai*, 1971).

```
  1
PyroGlu-Glu-Gln-Asn-Gln-Glu-Gln-Pro-Ile-Arg-Cys-Glu-Lys-Asp-Glu-Arg-Phe-Phe-Ser-Asp-

 21
Lys-Ile-Ala-Lys-Tyr-Ile-Pro-Ile-Gln-Tyr-Val-Leu-Ser-Arg-Tyr-Pro-Ser-Tyr-Gly-Leu-

 41
Asn-Tyr-Tyr-Gln-Gln-Lys-Pro-Val-Ala-Leu-Ile-Asn-Asn-Gln-Phe-Leu-Pro-Tyr-Pro-Tyr-

 61
Tyr-Ala-Lys-Pro-Ala-Ala-Val-Arg-Ser-Pro-Ala-Gln-Ile-Leu-Gln-Trp-Gln-Val-Leu-Ser-

 81
Asn-Thr-Val-Pro-Ala-Lys-Ser-Cys-Gln-Ala-Gln-Pro-Thr-Thr-Met-Ala-Arg-His-Pro-His-

101
Pro-His-Leu-Ser-Phe-Met-Ala-Ile-Pro-Pro-Lys-Lys-Asn-Gln-Asp-Lys-Thr-Glu-Ile-Pro-
                    ▲
121
Thr-Ile-Asn-Thr-Ile-Ala-Ser-Gly-Glu-Pro-Thr-Ser-Thr-Pro-Thr-Thr-Glu-Ala-Val-Glu-

141
Ser-Thr-Val-Ala-Thr-Leu-Glu-Asp-SerP-Pro-Glu-Val-Ile-Glu-Ser-Pro-Pro-Glu-Ile-Asn-

161                             169
Thr-Val-Gln-Val-Thr-Ser-Thr-Ala-Val.OH
```

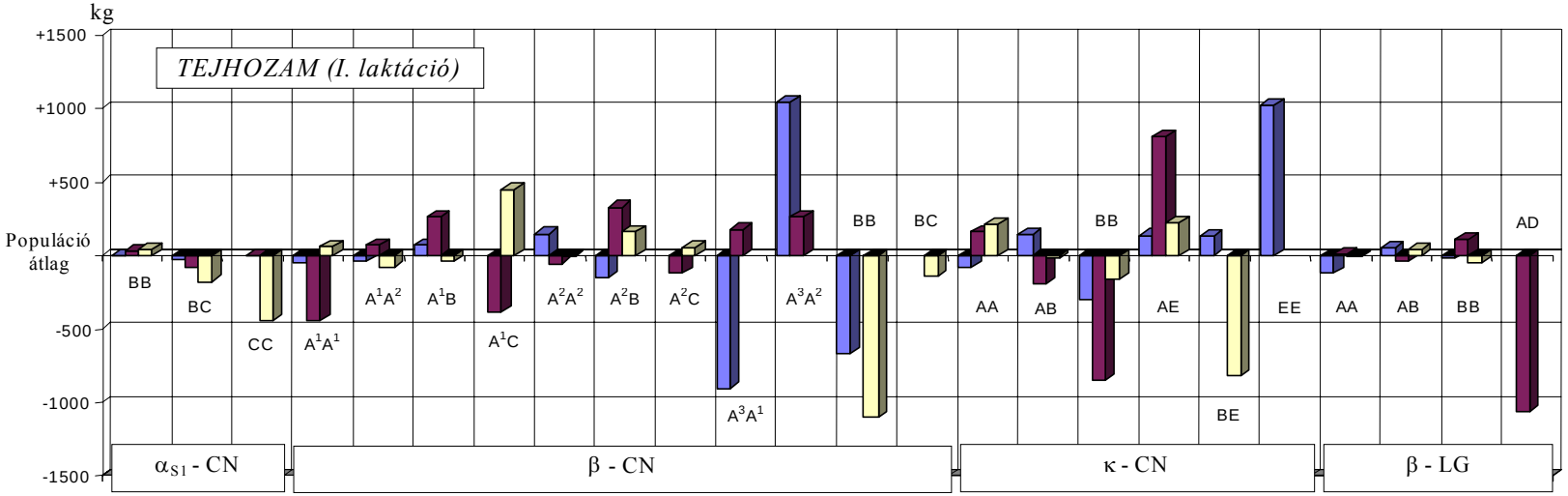
9-4. ábra: A κ-CN *A* variáns elsődleges szerkezete (*Mercier és mtsai*, 1973). A poszttranszlációs foszforiláció (*SerP*) és glikoziláció (*Thr*) helyét dőlt betű jelzi. A chimozin enzim hasítóhelyét (Phe^{105}-Met^{106}) pedig fekete háromszög jelöli ( ). ▲

```
  1
H-Glu-Gln-Leu-Thr-Lys-Cys-Glu-Val-Phe-Gln-Glu-Leu-Lys-Asp-Leu-Lys-Gly-Tyr-Gly-Gly-

 21
Val-Ser-Leu-Pro-Glu-Trp-Val-Cys-Thr-Thr-Phe-His-Thr-Ser-Gly-Tyr-Asp-Thr-Glu-Ala-

 41
Ile-Val-Glu-Asn-Asn-Gln-Ser-Thr-Asp-Tyr-Gly-LeuPhe-Gln-Ile-Asn-Asn-Lys-Ile-Trp-

 61
Cys-Lys-Asn-Asp-Gln-Asp-Pro-His-Ser-Ser-Asn-Ile-Cys-Asn-Ile-Ser-Cys-Asp-Lys-Phe-

 81
Leu-Asn-Asn-Asp-Leu-Thr-Asn-Asn-Ile-Met-Cys-Val-Lys-Lys-Ile-Leu-Asp-Lys-Val-Gly-

101
Ile-Asn-Tyr-Trp-Leu-Ala-His-Lys-Ala-Leu-Cys-Ser-Glu-Lys-Leu-Asp-Gln-Trp-Leu-Cys-

121     123
Glu-Lys-Leu.OH
```

9-5. ábra: Az α-LA *A* variáns elsődleges szerkezete (*Brew és mtsai*, 1970).

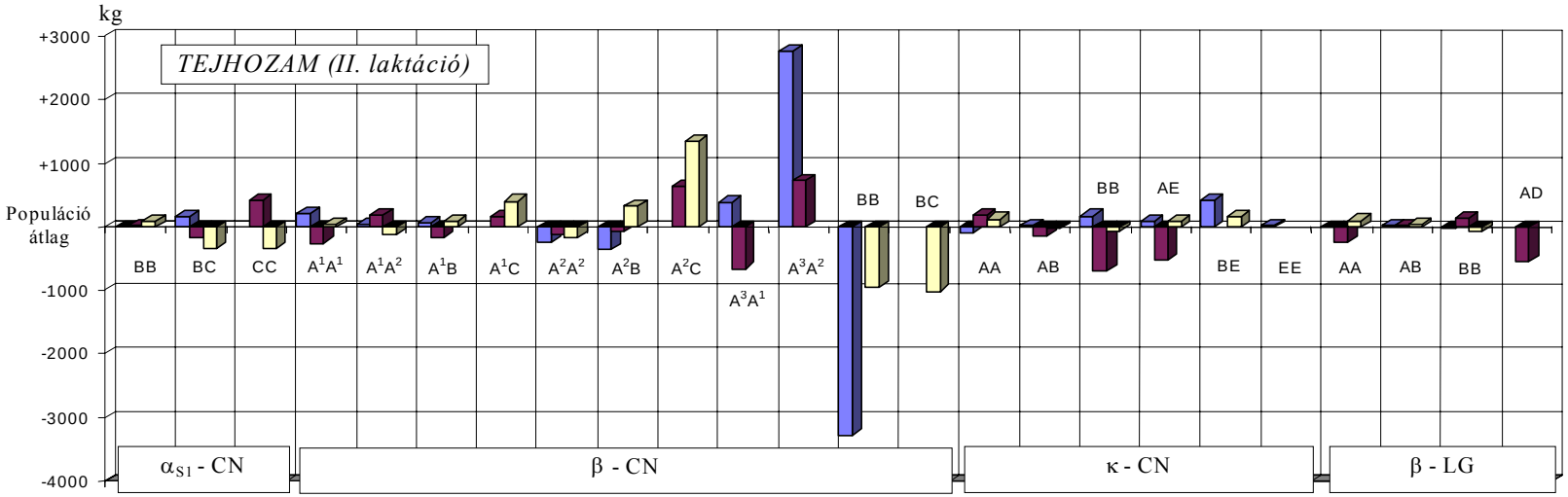
```
  1
H.Leu-Ile-Val-Thr-Gln-Thr-Met-Lys-Gly-Leu-Asp-Ile-Gln-Lys-Val-Ala-Gly-Thr-Trp-Tyr-

 21
Ser-Leu-Ala-Met-Ala-Ala-Ser-Asp-Ile-Ser-Leu-Leu-Asp-Ala-Gln-Ser-Ala-Pro-Leu-Arg-

 41
Val-Tyr-Val-Glu-Glu-Leu-Lys-Pro-Thr-Pro-Glu-Gly-Asp-Leu-Glu-Ile-Leu-Leu-Gln-Lys-

 61
Trp-Glu-Asn-Gly-Glu-Cys-Ala-Gln-Lys-Lys-Ile-Ile-Ala-Glu-Lys-Thr-Lys-Ile-Pro-Ala-

 81
Val-Phe-Lys-Ile-Asp-Ala-Leu-Asn-Glu-Asn-Lys-Val-Leu-Val-Leu-Asp-Thr-Asp-Tyr-Lys-

101
Lys-Tyr-Leu-Leu-Phe-Cys-Met-Glu-Asn-Ser-Ala-Glu-Pro-Glu-Gln-Ser-Leu-Ala-Cys-Gln-

121
Cys-Leu-Val-Arg-Thr-Pro-Glu-Val-Asp-Asp-Glu-Ala-Leu-Glu-Lys-Phe-Asp-Lys-Ala-Leu-

141
Lys-Ala-Leu-Pro-Met-His-Ile-Arg-Leu-Ser-Phe-Asn-Pro-Thr-Gln-Leu-Glu-Glu-Gln-Cys-

161 162
His-Ile.OH
```

M2-6. ábra: A β-LG *B* allél elsődleges szerkezete (*Braunitzer és mtsai*, 1973).



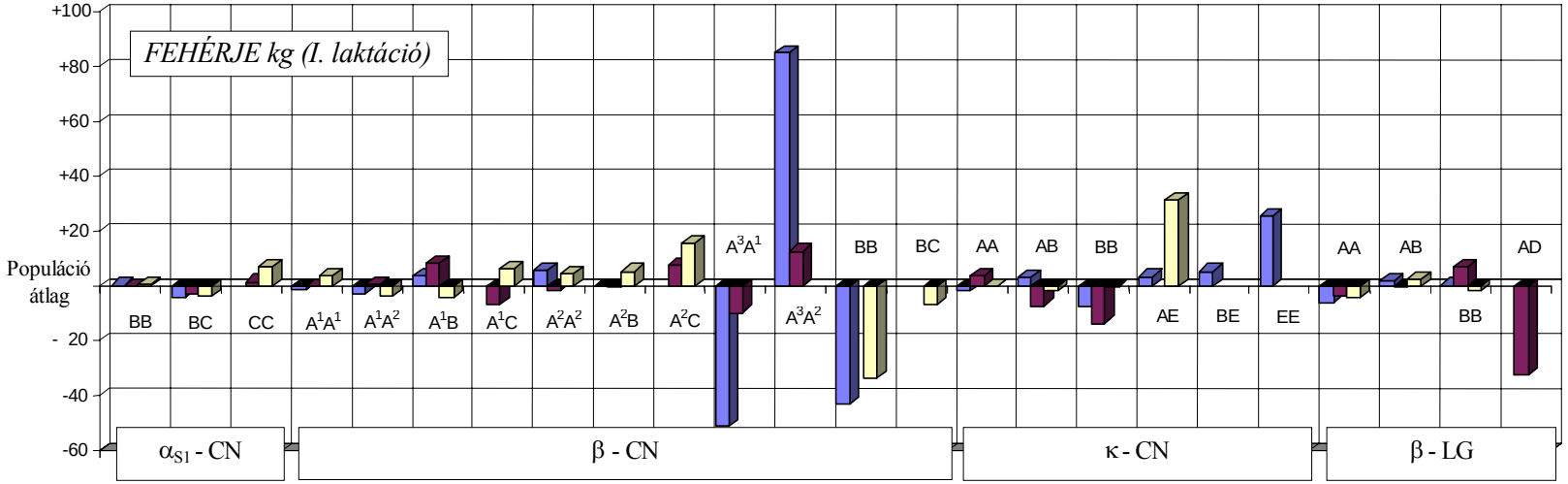
HF	3	-34	-	-50	-38	67	-	146	-155	-	-905	1044	-665	-	-77	141	-301	137	132	1024	-125	54	-18	-
MT	33	-84	1	-445	73	263	-388	-55	328	-123	176	265	-	-	164	-190	-852	807	-	-	9	-37	112	-1065
HuF	43	-176	-443	64	-81	-43	449	-5	158	56	-	-	-1102	-143	214	-19	-158	226	-818	-	-13	44	-50	-

M2-7. ábra: A különböző tejfehérje genotípusok átlagos standard 305 napos tejhozamának (kg) eltérése a populációátlagtól a vizsgált hazai első laktációs szarvasmarha állományokban.



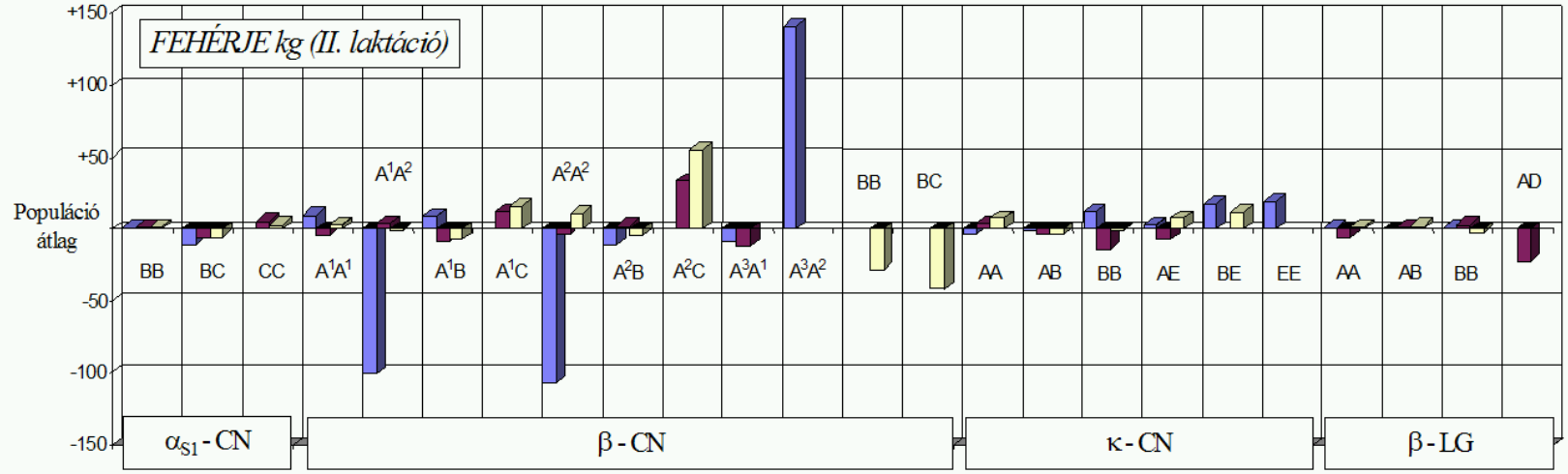
HF	-9	160	-	202	49	75	-	-242	-358	-	389	2765	-3281	-	-98	25	176	89	413	27	-9	22	-16	-
MT	30	-168	423	-251	193	-177	163	-115	-75	628	-653	739	-	-	191	-147	-684	-521	-	-	-245	27	137	-545
HuF	85	-341	-337	36	-119	83	412	-165	329	1344	-	-	-952	-1007	126	-34	-62	86	169	-	104	41	-83	-

M2-8. ábra: A különböző tejfehérje genotípusok átlagos standard 305 napos tejhozamának (kg) eltérése a populációátlagtól a vizsgált hazai második laktációs szarvasmarha állományokban.



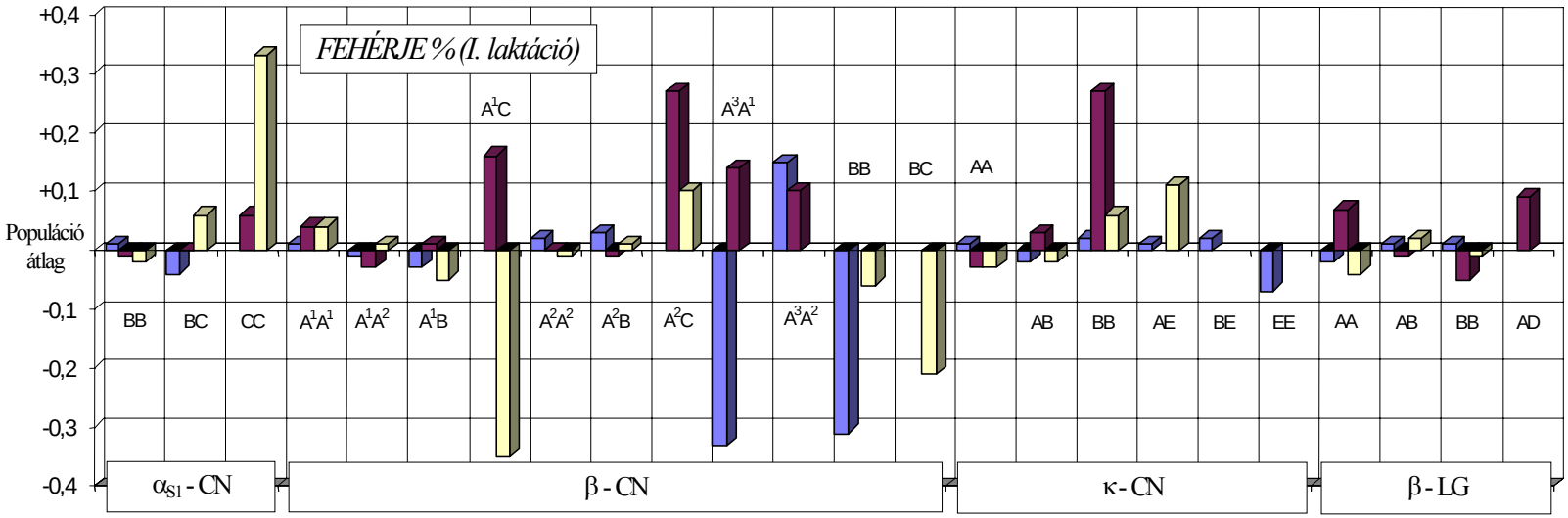
HF	0,3	-4,2	-	-1,0	-2,8	4,0	-	5,7	-0,1	-	-51,1	84,8	-42,8	-	-1,9	3,3	-7,5	3,5	5,3	25,4	-6,2	2,1	0,4	-
MT	0,07	-2,7	1,6	0,1	0,7	8,3	-6,6	-1,5	-0,5	7,5	-9,6	12,9	-	-	3,8	-7,1	-13,3	-	-	-	-3,4	-0,4	6,7	-32,4
HuF	0,6	-3,5	7,0	4,0	-3,7	-4,5	6,4	4,6	5,3	15,5	-	-	-33,6	-6,6	0,2	-1,7	-0,3	31,2	-	-	-4,5	2,6	-1,9	-

M2-9. ábra: A különböző tejfehérje genotípusok átlagos standard 305 napos tejfehérje-termelésének (kg) eltérése a populációátlagtól a vizsgált hazai első laktációs szarvasmarha állományokban.



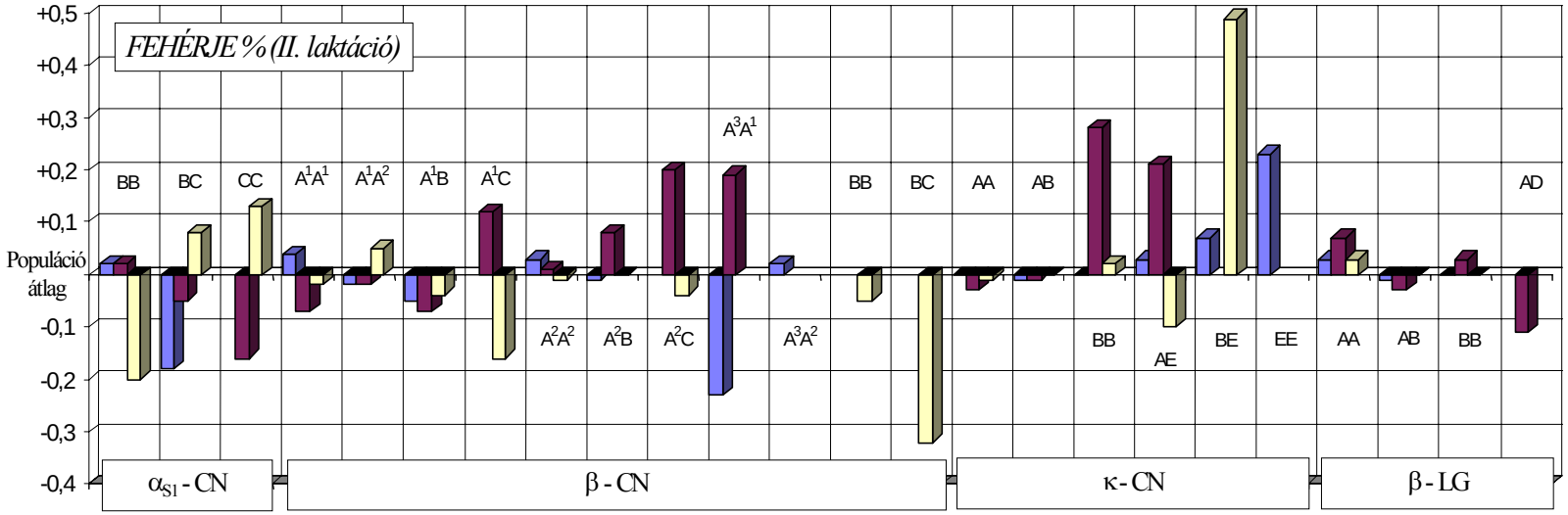
HF	0,9	-10,5	-	9,2	-101,1	8,5	-	-106,9	-11,3	-	-8,6	141,1	-	-	-4,0	-0,8	12,6	2,2	17,8	19,2	0,7	-0,3	0,7	-
MT	1,3	-5,9	5,4	-4,2	3,7	-8,7	12,6	-3,0	2,0	33,1	-12,4	-	-	-	3,6	-3,1	-14,4	-7,1	-	-	-6,3	1,0	3,3	-22,9
HuF	1,5	-5,5	3,3	2,5	-0,7	-7,6	15,2	10,2	-4,9	55,0	-	-	-28,1	-41,9	7,6	-3,7	-0,4	7,4	11,8	-	1,0	1,8	-2,2	-

M2-10. ábra: A különböző tejfehérje genotípusok átlagos standard 305 napos tejfehérje-termelésének (kg) eltérése a populációátlagtól a vizsgált hazai második laktációs szarvasmarha állományokban.



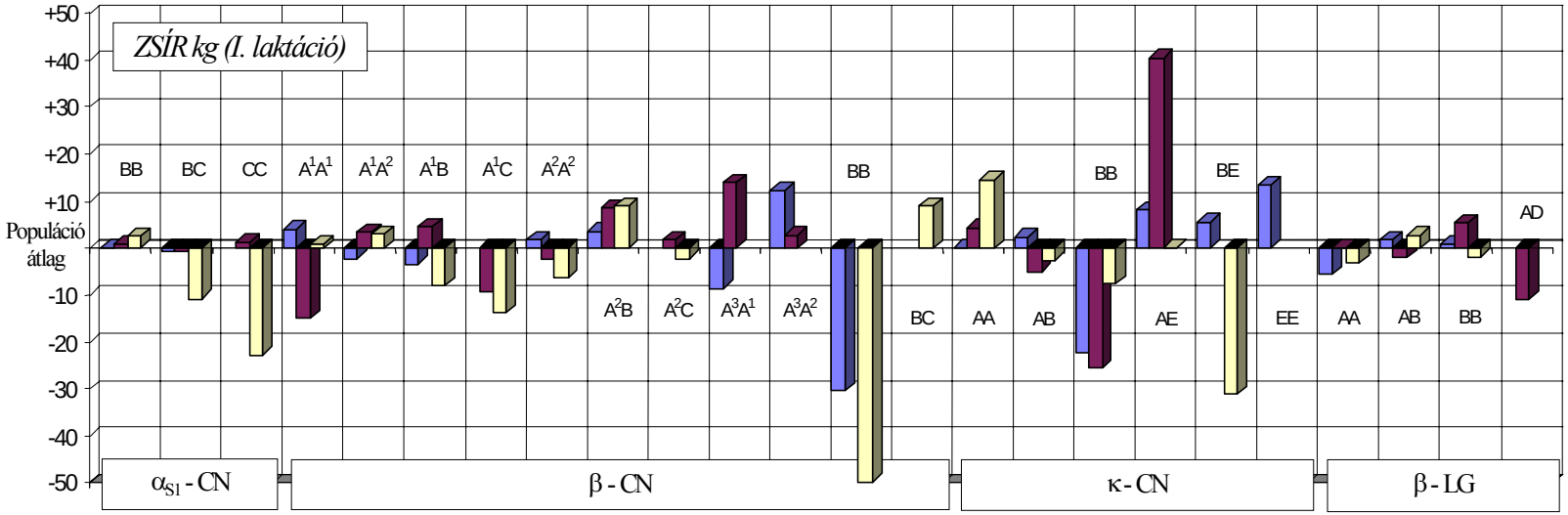
HF	0,01	-0,04	-	0,01	-0,01	-0,03	-	0,02	0,03	-	-0,33	0,15	-0,31	-	0,01	-0,02	0,02	0,01	0,02	-0,07	-0,02	0,01	0,01	-
MT	-0,01	0	0,06	0,04	-0,03	0,01	0,16	0	-0,01	0,27	0,14	0,10	-	-	-0,03	0,03	0,27	-	-	-	0,07	-0,01	-0,05	0,09
HuF	-0,02	0,06	0,33	0,04	0,01	-0,05	-0,35	-0,01	0,01	0,10	-	-	-0,06	-0,21	-0,03	-0,02	0,06	0,11	-	-	-0,04	0,02	-0,01	-

M2-11. ábra: A különböző tejfehérje genotípusú tejek átlagos %-os fehérjetartalmának eltérése a populációátlagoktól a vizsgált hazai első laktációs szarvasmarha állományokban.



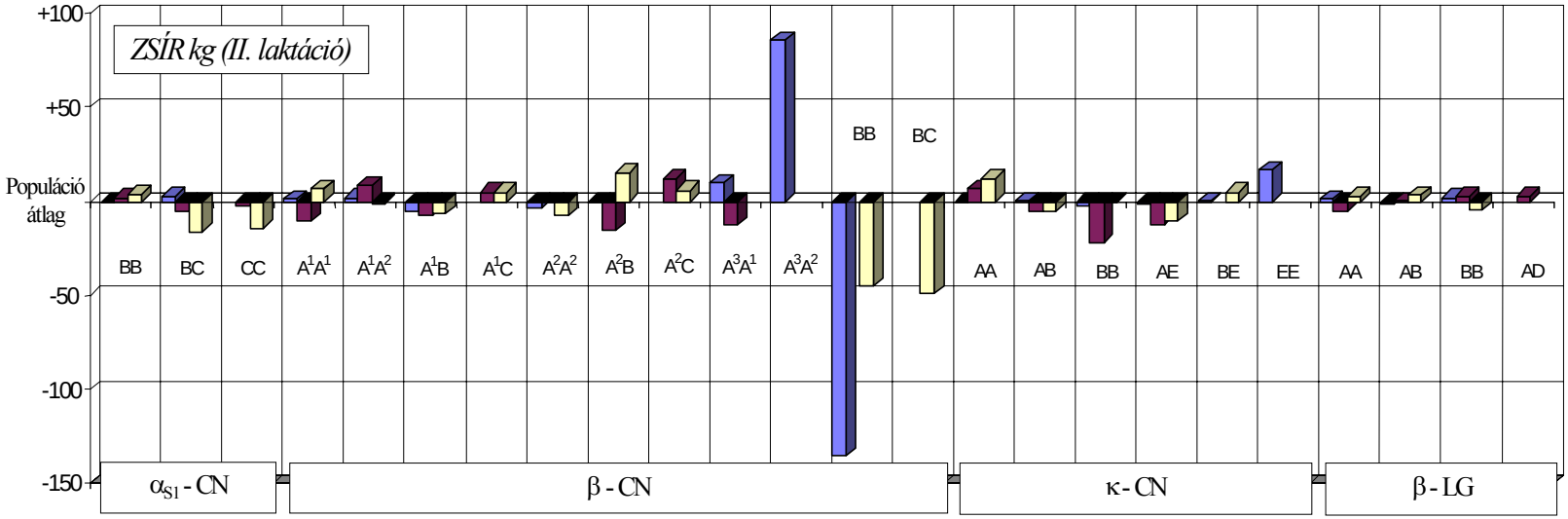
HF	0,02	-0,18	-	0,04	-0,02	-0,05	-	0,03	-0,01	-	-0,23	0,02	-	-	0	-0,01	0	0,03	0,07	0,23	0,03	-0,01	0	-
MT	0,02	-0,05	-0,16	-0,07	-0,02	-0,07	0,12	0,01	0,08	0,20	0,19	-	-	-	-0,03	-0,01	0,23	0,21	-	-	0,07	-0,03	0,03	-0,11
HuF	-0,20	0,08	0,13	-0,02	0,05	-0,04	-0,16	-0,01	0	-0,04	-	-	-0,05	-0,32	-0,01	0	0,02	-0,10	0,49	-	0,03	0	0	-

M2-12. ábra: A különböző tejfehérje genotípusú tejek átlagos %-os fehérjetartalmának eltérése a populációátlagoktól a vizsgált hazai második laktációs szarvasmarha állományokban.



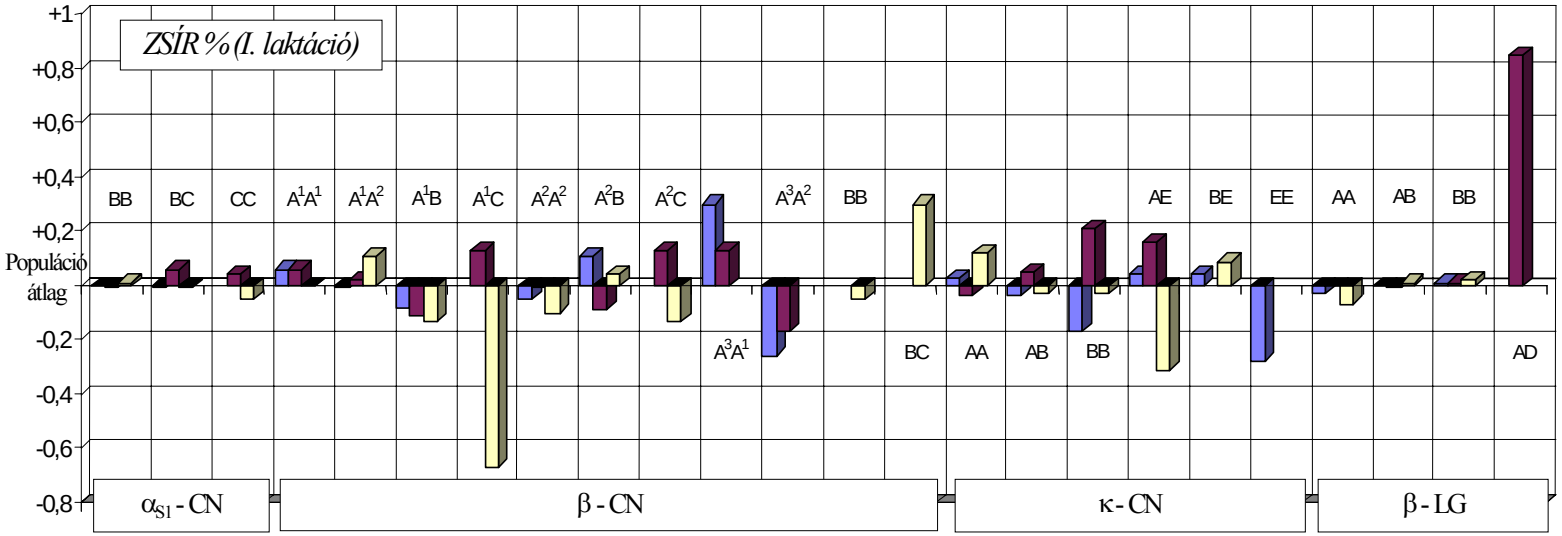
HF	0,0	-0,8	-	3,9	-2,3	-3,4	-	1,5	3,4	-	-8,7	12,1	-30,4	-	0,0	2,3	-22,1	8,2	5,5	13,4	-5,8	1,6	0,8	-
MT	0,7	-0,9	1,3	-14,9	3,2	4,4	-9,1	-2,4	8,6	1,5	13,7	2,6	-	-	4,3	-5,0	-25,5	40,3	-	-	0,0	-2,0	5,2	-10,9
HuF	2,5	-10,7	-22,9	0,8	2,9	-8,1	-13,9	-6,4	9,0	-2,2	-	-	-49,6	9,0	14,4	-2,7	-7,7	0,1	-31,3	-	-3,3	2,7	-1,8	-

M2-13. ábra: A különböző tejfehérje genotípusok átlagos standard 305 napos tejzsír-termelésének (kg) eltérése a populációátlagtól a vizsgált első laktációs hazai szarvasmarha állományokban.



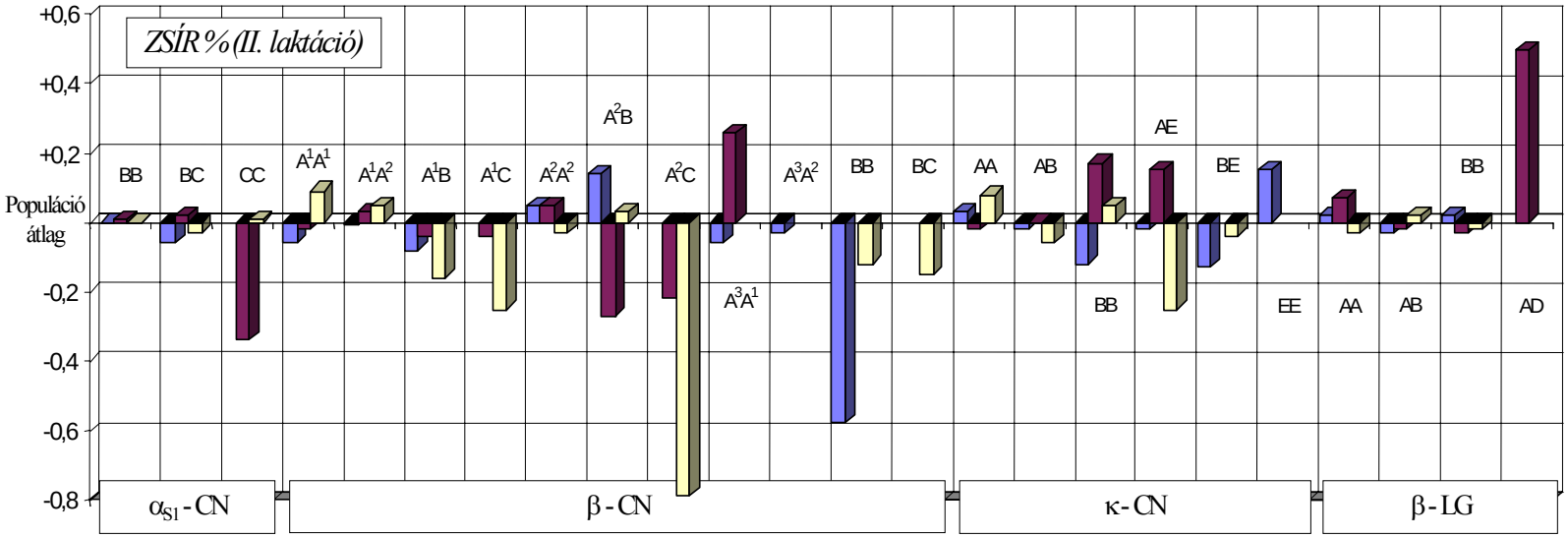
HF	-0,1	3,0	-	1,2	1,7	-5,2	-	-4,0	-0,5	-	9,7	85,4	-135,8	-	-0,2	0,1	-2,1	-1,0	0,6	16,3	1,1	-1,3	1,8	-
MT	1,7	-5,9	-2,2	-10,5	8,7	-7,4	4,8	-0,6	-15,9	11,9	-12,9	-	-	-	6,3	-5,4	-21,7	-12,3	-	-	-5,4	0,4	2,9	2,9
HuF	4,0	-16,4	-14,4	6,3	-1,2	-6,9	4,8	-8,0	15,0	6,1	-	-	-45,3	-49,2	12,0	-5,2	-0,2	-10,8	4,9	-	2,7	3,3	-4,6	-

M2-14. ábra: A különböző tejfehérje genotípusok átlagos standard 305 napos tejzsír-termelésének (kg) eltérése a populációátlagtól a vizsgált második laktációs hazai szarvasmarha állományokban.



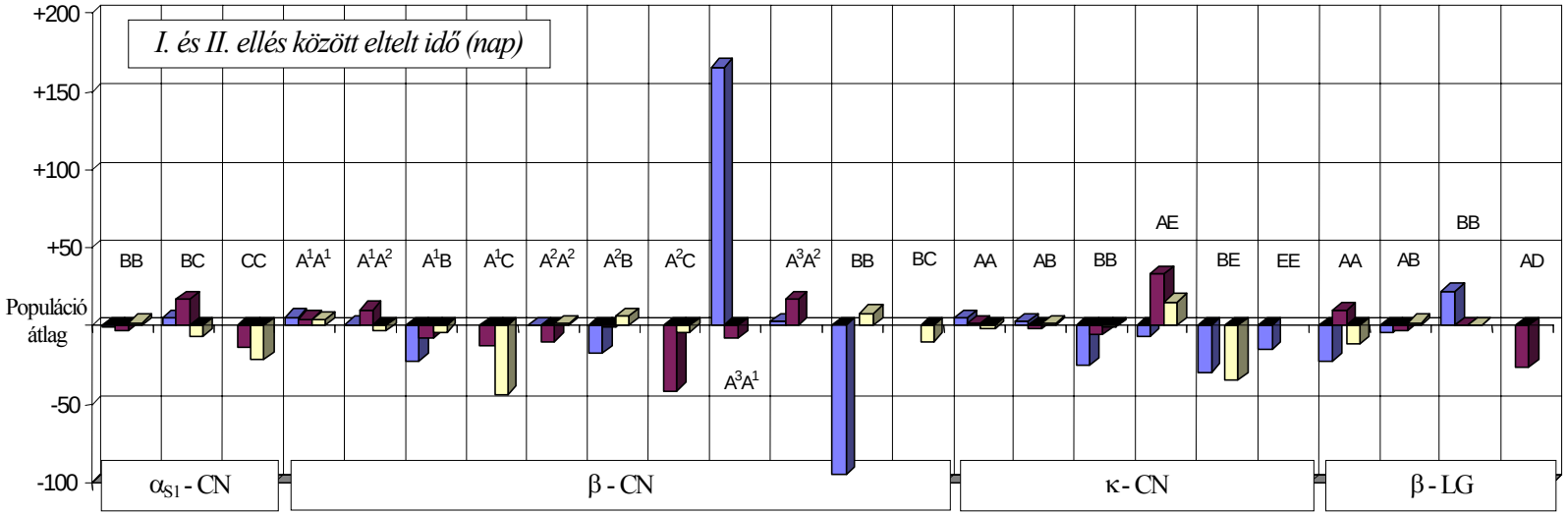
HF	0,0	-0,01	-	0,06	-0,01	-0,08	-	-0,05	0,11	-	0,30	-0,26	-	-	0,03	-0,04	-0,17	0,04	0,04	-0,28	-0,03	0,0	0,01	-
MT	-0,01	0,06	0,04	0,06	0,02	-0,11	0,13	-0,01	-0.09	0,13	0,13	-0,17	-	-	-0,04	0,05	0,21	0,16	-	-	0,0	-0,01	0,01	0,85
HuF	0,01	-0,01	-0,05	0,0	0,11	-0,13	-0,67	-0,10	0,04	-0,13	-	-	-0,05	0,3	0,12	-0,03	-0,03	-0,31	0,09	-	-0,07	0,01	0,02	-

M2-15. ábra: A különböző tejfehérje genotípusú tejek átlagos %-os zsírtartalmának eltérése a populációátlagtól az első laktációs hazai szarvasmarha állományokban.



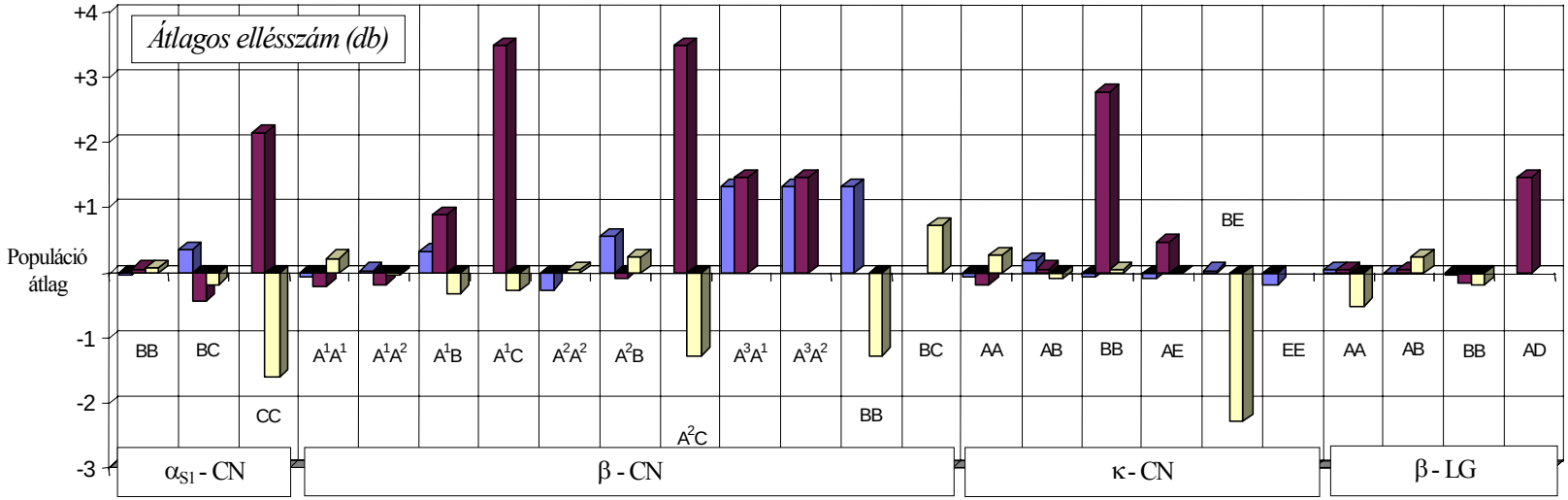
HF	0,0	-0,06	-	-0,06	-0,01	-0,08	-	0,05	0,14	-	-0,06	-0,03	-0,58	-	0,03	-0,02	-0,12	-0,02	-0,13	0,15	0,02	-0,03	0,02	-
MT	0,01	0,02	-0,34	-0,02	0,03	-0,04	-0,04	0,05	-0,27	-0,22	0,26	-	-	-	-0,02	0,0	0,17	0.15	-	-	0,07	-0,02	-0,03	0,50
HuF	0,0	-0,03	0,01	0,09	0,05	-0,16	-0,25	-0,03	0,03	-0,79	-	-	-0,12	-0,15	0,08	-0,06	0,05	-0,25	-0,04	-	-0,03	0,02	-0,02	-

M2-16. ábra: A különböző tejfehérje genotípusú tejek átlagos %-os zsírtartalmának eltérése a populációátlagtól a második laktációs hazai szarvasmarha állományokban.



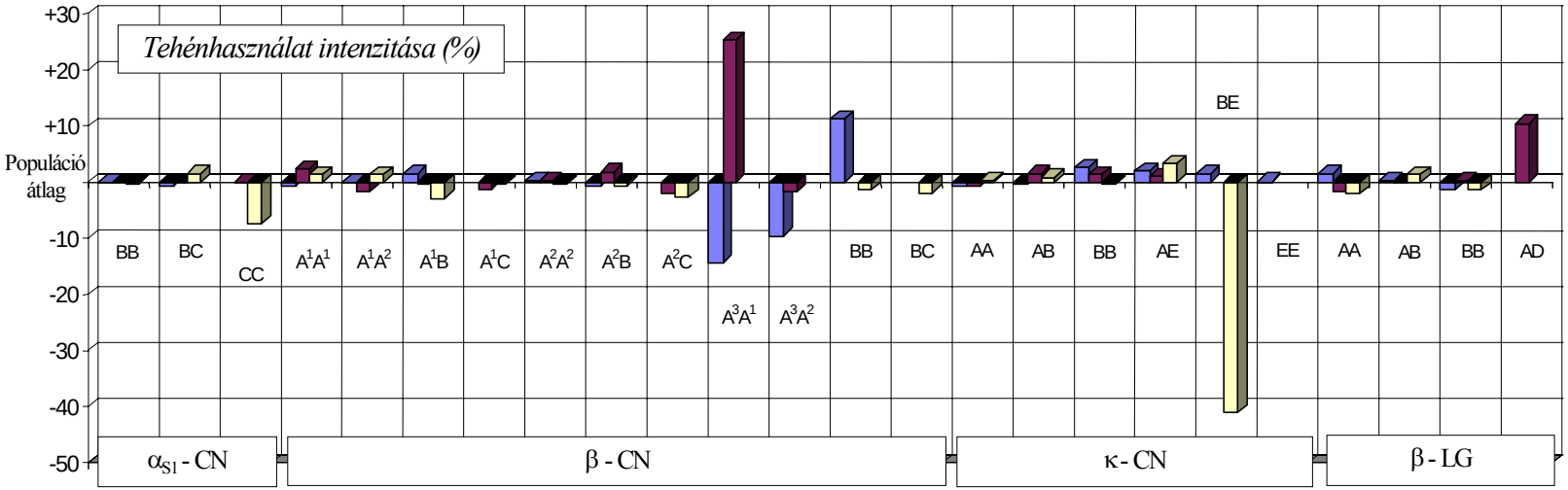
HF	-0,2	5,0	-	5,9	0,9	-22,7	-	0,8	-18	-	165,5	3,0	-95,5	-	5,3	2,8	-25,3	-6,6	-29,4	-15,8	-22,9	-3,8	22,1	-
MT	-3,7	17,4	-13,7	4,7	10,6	-8,1	-12,4	-10,0	-1,2	-41,4	-8,4	17,6	-	-	1,4	-2,5	-5,7	32,6	-	-	9,6	-2,9	0,7	-26,4
HuF	2,1	-6,6	-21,8	4,0	-3,7	-3,9	-43,8	1,4	6,2	-3,8	-	-	8,2	-9,8	-2,3	1,8	-0,7	15,4	-34,3	-	-11,3	2,3	0,2	-

M2-17. ábra: Az első és második ellés között eltelt idő (nap) eltérése a populációátlagtól *HF*, *MT* és *HuF* teheneknél a különböző tejfehérje genotípusok függvényében.



HF	-0,03	0,36	-	-0,05	0,03	0,33	-	-0,25	0,56	-	1,33	1,33	1,33	-	-0,07	0,18	-0,06	-0,10	0,03	-0,17	0,04	0,00	-0,03	-
MT	0,06	-0,44	2,14	-0,22	-0,17	0,9	3,47	-0,01	-0,09	3,47	1,47	1,47	-	-	-0,19	0,06	2,76	0,47	-	-	0,04	0,05	-0,14	1,47
HuF	0,07	-0,17	-1,60	0,23	-0,04	-0,31	-0,27	0,04	0,25	-1,27	-	-	-1,27	0,73	0,27	-0,09	0,05	-0,02	-2,27	-	-0,51	0,25	-0,17	-

M2-18. ábra: Az átlagos ellésszám (db) eltérése a populációátlagtól *HF*, *MT* és *HuF* teheneknél a különböző tejfehérje genotípusok függvényében.



HF	0,04	-0,76	-	-0,49	0,05	1,49	-	0,27	-0,46	-	-14,44	-9,5	11,24	-	-0,67	-0,24	2,79	1,96	1,51	0,21	1,52	0,23	-1,38	-
MT	-0,01	-0,08	0,11	2,27	-1,75	-0,34	-1,19	0,22	1,82	-1,91	25,31	-1,69	-	-	-0,76	1,54	1,33	0,89	-	-	-1,74	-0,02	0,40	10,48
HuF	-0,17	1,49	-7,34	1,30	1,30	-2,85	-0,43	-0,27	-0,46	-2,78	-	-	-1,24	-1,81	0,26	0,88	-0,25	3,47	-41,14	-	-2,06	1,43	-1,22	-

M2-19. ábra: A tehénhasználat intenzitásának (%) eltérése a populációátlagtól a vizsgált *HF*, *MT* és *HuF* állományokban a különböző tejfehérje genotípusok függvényében.

M2-1. táblázat: Szignifikáns különbségek a három vizsgált *MSZ* tehénpopulációra jellemző genotípus-gyakoriságokban

		***P*-érték**		
Lokusz	***Genotípus***	***Hortob. - Városf.***	***Hortob. - Orosh.***	***Városf. - Orosh.***
α_{S1}***-CN***	***BB***	< 0,0001	< 0,0001	ns
	CC	ns	0,0001	0,0179
	BC	< 0,0001	0,0132	ns
β-CN	A^2A^2	< 0,0001	ns	0,0338
	A^1A^1	ns	ns	ns
	A^2A^1	0,0004	ns	0,0156
	A^2B	ns	ns	ns
	A^1B	ns	ns	-
κ-CN	***AA***	< 0,0001	ns	0,0060
	BB	ns	ns	ns
	AB	< 0,0001	ns	0,0460
β-LG	***AA***	ns	ns	-
	BB	(0,0719)	ns	0,0253
	AB	ns	ns	ns
	AJ	ns	ns	ns
	BJ	ns	0,0270	0,0260

A zárójelben szereplő értékek közel szignifikánsak, ns = nem szignifikáns

M2-2. táblázat: Szignifikáns különbségek a három vizsgált *MSZ* tehénpopulációra jellemző allélgyakoriságokban

		***P*-érték**		
Lokusz	***Allél***	***Hortob. - Városf.***	***Hortob. - Orosh.***	***Városf. - Orosh.***
α_{S1}***-CN***	***B***	0,0001	< 0,0001	(0,0887)
	C	0,0001	< 0,0001	(0,0887)
β-CN	A^2	< 0,0001	ns	0,0309
	A^1	< 0,0001	ns	0,0075
	B	ns	ns	ns
κ-CN	***A***	< 0,0001	ns	0,0035
	B	< 0,0001	ns	0,0035
β-LG	***A***	(0,0691)	ns	ns
	B	0,0292	ns	0,0301
	J	ns	0,0184	0,0168

A zárójelben szereplő értékek közel szignifikánsak, ns = nem szignifikáns

M2-3. táblázat: A Hardy-Weinberg törvény alapján számolt várt genotípus-gyakoriságok a vizsgált *MSZ* állományokban

Fehérje	Geno-típus	Városföld N		Orosháza N		Hortobágy N	
n		63		43		212	
α_{S1}-CN	***BB***	25,40	0,4031	11,26	0,2618	138,74	0,6544
	CC	8,40	0,1333	10,26	0,2385	7,74	0,0365
	BC	29,21	0,4636	21,49	0,4997	65,53	0,3091
n		60		41		206	
β-CN	***A^2A^2***	50,42	0,8403	26,56	0,6478	112,16	0,5444
	A^1A^1	0,27	0,0044	1,56	0,0381	10,95	0,0532
	BB	0,02	0,0003	-	-	0,21	0,0010
	A^2A^1	7,33	0,1222	12,88	0,3141	70,10	0,3403
	A^2B	1,83	0,0306	-	-	9,59	0,0466
	A^1B	0,13	0,0022	-	-	3,00	0,0146
n		63		38		208	
κ-CN	***AA***	43,75	0,6944	15,80	0,4157	84,41	0,4058
	BB	1,74	0,0278	4,80	0,1262	27,41	0,1316
	EE	-	-	-	-	-	-
	AB	17,50	0,2778	17,41	0,4581	96,19	0,4625
n		63		45		210	
β-LG	***AA***	0,67	0,0106	0,80	0,0178	6,34	0,0302
	BB	48,02	0,7622	25,69	0,5709	128,86	0,6136
	AB	11,35	0,1801	9,07	0,2015	57,18	0,2723
	JJ	0.04	0,0006	0,56	0,0123	0,39	0,0018
	AJ	0,31	0,0049	1,33	0,0296	3,13	0,0149
	BJ	2,62	0,0416	7,56	0,1679	14,10	0,0671

n = a lokuszonként kiértékelhető minták száma, N = állatok száma (várt)

M2-4. táblázat: A Hardy-Weinberg törvény alapján számolt várt genotípus-gyakoriságok a vizsgált *MT* és *HF* állományokban

Fehérje	Genotípus	Kocsér *(MT)* N		Mezőhegyes *(MT)* N		Kiscséripuszta *(HF)* N	
n		101		193		576	
α_{S1}-CN	***BB***	79,31	0,7852	147,98	0,7668	534,77	0,9284
	CC	1,31	0,0130	2,98	0,0155	0,77	0,0013
	BC	20,38	0,2018	42,03	0,2178	40,47	0,0703
n		101		193		575	
β-CN	***A^3A^3***	-	-	0,01	0,00006	-	-
	A^2A^2	52,04	0,5153	72,15	0,3738	138,30	0,2405
	A^1A^1	4,37	0,0432	18,34	0,0950	119,36	02076
	BB	0,36	0,0035	0,88	0,0045	1,51	0,0026
	CC	0,02	0,0002	0,01	0,00003	-	-
	A^3A^2	-	-	1,83	0,0095	1,47	0,0026
	A^3A^1	-	-	0,92	0,0048	1,37	0,0024
	A^3B	-	-	0,20	0,0010	0,15	0,0003
	A^3C	-	-	0,02	0,00008	-	-
	A^2A^1	30,15	0,2985	72,76	0,3770	256,99	0,4469
	A^2B	8,61	0,0863	15,90	0,0824	28,94	0,0503
	A^2C	2,15	0,0213	1,22	0,0063	-	-
	A^1B	2,50	0,0247	8,02	0,0415	26,88	0,0468
	A^1C	0,62	0,0062	0,62	0,0032	-	-
	BC	0,18	0,0018	0,13	0,0007	-	-
n		101		195		575	
κ-CN	***AA***	56,44	0,5588	122,41	0,6277	285,26	0,4961
	BB	4,79	0,0474	8,00	0,0410	30,30	0,0527
	CC	0,12	0,0012	-	-	-	-
	EE	-	-	0,01	0,00003	2,51	0,0044
	AB	32,89	0,3257	62,59	0,3210	185,95	0,3234
	AC	5,23	0,0518	-	-	-	-
	AE	-	-	1,58	0,0081	53,63	0,0931
	BC	1,52	0,0151	-	-	-	-
	BE	-	-	0,41	0,0021	17,45	0,0303
n		101		195		578	
β-LG	***AA***	22,34	0,2212	39,26	0,2013	118,76	0,2055
	BB	25,75	0,2550	58,71	0,3011	172,76	0,2989
	DD	0,06	0,0006	-	-	-	-
	AB	47,97	0,4750	96,03	0,4924	286,48	0,4956
	AD	2,35	0,0233	0,45	0,0023	-	-
	BD	2,52	0,0250	0,55	0,0028	-	-

n = a lokuszonként kiértékelhető minták száma, N = állatok száma (várt)

M2-5. táblázat: A Hardy-Weinberg törvény alapján számolt várt genotípus-gyakoriságok a vizsgált *HuF* állományokban

Fehérje	Genotípus	Szentes		Szegvár	
		N		N	
n		159		29	
α_{S1}-CN	***BB***	125,93	0,7920	23,31	0,8038
	CC	1,93	0,0121	0,31	0,0107
	BC	31,15	0,1959	5,38	0,1855
n		160		28	
β-CN	***A^2A^2***	30,63	0,1914	7,51	0,2682
	A^1A^1	24,81	0,1550	2,58	0,0922
	BB	4,06	0,0254	0,89	0,0319
	CC	0,01	0,0001	-	-
	A^2A^1	55,13	0,3445	8,80	0,3144
	A^2B	22,31	0,1394	5,18	0,1849
	A^2C	1,31	0,0082	-	-
	A^1B	20,08	0,1255	3,04	0,1084
	A^1C	1,18	0,0074	-	-
	BC	0,48	0,0030	-	-
n		159		29	
κ-CN	***AA***	34,91	0,2195	7,76	0,2675
	BB	41,26	0,2595	6,28	0,2167
	EE	0,06	0,0004	0,01	0,0003
	AB	75,91	0,4774	13,97	0,4816
	AC	0,47	0,0029	-	-
	AE	2,81	0,0177	0,52	0,0178
	BC	0,51	0,0032	-	-
	BE	3,06	0,0192	0,47	0,0160
	CE	0,02	0,0001	-	-
n		161		29	
β-LG	***AA***	20,18	0,1253	7,25	0,2500
	BB	67,18	0,4173	7,25	0,2500
	AB	73,64	0,4574	14,50	0,5000
	JJ	-	-	-	
	AJ	-	-	-	
	BJ	-	-	-	

n = a lokuszonként kiértékelhető minták száma, N = állatok száma (várt)

M2-6. táblázat: A hazai szarvasmarha populációk közötti allélgyakoriságbeli eltérések szignifikancia vizsgálata

Lokusz	*Allél*	MSZ-MT	MSZ-HF	MSZ-HuF	MT-HF	MT-HuF	HF-HuF
αS1-CN	***B***	****	****	****	****	ns	****
	C	****	****	****	****	ns	****
β-CN	***A3***	ns	ns	-	ns	ns	ns
	A2	****	****	****	****	****	ns
	A1	**	****	****	****	***	*
	B	***	**	****	ns	****	****
	C	*	-	(*)	**	ns	*
κ-CN	***A***	***	ns	****	***	****	****
	B	****	****	****	ns	****	****
	C	**	-	ns	***	ns	ns
	E	ns	****	**	****	*	****
β-LG	***A***	****	****	****	ns	*	**
	B	****	****	****	ns	**	**
	D	*	-	-	**	(*)	-
	J	****	****	****	-	-	-

ns = nem szignifikáns (*) $P<0,1$ * $P<0,05$ ** $P<0,01$ *** $P<0,001$ **** $P\leq0,0001$

M2-7. táblázat: A hazai szarvasmarha populációk közötti genotípus-gyakoriságbeli eltérések vizsgálata

Lokusz	*Allél*	MSZ-MT	MSZ-HF	MSZ-HuF	MT-HF	MT-HuF	HF-HuF
αS1-CN	***BB***	****	****	****	****	ns	****
	CC	***	****	**	*	ns	*
	BC	****	****	****	****	ns	****
β-CN	A^2A^2	****	****	****	****	****	ns
	A^1A^1	**	****	****	****	ns	*
	BB	-	ns	ns	ns	ns	ns
	A^3A^2	ns	ns	-	ns	ns	ns
	A^3A^1	ns	-	-	ns	ns	-
	A^2A^1	ns	****	ns	****	ns	**
	A^2B	*	ns	****	*	(*)	****
	A^2C	ns	-	ns	ns	ns	ns
	A^1B	*	*	****	ns	****	****
	A^1C	ns	-	ns	*	ns	ns
	BC	-	-	ns	-	ns	ns
κ-CN	***AA***	****	**	****	*	****	****
	BB	ns	ns	****	ns	****	****
	EE	-	ns	-	ns	-	ns
	AB	****	****	ns	ns	***	****
	AC	*	-	-	**	(*)	-
	AE	ns	****	*	****	ns	**
	BC	ns	-	ns	ns	ns	na
	BE	-	***	(*)	***	(*)	ns
β-LG	***AA***	****	****	****	ns	ns	*
	BB	****	****	****	ns	*	*
	AB	****	****	****	ns	ns	ns
	AD	*	-	-	**	ns	-
	BD	ns	-	-	ns	ns	-
	AJ	ns	-	ns	-	-	-
	BJ	****	****	****	-	-	-

ns = nem szignifikáns (*) $P<0,1$ * $P<0,05$ ** $P<0,01$ *** $P<0,001$ **** $P\leq0,0001$

M2-8. táblázat: Tejfehérje allélgyakoriságok különböző *HF* szarvasmarha állományokban (irodalmi áttekintés).

Fehérje	Allél	Kanada (1)	Kanada (2)	USA (3)	USA (4)	Ausztrália (5)	Új-Zéland (6)
α_{S1}-CN	***A***	-	-	-	0,003	-	-
	B	0,930	0,9855	0,972	0,990	0,963	0,972
	C	0,070	0,0133	0,028	0,007	0,037	0,026
β-CN	A^1	0,363	0,5364	0,426	0,427	0,625	0,465
	A^2	0,631	0,4433	0,533	0,548	0,348	0,510
	A^3	0,004	0,0058	0,016	0,003	0,004	
	B	0,001	0,0143	0,024	0,022	0,025	
κ-CN	***A***	0,688	0,7531	0,798	0,822	0,678	0,826
	B	0,312	0,2469	0,202	0,178	0,322	0,174
β-LG	***A***	0,231	0,3538	0,533	0,432	0,386	0,487
	B	0,769	0,6461	0,467	0,568	0,614	0,513
n		*377*	*6460*	*3571*	*1152*	*260*	*3761*

(1) *Lin és mtsai* (1986)
(2) *Ng-Kwai-Hang és mtsai* (1990*a*)
(3) *Gonyon és mtasi* (1987)
(4) *Eenennaam és Medrano* (1991*b*)
(5) *McLean és mtsai* (1984)
(6) *Winkelman és Wickham*, (1997)

n = vizsgált egyedek száma
üresen hagyott terület = nem vizsgált vagy nincs adat

M2-9. táblázat: Tejfehérje allélgyakoriságok különböző *HF* ill. fekete-tarka szarvasmarha állományokban (irodalmi áttekintés).

Fehérje	Allél	Argentína (1)	Olaszország (2)	Olaszország (3)	Németország (4)	Hollandia (5)	Dánia (6)
α_{S1}-CN	*A*	-	-	-	0,001	-	-
	B	0,965	0,980	0,9875	0,985	0,982	0,966
	C	0,034	0,021	0,0125	0,013	0,018	0,034
β-CN	A^1		0,575		0,483	0,560	0,547
	A^2	0,994**	0,401	0,9497**	0,491	0,353	0,392
	A^3		0,002		0,002	0,008	0,031
	B	0,005	0,023	0,0503	0,024	0,079	0,029
κ-CN	*A*	0,718	0,732	0,7728	0,811	0,805	0,850
	B	0,221	0,269	0,2272	0,129	0,195	0,150
	E				0,060		
β-LG	*A*	0,460	0,405	0,4123	0,405	0,444	0,543
	B	0,539	0,595	0,5877	0,595	0,556	0,457
n		*377*	*1383*	*~ 10000*	*1512*	*580*	*223*

(1) *Poli és Antonini* (1991)
(2) *Aleandri és mtsai* (1990)
(3) *Mao és mtsai* (1992)
(4) *Erhardt* (1993*b*)
(5) *Bovenhuis és Arendonk* (1991)
(6) *Bech és Kristiansen* (1990)

üresen hagyott terület = nem vizsgált vagy nincs adat
** *A* allél gyakorisága (A^1+A^2+A^3)
n = vizsgált egyedek száma

M2-10. táblázat: Tejfehérje allélgyakoriságok néhány szimentáli jellegű szarvasmarha állományban (irodalmi áttekintés).

Fehérje	Allél	Osztrák tarka (1)	Osztrák tarka (2)	Bajor tarka (3)	Bajor tarka (4)	Német tarka (5)	Észt tarka (6)
α_{S1}-CN	*A*					-	-
	B	0,921		0,900	0,918	0,887	1,000
	C	0,079		0,100	0,082	0,112	-
β-CN	A^1	0,225			0,231	0,246	
	A^2	0,655	0,893**	0,876**	0,673	0,658	0,968**
	A^3	-			< 0,001	-	
	B	0,105	0,088	0,081	0,082	0,087	0,032
	C	0,015	0,021	0,043	0,013	0,009	
κ-CN	*A*	0,588	0,695	0,687	0,755	0,759	0,700
	B	0,412	0,305	0,313	0,225	0,224	0,300
	C				0,020	0,017	
	E				< 0,001	-	
β-LG	*A*	0,450		0,478	0,499	0,553	0,479
	B	0,550		0,514	0,484	0,443	0,521
	D			0,008	0,017	0,004	
n		*420 / 210 **	*1557*	*2262*	*2626*	*378*	*140*

(1) *Foissy és Winterer* (1975)
(2) *Mayer és mtsai* (1991)
(3) *Graml és mtsai* (1984*b*)
(4) *Putz és mtsai* (1991)
(5) *Erhardt* (1993*b*)
(6) *Pupkova* (1983)

üresen hagyott terület = nem vizsgált vagy nincs adat
* CN allélokra / β-LG allélokra
** *A* allél gyakorisága (A^1+A^2+A^3)
n = vizsgált egyedek száma

M2-11. táblázat: Tejfehérje allélgyakoriságok néhány szimentáli jellegű szarvasmarha állományban (irodalmi áttekintés).

Fehérje	Allél	Svájci Szimentáli (1)	Lengyel szimentáli (2)	Kroát szimentáli (3)	Magyar szimentáli (4)	Magyar tarka (5)	Magyar szürke (6)
α_{S1}-CN	*A*	-	-	-			
	B	0,931	0,90	0,94	0,940	0,907	0,761
	C	0,069	0,10	0,06	0,060	0,093	0,239
β-CN	A^1	0,219		0,19			
	A^2	0,628	0,80**	0,63	0,705**	0,819**	0,969**
	A^3	-		-			
	B	0,061	0,10	0,15	0,060	0,067	0,031
	C	0,092	0,10	0,03	0,235	0,114	-
κ-CN	*A*	0,520	0,57	0,64			
	B	0,480	0,43	0,30			
	C	-		0,06			
	E	-		-			
β-LG	*A*	0,419	0,40	0,52		0,447	
	B	0,576	0,59	0,48		0,553	
	D	0,005	0,01	-			
n		*199*	*208*	*251*	*242*	*474 / 598 **	*96*

(1) *Jakob és mtsai* (1994)
(2) *Michalak* (1969)
(3) *Curik és mtsai* (1997)
(4) *Horváth* (1970)
(5) *Horváth és Mészáros* (1971), *Horváth* (1972)
(6) *Horváth és Mészáros* (1971)

üresen hagyott terület = nem vizsgált vagy nincs adat
* CN variánsokra / β-LG variánsokra
** *A* allél gyakorisága ($A^1+A^2+A^3$)
n = vizsgált egyedek száma

M2-12. táblázat: Tejfehérje allélgyakoriságok különböző jersey szarvasmarha állományokban (irodalmi áttekintés).

Fehérje	Allél	USA (1)	Kanada (2)	Ausztrália (3)	Új-Zéland (4)	Németország (5)	Dánia (6)
α_{S1}-CN	*A*	0,003	-	-	-	-	-
	B	0,677	0,654	0,628	0,703	0,776	0,697
	C	0,320	0,346	0,372	0,297	0,224	0,303
β-CN	A^1	0,169	0,114	0,074	0,123	0,041	0,070
	A^2	0,500	0,510	0,564	0,591	0,669	0,583
	A^3	-	-	-		0,009	-
	B	0,331	0,376	0,362		0,281	0,347
	C	-	-	-	-	-	-
κ-CN	*A*	0,142	0,101	0,227	0,519	0,436	0,306
	B	0,868	0,879	0,773	0,481	0,564	0,694
β-LG	*A*	0,375	0,301	0,329	0,316	0,342	0,312
	B	0,625	0,699	0,565	0,684	0,645	0,682
	C	-		0,106	-	0,013	0,006
n		*172*	*241*	*308*	*1328*	*437*	*157*

(1) *Eenennaam és Medrano* (1991*b*)
(2) *Hoogendoorn és mtsai* (1969)
(3) *McLean és mtsai* (1984)
(4) *Winkelman és Wickham*, (1997)
(5) *Erhardt* (1993*b*)
(6) *Bech és Kristiansen* (1990)

üresen hagyott terület = nem vizsgált vagy nincs adat
n = vizsgált egyedek száma

M2-13. táblázat: Tejfehérje allélgyakoriságok különböző szarvasmarha fajtákban (irodalmi áttekintés).

Fehérje	Allél	Német és osztrák Pinzgaui (1)	Német Pinzgaui (2)	Német Murnau-Werdenfelsi (2)	Német borzderes (3)	Német borzderes (4)	Német vörös-tarka (4)
α_{S1}-CN	*A*	-	-	-		-	-
	B	0,721	0,853	0,820	0,940	0,944	0,893
	C	0,279	0,147	0,180	0,060	0,056	0,107
β-CN	A^1	0,357				0,135	0,628
	A^2	0,571	0,847**	0,916**	0,754**	0,647	0,257
	A^3	-				-	0,046
	B	0,028	0,100	0,084	0,213	0,193	0,069
	C	0,044	0,052	-	0,033	0,025	-
κ-CN	*A*	0,783	0,580	0,509	0,423	0,505	0,693
	B	0,211	0,420	0,491	0,577	0,479	0,292
	C	-				0,016	-
	E	0,003				-	0,016
	G	0,003					
β-LG	*A*	0,167	0,208	0,484	0,441	0,503	0,364
	B	0,833	0,792	0,472	0,556	0,497	0,636
	C	-					-
	D	-	-	0,041	0,003	-	-
	W		-	0,003			
n		*353*	*249*	*160*	*2139*	*290*	*674*

(1) *Erhardt* (1996)
(2) *Buchberger* (1986*a*)
(3) *Graml és mtsi.* (1984*a*)
(4) *Erhardt* (1993*b*)

üresen hagyott terület = nem vizsgált vagy nincs adat
** *A* allél gyakorisága (A^1+A^2+A^3)
n = vizsgált egyedek száma

M2-14. táblázat: Tejfehérje allélgyakoriságok különböző szarvasmarha fajtákban (irodalmi áttekintés).

Fehérje	Allél	Német Vörös (1)	Svájci borzderes (2)	Svájci fekete-tarka (2)	Dán vörös (3)	Svájci Montbéliard (2)	Olasz Mareman (4)
α_{S1}-CN	*A*	0,001	0,003	-	0,003	-	
	B	0,990	0,844	0,993	0,994	0,906	0,654
	C	0,009	0,152	0,007	0,003	0,094	0,346
β-CN	A^1	0,667	0,161	0,461	0,713	0,098	0,441
	A^2	0,204	0,560	0,516	0,225	0,639	0,545
	A^3	-	-	-	-	-	-
	B	0,129	0,277	0,023	0,0,62	0,243	0,014
	C	-	0,003	-		0,020	-
κ-CN	*A*	0,639	0,535	0,716	0,811	0,671	0,262
	B	0,332	0,431	0,229	0,189	0,329	0,738
	C	-	0,035	0,003		-	
	E	0,029	-	0,052		-	
β-LG	*A*	0,059	0,569	0,381	0,109	0,550	0,381
	B	0,863	0,426	0,619	0,891	0,450	0,619
	C	0,078	-				
	D	-	0,005	-		-	-
n		*273*	*306*	*311*	*169*	*249*	*143*

(1) *Erhardt* (1993*b*)
(2) *Jakob és mtsai* (1994)
(3) *Bech és Kristiansen* (1990)
(4) *Bettini és Masina* (1972)

üresen hagyott terület = nem vizsgált vagy nincs adat
n = vizsgált egyedek száma

M2-15. táblázat: Tejfehérje allélgyakoriságok különböző szarvasmarha fajtákban (irodalmi áttekintés).

Fehérje	Allél	Guernsey (1)	Tejelő shorthorn (1)	Brown swiss (1)	Ayrshire (2)	Finn ayrshire (3)	Zebu (4)
α_{S1}-CN	*A*	-	-	-	-	-	-
	B	0,875	1,000	0,860	1,000	1,000	0,17
	C	0,125	-	0,140	-	< 0,001	0,83
β-CN	A^1	-	0,487	0,180	0,648	0,509	0,10
	A^2	0,962	0,487	0,660	0,337	0,490	0,90
	A^3	-	-	-	-	-	-
	B	-	0,025	0,160	0,015	0,001	-
	C	0,038	-	-	-	-	-
κ-CN	*A*	0,725	0,887	0,330	0,824	0,612	0,75
	B	0,275	0,113	0,670	0,176	0,081	0,25
	C			-			
	E			-		0,307	-
	F					< 0,001	-
β-LG	*A*	0,212	0,312	0,390	0,145	0,284	0,27
	B	0,788	0,688	0,610	0,855	0,716	0,73
n		*40*	*40*	*50*	*100*	*20990*	*586 / 778**

(1) *Eenennaam és Medrano* (1991b), USA
(2) *Hoogendoorn és mtsi.* (1969), Kanada
(3) *Ikonen és mtsi.* (1996), Finnország
(4) *Grosclaude és mtsi.* (1974*a*), Madagaszkár

üresen hagyott terület = nem vizsgált vagy nincs adat
* CN variánsokra / β-LG variánsokra
n = vizsgált egyedek száma

M2-16. táblázat: A termelési paraméterek és reproduktív tulajdonságok statisztikai kiértékelésébe bevont állatok száma.

Fehérje	*Geno-típus*	*HF*		*MT*		*HuF*	
		I. lakt.	*II. lakt.*	*I. lakt.*	*II. lakt.*	*I. lakt.*	*II. lakt.*
α_{S1}*-CN*	***BB***	527	435	104	91	155	153
	BC	39	34	26	22	32	36
	CC	-	-	3	3	3	3
β-CN	A^1A^1	115	95	14	12	23	24
	A^1A^2	263	219	57	44	63	65
	A^1B	27	22	4	5	28	30
	A^1C	-	-	1	1	1	1
	A^2A^2	129	103	45	40	40	37
	A^2B	27	25	9	11	31	31
	A^2C	-	-	1	1	1	1
	A^3A^1	1	1	2	2	-	-
	A^3A^2	2	2	1	1	-	-
	BB	1	1	-	-	1	1
	BC	-	-	-	-	1	1
κ-CN	***AA***	299	246	81	67	46	45
	AB	153	129	45	41	87	90
	BB	41	33	7	9	50	51
	AE	49	40	1	1	5	3
	BE	20	18	-	-	1	2
	EE	4	3	-	-	-	-
β-LG	***AA***	110	91	24	20	21	24
	AB	293	241	79	70	101	99
	BB	165	138	30	27	70	71
	AD	-	-	1	1	-	-

M2-17. táblázat: A vizsgált hazai szarvasmarhafajták standard 305 napos tejhozamának és tejösszetételének populációátlagai (± SE).

	HF	*MT*	*HuF*
Első laktáció			
Tejhozam (kg)	7611 ± 58	4561 ± 71	4817 ± 73
Fehérjetermelés (kg)	238,0 ± 1,9	151,0 ± 2,2	165,3 ± 2,9
Fehérjetartalom (%)	3,12 ± 0,01	3,30 ± 0,02	3,61 ± 0,02
Zsírtermelés (kg)	259,4 ± 1,9	175,2 ± 2,6	213,3 ± 3,2
Zsírtartalom (%)	3,44 ± 0,02	3,85 ± 0,02	4,46 ± 0,04
Második laktáció			
Tejhozam (kg)	8425 ± 81	5208 ± 81	5461 ± 73
Fehérjetermelés (kg)	268,7 ± 2,9	174,4 ± 2,6	191,2 ± 2,6
Fehérjetartalom (%)	3,18 ± 0,01	3,36 ± 0,02	3,67 ± 0,02
Zsírtermelés (kg)	276,4 ± 2,8	199,4 ± 3,5	236,7 ± 3,4
Zsírtartalom (%)	3,31 ± 0,02	3,84 ± 0,04	4,36 ± 0,03

M2-18. táblázat: A különböző tejfehérje lokuszok genetikai hatásának vizsgálat egy-tényezős varianciaanalízissel (összesítés).

	Tej (kg)			*Feh. (kg)*			*Feh. (%)*			*Zsír (kg)*			*Zsír (%)*		
	HF	***MT***	***HuF***	***HF***	***MT***	***HuF***	***HF***	***MT***	***HuF***	***HF***	***MT***	***HuF***	***HF***	***MT***	***HuF***
Első laktáció															
α_{S1}-CN	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	*	ns	ns	ns	ns	ns	ns
β-CN	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns
κ-CN	ns	****	ns	ns	*	ns	ns	*	ns	*	*	ns	*	(*)	ns
β-LG	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	(*)	ns	ns	ns	ns	ns	*	ns
Második laktáció															
α_{S1}-CN	ns	ns	(*)	ns	ns	ns	*****	ns	*	ns	ns	(*)	ns	ns	ns
β-CN	(*)	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns
κ-CN	ns	*	ns	ns	ns	ns	ns	***	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns
β-LG	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns

(*) $P<0,1$ * $P<0,05$ ** $P<0,01$ *** $P<0,005$ **** $P<0,001$ ***** $P<0,0005$

M2-19. táblázat: A különböző tejfehérje lokuszok genetikai hatásának vizsgálat GLM módszerrel (összesítés).

	Tej (kg)			*Feh. (kg)*			*Feh. (%)*			*Zsír (kg)*			*Zsír (%)*		
	HF	***MT***	***HuF***	***HF***	***MT***	***HuF***	***HF***	***MT***	***HuF***	***HF***	***MT***	***HuF***	***HF***	***MT***	***HuF***
Első laktáció															
α_{S1}-CN	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns
β-CN	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns
κ-CN	ns	***	*	ns	*	ns	ns	*	(*)	ns	(*)	(*)	ns	*	ns
β-LG	ns	ns	*	ns	ns	(*)	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	*	ns
Második laktáció															
α_{S1}-CN	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns
β-CN	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	*	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns
κ-CN	ns	*	ns	ns	ns	ns	ns	***	ns	ns	(*)	(*)	ns	ns	ns
β-LG	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns

(*) $P<0,1$ * $P<0,05$ ** $P<0,01$ *** $P<0,005$ **** $P<0,001$

M2-20. táblázat: A vizsgált hazai szarvasmarha fajták reproduktív tulajdonságainak populációátlagai (± SE).

	HF	***MT***	***HuF***
I-II. ellés között eltelt idő (nap)	441,5 ± 4,6	387,4 ± 5,0	377,8 ± 3,8
Átlagos ellésszám (db)	3,67 ± 0,07	3,53 ± 0,13	5,27 ± 0,14
Tehénhasználat intenzitása (%)	90,36 ± 0,36	94,06 ± 0,85	90,13 ± 0,79

M2-21. táblázat: A különböző tejfehérje genotípusok hatása a reproduktív tulajdon-ságokra a vizsgált hazai szarvasmarha állományokban.

	α_{S1}***-CN***	***β-CN***	***κ-CN***	***β-LG***
HF				
I-II. ellés között eltelt idő (nap)	ns	ns	ns	****
Tehénhasználat intenzitása (%)	ns	ns	(*)	****
MT				
I-II. ellés között eltelt idő (nap)	ns	ns	ns	ns
Tehénhasználat intenzitása (%)	ns	ns	ns	ns
HuF				
I-II. ellés között eltelt idő (nap)	ns	ns	ns	ns
Tehénhasználat intenzitása (%)	ns	ns	****	(*)

ns = nem szignifikáns (*) $P<0,1$ **** $P<0,001$

M2-22. táblázat: Összefüggések a termelési adatok, a tejösszetétel és a reprodukciós tulajdonságok között a vizsgált *HF* állományban (Pearson korreláció).

Első laktáció	*Feh kg*	*Feh %*	*Zsír kg*	*Zsír %*	*I-II. ellés közötti idő*	I_v
Tej kg	0,918 ****	-0,298 ****	0,760 ****	-0,400 ****	0,007 ns	-0,267 ****
Feh kg		0,079 (*)	0,765 ****	-0,283 ****	0,016 ns	-0,244 ****
Feh %			-0,058 ns	0,380 ****	0,031 ns	0,054 ns
Zsír kg				0,275 ****	-0,019 ns	-0,254 ****
Zsír %					-0,034 ns	0,021 ns
I-II. ellés közötti idő						-0,076 (*)
Második laktáció	*Feh kg*	*Feh %*	*Zsír kg*	*Zsír %*	*I-II. ellés közötti idő*	*II-III. ellés közötti idő*	I_v
Tej kg	0,906 ****	-0,146 ***	0,788 ****	-0,265 ****	-0,031 ns	0,150 ****	-0,249 ****
Feh kg		0,279 ****	0,858 ****	-0,027 ns	-0,006 ns	0,109 *	-0,199 ****
Feh %			0,238 ****	0,604 ****	0,064 ns	-0,049 ns	0,072 ns
Zsír kg				0,368 ****	0,000 ns	0,142 ***	-0,202 ****
Zsír %					0,046 ns	0,005 ns	0,049 ns
I-II. ellés közötti idő						0,024 ns	-0,076 (*)
II-III. ellés közötti idő							-0,622 ****

ns = nem szignifikáns (*) $P \leq 0,1$ * $P \leq 0,05$ ** $P \leq 0,01$ *** $P \leq 0,005$ **** $P \leq 0,001$

M2-23. táblázat: Összefüggések a termelési adatok, a tejösszetétel és a reprodukciós tulajdonságok között a vizsgált *MT* állományban (Pearson korreláció).

Első laktáció	*Feh kg*	*Feh %*	*Zsír kg*	*Zsír %*	*I-II. ellés közötti idő*	I_v
Tej kg	0,943 ****	-0,447 ****	0,915 ****	-0,330 ****	0,293 ****	-0,254 ***
Feh kg		-0,185 *	0,913 ****	-0,181 (*)	0,389 ****	-0,315 ****
Feh %			-0,239 **	0,516 ****	0,019 ns	0,255 ***
Zsír kg				0,069 ns	0,300 ****	-0,271 ***
Zsír %					-0,023 ns	0,008 ns
I-II. ellés közötti idő						-0,316 ****

Második laktáció	*Feh kg*	*Feh %*	*Zsír kg*	*Zsír %*	*I-II. ellés közötti idő*	*II-III. ellés közötti idő*	I_v
Tej kg	0,859 ****	-0,341 ****	0,775 ****	-0,097 ns	0,029 ns	0,300 ****	-0,179 (*)
Feh kg		0,055 ns	0,843 ****	0,084 ns	-0,118 ns	0,320 ****	-0,094 ns
Feh %			-0,280 *	0,122 ns	0,019 ns	-0,199 (*)	0,255 ***
Zsír kg				0,428 ****	-0,096 ns	0,308 ****	-0,101 ns
Zsír %					-0,152 ns	0,060 ns	0,062 ns
I-II. ellés közötti idő						-0,027 ns	-0,316 ****
II-III. ellés közötti idő							-0,211 *

ns = nem szignifikáns (*) $P \leq 0{,}1$ * $P \leq 0{,}05$ ** $P \leq 0{,}01$ *** $P \leq 0{,}005$ **** $P \leq 0{,}001$

M2-24. táblázat: Összefüggések a termelési adatok, a tejösszetétel és a reprodukciós tulajdonságok között a vizsgált *HuF* állományokban (Pearson korreláció).

Első laktáció	*Feh kg*	*Feh %*	*Zsír kg*	*Zsír %*	*I-II. ellés közötti idő*	I_v
Tej kg	0,915 ****	-0,181 *	0,838 ****	-0,330 ****	0,217 ***	-0,007 ns
Feh kg		0,158 (*)	0,838 ****	-0,318 ****	0,352 ****	-0,261 **
Feh %			0,084 ns	0,451 ****	-0,013 ns	-0,150 ns
Zsír kg				0,202 ***	0,239 ****	0,032 ns
Zsír %					-0,011 ns	0,088 ns
I-II. ellés közötti idő						-0,267 ****

Második laktáció	*Feh kg*	*Feh %*	*Zsír kg*	*Zsír %*	*I-II. ellés közötti idő*	I_v
Tej kg	0,924 ****	-0,427 ****	0,841 ****	-0,188 **	0,119 (*)	-0,124 ns
Feh kg		-0,083 ns	0,851 ****	-0,107 ns	0,189 *	-0,280 ***
Feh %			-0,161 (*)	0,481 ****	-0,102 ns	-0,003 ns
Zsír kg				0,367 ****	0,056 ns	-0,071 ns
Zsír %					-0,083 ns	0,075 ns
I-II. ellés közötti idő						-0,267 ****

ns = nem szignifikáns (*) $P \leq 0,1$ * $P \leq 0,05$ ** $P \leq 0,01$ *** $P \leq 0,005$ **** $P \leq 0,001$

M3. SAJÁT KÖZLEMÉNYEK JEGYZÉKE

M3.1. A dolgozat témakörében megjelent közlemények

M3.1.1. Idegen nyelven megjelent közlemények

Bősze, Zs., Baranyi, M., Buchberger, J., Krause, I. (1992): Milk protein polymorphism in Hungarian cattle. Abstract. EAAP/ASAS Workshop on the Biology of Lactation in Farm Animals. September 11-12, 1992; Madrid, Spain. In *Livestock Production Science* (Elsevier Science Publishers B.V., Amsterdam), **35**, 190.
Impakt faktor: *1,035*

Baranyi, M., Bősze, Zs., Buchberger, J., Krause, I. (1993): Genetic Polymorphism of Milk Proteins in Hungarian Spotted and Hungarian Grey Cattle: A Possible New Genetic Variant of β-Lactoglobulin. *Journal of Dairy Science*, **76**, 630-636.
Impakt faktor: *1,674*

Baranyi, M., Bősze, Zs., Buchberger, J., Krause, I. (1996): Genetic polymorphism of milk proteins in Hungarian cattle. *Archiev fürTierzucht, Dummerstorf*, **39**, 489-496.
Impakt faktor: *0,244*

Godovac-Zimmermann, J., Krause, I., Baranyi, M., Fischer-Frühholz, S., Juszczak, J., Erhardt, G., Buchberger, J., Klostermeyer, H. (1996): Isolation and Rapid Sequence Characterization of Two Novel Bovine β-Lactoglobulins I and J. *Journal of Protein Chemistry*, **15**, 743-750.
Impakt faktor: *1,255*

Baranyi, M., Bősze, Zs., Buchberger, J., Krause, I. (1997): Ungarisches Grauvieh. Häufigkeit der genetischen Varianten der Milchproteine. *Unser Land - Arche Nova*, **10**, 28-29.
Impakt faktor: -

M3.1.2. Magyar nyelven megjelent közlemények

Baranyi, M., Bősze, Zs., Buchberger, J., Krause, I. (1992): Tejfehérje genetikai polimorfizmus vizsgálata magyar tarka és magyar szürke szarvasmarha fajtákban. *Állattenyésztés és Takarmányozás*, **41**, 427-439.
Impakt faktor: -

Vági, J. és Baranyi, M. (2000): A tejfehérje genotípusok kapcsolata a tehenek tejtermelésével és fertilitásával holstein-fríz, magyartarka és keresztezett állományokban. *Állattenyésztés és Takarmányozás*, **49**, 107-119.
Impakt faktor: -

M3.1.3. Konferencia kiadványokban megjelent közlemények, absztraktok

Baranyi, M., Bősze, Zs. (1991): Tejfehérje genetikai variánsok gyakorisága magyar tarka és magyar szürke szarvasmarha fajtákban. VII. Állat-biotechnológiai Kerekasztal Konferencia. Kaposvár, 1991. okt. 10-11. *FloppYnfo* elektronikus folyóirat, C-sorozat: konferenciák. HU - ISSN : 1215 - 4407 /003. sz. [FloppYnfo Szerkesztőség, 1067 Bp., Teréz Krt. 23. (c/o ARGO), Szerkeszti: Kállai László].

Baranyi, M., Bösze, Zs., Porvay, M. (1992): Milk protein polymorphisms in Holstein-Friesian cattle in Hungary. In *Proceedings*. 8th World Holstein-Friesian Conference, Budapest. pp. 20.

Baranyi, M. (1992): Milk protein polymorphism in Hungarian Grey cattle: a possible new genetic variant of β-lactoglobulin. In *Abstracts*. 20th Congress of the Hungarian Biological Society. pp. 15.

Vági, J., Baranyi, M., Bősze, Zs. (1996): Relationship between milk protein genetic variants and production, as well as secondary traits in Holstein, Hungarian Red Spotted and crossbred herds. In *Book of abstracts* of the 47th Annual Meeting of the European Association for Animal Production, August 25-29, 1996, Lillehammer, Norway. pp. 43.

Baranyi, M., Bősze, Zs., Buchberger, J., Krause, I. (1996): Milk protein polymorphisms in different Hungarian cattle breeds and demonstration of a new β-lactoglobulin genetic variant. In *Book of abstracts* of the 47th Annual Meeting of the European Association for Animal Production, August 25-29, 1996, Lillehammer, Norway. pp. 185.

Baranyi, M., Bősze, Zs., Buchberger, J., Krause, I. (1996): Genetic polymorphism of milk proteins in Hungarian cattle breeds and identification of β-lactoglobulin J by RFLP. XII. Állat-biotechnológiai Kerekasztal Konferencia, 1996 október 17-18., Sárvár - Bécs. *FloppYnfo* Nr. 012. (HU - ISSN : 1215 - 4407, Editor: László Kállai, Kalliopé Bt., Budapest, Hungary)

Baranyi, M., Bősze, Zs., Buchberger, J., Krause, I. (1997): Genetic polymorphism of milk proteins in Hungarian cattle breeds and PCR amplification of β-lactoglobulin exon 5 to identify genetic variant J by RFLP. In *Milk Protein Polymorphism* (International Dairy Federation, Brussels, Belgium, ISBN 92 9098 026 9), Proceedings of the "Milk Protein Polymorphism II" IDF Seminar, Palmerston North, New Zealand, February 1997, pp. 87-92.

Vági, J., Baranyi, M., Bősze, Zs., Dohy, J. (1997): Association between bovine milk protein polymorphisms and milk production and fertlity traits. EU Cost Action 825: First International Workshop on Mammary Gland Biotechnoloy, August 15-17, 1997, Budapest. In *Book of Abstracts*.

Baranyi, M., Bősze, Zs., Buchberger, J., Krause, I. (1997): A new milk protein genetic variant in a native Hungarian cattle breed: beta-lactoglobulin J and its identification from milk and blood samples. EU Cost Action 825: First International Workshop on Mammary Gland Biotechnoloy, August 15-17, 1997, Budapest. In *Book of Abstracts*.

Vági, J., Baranyi, M., Bősze, Zs. (1998): Milk protein haplotypes and their association with milk production traits and fertility in Holstein, Hungarian Red Spotted and crossbred herds. In *Proceedings of the 6th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*. January 11-16, 1998, Armidale, NSW, Australia. Volume 23, pp.463-466.

Vági, J., Baranyi, M. (2000): Associations of milk protein genotypes with first and second lactation milk production, milk composition and fertility in Hungarian cattle. 51th Annual Meeting of the EAAp, 19-24 August 2000, Hague, Netherlands. In: *Book of Abstracts*.

M3.2. Egyéb közlemények

M3.2.1. Idegen nyelven megjelent egyéb közlemények

Czelleng, F., Zsitvay, K., Egyházi, Zs., Baranyi, M., Fazekas, A. (1987): Comparative analysis of BHK-21 cell lines of virus strains of Foot-and-Mouth disease. *Arch. exper. Vet. med., Leipzig*, **41**, 791-796.
Impakt faktor: -

Baranyi, M., Hevér-Szabó, A., Venetianer, A. (1991): Heat-shock response of rat hepatoma variant cells. *Eur. J. Biochem.*, **200**, 707-713.
Impakt faktor: *3,307*

Baranyi, M., Brignon, G., Anglade, P., Ribadeau-Dumas, B. (1995): New data on the proteins of rabbit (*Oryctolagus cuniculus*) milk. *Comp. Biochem. Phys.*, **111B**, 407-415.
Impakt faktor: *0,814*

Baranyi, M., Aszódi, A., Devinoy, E., Fontaine, M.-L., Houdebine, L.-M., Bősze, Zs. (1996): Structure of the rabbit κ-casein encoding gene: expression of the cloned gene in the mammary gland of transgenic mice. *Gene*, **174**, 27-34.
Impakt faktor: *2,258*

Baranyi, M., Aszódi, A., Devinoy, E., Fontaine, M.-L., Houdebine, L.-M., Bősze, Zs. (1996): Structure of the rabbit κ-casein encoding gene and expression in the mammary gland of transgenic mice. Abstract. Third Joint EAAP/ASAS Workshop on the Biology of Lactation in Farm Animals. August 24-25, 1996; Lillehammer, Norway. In *Livestock Production Science* (Elsevier Science Publishers B.V., Amsterdam), **50**, 163.
Impakt faktor: *1,035*

Hiripi, L., Devinoy, E., Rat, P., Baranyi, M., Fontaine, M.-L., Bősze, Z. (1998): Polymorphic insertions/deletions of both 1800 nt and 100 nt in two microsatellite-containing *LINE*-related intronic regions of the rabbit κ-casein gene. *Gene*, **213**, 23-30.
Impakt faktor: *2,258*

Devinoy E., Rat P., Baranyi, M., Hiripi, L., Fontaine, M.L., Hamer, I., Bősze, Zs. (1999): Polymorphisme de gene de la caséine-β dans une souche de lapins d' origine raciale Néo-Zélandais. *8émes Journ. Rech. Cunicole Fr.*, Paris. pp. 139-142.
Impakt faktor: -

Bősze, Zs., Baranyi, M., Hiripi, L., Fontaine, M.L., Devinoy, E. (1999): High level expression of rabbit kappa casein in the milk of transgenic mice. *Transgenic Res.*, **8,** 56.
Impakt faktor: *1,849*

Aszódi, A., Bateman, J.F., Hirsch, E., Baranyi, M., Hunziker, E.B., Hauser, N., Bősze, Zs., Fässler, R. (1999): Normal skeletal development of mice lacking matrilin 1: Redundant function of matrilins in cartilege? *Mol. Cell. Biol.*, **19**, 7841-7845.
Impakt faktor: *9,866*

Hiripi, L., Baranyi, M., Szabó, L., Tóth, Sz., Fontaine, M-L., Devinoy, E., Bősze, Zs. (2000): Effect of rabbit κ-casein expression on the properties of milk from transgenic mice. *J. Dairy Res.*, **67**, 541-550.
Impakt faktor: *1,356*

M3.2.2. Konferencia kiadványokban megjelent egyéb közlemények, absztraktok

Baranyi, M., Hevér-Szabó, A., Venetianer, A. (1990): Regulation of protein synthesis of hepatoma cells during heat-shock. 20th Meeting of the Federation of European Biochemical Societies (FEBS). August 19-24, 1990, Budapest. Editor: FEBS Publication Committee. Publisher: TOPREKLÁM Ltd., Budapest, Hungary. In *Book of Abstracts*.

Baranyi, M. (1993): Nyúltejvizsgálat fordított fázisú HPLC-vel és gél-elektroforézissel. IX. Állat-biotechnológiai Kerekasztal Konferencia. Mosonmagyaróvár, 1993. okt. 12-13. *FloppYnfo* elektronikus folyóirat. HU - ISSN : 1215 - 4407 /009. sz. [FloppYnfo Szerkesztőség, 1067 Bp., Teréz Krt. 23. (c/o ARGO), Szerkeszti: Kállai László].

Bősze Zs., Aszódi A., Baranyi M., Hiripi L. (1995): Production of pharmaceutical proteins from transgenic rabbits. Abstract. "Neurotransmitter systems - Modern technical approaches", International Symposium of the Drug Biochemistry Section of the Hungarian Biochemical Society, Balatonőszöd, May 8-10, 1995. *Neurobiology*, **3**, 181-182.

Virág, Gy., Baranyi, M., Bősze, Zs., Devinoy, E. (1996): Variability of α_{S2}-casein phenotypes in a New Zealand White rabbit breeding stock in Hungary. In *Proceedings of the 6th World Rabbit Congress*, July 9-12, 1996, Toulouse, France. Volume 2, pp. 377-380.

Baranyi, M., Aszódi, A., Devinoy, E., Fontaine, M.-L., Houdebine, L.-M., Bősze, Zs. (1996): Structure of the rabbit κ-casein encoding gene and expression in the mammary gland of transgenic mice. Abstract. Third Joint EAAP/ASAS Workshop on the Biology of Lactation in Farm Animals. August 24-25, 1996; Lillehammer, Norway. In *Livestock Production Science* (Elsevier Science Publishers B.V., Amsterdam), **50**, 163.
Impakt faktor: *1,035*

Hiripi, L., Devinoy, E., Baranyi, M., Fontaine, M-L., Bősze, Zs. (1997): Characterization of a rabbit kappa-casein gene polymorphism. EU Cost Action 825: First International Workshop on Mammary Gland Biotechnoloy, August 15-17, 1997, Budapest. In *Book of Abstracts*.

Virág, Gy., Bősze, Zs., Baranyi, M., Syabó, L., Devinoy, E. (1997): The effect of different kappa casein genotypes on the economically important production traits in rabbit. A field study. EU Cost Action 825: First International Workshop on Mammary Gland Biotechnoloy, August 15-17, 1997, Budapest. In *Book of Abstracts*.

Devinoy E., Baranyi M., Hiripi L., Aszódi A., Fontaine M-L., Bősze Zs. (1998): Modifying milk composition, use of rabbit as a model. In: *COST 825, Proceedings of the first international workshop on mammary gland biotechnology* (EUR 18392 en, Luxemburg), pp. 54-59.

Baranyi, M., Aszódi, A., Hirsch, E., Hauser, N. Paulsson, M., Bősze, Zs., Fässler, R. (1998): Az extracelluláris porc mátrix biokémiai analízise matrilin-1 knock-out egerekben. In *Előadás és poszterkivonatok*. VI. Sejt- és Fejlődésbiológiai Napok, 1998, január 18-21, Szeged. pp. 47.

Bősze Zs., Baranyi M., Hiripi L., Barta E., Fontaine M-L., Devinoy E. (1998): Altering milk composition through transgenesis: a new approach for producing biologically active protein. In: *Peptides 1998* (eds. S. Bajusz &F. Hudecz) Akadémiai Kiadó, Budapest ISBN 9630576228. Proceedings of the 25th European Peptide Symposium, Aug. 30- Szept. 4, 1998, Budapest. pp. 128-129.

Bősze Zs., Baranyi M., Hiripi L., Barta E., Fontaine M-L., Devinoy E. (1998): Altering milk composition through transgenesis: a new approach for producing biologically active protein. In *Journal of Peptide Science*, Special Issue Vol.4 (25th European Peptide Symposium, Aug. 30- Szept. 4, 1998, Budapest. Programme and Abstracts) pp. 22.
Impakt faktor: *1,311*

Bősze, Zs., Baranyi, M., Hiripi, L., Tóth, Sz., Makovics, F., Fontaine, M-L., Devinoy, E. (1998): Tejösszetétel megváltoztatása transzgenikus állatokban. In *Új kihívások a mezőgazdaság számára az EU-csatlakozás tükrében*. XVII. Óvári Tudományos Napok, 1998, szeptember 29-30, Mosonmagyaróvár. I. kötet, pp. 24-28.

Vági, J., Baranyi, M., Bősze, Zs. (1998): A tejfehérje genotípusok kapcsolata a tejtermeléssel, a fertilitással és a tehénhasználat intenzitásával. In *Új kihívások a mezőgazdaság számára az EU-csatlakozás tükrében*. XVII. Óvári Tudományos Napok, 1998, szeptember 29-30, Mosonmagyaróvár. I. kötet, pp. 185-199.

Baranyi, M., Hiripi, L., Szabó, L., Tóth, Sz., Bősze, Zs., Fontaine, M.L., Devinoy, E. (1999): Expression of rabbit kappa-casein in transgenic mice: Alterations of milk micelle structure and modified nursing qualities of transgenic mice. In *Book of Abstracts*. International Conference on the Biology of the Mammary Gland. EU Cost Action 825. September 16-18, 1999. Tours, France. P.1, pp. 36.

Baranyi, M., Pellegrini, A. (2000): Antibacterial activity of rabbit casein peptides. In *Book of Abstracts*. Workshop on Bioactive Components of Milk. EU Cost Action 825: Mammary Gland Biology. pp. 22.

Bősze, Zs., Hiripi, L., Baranyi, M., Syabó, L., Tóth, Sz., Devinoy, E. (2000): Altering milk quality by transgenesis. OECD Workshop on Molecular Farming. 3-6, Sept. 2000, La Grande Motte, France. In: *Book of Abstracts*.

KÖSZÖNETNYILVÁNÍTÁS

Az értekezés elkészítéséhez szükséges kísérleteket a Mezőgazdasági Biotechnológiai Kutatóközpont Géntechnológiai laboratóriumában és Németországban, a Müncheni Műszaki Egyetem Tejipari Kutatóközpontjának Kémiai és Fizikai Intézetében (Freising, Weihenstephan) végeztem.

Köszönöm Dr. Balázs Ervinnek, a Mezőgazdasági Biotechnológiai Kutatóközpont főigazgatójának és Dr. Solti Lászlónak, az MBK Állatbiotechnológiai Intézet volt igazgatójának, hogy lehetővé tették e dolgozat elkészítését.

Köszönöm témavezetőmnek, dr. Bősze Zsuzsannának a munkám során nyújtott folyamatos és nélkülözhetetlen segítségét.

Külön köszönettel tartozom Dr. Johann Buchbergernek az értékes konzultációkért, amiért lehetőséget adott arra, hogy laboratóriumában elsajátíthassam a tejvizsgálatokhoz szükséges elméleti és gyakorlati tudást, és amiért helyet és anyagi feltételeket biztosított a kísérletek egy részének elvégzéséhez.

Nagyon köszönöm Ingolf Krausenak, hogy rendelkezésemre bocsátotta a munkacsoportja által használt és tökéletesített CA-IEF és CA-IPG-IEF módszerek protokolljait, valamint hogy megszervezte és aktívan hozzá is járult az új β-laktoglobulin allél elsődleges szerkezetének meghatározásához.

Köszönöm Jasminca Godovac-Zimmermann-nak és munkacsoportjának (Molekuláris Biotechnológiai Intézet, Jena, Németország; jelenlegi címe: The Rayne Institute, Centre for Molecular Medicine, University College London, London, Anglia), hogy elvégezték az új β-laktoglobulin allél aminosav-sorrendjének meghatározását.

Szeretném megköszönni Dr. Dohy Jánosnak (Szent István Egyetem, Állattenyésztési és Tartástechnológiai Intézet, Gödöllő) a téma iránt tanúsított érdeklődését és rendkívül értékes, folyamatos támogatását.

Köszönöm dr. Gera Istvánnak (Magyar Állattenyésztők Egyesülete, Budapest), hogy biztosította számomra a szükséges magyar szürke tej- és vérmintákat.

Szeretnék külön köszönetet mondani Dr. Vági Józsefnek (Szent István Egyetem, Környezetgazdálkodási Intézet) a hungarofríz és a mezőhegyesi magyartarka tejminták beszerzésében és a termelési adatok statisztikai kiértékelésében nyújtott segítségéért.

Köszönettel tartozom a Kocséri Petőfi Termelőszövetkezet, az Enyingi Agrár Rt. Kiscséripusztai Holstein-fríz Tehenészetében és a Mezőhegyesi Állami Ménesbirtok Rt. szarvasmarhatelepén dolgozó munkatársaknak, továbbá a Szentesi Termál Kertészeti és Mezőgazdasági Szövetkezet, valamint a Szegvári Puskin Tej Kft. dolgozóinak a kísérletekhez nyújtott készséges segítségükért.

Végül, de nem utolsósorban, nagyon köszönöm Marinka Erzsébetnek a mintavételek lebonyolítása, és a tejminták feldolgozása során nyújtott technikai segítségét.