

DEBRECENI EGYETEM  
AGRÁR- ÉS MŰSZAKI TUDOMÁNYOK CENTRUMA  
MEZŐGAZDASÁGTUDOMÁNYI KAR  
ÁLLATTENYÉSZTÉSTUDOMÁNYI INTÉZET

**ÁLLATTENYÉSZTÉSI TUDOMÁNYOK DOKTORI ISKOLA**

*Doktori Iskola vezető:*

**Dr. Kovács András**  
egyetemi tanár, az MTA doktora

*Témavezetők:*

**Dr. Bodó Imre**  
egyetemi tanár, az MTA doktora

és

**Dr. Béri Béla**  
egyetemi docens, CSc

DOKTORI (PhD) ÉRTEKEZÉS

**SZARV- ÉS SZŐRSZÍNVÁLTOZATOK A MAGYAR SZÜRKE  
SZARVASMARHAFAJTÁBAN**

*Készítette:*

**Radácsi Andrea**  
doktorjelölt

**Debrecen**  
**2008**

**SZARV-ÉS SZŐRSZÍNVÁLTOZATOK A MAGYAR SZÜRKE  
SZARVASMARHAFAJTÁBAN**

*Értekezés a doktori (PhD) fokozat megszerzése érdekében  
az állattenyésztési tudományok tudományágban*

Írta: **Radácsi Andrea** doktorjelölt

**A doktori szigorlati bizottság:**

	Név	Tud. fokozat
Elnök:	Dr. Mihók Sándor	CSc
Tagok:	Dr. Szabó Ferenc	DSc
	Dr. Komlósi István	PhD

A doktori szigorlat időpontja: 2007. december hó 17. nap

**Az értekezés bírálói:**

	Név	Tud. fokozat	Aláírás
	Dr. Szabó Ferenc	DSc	.....
	Dr. Tózsér János	DSc	.....
	.....	.....	.....

**A bíráló bizottság:**

	Név	Tud. fokozat	Aláírás
Elnök:	.....	.....	.....
Titkár:	.....	.....	.....
Tagok:	.....	.....	.....
	.....	.....	.....
	.....	.....	.....
	.....	.....	.....
	.....	.....	.....
	.....	.....	.....
	.....	.....	.....
	.....	.....	.....

Az értekezés védésének időpontja: 200.....

## TARTALOMJEGYZÉK

1. BEVEZETÉS .....	5
2. CÉLKITŰZÉSEK .....	7
3. SZAKIRODALMI ÁTTEKINTÉS .....	9
3.1. A géntartalékok megőrzésének jelentősége .....	9
3.2. A szarv megítélése .....	10
3.2.1. A magyar szürke szarvasmarha szarvának jellemzése .....	13
3.3. A kültakaró színeződése .....	15
3.3.1. A kültakaró színeződésének jelentősége az állattenyésztésben .....	15
3.3.2. Az évszak szőrszín befolyásoló hatása .....	19
3.3.3. A szőrzet színének műszeres mérése .....	20
3.3.4. A pigmentszintézis biokémiai háttere .....	21
3.3.5. A szín örökítésében szereplő gének és alléljeinek hatása .....	23
3.3.6. A magyar szürke szarvasmarha szőrszínváltozatai és azok kialakításában részt vevő lehetséges gének és allélek .....	28
3.4. Termékek nyomonkövethetőségének vizsgálata az MC1R genotípusok felhasználásával .....	29
4. ANYAG ÉS MÓDSZER .....	31
4.1. Szarvszín vizsgálatok .....	31
4.1.1. Statisztikai értékelés .....	32
4.2. Szőrszín vizsgálatok .....	33
4.2.1. Újszülött borjak színének mérése .....	34
4.2.2. Felnőtt állatok színének mérése .....	35
4.2.3. Statisztikai értékelés .....	36
4.3. MC1R gén polimorfizmusainak vizsgálata különböző szarvasmarhafajtákban .....	38
4.3.1. A vizsgálatba vont fajták, egyedszámok és a minták származási helye .....	39
4.3.2. Mintaelőkészítés .....	40
4.3.3. PCR-RFLP kondíciói .....	42
4.3.4. Genotípus –és allélgyakoriságok kiszámítása .....	45
5. EREDMÉNYEK ÉS AZOK ÉRTÉKELÉSE .....	46
5.1. Szarvszín vizsgálatok .....	46
5.1.1. Szarvszínváltozatok a kártyás szarvszínen belül .....	48
5.1.2. A szarv kormoltságának mértéke .....	51

5.1.3. A szarvszíneződések korcsoportonkénti megoszlása .....	54
5.1.4. Szarvszíneződések megoszlása a különböző vonalakhoz tartozó bikák és ivadékaik esetében .....	56
5.1.5. Szarvszíneződések megoszlása a különböző családokban .....	58
5.1.6. A szarvszín öröklődése .....	59
5.2. Szőrszín vizsgálatok .....	62
5.2.1. Az újszülött borjak színe.....	62
5.2.2. A felnőtt állatokra jellemző szőrszínváltozatok.....	66
5.2.3. Az egyes szőrszínváltozatok megoszlása a különböző ivarokban.....	76
5.2.4. Az évszak szőrszín befolyásoló hatása .....	79
5.2.5. Szőrszínváltozatok megoszlása a különböző vonalú bikák ivadékaiban.....	84
5.2.6. Szőrszínváltozatok megoszlása a különböző tehéncsaládokban .....	85
5.3. A vizsgált minőségi tulajdonságok közötti összefüggések vizsgálata.....	86
5.3.1. A születéskori és a kifejtéskori szőrszín közötti összefüggések vizsgálata .	86
5.3.2. A szarvszín és a szőrszín közötti összefüggések vizsgálata .....	87
5.4. Az MC1R gén polimorfizmusainak vizsgálata néhány Magyarországon tenyésztett szarvasmarhafajtában.....	88
5.4.1. MC1R allélek kimutatása különböző szarvasmarhafajtákban .....	88
5.4.2. A szőrszínváltozatok és az MC1R genotípusok közötti kapcsolat .....	93
5.4.3. MC1R gén polimorfizmusainak felhasználása termékek eredetvédelmében	93
5.4.4. Az MC1R genotípusok vizsgálata magyar szürkemarha húsból készült feldolgozott termékekből .....	95
6. ÚJ TUDOMÁNYOS EREDMÉNYEK .....	97
7. GYAKORLATNAK ÁTADHATÓ EREDMÉNYEK .....	99
8. ÖSSZEFOGLALÁS .....	100
9. SUMMARY .....	104
10. IRODALOMJEGYZÉK .....	108
11. MELLÉKLETEK.....	121
12. ÁBRÁK JEGYZÉKE .....	124
13. TÁBLÁZATOK JEGYZÉKE.....	125
14. KÉPEK JEGYZÉKE.....	127
15. KÖSZÖNETNYILVÁNÍTÁS .....	128
16. NYILATKOZATOK .....	130

## 1. BEVEZETÉS

Az elmúlt évtizedek jelentős népességnövekedése a nagy termelőképeségű világfajták elterjedését vonta maga után. A tömegáru-termelés háttérbe szorította a hagyományos értékekkel bíró régi háziállatfajtákat, aminek eredményeként a genetikai variabilitás jelentősen beszűkült.

Magyarország a világon az elsők között ismerte fel a géntartalék-védelem fontosságát és tett lépéseket a kipusztulással fenyegetett magyar fajták megmentése érdekében (STERBETZ, 1979). A géntartalékok megőrzésében a legfontosabb a fajtajelleg fenntartása úgy, hogy a fajtára jellemző változatosság megmaradjon. Az adott génállományból minél többet igyekszünk megtartani, vagyis olyan tulajdonságokat is fenn kell tartanunk, melyeknek pillanatnyilag nincs gazdasági jelentőségük.

A fajtajelleget kialakító kvalitatív tulajdonságok vizsgálata és értékelése a más fajtáktól, jelen esetben a magyar szürkemarha legközelebbi rokonfajtájának tartott maremmana fajtától, való elkülöníthetőség szempontjából is kiemelkedő fontosságú. A fajták közötti genetikai különbségek megmutatkoznak külső minőségi tulajdonságokban és a vérben mérhető különböző polimorfizmusokban is. Ezek vizsgálata és fenntartása a genetikai sokféleség (diverzitás) megmentése tekintetében lehet jelentős, ami a jövő megőrzése és ezzel a ma még elképzelhetetlen hasznosításnak is záloga lehet (BODÓ, 2003).

A magyar szürkemarha fenotípusos és genetikai tulajdonságait régóta kutatják, mégis számos összefüggés még tisztázásra szorul. A fajta küllemileg nem egyöntetű, a különböző tartási-takarmányozási viszonyok és a vidékenként más és más tenyésztői célok eltérő típusokat hoztak létre. Ezeket a típusokat, illetve a fajtában fellelhető igen változatos szarv-és szőrszíneződéseket mindenképpen feladatunk megőrizni.

A fajta egyik legjellegzetesebb tulajdonsága a hosszú szarv, ami mind alakulásában, mind színében nagy változatosságot mutat. A szőrzet színeződése szintén a fajtajelleg formálásában fontos tulajdonság, hiszen ez a fajták kialakításában és szelekciójában nagy szerepet játszott. Kvalitatív jellegük miatt azonban e tulajdonságokra kevesebb figyelem irányul, ennek következményeként a szarvasmarha színöröklésére vonatkozóan nem áll rendelkezésünkre átfogó tanulmány. A szarv-és a szőrszín

öröklődésének megismerése elősegítheti a fajta történetének megértését, demográfiai és genetikai jellemzését.

A szőrszínváltozatok bírálata, a szubjektív megítélésből eredően hibalehetőségeket rejt magában. A technika fejlődésével azonban lehetővé vált a kategoriális tulajdonságok objektív módon való mérése. A szőrszín mérése jelen esetben egy nemzetközileg is elfogadott színmérési módszerrel, a három koordinátát megjelenítő kromaméterrel történt, mely segítségével a szín intenzitása és telítettsége egyaránt mérhető.

Napjainkban jelentős kutatói törekvés irányul a különböző állatfajokra jellemző szőrszínváltozatok genetikai hátterének megismerésére. A szarvasmarhafajták szőrszínének kialakításáért felelős génekről – a többi állatfajhoz képest – még viszonylag keveset tudunk. A molekuláris genetikai ismeretek és az objektív méréseken alapuló eredmények ötvözésével még pontosabb képet kaphatunk a kültakaró színeződésével kapcsolatban.

A szőrszín kialakításában szerepet játszó gének és polimorfizmusaik vizsgálata ezenkívül lehetőséget teremt olyan molekuláris genetikai tesztek kidolgozására, mellyel az állati termékek fajtaazonosságának vizsgálata és eredetvédelme egyszerűbbé válik.

## **2. CÉLKITŰZÉSEK**

Célkitűzéseim között olyan kutatások kivitelezése szerepel, melyek segítségével felmérhető a magyar szürke szarvasmarha szarvának és kültakarójának színét jellemző nagy fenotípusos változatosság. A vizsgálatok négy fő területe az alábbiakban foglalható össze:

### **1. A magyar szürke szarvasmarhafajtára jellemző szarvszíneződések vizsgálata:**

- a három fő szarvszín (fehér, kártyás, zöld), valamint a kártyás szarvszínen belül elkülöníthető színváltozatok arányának meghatározása a különböző ivarokban, korcsoportokban, valamint a bikavonalak és tehéncsaládok esetében
- a szarv kormoltságának vizsgálata
- a szarv színe és kormoltságának mértéke közötti összefüggések elemzése

### **2. A magyar szürke szarvasmarhafajtára jellemző szőrszíneződések felmérése:**

- az újszülött borjakra jellemző szőrszínváltozatok arányának meghatározása
- vannak-e műszerrel (az alkalmazott kromaméterrel) is kimutatható különbségek a magyar szürke borjak piróknak nevezett vöröses és más vörös színű fajta borjainak szőrszíne között
- a kifejlett állatokra jellemző szőrszínváltozatok arányának meghatározása
- a szubjektív színbírálat és az objektív színmérés közötti kapcsolat elemzése
- az ivar és az évszak szőrszín befolyásoló hatásának vizsgálata
- a különböző bikavonalak és tehéncsaládok esetében legnagyobb arányban előforduló szőrszínváltozatok meghatározása

### **3. A vizsgált minőségi tulajdonságok közötti kapcsolat elemzése**

- a születéskori szőrszín és a kifejlettkori szőrszín, valamint
- a szarvszín és a kifejlettkori szőrszín közötti összefüggések vizsgálata

**4. Magyar szürkemarha húsból készült termékek fajtaazonosságának vizsgálata a melanocortin-1 receptor gén polimorfizmusai alapján**

- néhány Magyarországon is tenyésztett szarvasmarhafajta MC1R genotípusainak meghatározása
- néhány marhahúsból készült termék és nyers marhahús minták fajtaazonosságának vizsgálata

### 3. SZAKIRODALMI ÁTTEKINTÉS

#### 3.1. A géntartalékok megőrzésének jelentősége

Az utóbbi évtizedek jelentős népességnövekedése egyre nagyobb kihívást jelent a mezőgazdaság, így az állattenyésztés számára is. Az OECD és a FAO előrejelzései szerint a fejlődő országokban a lakosság húsigénye 2007-2016 között évi 2%-al fog növekedni, hasonló trendet jósolnak a vaj és a feldolgozott hústermékek iránti kereslettel kapcsolatban is (OECD-FAO, 2007). A nagy mennyiségű termék előállítása csak kiemelkedő teljesítményű, specializált fajtákkal lehetséges, a piaci verseny pedig megköveteli a kínált termékek gazdaságos előállítását. Mindez a termelést közvetlenül nem befolyásoló tulajdonságok feláldozásához vezethet. Így veszélybe kerülhetnek vagy kipusztulhatnak azok a fajták, amelyek a mai igényeknek nem tudnak megfelelni (MIHÓK, 2002). Mivel a jövő szarvasmarhatenyésztésének igényeit pontosan nem ismerjük, ezért rendkívül fontos, hogy a szarvasmarha populációk lehető legszélesebb genetikai bázisát őrizzük meg a jövőbeni szelekciós munka érdekében (BODÓ, 2003).

A házasított állatok magyarországi génbankjának története 1879-ben kezdődött, amikor Kisbéren a már akkor kipusztulással fenyegetett szalontai sertést az állami ménésbirtok pártfogásába vette (STERBETZ, 1979). A Hortobágyon 1961-ben már génmegőrzési céllal jelölték ki az első magyar szürke törzstenyészetet (BODÓ és mtsai, 2002). Európában csak az 1970-es évektől foglalkoznak a veszélyeztetett állatfajták megőrzésével, miután az ENSZ stockholmi konferenciája 1972-ben javaslatot tett a tagállamoknak a génkészletek védelmének megszervezésére. Napjainkban a génmegőrzés egész világot átfogó korszakát éljük: regionális és globális szervezetek gondoskodnak a biológiai diverzitás megőrzéséről és fenntartásáról.

A génmegőrzési munkában egyre nagyobb hangsúlyt kapnak az ún. „non-food function” tulajdonságok, amelyek ugyan gazdasági hasznot általában nem hajtanak, de megőrzésük a biológiai sokféleség szempontjából mindenképpen indokolt. Ide sorolhatóak például a magyar szürke szarvasmarhára jellemző, nagy változatosságot mutató szarv- és szőrszíneződések is.

### 3.2. A szarv megítélése

Napjainkban a szarv megítélése eltérő a különböző hasznosítási típusok esetében. Az intenzív rendszerekben a szarvaltságot hátrányos tulajdonságként értékelik, hiszen sérüléseket okozhat. Ezért már fiatal korban szarvtalanítják az állatokat, vagy már eleve genetikailag szarvatlan ivadék születését eredményező szaporítóanyagot használnak fel. A magyar szürke fajtának viszont annyira jellegzetes tulajdonsága a hosszú szarv, hogy ez mindenképpen megérdemli a tanulmányozást és a rokon fajták ismertetését is.

A hosszú szarvú fajták közül a texas longhorn az, ahol szelekciós cél a minél hosszabb szarv. Egy texasi tenyésztő (DALGOODHORNS, 2007) olyan matematikai formulát dolgozott ki, amely segítségével megjósolható a kifejlített kori szarvhossz. A szarv színe azonban e fajta esetében sem szempont.

Ezeket a hosszú szarvú fajtákat (az afrikai fajták kivételével) elsősorban nosztalgiából, szépségük miatt tartják és nem gazdasági haszonállatként.

FELIUS (1985) a világ szarvasmarha fajtáit ismertető könyvében a hosszú szarvú európai fajták két nagy csoportját különíti el: a) Nyugat-Európa hosszú szarvú fajtái és b) Dél-Kelet-Európa szürke sztyeppi szarvasmarha fajtái, valamint ezek olasz rokonfajtái (podóliai típusú szürkemarhák).

Nyugat-Európa hosszú szarvú fajtáit további két alcsoportra bontja: *kelta szarvasmarhák* (Délnyugat-Európa és a Brit-szigetek hosszú szarvú fajtái, pl: longhorn, skót hegyi marha, chillingham marha, camargue) és az *ibériai szarvasmarhák* (ide egyrészt a feltételezhetően az őstulok egyik alfajától származó ávila, morucho, vagy a viador marha tartozik, másrészt az őstulok másik alfajának tartott *Bos taurus turdetanus*-tól származtatott barna andalúziai vagy a criollo). A felsorolt fajták mindegyikére igaz a szívósság, a nehéz környezeti feltételekhez való kiváló alkalmazkodás, valamint a vékony, többé-kevésbé hosszú szarv (mely általában viaszszárga színű vagy fehér fekete szarvhegygel).

Délkelet-Európa szürke sztyeppi szarvasmarha fajtáit, valamint ezek olasz rokonfajtáit FELIUS (1985) ősi eredetűnek tartja. Véleménye szerint már az 5.-ik században Atila,

a hun is hasonló, hosszabb szarvú fajtákat használt a hadsereg felszereléseinek szállítására. Később a honfoglaló magyarok is szürke sztyeppi marhát hoztak magukkal, bár ezek még nem voltak olyan hosszú szarvúak, mint a ma ismert típusok. Hasonló véleményen van BARTOSIEWICZ (2000a) is, aki csontméréstani adatokra hivatkozva támasztja alá véleményét. Állítása szerint a 10-13. századi magyarországi szarvasmarhák *brachyceros* jellegű, azaz rövidszarvú jószágok voltak.

FELIUS (1985) utal a magyarok és az olaszok szürke sztyeppi marháinak keveredésére, hozzátéve, hogy e fajta szolgált számos olasz fajta alapjául. A fajtacsoport néhány tagja: magyar szürke, maremmana, podolica, isztriai, ukrán, bolgár és török szürke, chianina, romagnola, marchigiana és a piemonti. A csoporton belül a magyar szürke és a maremmana szarva a leghosszabb, e két fajta küllemében is igen nagy hasonlóságot mutat. A *maremmana* fajtaleírása (ANABIC, 1999a) sajnos elég szűkszavúan fogalmaz a szarvval kapcsolatban: „a bikák félhold-alakú, míg a tehenek lant alakú szarvai sárgás-fehér színűek az alapnál, a szarvvégek pedig feketék”. A fent említett két fajtához küllemében leginkább hasonlóságot mutató *podolica* szarva rövidebb ugyan, de szintén fehér színű és a szarvhegy fekete. Ugyanez igaz az *ukrán szürke* esetében is. A fajtacsoport többi tagja rövidebb szarvú, de mindegyik esetében megfigyelhető a fekete szarvhegy.

Természetesen *más fajtacsoportokban* is találunk hosszú szarvú fajtákat. Ezek közül csak néhány további példát említünk.

Az Ibériai-félsziget két hosszú szarvú fajtája: a *barrosã* és a *cachena* lant alakú szarvakkal rendelkeznek, melyek disztális részei feketék (MONSERRAT, 2000). A szarvak átmérője a *cachena* esetében kerek, míg a *barrosã* fajtában ellipszis alakú.

Bár származását tekintve a texas longhorn fajtának nincs köze a magyar szürke marhához, nem is tartozik a podóliai csoportba, de eredete, története, a kipusztulástól való fenyegetettsége, majd megmentése igen nagymértékben hasonlít a magyar szürkééhez, véli BARTOSIEWICZ (2000b). A magyar szürke marha típusok és a texas longhorn összehasonlítását többek között BODÓ (1987) is elvégezte. Munkájából kiderül, hogy a texas longhorn termetét tekintve legjobban a magyar szürke primitív típusához hasonlít. A texasi bikák szarvkörmérete azonban jelentősen meghaladja mind

a négy magyar marha típus adatait, derül ki BARTOSIEWICZ (1997) összehasonlításából, aki még hozzáteszi, hogy a fajtaleírás szerint (ITLA, 2000) a szétterpesztett, kifelé csavarodó, lombár jellegű nagy szarvak a kívánatosak, míg a magyar szürke fajtában a párhuzamosabb szarvalakulás a kedvelt. Mindkét fajtában fontos hasznosítási forrást jelenthet a szarutermékek értékesítése, a szarutülök párok 2007. évi ára a texas longhorn esetében 29-195 \$ között (TLH, 2007), a magyar szürkénél 20-40.000 Ft között változott mérettől és a magyar szürke esetében színeződéstől is függően.

Afrika szarvasmarhafajtái között szép számmal találunk hosszú szarvúakat. A *kuri* a Csád-tó környékén honos és olyannyira alkalmazkodott a vizes élőhelyi adottságokhoz, hogy máshol már képtelen lenne a túlélésre. A fajta legjellegzetesebb tulajdonsága a hatalmas méretű szarva (60-150 cm hosszúságú és 20-55 cm átmérőjű), mely ráadásul könnyű rostokból épül fel és emiatt szivacsos állományú. A *n'dama* Nyugat-Afrika legelterjedtebb szarvasmarhafajtája, mely rezisztens a cecelégycel által terjesztett álomkórral (*trypanosimiasis*) szemben. Szarvai lant alakúak, disztális végei feketék.

A Sanga csoportba tartozó *watusi* és *ankole* szintén hosszú, nagy átmérőjű szarvokról ismertek.

A szarvasmarha alfaja, a zebu (*Bos indicus*) számos fajtája rendelkezik igen hosszú szarvakkal. A *kankrejt* guzerat néven exportálták az USA-ba, ahol új fajták (pl.: az amerikai brahman) kialakításában vett részt. A *gobra* (*szenegáli fuláni*) szarva általában felfelé irányuló, lant alakú, hossza 120-150 cm között változik, bikák esetében kissé rövidebb, de zömökebb.

### 3.2.1. A magyar szürke szarvasmarha szarvának jellemzése

A magyar szürke szarvasmarhafajta egyik fő jellegzetessége a hosszú szarv, amely mind alakulásában, mind színében nagy változatosságot mutat. A szarvasmarha küllemi bírálatában, éppen a szarv okán a fej mindig nagyon fontos szerepet játszott. Szemben a rövidszarvú szarvasmarhával, a hosszúszarvú fajtáknál, így a magyar szürke marhánál is, a szarvat a hasznosításra is utaló fontos ismérvek tartották. A mai „teljesítmény-centrikus” szarvasmarha-tenyésztésben azonban a fej megítélése háttérbe szorult. BODÓ - REMÉNYI (1986), valamint ERNST és mtsai (1991) is kihangsúlyozták, hogy a magyar szürke fajtánál a fej-és szarvalakulás fontosabb a többi fajtáénál, mert részben a fajta egyik jellegzetessége, részben pedig a fajta szépségével, esztétikai megítélésével van elválaszthatatlan kapcsolatban. A szarv alakulásával kapcsolatban BODÓ - REMÉNYI (1986) még hozzáteszik, hogy a különböző szarvalakulások nem a véletlen folytán jöttek létre, hanem szoros összefüggésben vannak a fajták és változataik tartási körülményeivel.

HORN (1995) az alábbi adatokat közli a szarv hosszáról: a tehenek és a bikák szarva 50-70 cm, az ökröké 90-100 cm, illetve hozzáteszi, hogy a szarvvégek feketék, illetve palaszürke pigmentet hordoznak.

A magyar szürke fajta standardját talán elsőként MEISSNER (1929) készítette. Ebben kifejti, hogy a szarvak vége kifejlődött korban fekete és a szarv keresztmetszetének kereknek kell lennie. Akkoriban még a zöld szarv kizáró oknak számított. Ma azonban ez is a fajtában megtalálható változatossághoz tartozik, s mint ilyen, megőrzendő.

A magyar szürke fajta értékes, megőrzendő tulajdonságai közé tartoznak a különböző szarvalakulások is. TORMAY (1901) szerint a hosszú, szimmetrikus szarvakat a jó konstitúció jelének tekintették. A szarvállások megkülönböztetésére számtalan elnevezést használnak. HERMAN (1914) például 172 elnevezést jegyzett fel. A szarvalakulások egységesített nomenklatúráját ERNST és mtsai (1991) dolgozták ki. A szarvak ívelése, formája és szöge alapján végezték a besorolást és külön jelölték a szarvtűzést. Munkájukban azonban nem tértek ki a szarvak színeződésére és a szaruanyag állagára.

BODÓ és mtsai (2002) adják a fajta szarvának legrészletesebb jellemzését: A fajta egyik fő jellegzetessége a hosszú szarv, amely a közepén fehér, a hegye felé eső kb. egyharmada fekete, a szarvtő pedig többnyire piszkosfehér. A borjak és növendékek szarva sötétszürke, majd két és fél-három éves kor körül kezd tisztulni és három és fél, négy éves korra alakul ki a végleges színe. Ekkor tűnik el teljesen a szarv végén levő szarugörcs. A szarv kormoltságával kapcsolatban még hozzátesszük, hogy megkülönböztetnek „mélyen kormolt” és „magasan meszelt” szarvat. A zöld szarvat illetően megjegyzik, hogy azt sokan a fajta primitív jellegének tartják.

A 21. századi szarvasmarhatenyésztésben a szarvaltságot hátrányos tulajdonságként értékelik, ezért igen kevés információ áll rendelkezésünkre a különböző fajták szarvalakulására, illetve szarvszíneződésére vonatkozóan. Néhány szarvasmarhafajta, például a texas longhorn, illetve az afrikai kuri vagy a watusi esetében lehet tenyészcél a minél hosszabb szarv, de a szarvszíneződésekre vonatkozóan e fajták esetében sincs pontos információnk.

### **3.3. A kültakaró színeződése**

#### **3.3.1. A kültakaró színeződésének jelentősége az állattenyésztésben**

Az állatok színe, speciális jegyei az állattenyésztésben igen nagy szerepet játszottak, különösen a fajták kialakításának idején. A hobbitenyésztésben ez ma is rendkívül széles körben érvényes.

A vadon élő állatok színe rendszerint barnásszürke, ún. vadszín. Ez a szín biztosítja az állat számára a mimikri révén a legjobb védelmet. A háziasítással sok fajban lépett fel színmutáció, amit az ember a kiválogatással igyekezett megőrizni. A háziállatfajták szelekciójával az ősök eredeti, többnyire nem változatos, a környezethez jól alkalmazkodó, legfeljebb a téli-nyári változatban létező vad színei gyakran eltűntek (ZÖLDÁG, 2004a).

A háziállat-populációk genetikai sokszínűsége sokkal nagyobb, mint a vad állományoké, és a tenyésztési aktivitás tovább növeli ezt a változatosságot (BREM – KRÄUBLICH, 2003). A jegyek különösen fontos szerepet játszanak a törzstenyésztésben, ahol a párosítás alapja a fajtatiszta tenyésztés. A törzskönyvbe tartozás feltétele a származás-ellenőrzés, valamint a fajtaival és standardleírással való azonosulás (pl. színek és jegyek). Legtöbb esetben ezek szolgálták annak megkülönböztetésére, hogy fajtatiszta vagy keresztezett állatról van-e szó.

A különböző állatfajokra jellemző szőrszínváltozatok genetikai hátterének megismerésére az utóbbi években jelentős kutatói törekvés irányul. Az egyes szarvasmarhafajták szőrszínének kialakításáért felelős génekről – a többi állatfajhoz képest - még viszonylag keveset tudunk. Ez valószínűleg azzal függ össze, hogy a szarvasmarhánál, a lóval ellentétben, a szín az utolsó évszázadban - a fajták kialakulása után- rendkívül alárendelt szerepet játszik. KANTANEN és mtsai (2000) felhívják a figyelmet arra, hogy a törzskönyvekben meghatározott hagyományos szőrszín-típusok megőrzése és fenntartása kiemelkedő fontosságú a veszélyeztetett hagyományos háziállatfajták génmegőrzése szempontjából.

A testfelület színe, a szín megoszlása és rajzolata a kvalitatív tulajdonságok közé tartozik (HORN, 1971). Ezek jellemzője, hogy

- kevésbé függnnek a külső környezettől
- nem fejezhető ki mértékegységekkel
- a populáción belüli megjelenésük általában nem folyamatos, diszkontinuus változatosságot mutató
- öröklésmenetük általában egyszerűbb, egy részük a Mendel-féle hasadási szabályokkal magyarázható.

A pigmentáltság négy alapvető formában jelentkezik:

- **Melanizmus:** a fekete színárnyalat a jellemző
- **Flavizmus:** a pigmentáltságnak az előbbinél mérsékeltbb formája
- **Leucizmus:** csak a bőrben és a szivárványhártyában található pigment, a szőr (toll) festékanyagot nem tartalmaz
- **Albinizmus:** a pigmentképződés teljes hiánya, a szivárványhártya is pigmentmentes, a szem pedig pirosnak tűnik a retina vérereinek áttűnése miatt.

A mai molekuláris genetikai ismereteink szerint ezek a csoportok nem teljesen fedik a jól ismert genotípusokat (HORN, 1971).

A szőrzet színe nemcsak az állatok azonosításában nyújt segítséget, hanem a klímaviszonyoktól függően is van gazdasági jelentősége (HORN, 1971; BREM, 2003). Azok a szarvasmarhák, amelyeket egész évben a szabadban tartanak vastag, prémes szőrt növesztenek. A trópusokon a sötét bőrrel társuló fehér, halványan színezett vagy vörös szőrtakaró a kívánt kombináció, hogy csökkentse az intenzív napsugárzás káros hatását. A fehér szőr pigment nélküli bőrrel nem kívánatos, mert a fehér fejű fajtáknál (pl. hereford, szimentáli) szemrákhoz vagy bőrszövetgyulladásához vezethet (ANDERSON, 1991). Éppen ezért keresettek az ókulával rendelkező egyedek. A fekete vagy sötét szőrtakarójú és fekete bőrű egyedek a magasan fekvő területeken előnyösek, mert a sötét szín elhárítja a rövidhullámú sugarakat (BREM, 2003).

HORN (1971) véleménye szerint a szőrzet színe az alábbi tényezőkön keresztül lehet hatással a termelés gazdaságosságára:

- kapcsolatos a konstitúcióval (hőtűrés, betegségre való hajlam)
- befolyásolja a bőr, a szőr és a toll felhasználhatóságát (festhetőségét)

- megkönnyíti a fajtajelleg elbírálását
- kielégít esztétikai szempontokat.

A pigmentált bőr nagyobb biológiai értékű, jobb vérellátása (hőleadásban lehet szerepe) folytán fejlettebbek benne a verejtékmirigyek (hőreguláció) és a faggyúmirigyek is nagyobb számban fordulnak elő. A világos bőrű állatok sokkal érzékenyebbek azokra a takarmányféleségekre, illetve anyagokra (pl. fagopirin, fillocitrin), amelyek növelik a szervezet fényérzékenységét. A fény egyben inger is jelent újabb pigmenttestek képzésére. A pigmentált bőr bizonyos betegségekkel, mechanikus vagy kémiai behatásokkal szemben is ellenállóbb (HORN, 1971). EBOZOJE – IKEOBI (1998) magasabb mortalitást figyeltek meg a világosabb szőrszínű nyugat-afrikai törpekecskék esetében. A szemgyulladások előfordulása ritkább az ókulával (szemfolttal) rendelkező egyedek között. Más, főleg járványos és hiánybetegségekkel szemben viszont a pigmentáltság általában nem nyújt nagyobb védelmet (HORN, 1971).

GOODWIN és mtsai (1995) szerint a világos szőrszínű és sötéten pigmentált bőrű egyedek jobban alkalmazkodnak a trópusi körülményekhez, ahol nagy a napsugárzás. A szürke szőrszín a meleg klímához való alkalmazkodásban előny. A sötéten pigmentált bőr a nap ultraibolya sugárzásától, míg a fehér szőrök visszaverő felülete a hyperthermiától védi meg az állatot.

BERTIPAGLIA és mtsai (2007) a hőstresszhez való alkalmazkodóképességre irányuló vizsgálataikban brazil braford tehének szőrének különböző jellemzőire vonatkozó  $h^2$ -értékeket közölnek (pl: a szőrzet fényvisszaverő képességének  $h^2$  értéke: 0,30).

Amennyiben a bőr, a szőr vagy a toll a termék, a pigment és a termelés közötti összefüggés közvetlen. Általában jobban keresik a (színtelen) fehér gyapjút, tollat és főleg nemesprémek esetében a szín nagymértékben befolyásolja az áru értékét. Sok esetben a húsiparban nem kívánatos a pigmentált bőr, szőr, toll, mert rontja az áru tetszetősségét.

EBOZOJE – IKEOBI (1998) nyugat-afrikai törpekecskéknél vizsgálták a szőrszín és a reprodukció, az alomnagyság és a választás előtti súly közötti összefüggéseket. Azt tapasztalták, hogy a pigmentáltság mértékének növekedésével javultak a szaporasági mutatók. Hasonló eredményekről számolt be OSINOWO és mtsai (1988) yankasa juh és

SCHLEGER (1962) afrikandler szarvasmarhák esetében. Más szerzők azonban (PETERS és mtsai, 1982) nem tapasztaltak ilyen szoros kapcsolatot a kültakaró színe és az ivadékok teljesítménye között.

NAGY (2006) a magyar racka juh fekete és fehér színváltozatainak testméreteit hasonlította össze és szignifikáns különbségeket talált a marmagasság, a mellkas mélység, mellkas szélesség és farszélesség, valamint a szarvhossz esetében.

FÉSÜS és mtsai (2005) sertések esetében vizsgálták a KIT (tirozin-kináz receptor, foltosság kialakításáért felelős gén) genotípusok és a malacok születési súlya és választás előtti testsúlya közötti lehetséges összefüggéseket.

STACHURSKA és mtsai (2006) különböző szőrszínű lovak versenyeredményeit összehasonlítva nem tapasztaltak szignifikáns összefüggést a Grey (szürke) lókus és a lovak versenyteljesítménye között. Ugyanakkor az MC1R gén vizsgálatokor kismértékű eltérést tapasztaltak az angol telivér és az arab lovak esetében: a pej és fekete színű lovak - nem szignifikáns mértékben - de jobb eredményeket értek el, mint a sárga színűek.

Szarvasmarha esetében a szőrzet színe a hőháztartásban játszott szerepe révén hatással lehet a termelésre. Az ezzel kapcsolatos kutatásokat zömében trópusi körülmények között tartott szarvasmarhákkal folytattak. FINCH (1986) szerint a sötét kültakaró negatívan befolyásolja a húsmarhák napi súlygyarapodást. BECERILL – WILCOX (1994) szubtrópusi és trópusi körülmények között holstein-fríz tehenekkel végzett kísérleteik során szignifikáns pozitív összefüggést mutattak ki a fehér szőrzettel borított százalékos aránya és a tejtermelés között (2,40 és 1,95 kg tej/fehér szőrzet százalék). Meghatározták továbbá a fehér szőrzettel fedett test százalékos arányának örökölhetőségi értékét holstein tehenek esetében ( $h^2 = 0,779$ ).

A szín és a színfoltok szabályos vagy szabálytalan elrendeződése sokszor a legjellegzetesebb fajtabélyeg. Sok állatfajtában a színeződés még ma is a tenyészkiválasztás fontos tényezője. Ez esetben óvakodni kell az okszerűtlen színformalizmustól. Nem arról van szó, hogy figyelmen kívül kell hagyni azokat a színeződésben megmutató jeleket, amelyek a fajtatisztaság hiányára utalnak, hanem

arról, hogy a lényegtelen színbeli eltéréseket nem szabad túl szigorúan figyelembe venni (HORN, 1971).

Lengyel kutatók (STACHURSKA – BRODACKI, 2000; STACHURSKA – PIETA, 2006; STACHURSKA – BRODACKI, 2007) kimutatták, hogy a szőrzet színe igenis szerepet játszik a lovak szelekciójában: például a wielkopolski és malopolski állományokban a pej, míg más lengyel melegvérű lovak esetében a sárga egyedeket részesítettek előnyben.

NDUMU és mtsai (2007) vizsgálatai azt mutatták, hogy az ankole szarvasmarhát tenyésztők a bikák kiválasztásánál előnyben részesítették a sötétebb szőrszínű és a hosszú, előreálló szarvú egyedeket.

A kültakaró színe és az állatok viselkedése (vérmérséklete) közötti összefüggést TÓZSÉR és mtsai (2003) kutatási eredményei is igazolták. Vizsgálataikban szignifikáns különbséget mutattak ki az angus fekete és vörös színváltozatú egyedei között: a vörös egyedek voltak nyugodtabbak. Szarvasmarha temperamentum-vizsgálattal számos külföldi tanulmány is foglalkozott: MORRIS és mtsai (1994) angus és hereford fajták temperamentumát hasonlították össze és eredményeik alapján az angus bizonyult nyugtalanabbnak. A hereford fajta nyugodtabb vérmérsékletét igazolták STRICKLIN és mtsai (1980) eredményei is (a galloway fajtával szemben). HOLLÓ és mtsai (2004) pedig azonos körülmények között tartott magyar szürke és holstein-fríz hízóbikák vérmérsékletét vizsgálták, de nem találtak szignifikáns különbséget a két fajta között. A két tulajdonság közötti összefüggést a melaninok és a katekolaminok (adrenalin, noradrenalin) szintézisének biokémiai hátterével magyarázzák NAGATSU és mtsai (1964). A viselkedés megváltozását ezen kívül okozhatja az is, hogy az albínó egyedek pigmenthiánya zavart okoz a fényérzékelésben.

### **3.3.2. Az évszak szőrszínét befolyásoló hatása**

A szőrzet színét az évszak is befolyásolja. A magyar szürke esetében a fedőszőr nyáron általában rövid és egyenes. Télen a szőrzet tömöttebbé válik, hiszen így nyújt kellő védelmet a hideg ellen, és a színe is sötétebbé válik. Hasonló megállapítást tartalmaz a

romagnola fajtastandardja is (ANABIC, 1999b). Az őszi-téli szőrzet rendszerint több rőt árnyalatú szőrszálat is tartalmaz.

VAGE és mtsai (1997) megállapították, hogy az agouti protein és az  $\alpha$ -MSH közötti egyensúly a fotoperiódusoknak megfelelően változik: nyáron magasabb  $\alpha$ -MSH-, míg télen magasabb agouti protein-szint a jellemző. Nyáron a hosszabb nappalok, a megnövekedett UV sugárzás szintén befolyásolja a pigmentszintézist. A gyors szőrnövekedés és a melanociták működésének általános csökkenése azonban világosabb téli szőrzet kialakulását eredményezheti. Ezt a megállapítást STACHURSKA és mtsai (2004) eredményei is megerősítik. A lengyel szerzők hivatkoznak továbbá MACIEJOWSKI – ZIEBA (1982) nyulakkal végzett kísérleteikre, melyek során bebizonyosodott, hogy a melanogenezis folyamata lassabb alacsonyabb hőmérsékleten.

### **3.3.3. A szőrzet színének műszeres mérése**

A színmérés eszköze a kromaméter. Hazánkban a Nemzetközi Világítástechnikai Bizottság (CIE) által 1976-ban kidolgozott  $L^*a^*b^*$  színrendszer került szabványosításra. Napjainkban ez a leggyakrabban alkalmazott színintenzitás mérési módszer (CURIK és mtsai, 2002). Előnye, hogy segítségével mind a szín intenzitása, mind pedig a telítettsége mérhető.

A kromamétert sokoldalú felhasználhatósága miatt az ipar, az egészségügy és a mezőgazdaság számos területén sikerrel alkalmazzák. A CIE által 1976-ban kidolgozott  $L^*a^*b^*$  színrendszert széles körben használják dermatológiai vizsgálatoknál a haj és a bőr pigmentáltságának mérésére (HA és mtsai, 2003; WAGNER és mtsai, 2002). ALALUF és mtsai (2002) is azt tapasztalták, hogy szoros összefüggés van az  $L^*a^*b^*$  értékek és az emberi bőr pigmentáltsága között. Vizsgálataik szerint a sötétebb színű bőr alacsonyabb  $L^*$  és magasabb  $a^*$  és  $b^*$  értékekkel jellemezhető.

A mezőgazdasági jellegű felhasználás jelentős részét a különböző húsminőségi paraméterek vizsgálatával foglalkozó kutatások (ABRIL és mtsai, 2001; D'AGATA és mtsai, 2005) teszik ki, hiszen a hús színéből számos funkcionális tulajdonságra (víztartóképeség, eltarthatóság) lehet következtetni. HOLLÓ és mtsai (2003) a mangalicahús, BÓDI (2003) és PÁLFY - GUNDEL (2006) pedig a baromfihús színére

vonatkozóan közölt új eredményeket. ZELENÁK és mtsai (2004) legelőn tartott és intenzíven hizlalt magyar szürke bikák esetében vizsgálták a hússzín és a tartási körülmények összefüggéseit.

Az utóbbi években egyre jelentősebb kutatói törekvés irányul a különböző állatfajok szőrszínét befolyásoló genetikai tényezők megismerésére. Ezekhez a vizsgálatokhoz fontos információkat szolgáltathatnak a szőrzet színének objektív mérésén alapuló vizsgálatok.

STACHURSKA és mtsai (2004) fakó konik és bilgoraj lovak esetében alkalmazták a Minolta Chromameter műszert (CR-310 típus) annak megállapítására, hogy van-e különbség a nyári és a téli szőr színe között. Megállapításaik szerint a téli szőr világosabb (alacsonyabb  $L^*$  értékek), kevésbé vöröses (alacsonyabb  $a^*$  értékek) és sárgásabb színű (magasabb  $b^*$  értékek), mint a nyári szőr. Különböző lófajták (arab telivér, shagya arab, lipicai, gidrán és nóniusz) téli és nyári szőrzetének színértékeire vonatkozóan szintén szignifikáns eltéréseket állapított meg TÓTH (2006) is, azzal a különbséggel, hogy vizsgálatában a téli szőrzet magasabb  $a^*$  értékkel volt jellemezhető, mint a nyári szőrzet.

Mindkét szerző kimutatta a kor, az ivar és a mérési évszak szőrszínre befolyásoló hatását. A lengyel szerzők különbséget találtak még a különböző körülmények között tartott lovak szőrszínében is: az istállózott lovak téli és nyári szőrzetükben is sötétebbek voltak, mint a szabadban tartottak.

STACHURSKA és mtsai (2004) szerint az  $L^*$  és a  $b^*$  értékek alkalmasak leginkább az egyes színváltozatok jellemzésére. Kutatási eredményei alapján TÓTH (2006) az  $L^*$  értéket tartja a leginkább diszkrimáló tényezőnek.

#### **3.3.4. A pigment szintézis biokémiai háttere**

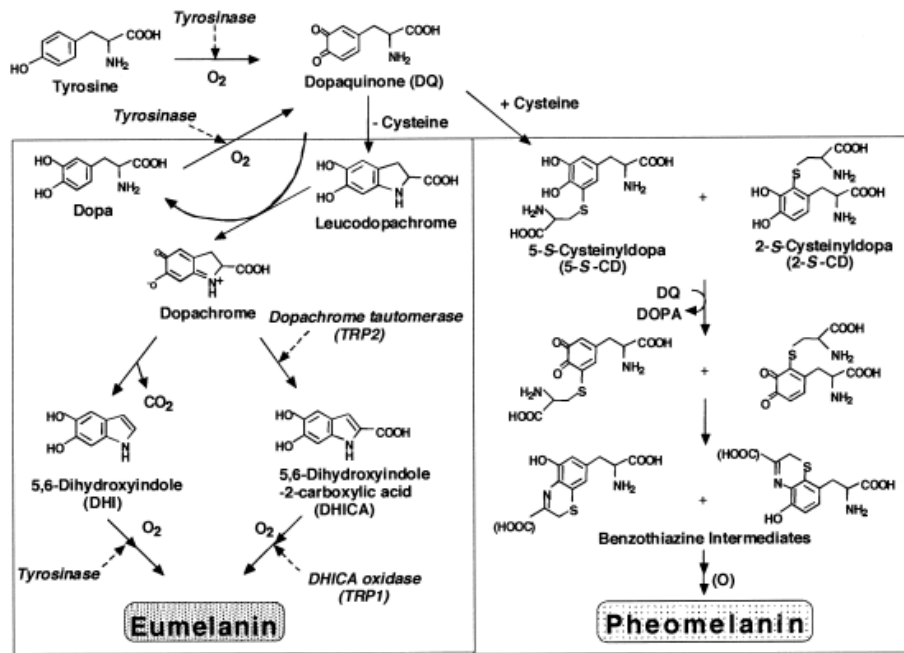
A bőr egyedspecifikus, teljes vagy foltokban megjelenő pigmentáltsága védi a szervezetet a rövid hullámhosszú sugarak hatásától. A hám mély rétegének sejteiben változó mennyiségű, a sárgától a sötétbarnáig terjedő színű *melaninszemcsék* jelennek meg. A melanociták pigment szemcséiben levő melaninszerű anyag tirozinból

többszörös oxidációs folyamaton keresztül alakul ki. A melanociták nyúlványain át szétoszlanak, és az általuk termelt melanint a bőr tüskés rétegébe továbbítják, amit azok szemcsék formájában felvesznek (FEHÉR, 1980).

A melanin feladata mindenekelőtt az ultraviola sugárzással szembeni védelem és a szabad sugárzások elnyelése, ezért alkalmas arra, hogy az UV káros hatásaitól védje a DNS-t, a fehérjéket és egyéb makromolekulákat (HILL, 1992; WONG – REES, 2005). A fényelnyelés révén jelentős szerepet játszik a hőszabályozásban, a szabadgyökök elnyelése révén kémiai védelmet is nyújt (RILEY, 1997; ROUZAUD és mtsai, 2005).

A pigmenttermelési folyamat elején a melanoszómban a pigmentsejtekhez melanocita stimuláló hormon receptorok (MSHR) kapcsolódnak. Az MSHR receptor szinonim elnevezése a melanocortin-1 receptor gén (MC1R). A pigmentsejtek már az embrionális fejlődés során, a szöveti differenciálódás különböző szakaszaiban eloszlának az egyes szövetekben. A melanociták differenciálódása az embrionális velőcső őssejtjeiből történik, ugyanezen sejtcsoportok a látó-és hallószerv agyi központjainak, illetve az érfali szövetek kifejlődéséhez is hozzájárulnak. Valószínűleg ezzel magyarázható, hogy az albinizmos pigmenthiány, vagy más pigmenttermeléshez kötődő zavarok idegrendszeri rendellenességekkel is együtt járhatnak (KLUNGLAND – VAGE, 2003; ZÖLDÁG, 2003).

A melanocitákban alapvetően kétféle pigment termelődik: a fekete vagy barnás színű eumelanin, illetve a vöröses vagy sárga feomelanin. A fekete a sötétebb, míg a vörös a világosabb színek kialakulásáért felelős. Szintézisük (1. ábra) eltérő anyagcsereúton zajlik (PROTA, 1992).



1. ábra: A pigment szintézis folyamata  
(Forrás: ITO és mtsai, 2000)

### 3.3.5. A szín örökítésében szereplő gének és alléljeinek hatása

SPONENBERG – WEISE (1997) és OLSON (1998) kutatási eredményei is megerősítik, hogy a háziállatok kültakarójának színét alapvetően a kétféle pigment kombinálódása, eloszlása, kiterjedése, hígulása vagy a termelődés hiánya határozza meg. Az eumelanin és a feomelanin termelődését a tirozináz enzim aktivitása befolyásolja, amelynek működését az MSH receptor szabályozza. Alacsonyabb tirozináz aktivitás a feomelanin, míg magasabb tirozináz aktivitás eumelanin termelődéséhez vezet. Az MSH receptort az Extension lókuszt kódolja. Az eumelanin termelődését a tirozináz mellett más enzimek is, így a TYRP1 (tirozináz-szerű fehérje), a dopakróm-tautomeráz (DCT vagy más néven TYRP2) is szabályozzák (KLUNGLAND – VAGE, 2003).

Egerekben közel száz pigmentációt befolyásoló lókuszt azonosítottak. Ezek több mint fele már klónozásra és szekvenálásra került. A lókusztok által termelt proteinek a melanociták biológiájának különböző szakaszaiban vesznek részt, a melanociták embrionális velőcső őssejtjeiből való migrációjától és fejlődésétől a melanin bioszintézisén, kontrollján, a melanoszóma biogenezisének át a melanoszómák transzportjáig (GUIBERT és mtsai, 2004).

Az emlősök pigmentációját szabályozó gének (1. táblázat) subcelluláris, celluláris, szöveti és környezeti szinten hatnak (SULAIMON – KITCHELL, 2003).

1. táblázat:

**A szarvasmarha szőrszínének kialakításában szereplő gének**

Lókuszt	Kódolt fehérje	Hatás	Szarvasmarha kromoszóma
<b><i>Subcelluláris szinten ható gének</i></b>			
Albínó (C)	Tirozináz (Tyr)	Pigmentáció hiánya	29
Barna (B)	Tirozinázszerű-1-protein (Typr1)	Színhígulás	8
Slaty	Tirozinázszerű-2-protein (Typr2)/ Dopachrome-tautomerase (DCT)	Színhígulás	12q23
Silver	Pmel 17	Melanoszóma struktúrát és funkciót befolyásolja	5
<b><i>Celluláris szinten ható gének</i></b>			
Lethal spotting	Endothelin-3	Foltosság	13
Piebald spotting	Endothelin-receptor	Foltosság	12q22
<b><i>Szöveti szinten ható gének</i></b>			
Roan (deres)	Mast cell growth factor (MGF)	Deres szín kialakulása	5
Steel/spotting	KIT	Tarkaság	6q23
<b><i>Környezeti gének</i></b>			
Agouti (A)	Agouti signaling peptide (ASIP)	Extension lókuszt antagonistája	13
Extension	MSH-receptor (MC1R)	Eumelanin termelést indukál	18

SULAIMON – KITCHELL (2003) után

A legtöbb szarvasmarha szőrszínváltozat kialakításában az **MC1R gén** (melléklet 1. ábra) játszik szerepet, ezért számos vizsgálat folyt a génnel kapcsolatban. A gén pontos helyét WERTH és mtsai (1996) határozták meg a 18. kromoszómán. Szarvasmarhában az első vizsgálatok (KLUNGLAND és mtsai 1995; JÖRG és mtsai 1996) egy domináns fekete: **E<sup>D</sup>** (L99P) és egy recesszív vörös: **e** (310delG) allélról számoltak be. E mutációk nélküli bármely kódoló szekvenciát a vad-típusú allélnak (**E<sup>+</sup>**) tekintették, ami a legtöbb vörös, vörösesbarna vagy fekete variánsok kombinációjának kialakításáért felelős (OLSON, 1998). Az allélek dominanciasora a következő: **E<sup>D</sup>>E<sup>+</sup>>e** és teljes.

KÖNIG és mtsai (2007) feltételezték, hogy az őstulok (*Bos primigenius primigenius* – *Bojanus, 1827*) **E<sup>D</sup>/E<sup>+</sup>** genotípusú lehetett: ezek az allélek lehettek felelősek a borjak

születéskori vörös szőrszínéért, mely felnőtt korra fekete színűvé sötétült. Véleményük szerint a vad-típusú allél ( $E^+$ ) szerepet játszhatott a környezethez való alkalmazkodásban, ezért összefüggés lehet az allél és a termékenység, a perzisztencia, a hosszú hasznos élettartam és egyéb funkcionális tulajdonságok között. Több száz holstein-fríz egyedden végzett vizsgálatuk eredményei szignifikáns összefüggést mutattak az  $E^+$  allél jelenléte és a könnyű ellés, a non-return index, valamint a farlejtés között.

Az utóbbi években egyre több szarvasmarhafajta MC1R genotípusait azonosítják a kutatók. MAUDET – TABERLET (2002) 18 francia és 7 olasz szarvasmarhafajta esetében vizsgálták az MC1R lókuszt polimorfizmusát. SASAZAKI és mtsai (2005) japán fekete, japán vörös és a koreai marha esetében közöltek az extension lókuszt érintő allélgyakorisági értékeket. PARISSET - VALENTINI (2003) egy egyszerű PCR-RFLP tesztet dolgozott ki a holstein-fríz fajtában vörös szőrszín okozó allélek gyors kimutatására.

Az E lókussszal kapcsolatban folytatott kiterjedt vizsgálatokkal szemben az **agouti lókuszt** viszonylag kevesebb információ áll rendelkezésre. Molekuláris genetikai vizsgálatok bizonyították (BULTMAN és mtsai, 1992; MOUNTJOY és mtsai, 1992; ROBBINS és mtsai, 1993; CONE és mtsai, 1996; JACKSON, 1997; MILTENBERGER és mtsai, 2002), hogy az E lókuszon található melanocortin-1 receptor (MC1R) mellett az agouti signaling peptid (ASIP) játszik fontos szerepet a szőrszín kialakításában. Az agouti az extension lókuszt antagonistájaként viselkedik: az MC1R-hez kapcsolódva megakadályozza az MSH-MC1R összekapcsolódását, ezzel feomelanin termelést indukálva (BULTMAN és mtsai, 1992).

Háziállat fajták esetében az ASIP gén szerepe még nem teljesen tisztázott. RIEDER és mtsai (2001) 22, a kültakaró színében nagy változatosságot mutató lófajta esetében csupán egyetlen, recesszív fekete allélt találtak az ASIP génen. Sertésekben LEEB és mtsai (2000), valamint FERNÁNDEZ és mtsai (2003) is azonosítottak mutációkat az ASIP gén szekvenciájában, de nem sikerült összefüggést találniuk a szőrszínnel kapcsolatban. DINULESCU – CONE (2000) szerint az agouti gén a humán pigmentáció kialakításában sem játszik szerepet.

Szarvasmarhával végzett vizsgálataik során GUIBERT és mtsai (2004) kimutatták, hogy az agouti gén kódoló régióiban nem található olyan mutáció, mely a feomelaninos szőrszínben mutatkozó hígulást okozhatná. Különböző szőrszínű szarvasmarhafajták vizsgálata során több kutatócsoport (GIRARDOT és mtsai, 2005; ROYO és mtsai, 2005; GRAPHODATSKAYA és mtsai, 2006) sem talált különbségeket az ASIP gén kódoló szekvenciájában. Ezek alapján megállapították, hogy az ASIP gén nem játszik központi szerepet a szarvasmarha szőrszínváltozatok kialakításában.

A 29.-ik kromoszómán található  **tirozináz (TYR) gén** mutációi tehetők felelőssé a különböző albinizmos formák megjelenéséért (SCHMIDTZ és mtsai, 2001). A gén nem kódoló szakaszában azonosított egyik mutáció pedig a white park szarvasmarhafajtában is megfigyelhető akromelanizmust okozza. Ebben az esetben a gén a hőmérséklet csökkenésével aktiválódik és a test perifériális, vérrel kevésbé ellátott területein sötétebb pigmentáltságot eredményez (ZÖLDÁG, 2004b). GAN és mtsai (2007) négy, különböző szőrszínű Kínában tenyésztett szarvasmarhafajta TYR génjének szekvenálása során azonban nem találtak polimorfizmust.

A  **tirozináz-szerű 1 protein (TYRP1) génjét** BERRYERE és mtsai (2003) a 8. kromoszóma BL1080 és BM4006 mikroszatellitek közé térképezték. A TYRP1 a tirozinázhoz és a TYRP2-höz viszonyítva a melanogenezis egy későbbi szakaszában kapcsolódik be a szabályozásba (miután már eldőlt, hogy eumelanin vagy feomelanin fog-e termelődni). Éppen ezért csak az eumelaninhoz kapcsolódó szőrszínváltozatok kialakításában van szerepe (KOBAYASHI és mtsai, 1998; GUIBERT és mtsai, 2004). A TYRP1 gén valószínűleg csak a dexter fajtában megfigyelhető színhígulásért felelős (BERRYERE és mtsai, 2003). Az MC1R és a TYRP1 közötti kölcsönhatás fontosságát mutatták ki kutyákban (NEWTON és mtsai, 2000) és szarvasmarhában is (BERRYERE és mtsai, 2003).

A  **tirozináz-szerű 2 proteinnel (TYRP2 vagy DCT)** kapcsolatban kevés információ áll rendelkezésre. A TYRP1-hez hasonlóan a termelt melanin mennyiségét és minőségét befolyásolja (GUIBERT és mtsai, 2004).

A  **tirozin-kináz receptor (W-lókuszt)** kapcsolatban áll a melanociták osztódásával és migrációjával (HEARING – KING, 1993). A receptort BARENDSEE és mtsai (1997) a

6. szarvasmarha kromoszómán az ILSTS097 és a CSN3 markerek közé térképezték. GROSZ – MACNEIL (1999) szintén a 6. kromoszómán, a BMS2460 és a BM4528 markerek közé határozták meg a foltosságért felelős gén (*Spotted* lókus) helyét. Mivel a két szerzőcsoport által meghatározott régió szorosan kapcsolódik egymáshoz, REINSCH és mtsai (1999) véleménye szerint a KIT és a Spotted lókus valószínűleg egy és ugyanaz.

A **deres** szín kialakításáért egy gén felelős, melynek két ko-domináns alléljét CHARLIER és mtsai (1996) az 5. szarvasmarha kromoszómára térképezték. SEITZ és mtsai (1999) egy báziscserés mutációt azonosítottak a génben. A domináns allél homozigóta állapotban fehér kültakarót eredményez és összefüggésben van a fehér üsző betegséggel.

A melanogenezis transzkripciós szinten történő szabályozásában szerepet játszik a **microthalmiához kötődő transzkripciós faktor (MITF)**, mely részt vesz minden melanoszomális proteint kódoló gén kifejeződésének szabályozásában. A MITF-t felülszabályozza az  $\alpha$ -MSH MC1R-hez való kötődése (GUIBERT és mtsai, 2004).

Szarvasmarhában még nem folytak kiterjedt kutatások a **Silver lókusszal** kapcsolatban, de az előzetes eredmények alapján KÜHN – WEIKARD (2007) azt feltételezik, hogy ez az egyik olyan gén, amelyik felelős a charolais fajtában megfigyelt színhígulásért.

### **3.3.6. A magyar szürke szarvasmarha szőrszínváltozatai és azok kialakításában részt vevő lehetséges gének és allélek**

A magyar szürke marha az ezüstszürkétől a sötét daruszínig terjedő színárnyalatokban fordul elő. Az egészen világostól a sötét felé haladva az alábbi színváltozatokat különítik el BODÓ és mtsai (2002): ezüstfehér, ezüstszürke, darvas, daru, sötétdaru és rigószőrű. A bikák színe általában változatosabb, mint a teheneké, bár azok sem teljesen egyszínűek. Általában a test elülső része valamivel sötétebb árnyalatú. A bikák ókulája is hozzátartozik a fajtajelleghhez. A bika nyaka, az alkar előrenéző felülete, a váll, a mar, a mellkas és a has oldalt és alul, majd különösen a konc fekete színű, de legalábbis kormos (BODÓ, 1987).

OLSON (1998) a magyar szürke marha, a chianina és más hasonló színű olasz fajták, illetve a szürke vagy fehér zebu fajták szőrszíneződésével kapcsolatban pedig megjegyzi, hogy a kialakító géneket még nem ismerik teljes mértékben, részben a fajták szőrszínében jelentkező nagy változatosság miatt. Megállapítja azonban, hogy e fajták szőrszíneződései az alapszín kisebb vagy nagyobb mértékű kivilágosodásával jönnek létre. Általában a test alsó részén nagyobb mértékű a kivilágosodás és a vörös színű pigment nagyobb mértékben világosodik ki, mint a fekete.

Olasz kutatók (CREPALDI és mtsai, 2003) a magyar szürke rokonfajtái (chianina, marchigiana, romagnola) esetében végeztek az MC1R génre vonatkozó vizsgálatokat. Az állományban az extension lókuszt vad típusú ( $E^+$ ) alléljének rögzülését tapasztalták, ugyanakkor néhány egyed esetében – heterozigóta, illetve homozigóta formában is kimutatták a recesszív  $e$  allélt (vörös szín kialakítása) jelenlétét.

### **3.4. Termékek nyomonkövethetőségének vizsgálata az MC1R genotípusok felhasználásával**

Az a tény, hogy a szőrszín fontos fajtajelleg, lehetővé teszi a különböző színek kialakításában szereplő gének polimorfizmusainak felhasználását a termékek nyomonkövethetőségének vizsgálatára is. ROLANDO - DI STASIO (2005) húsmintákkal végzett vizsgálataik eredményei alapján megállapították, hogy az MC1R lókuszt vizsgálata alapján jól elkülöníthetők egymástól a piemonti, a blonde d'aquitaine és a holstein-fríz fajták. Ugyanez nem mondható el az aosta red pied fajta esetében, mivel az genotípusában megegyezhet a fent említett fajtákkal. SASAZAKI és mtsai (2007) hat marker, köztük az MC1R felhasználásával vizsgálták a japán fekete és az importált, főként ausztrál eredetű szarvasmarhafajták elkülönítésének lehetőségeit. Csupán az MC1R vizsgálata alapján 65,2% valószínűséggel tudtak adott fajtát helyesen beazonosítani, mind a hat marker felhasználása esetében ez az érték már 93,3%.

MAUDET – TABERLET (2002) eredetvédett francia sajtok esetében vizsgálták a nem megengedett, de esetlegesen bekevert holstein tej jelenlétét az MC1R allélek felhasználásával. RUSSO és mtsai (2004) szintén a tejtermékek eredetvédelme érdekében határozták meg öt olasz tejhasznú fajta MC1R genotípusait. Az E<sup>D</sup> allél csak a holstein-fríz fajtában volt kimutatható (allélgyakorisági értéke: 0,915), míg az E<sup>+</sup> allél az olasz barna, a modenese és az olasz szimentáli fajtákban volt jelen. A recesszív e allél a reggiana fajtában fixálódott és 0,958 allélgyakorisággal kimutatható volt az olasz szimentáli, valamint ettől kisebb gyakorisági értékekkel az olasz holstein, az olasz barna és a modenese fajtákban is. További kutatásaikban (RUSSO és mtsai, 2007) 18 fajta MC1R genotípusait ismertetik, valamint vizsgálják ezen információk felhasználhatóságát a Parmigiano Reggiano sajt eredetvédelmében.

FERNÁNDEZ és mtsai (2002) a duroc és az ibériai sertés elkülönítése érdekében vizsgálták az MC1R szekvenciáját. Azt tapasztalták, hogy az MC1R gén vizsgálata alapján egyértelműen elkülöníthető a két fajta, hiszen vannak olyan allélek, melyek csak az egyik fajtára jellemzőek.

A British Wild Boar Association szintén az MC1R gén alléljeinek vizsgálatán alapuló tesztet dolgozott ki a vaddisznóból és a házisertésből készült termékek elkülönítésére

(GARCIA és mtsai, 2006). CARRIÓN és mtsai (2003) e tesztet a KIT gén alléljeinek vizsgálatával kiegészítve egy megbízhatóbb módszert ajánlottak a vaddisznóból készült termékek eredetvédelmére. FAJARDO és mtsai (2007) kutatási eredményei a keresztezett egyedek kimutatását is lehetővé teszik.

BERETTI és mtsai (2007) szicíliai kecskefajták esetében vizsgálták a különböző szőrszínváltozatok és az MC1R genotípusok kapcsolatát, valamint azok felhasználásának lehetőségeit a kecsketermékek eredetvédelme érdekében.

A kültakaró pigmentáltságával foglalkozó irodalmak áttekintése rávilágít arra, hogy a szarvasmarha szőrszínével kapcsolatban – az egyre bővülő molekuláris genetikai ismeretek mellett – még viszonylag kevés objektív információ áll rendelkezésünkre. A műszeres színmérés alkalmazása adott szarvasmarha fajtában előforduló színváltozatok elkülönítésére elősegítheti a fajta genetikai diverzitásának megismerését és megőrzését. Ilyen jellegű vizsgálatok eddig csak lovak szőrszínével kapcsolatban folytak.

A szőrszín, mint fajtajelleg kiváló alapot nyújt olyan molekuláris genetikai tesztek kidolgozására, melyek lehetővé teszik a különböző állati termékek fajtaazonosságának vizsgálatát. Számos külföldi tanulmány vizsgálta több állatfajban a melanocortin-1 receptor gén polimorfizmusait és azok felhasználhatóságát állati termékek eredetvédelme érdekében. A magyar szürkemarhára vonatkozóan azonban ilyen jellegű vizsgálatok eddig még nem folytak.

## 4. ANYAG ÉS MÓDSZER

Kutatómunkánkat a Hortobágyi Természetvédelmi és Génmegőrző Közhasznú Társaság magyar szürke szarvasmarha állományában végeztük. Az állományt ivaronként, korcsoportonként gulyákba osztva több telephelyen tartják, a fajta igényeinek is megfelelő rideg körülmények között. Ez azt jelenti, hogy az állatok április végétől december elejéig a legelőn vannak, a téli szállást pedig félig nyitott istállók és karámrendszer jelenti. Vizsgálatainkban újszülött borjak, vemhes üszők, tehenek, tenyészbikák és tinók szerepeltek.

### 4.1. Szarvszín vizsgálatok

A fajtára jellemző szarvszínváltozatok arányának meghatározásához az adatfelvétel során szubjektív mérési módszert alkalmaztunk. Ennek módja a következő volt: az egyedekről digitális fényképet készítettünk, feljegyeztük az ENAR számukat, meghatároztuk a szarv színét, kormoltságának mértékét, majd az adatokat Microsoft Excel program segítségével dolgoztuk fel. A fényképeket Olympus C500 típusú digitális fényképezőgéppel készítettük, 2560x1920 felbontásban. A vizsgálatokban összesen 670 egyed szerepelt, a 2. táblázatban látható bontásban.

2. táblázat:

**A szarvszín vizsgálatokba vont állatok száma**

	<b>Egyedszám(n)</b>
Hímivar	181
Nőivar (ebből vemhes üsző)	431 (180)
Tinó	58
Összesen	670

A vizsgált 181 hímivarú egyed közül az 1997-2003 között született tenyészbikák (115 egyed) szarvszínének megállapításához a bikakatalógusok fényképeit használtuk fel.

A szarv kormoltságának vizsgálatokor a gulyások gyakorlati szóhasználatával történt a meghatározás. Szabályosan kormoltnak tekintettük azokat a szarvakat, ahol a szarvhossz egyharmadáig húzódott le a fekete szín. Az ettől rövidebb fekete színnel rendelkező szarvakat fehér szarv esetében magasan meszeltnek, kártyás és zöld szarv

esetében pedig sekélyen kormoltnak neveztük. Mélyen kormoltnak ítéltük azt a szarvat, ahol a fekete szín a szarvhossz egyharmadánál mélyebben húzódott le.

A származásra vonatkozó adatokat a tenyésztési naplókából gyűjtöttük ki. A magyar szürke szarvasmarhára jellemző szarvszínnek öröklésmenetének meghatározásához összesen 216 (ismert szarvszínű szülőktől származó) egyed adatai álltak rendelkezésünkre.

#### 4.1.1. Statisztikai értékelés

Adott tulajdonságra nézve a populációk százalékos megoszlásának vizsgálatához eloszlásokra vonatkozó nemparaméteres próbákat alkalmaztunk. Ezek közül a  $\chi^2$ -próba a legrégebbi, a legegyszerűbb és a kiindulási feltételekre legkevésbé érzékeny statisztikai próba (BARÁTHNÉ és mtsai, 1996). Diszkrét és folytonos valószínűségi változók eloszlásának vizsgálatára egyaránt alkalmas oly módon, hogy a folytonos változók esetén osztályokat képzünk és az osztálygyakoriságokat vagy a relatív osztálygyakoriságokat, illetve a megfelelő valószínűségeket vizsgáljuk.

Feltétel:

- nagy minta ( $n \geq 50$ )
- valamennyi megfigyelt osztályban az osztálygyakoriság  $f_i \geq 1$
- max. az osztályok 20%-ában lehet  $f_i \leq 5$ .

A homogenitásvizsgálat módszere két független minta eloszlásfüggvényének összehasonlítására szolgál. Semmilyen feltételezéssel nem élünk a populáció paramétereire vonatkozóan, valamint nem kell ismernünk a populációk eloszlásfüggvényét, amelyekből a minták származnak.

$\chi^2$ -próbát alkalmazunk két teljes eseményrendszer eseményeinek függetlenségére vonatkozó hipotézis ellenőrzésére. Azt vizsgáljuk, hogy az egyik ismérv különböző osztályaiban a másik ismérv szerinti minta elemek azonos eloszlást követnek-e, vagyis a 2. ismérv szerinti eloszlás független-e az 1. ismérvtől.

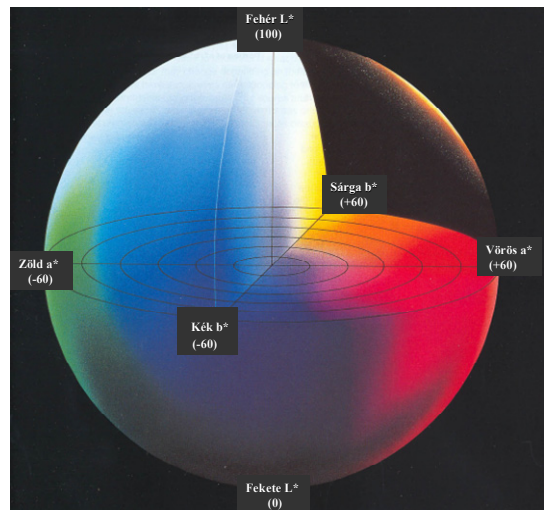
## 4.2. Szőrszín vizsgálatok

A szőrszínváltozatok objektív módon történő meghatározása a Debreceni Egyetem, AMTC, Állattenyésztéstudományi Intézetének tulajdonában levő Minolta Chromameter CR-410 típusú műszerrel (1. kép) történt. A mérések pontosságának biztosítása érdekében minden mérés előtt elvégeztük az előírásoknak megfelelő kalibrációt.

A műszer a Nemzetközi Világítástechnikai Bizottság (CIE) által 1976-ban kidolgozott  $L^*a^*b^*$  színrendszer alkalmazásával képes az objektív módon történő színmeghatározásra (2. kép). Az  $L^*$  (világossági) érték a szín intenzitását mutatja egy 0-tól 100-ig terjedő skálán, ahol az alacsonyabb értékek a sötétebb színt jelölik. Az  $a^*$  érték (+60-tól -60-ig terjedő skálán) a szín vörös-zöld, a  $b^*$  érték (szintén egy +60-tól -60-ig terjedő skálán) pedig a szín sárga-kék összetevőire vonatkozóan szolgáltat információt. A pozitív értékek mindkét színérték esetében a szín intenzitását jelzik. A három érték ( $L^*$ ,  $a^*$ ,  $b^*$ ) együtt határozza meg adott szín helyét a 3D színrendszerben (CIE).



1. kép: **Minolta Chromameter CR-410**  
(Fotó: Tóth Zsuzsa)



2. kép: **CIE  $L^*a^*b^*$  színrendszer**  
(Fotó: CIE honlap)

A méréskor végzett szubjektív színbírálat során meghatároztuk az egyedek szőrszínét, majd megtörtént a műszeres mérés.

#### 4.2.1. Újszülött borjak színének mérése

2006, 2007. január-április időszakokban összesen 303 magyar szürke borjú (3. kép) mérésére került sor, az alábbi bontásban: 2006 évben 181, 2007 évben: 122 vegyes ivarú borjú. (Az adatok között különbség nem volt, ezért együtt kerültek értékelésre). A szintén vegyes ivarú 14 limousin borjú (4. kép) mérése 2006. novemberében történt a Tedej Zrt. telepén.

A borjak színét a test bal oldalán, 4 ponton mértük a lapocka-far vonalában. Az ismételt mérések között az alábbi korrelációkat tapasztaltuk: a magyar szürke borjak világos pirók színváltozatánál az  $L^*$  értékek között közepes és szoros, az  $a^*$  és a  $b^*$  értékek között közepes korrelációt kaptunk. A pirók színváltozat esetében közepes, míg a sötét pirók színváltozatnál az  $L^*$  értékek között közepes, az  $a^*$  és  $b^*$  értékek esetében pedig gyenge korreláció tapasztalható. A limousin borjak esetében az  $L^*$  és  $b^*$  értékek között szoros korrelációt kaptunk.



3. kép: magyar szürke borjú  
(Fotó: Radácsi Andrea)



4. kép: limousin borjú  
(Fotó: Harangi Sándor)

Korábban, amikor még csak néhány magyar szürke tenyészet működött, a borjak születéskori szőrszínének bírálatára öt kategóriát alkalmaztak: igen világos, világos, világos pirók, pirók, sötét pirók. A mai helyzetben ez már nehezen kivitelezhető és ezért nem is indokolt beosztás. A dolgozat ezért az alábbi három fokozattal foglalkozik: világos pirók, pirók és sötét pirók.

#### 4.2.2. Felnőtt állatok színének mérése

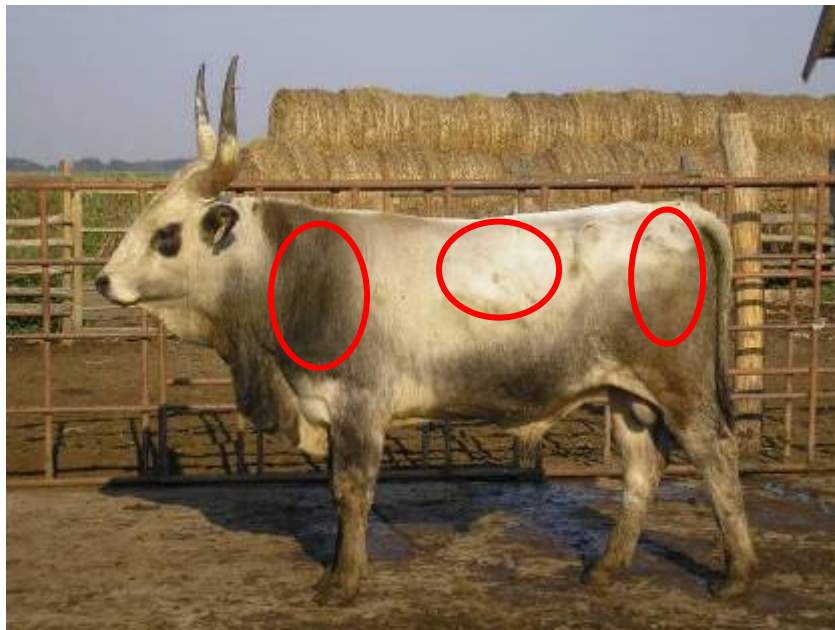
A felnőtt állatok mérése (3. táblázat) mindig valamilyen tömegmunkához (oltás, krotália-ellenőrzés) kapcsolódóan történt 2005-2007 években több alkalommal, így lehetőségünk volt a téli és a nyári szőrzet mérésére és összehasonlítására is.

3. táblázat:

##### A vizsgálatok során mért magyar szürke egyedek száma

	Egyedszám (n)
Hímivar	61
Nőivar	684
Tinók	183
Összesen	928

Az állatok színét a test bal oldalán mértük három ponton: nyak-lapocka, a test oldalsó része és a comb-far rész (5. kép). A három mérési terület kijelölésének oka, hogy a test elülső, illetve hátulsó része általában sötétebb. Mérési területenként 3-4 mérést végeztünk.



5. kép: Mérési területek  
(Fotó: Radácsi Andrea)

### 4.2.3. Statisztikai értékelés

Az adatok kiértékelése SPSS for Windows 11.0 (SPSS Inc., Chicago, IL) és SAS (SAS Institute, Cary, 1999) programok segítségével történt.

Az objektív mérés és a szubjektív színosztályozás közötti statisztikai összefüggések vizsgálatához *diszkriminancia-analízist* végeztünk. Az elemzés elvégzéséhez szükséges feltételek közül a változók mérési szintjére, az adatok függetlenségére, a csoportok kizárólagosságára, a mintanagyságra és a linearitásra vonatkozóak minden esetben teljesültek, a csoportok nagysága eltérő volt. A mért értékek nem minden esetben mutattak normál eloszlást, ami a nagy elemszám következménye is lehet. A variancia-homogenitás a Box'M mutatóval jellemezhető, melynek értéke: 165,396.  $p < 0,05$ . A multikollinearitás nem teljes mértékben teljesül, hiszen az egyes színértékek ( $L^*a^*b^*$ ) egymástól nem teljesen függetlenek.

A vizsgálat során azokat a változókat keressük, melyek az általunk meghatározott, szubjektív színváltozatokat a lehető legjobban elkülönítik egymástól. A statisztikai értékelés során STEPDISC, DISCRIM, CLUSTER és TREE műveleteket alkalmaztunk (SAS Institute, Cary, 1999). A cross-validation technikák közül a „leave-one-out” módszert használtuk, ahol az egyes változók kiválasztása egyenként történik. A diszkriminancia-analízis segítségével megállapítható, hogy mely színértékek a legfontosabbak a színváltozatok elkülönítésében. A szubjektív módon helyes, illetve helytelen csoportba sorolt egyedek arányának meghatározása mérés technikai szempontból bír kiemelkedő jelentőséggel.

Az egyes szőrszínváltozatok egymástól való elkülönülését a kromaméterrel mért színértékek ( $L^*$ ,  $a^*$ ,  $b^*$ ) alapján hierarchikus, összevonó *klaszteranalízissel* határoztuk meg. Az elemzés során a csoportok összekapcsolását Ward-féle eljárással, a távolságok mérését pedig az euklideszi távolságok alapján végeztük. A csoportképzés során a kiindulási jellemzők közül először az egymással legszorosabb kapcsolatban levő kettőt vonjuk össze. A csoportok képzése így ismétlődik, míg minden csoportot egybe összevonunk. Az egyes színosztályok közötti kapcsolatot dendrogramokkal szemléltettük.

Az egyes színváltozatok színértékei (L\*a\*b\*) között fennálló összefüggések kimutatására egytényezős varianciánalízist és kétmintás t-próbát alkalmaztunk.

A születéskori és a kifejlettkori szőrszín, valamint a szarvszín és a szőrszín közötti összefüggések vizsgálatához  $\chi^2$ -próbát alkalmaztunk.

### 4.3. MC1R gén polimorfizmusainak vizsgálata különböző szarvasmarhafajtákban

A melanocortin-1 receptor gén polimorfizmusainak vizsgálatához PCR-RFLP módszert alkalmaztunk. A polimeráz láncreakció (PCR) jelenleg a genetikai vizsgálatok kiinduló pontja, ez a technika a leghatékonyabb módja egy adott DNS szakasz *in vitro* sokszorosításának. Egy vagy több DNS szekvencia közel exponenciálisan sokszorosítható egymást követő, szabályozott hőmérsékleten végbemenő reakciók ciklusain keresztül (FÉSÜS és mtsai, 2000). A technika kidolgozása MULLIS – FALOONA (1987) nevéhez fűződik.

Az RFLP (Restrikciós Fragment Hossz Polimorfizmus) a legáltalánosabban használt módszer ismert mutációk azonosítására (BOTSTEIN és mtsai, 1980). A kívánt régiót PCR segítségével felszaporítják, majd restrikciós endonukleázzal kezelik. A restrikciós enzimek baktériumok által termelt enzimek, amelyek meghatározott szekvenciát felismerve a DNS-t emésztik, vágják (DOWLING és mtsai, 1990). Az allélek közötti szekvenciakülönbség restrikciós enzim felismerő helyet hoz létre vagy töröl, így az enzimes emésztést követően minden allél a rá jellemző fragmenthosszt fogja mutatni. A különböző hosszúságú fragmentumokat ethidium-bromidot tartalmazó agaróz gélen futtatva (elektroforézis), UV fényben láthatóvá tehetők és elkülöníthetők. Az elektroforézis ionos töltésű molekulák elválasztását jelenti a felületi töltéssűrűség, a molekulatömeg és az alak alapján (FÉSÜS és mtsai, 2000). Egyenáram hatására a DNS molekulák a pozitív töltés irányába haladnak és hosszuktól függően más-más távolságban lesznek észlelhetők az elválasztás végén.

Az RFLP módszer előnye, hogy alkalmazásával könnyen, sok minta vizsgálható (AQUADRO és mtsai, 1992), ugyanakkor hátránya, hogy a vizsgált minták csak két genotípusba sorolhatók (ARCHIBALD - HALEY, 1993).

#### 4.3.1. A vizsgálatba vont fajták, egyedszámok és a minták származási helye

Vizsgálatainkat vér-és szőrmintákból, valamint a Mezőgazdasági Szakigazgatási Hivatal Központ (MgSzH) laboratóriumától kapott tisztított DNS mintákkal végeztük (4. táblázat). A termékek eredetvédelmének vizsgálatához különböző feldolgozott hústermékeket (kolbászt, szalámit, párizsit) és nyers marhahúst használtunk.

4. táblázat:

Fajta	Vizsgált egyedszám (n)	Minta	Minta származási helye
magyar szürke	240, 54	vér, szőr	Hortobágy, Fertő-Hanság
	14	tisztított DNS	MgSzH Labor
magyar tarka	60	vér, szőr	Derecske
	14	tisztított DNS	MgSzH Labor
charolais	17	szőr	Léh
limousin	10	szőr	Hajdúszoboszló
aberdeen angus	4	szőr	Adony
(vörös színváltozat)	30	tisztított DNS	MgSzH Labor
aberdeen angus	16	szőr	Adony
(fekete színváltozat)	16	tisztított DNS	MgSzH Labor
holstein-fríz	40	vér	Hód-Mezőgazda Zrt., Pély-Tiszatáj Agrár Rt., Nagykun Mg. Rt., Narivo Állattenyésztő És Növénytermesztő Kft.
	19	tisztított DNS	MgSzH Labor

#### MC1R genotípus meghatározása nyers marhahúsból és magyar szürkemarha húsból készült feldolgozott termékekből

Minták:

- nyers szürkemarhahús
- nyers marhahús (az, hogy milyen fajtájú állatból származik nem ismert)
- szürkemarha csemege szalámi

- szürkemarha csípős paprikás szalámi
- szürkemarha párizsi
- vörösboros szürkemarha pörkölt
- paprikás bioszalámi

#### 4.3.2. Mintaelőkészítés

##### Vérminta-vétel

Szükséges eszközök:

- 10 ml EDTA véralvadásgátlót tartalmazó műanyag vércsővek
- fecskendő

A vérminta-vétel az állatok torkolati vénájából (*vena jugularis*) történt, 5 ml mennyiségben egyedenként, EDTA véralvadásgátlót tartalmazó csövekbe. Állatonként külön injekciós tűt használtunk a minták szennyeződésének elkerülése érdekében. A mintákat feldolgozásig -20°C-on tároltuk.

##### Szörminta-vétel

Szükséges eszközök:

- visszazárható műanyag zacskó (60 x 80 mm)

A szörmintákat az állatok farokbojtjából gyűjtöttük, egyedenként 8-10 szőrszálat kitépve, ügyelve a minták átszennyezésének elkerülésére. A mintákat feldolgozásig -20 °C-on tároltuk.

A DNS-vizsgálatok elvégzéséhez tiszta genomiális DNS-re van szükség, melyek előkészítése a következőképpen történt:

### Genomiális DNS izolálása vérből (ZSOLNAI - ORBÁN, 1999)

Szükséges vegyszerek:

- vérmosó oldat (10 ml Tris; pH 7,5 + 1 ml 0,2M EDTA; pH 7,43)
- Proteináz K (15 mg Proteinase K por-enzim + 1 ml steril desztillált víz) (Promega, Medison, USA) (-20°C-on tárolva)
- Lízis puffer (10mM Tris + 50 mM KCl + 0,5% Tween 20) (1000 ml-re deszt. vízzel felöntve, autoklávozva).

A genomiális DNS izolálása Tris-EDTA oldattal történt. Eppendorf csövekbe 500 µl vérmosó oldatot adagoltunk (a vörös vértetek eltávolítása érdekében, mivel a Fe<sup>2+</sup> ionok inhibeálják a PCR reakciót), majd 50 µl vérmintát mostunk az oldatba. Az elegyet 10 másodperces vortexelés után 2 percig centrifugáltuk 1200/perc fordulaton. A centrifugálás után a felúszó elegyet leöntöttük, majd a mosás, vortexelés, centrifugálás műveletsort még kétszer megismételtük. A harmadik mosást követően a felúszó elegyet ismét eltávolítottuk és a csövek aljára tapadt sejt pelletet reszuszpendáltuk 100 µl lízis puffert és 4 µl Proteináz K enzimet tartalmazó elegyben. Az emésztés 56°C-os vízfürdőben 60 percig történt, majd az enzim inaktiválása céljából a mintákat 10 percig 94°C-os vízfürdőbe helyeztük. Az előkészített mintákat -20°C-on tároltuk a további vizsgálatig.

### Genomiális DNS izolálása szőrhagymából (FAO/IAEA, 2004)

Szükséges vegyszerek:

- puffer (250 µl Tween 20 + 5 ml 10X PCR puffer MgCl<sub>2</sub> nélkül + 5 ml MgCl<sub>2</sub> (25mM) + desztillált víz 50 ml re kiegészítve)
- Lízis puffer (100 µl puffer + 0,5 µl proteináz K (20mg/ml))

1,5 ml-es eppendorf csövekbe 3-10 db szőrhagymát vágunk ügyelve arra, hogy a hagyma felett maximum 0,5 cm szőrszál legyen. A levágott szőrhagymákhoz adtuk az előre elkészített lízis puffert, majd 60 percig 60°C-on és 20 percig 95°C inkubáltuk azokat.

Az így nyert genomiális DNS minákat -20°C-on tároltuk a további vizsgálatig.

## Genomiális DNS izolálása nyers marhahúsból és magyar szürke hústermékekből

A nyers marhahúsból és a feldolgozott marhahús termékekből a genomi DNS-t E.Z.N.A. Tissue DNS Kit (Omega Bio-Tek., USA) segítségével nyertük ki a gyártó útmutatásai alapján (részletesen a 3. mellékletben).

### **4.3.3. PCR-RFLP kondíciói**

#### A PCR reakcióhoz szükséges vegyszerek

- desztillált víz
- 0,2 mM dNTP mix (dATP, dCTP, dGTP, dTTP) (Pharmacia Biotech, USA)
- GoTaq Flexi DNA Polymerase (5u/μl) (Promega, Medison, USA)
- 5x puffer (Promega, Medison, USA)
- 25 mM MgCl<sub>2</sub> (Promega, Medison, USA)
- M1 primer (10 pmol/μl) (Invitrogen Corporation, California, USA)
- M2 primer (10 pmol/μl) (Invitrogen Corporation, California, USA)
- genomi DNS (50-100 ng/μl)

#### Az alkalmazott primerek szekvenciája

**M1 (forward):** (CREPALDI és mtsai, 2003)

5' AAG AAC CGC AAC CTG CAC T 3'

**M2 (reverse):** (CREPALDI és mtsai, 2003)

5' GCT ATG AAG AGG CCA ACG AG 3'

#### PCR kondíciók

95°C 2 perc (kezdő denaturáció)

95°C 30 másodperc (denaturáció)

61°C 30 másodperc (primerek feltapadása)

72°C 30 másodperc (elongáció)

72°C 5 perc (záró szakasz)

10°C ∞ (hűtés)

} 35 ciklus

A PCR reakciókhoz GeneAmp PCR Sytem 9700 (Applied Biosystems) típusú PCR készüléket használtunk. A vegyszerek bemérése steril fülke alatt történt. Először a PCR elegyet mértük össze, majd 18µl PCR elegyhez 2µl genomiális DNS –t adagoltunk.

A PCR eredményeként egy 401 bp hosszúságú terméket kaptunk, mely a restrikciós enzimek felismerő helyét tartalmazza. A PCR-termék emésztése MspI és MspAII restrikciós enzimekkel (10 u/µl) (Promega, Medison, USA) történt.

MspI restrikciós enzim felismerő helye:

C<sup>▼</sup>CGG  
GGC<sup>▲</sup>C

MspAII restrikciós enzim felismerő helye:

C(A/C)G<sup>▼</sup>C(G/T)G  
G(T/G)C<sup>▲</sup>G(C/A)C

A mutáció helyét a **piros szín** jelöli. Ha nincs mutáció, akkor az enzim nem ismeri fel a szekvenciát és nem vág. Amennyiben a mutáció jelen van, az enzim adott helyen vágja a DNS-szálat.

#### *MspI enzim*

A recesszív (e) allél jelenléte esetén G deléción van a 310 pozícióban. Az MspI enzim felismerő helye nincs jelen, ezért az enzim nem vág és 401 bp hosszúságú fragmentet kapunk. Amennyiben nincs jelen ez a mutáció (vagyis E<sup>+</sup> vagy E<sup>D</sup> allél van jelen), akkor 285 és 116 bp hosszúságú fragmenteket kapunk.

#### *MspAII enzim*

Az E<sup>D</sup> allél T/C helyettesítést jelent 296 pozícióban. Az enzim segítségével az E<sup>D</sup> allél különíthető el a vad-típusú (E<sup>+</sup>) és a recesszív (e) allélektől. E<sup>D</sup> allél jelenléte esetén 249, 105 és 48 bp hosszúságú fragmenteket kapunk, míg az E<sup>+</sup> vagy a e allél jelenlétét 249 és 153 bp hosszúságú fragmentek jelzik.

### Az emésztés kondíciói

0,5 µl restrikciós enzim  
1 µl puffer  
1,4 µl dH<sub>2</sub>O  
0,1 µl BSA

} mix

7 µl PCR-termékhez 3 µl mixet adagoltunk, majd 37°C-os vízfürdőbe helyeztük. Az emésztés 3 órán keresztül zajlott. Ezt követően a mintákat 2%-os agaróz gélen futtattuk, Biocenter PSE gélfuttató kádban. A minták festése ethidium-bromiddal történt, így a különböző fragmentumok UV fényben láthatóvá válnak. Az elektroforézis körülményei: 11,25 V/ cm.

### Az alkalmazott agaróz gél összetétele:

1x TAE oldat (Millipore Corporation, Bedford, USA)

2%-os agaróz gél (SeaKem LE Agarose - Cambrex BioScience, Rockland, USA)

0,33 mg/ml Ethidium Bromid (BioRad)

#### 4.3.4. Genotípus –és allélgyakoriságok kiszámítása

##### Genotípus-gyakoriság

A populációk genotípus gyakoriságát az alábbi képlet segítségével számoltuk ki:

$$G_i = N_i / n$$

ahol,

$G_i$  : az  $i$  genotípus gyakorisága

$N_i$  : az  $i$  genotípusú egyedek száma

$n$ : összes egyedszám

##### Allél-gyakoriság

A populációk allélgyakorisági értékeit az alábbi képlet segítségével számoltuk ki:

$$A_i = N_i / n$$

ahol,

$A_i$  : az  $i$  allél gyakorisága

$N_i$  : az  $i$  allélt hordozó egyedek száma

$n$ : összes egyedszám

A vizsgált fajták esetében a különböző allélek, illetve genotípusok gyakorisága közötti különbség kimutatására a hiányos csoportonkénti elemszám miatt statisztikai próba elvégzésére nem volt lehetőség.

## 5. EREDMÉNYEK ÉS AZOK ÉRTÉKELÉSE

### 5.1. Szarvszín vizsgálatok

A vizsgálatok során megállapítottuk, hogy a magyar szürke szarvasmarhafajta szarvszíneződéseire igen nagy mértékű változatosság jellemző. E változatosságon belül három fő szarvszín különíthető el: a fehér (6. kép), a zöld (7. kép) és a kettő kombinációjából adódó kártyás (8. kép) szarvszín, melyek megegyeznek a BODÓ és mtsai (2002) által leírtakkal.



6. kép: Fehér szarv



7. kép: Zöld szarv



8. kép: Kártyás szarv

(Fotók: Radácsi Andrea)

**A vizsgált tehén-, bika- és tinóállományok szarvszíneződéseinek megoszlása**

	Fehér		Kártyás		Zöld		
	$\Sigma n$	n	%	n	%	n	%
<b>Hímivar</b>	181	112	61,88	46	25,41	23	12,71
<b>Nőivar</b>	431	256	59,40	138	32,02	37	8,58
<b>Tinó</b>	58	33	56,89	23	39,66	2	3,45
<b>Összesen</b>	670	401	59,85	207	30,90	62	9,25

A 670 vizsgálatba vont egyed eredményei alapján megállapíthatjuk, hogy a magyar szürke szarvasmarhafajtában leggyakrabban (közel 60%) fehér szarvú egyedeket találunk (5. táblázat). A fajta egyik legjellegzetesebb tulajdonságának számító zöld színű szarv a vizsgált állomány alig több mint 9%-ára jellemző, míg a két szín keverékéből adódó kártyás szarvak aránya körülbelül 30%.

A vizsgált nőivarú állományban legnagyobb arányban (59,40%) a fehér szarvú egyedek találhatóak. A zöld szarv aránya igen alacsony, az állománynak csupán 8,58%-a sorolható ebbe a kategóriába. A kártyás szarv az állomány 32,02%-ára jellemző.

A tenyészbikák esetében mindenképp figyelembe kell venni, hogy valamilyen szinten válogatott állományról beszélünk. A vizsgált állomány több mint 60%-a fehér szarvszínű, míg a zöld szarv aránya mindössze 12,71%. Ennek oka abban keresendő, hogy korábban zöld szarvú bikákat nem szívesen vettek tenyésztésbe, hiszen ennek a színnek csak a fenntartása fontos, a szaporítása nem kívánatos. Általános értékelésben a fehér szarv a szebb.

A tinók esetében is a fehér szarvú egyedek nagyobb aránya figyelhető meg, a vizsgált állomány 56,89%-a rendelkezett ilyen színű szarvakkal. A kártyás szarvszín az állomány közel 40%-ára volt jellemző, míg a zöld szarv aránya itt is a legalacsonyabb (3,45%).

A homogenitásvizsgálat eredményei azt mutatták, hogy a három fő szarvszín (fehér, kártyás, zöld) megoszlását tekintve nincs szignifikáns különbség ( $P > 0,05$ ) a vizsgált

tehén és bika (kritikus  $\chi^2$ -érték: 5,991; a minta alapján számított  $\chi^2$ -érték: 3,042), valamint a tehén és tinó állományok között (kritikus  $\chi^2$ -érték: 5,991; a minta alapján számított  $\chi^2$ -érték: 2,648). Ugyanakkor a vizsgált bika és tinóállományok szarvszíneződéseinek megoszlása nem tekinthető azonosnak ( $P < 0,05$ ). (Kritikus  $\chi^2$ -érték: 5,991; a minta alapján számított  $\chi^2$ -érték: 6,259).

### 5.1.1. Szarvszínváltozatok a kártyás szarvszínen belül

A fajtában átmeneti szarvszínek is megkülönböztethetők. Vizsgálataink során azt tapasztaltuk, hogy a kártyás szarvszíneződésen belül négy színváltozat különíthető el a fehér szín aránya alapján: ezek a fehér, alig kártyás (FAK) (9. kép); a kártyás sok fehérrel (KSF) (10. kép); a kártyás kevés fehérrel (KKF) (11. kép); és a zöld, alig kártyás színváltozat (ZAK) (12. kép).



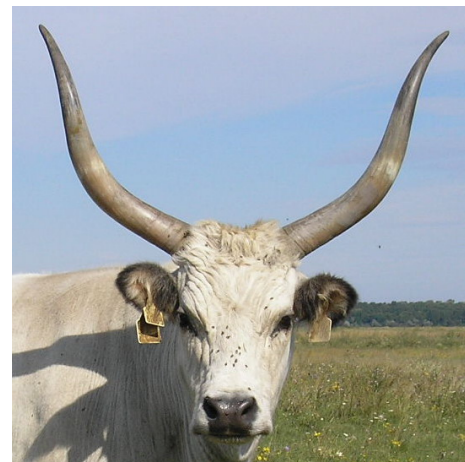
9. kép: Fehér, alig kártyás színváltozat (FAK)



10. kép: Kártyás sok fehérrel színváltozat (KSF)



11. kép: Kártyás kevés fehérrel színváltozat (KKF)



12. kép: Zöld, alig kártyás színváltozat (ZAK)

(Fotók: Radácsi Andrea)

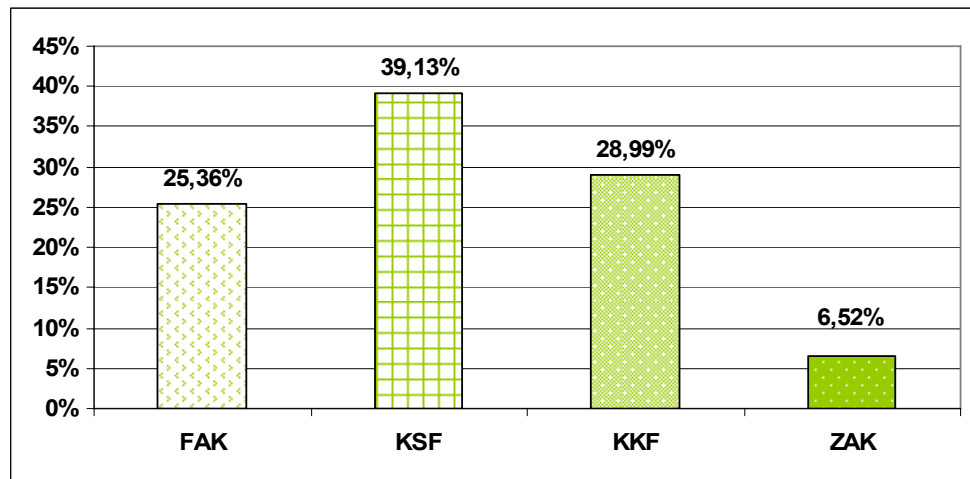
Mivel a katalógusba került fiatal bikáknál e színváltozatok elkülönítése a szarv nem megfelelő mértékű letisztultsága miatt igen nehéz, ezért ettől a vizsgálatok során eltekintettünk. A tinó és a nőivarú állományok adatait összesítve azt tapasztaltuk, hogy legnagyobb arányban (közel 70%-ban) a több-kevesebb fehér színnel rendelkező kártyás szarvak (KSF, KKF) fordulnak elő, míg a másik két színváltozat (melyekben az alapszín mellett csak minimális „idegen” szín található, ezek a FAK és a ZAK) aránya jóval alacsonyabb (6. táblázat). Ezen belül is legritkábban (6,21%) a ZAK szarvú egyedek találhatóak meg a vizsgált állományokban.

6. táblázat:

<b>A kártyás színváltozatok aránya a vizsgált populációban</b>				
<b>Színváltozat</b>	<b>Nőivar</b>	<b>Tinók</b>	<b>Összesen</b>	<b>Százalékos arány</b>
FAK	35	7	42	26,09%
KSF	54	6	60	37,27%
KKF	40	9	49	30,43%
ZAK	9	1	10	6,21%
Összesen	138	23	161	100%

*FAK: fehér, alig kártyás; KSF: kártyás sok fehérrel; KKF: kártyás kevés fehérrel; ZAK: zöld, alig kártyás*

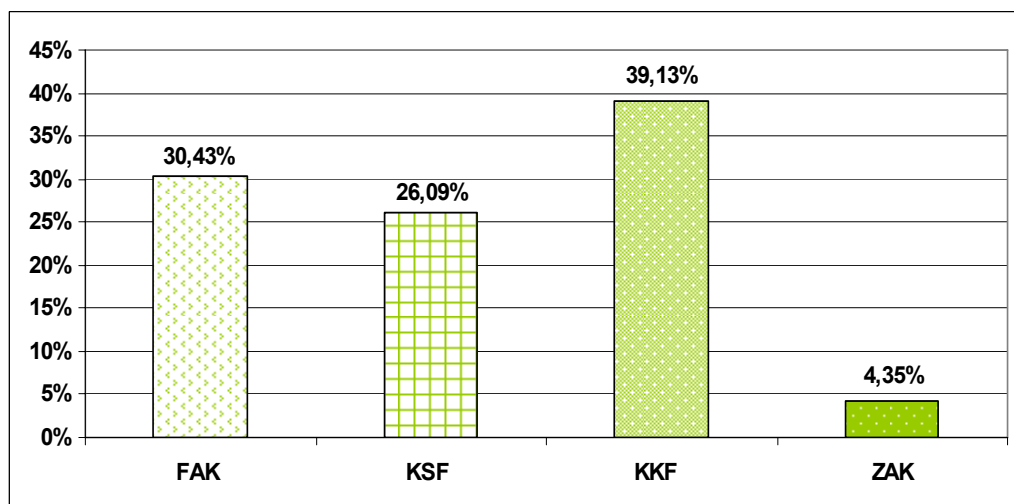
Amennyiben ivarokra bontva vizsgáljuk ezen színváltozatok megoszlását, azt állapíthatjuk meg, hogy a vizsgált nőivarú állományban legnagyobb arányban (39,13%) a kártyás sok fehérrel szarvak találhatóak. A fehér, alig kártyás és a kártyás kevés fehérrel szarvak aránya 25,36% és 28,99%. A zöld, alig kártyás szarvú egyedek aránya pedig a legalacsonyabb (6,52) (2. ábra).



2. ábra: Szarvszínváltozatok megoszlása a kártyás kategórián belül a nőivarban

FAK: fehér, alig kártyás; KSF: kártyás sok fehérrel; KKF: kártyás kevés fehérrel; ZAK: zöld, alig kártyás

A tinók esetében a kártyás kevés fehérrel színváltozat volt a leggyakrabban megfigyelhető (39,13%). A nőivarban tapasztaltakkal megegyezően itt is a zöld, alig kártyás színváltozat aránya volt a legalacsonyabb (4,35%), azonban a fehér, alig kártyás szarvak közel 30%-os arányban fordultak elő (3. ábra).



3. ábra: Szarvszínváltozatok megoszlása a kártyás kategórián belül (tinók)

FAK: fehér, alig kártyás; KSF: kártyás sok fehérrel; KKF: kártyás kevés fehérrel; ZAK: zöld, alig kártyás

A  $\chi^2$ -próba eredménye alapján a kártyás szarvszínen belül elkülönített négy további színváltozat megoszlása nem különbözik szignifikánsan ( $P > 0,05$ ) a vizsgált nőivarú- és tinóállományban. (Kritikus  $\chi^2$ -érték: 11,345; a minta alapján számított  $\chi^2$ -érték: 1,907).

### 5.1.2. A szarv kormoltságának mértéke

Attól függően, hogy a szarv hegyén a fekete szín meddig húzódik le, fehér szarv esetében megkülönböztetünk szabályosan kormolt (SZK) (13. kép), magasan meszelt (MM) (14. kép) és mélyen kormolt (MK) (15. kép) szarvakat.



13. kép: Szabályosan kormolt, fehér szarv (SZK)



14. kép: Magasan meszelt, fehér szarv (MM)



15. kép: Mélyen kormolt, fehér szarv (MK)

(Fotók: Radácsi Andrea)

Vizsgáltuk a kormoltság mértékének megoszlását mindhárom szarvszín esetében. A vizsgált populációra vonatkozóan megállapíthatjuk, hogy mindhárom szarvszín esetében a szabályostól sekélyebben kormolt szarvhegyek előfordulása volt a leggyakoribb és a szabályosan kormoltaké a legritkébb (7. táblázat).

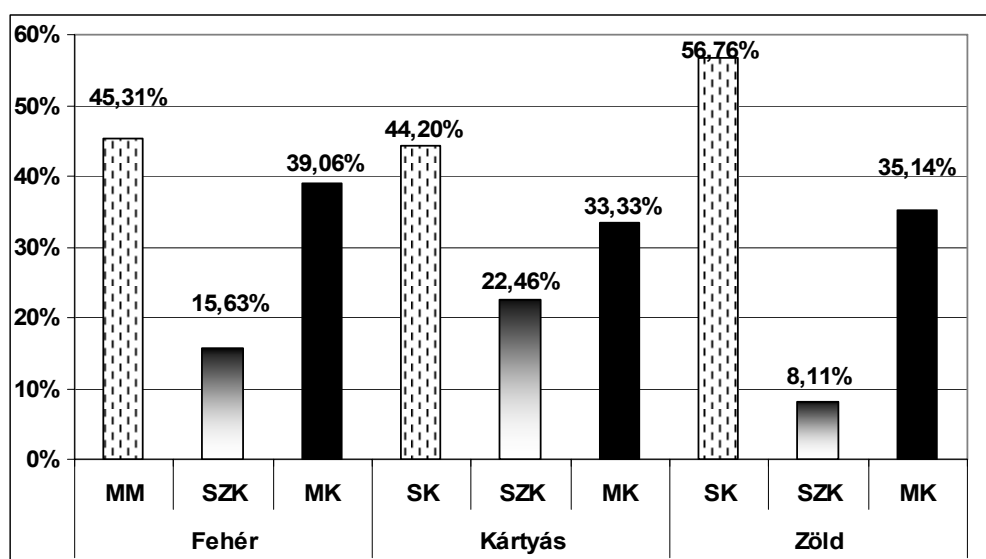
7. táblázat

**Kormoltság mértékének megoszlása szarvszíneződésenként**

Fehér			Kártyás			Zöld		
MM	SZK	MK	SK	SZK	MK	SK	SZK	MK
43,89%	17,96%	38,15%	41,06%	24,16%	34,78%	56,45%	12,90%	30,65%

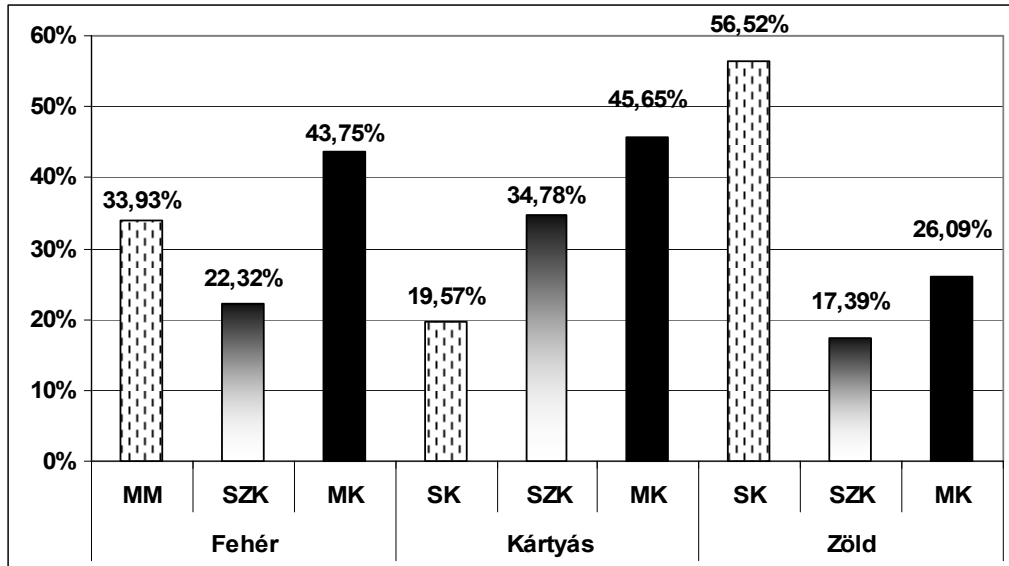
*MM: magasan meszelt, SZK: szabályosan kormolt, MK: mélyen kormolt, SK: sekélyen kormolt*

A nőivarú állományokban (4. ábra) azt tapasztaltuk, hogy mindhárom szarvszín (fehér, kártyás, zöld) esetében a szabályostól sekélyebben kormolt szarvhegyek előfordulása volt a leggyakoribb. (A fehér és a kártyás szarvak esetében ez az arány közel azonos: 45,31% és 44,20%). A zöld szarvú egyedekről megállapíthatjuk, hogy a sekélyen kormolt szarvheggyel rendelkező egyedek aránya magasabb (56,76%), mint a másik két szarvszín esetében. A mélyen kormolt szarvak aránya mindhárom szarvszín esetében 30-40% között változik. A szabályosan kormolt szarvhegyek aránya mindhárom esetben a legalacsonyabb volt.



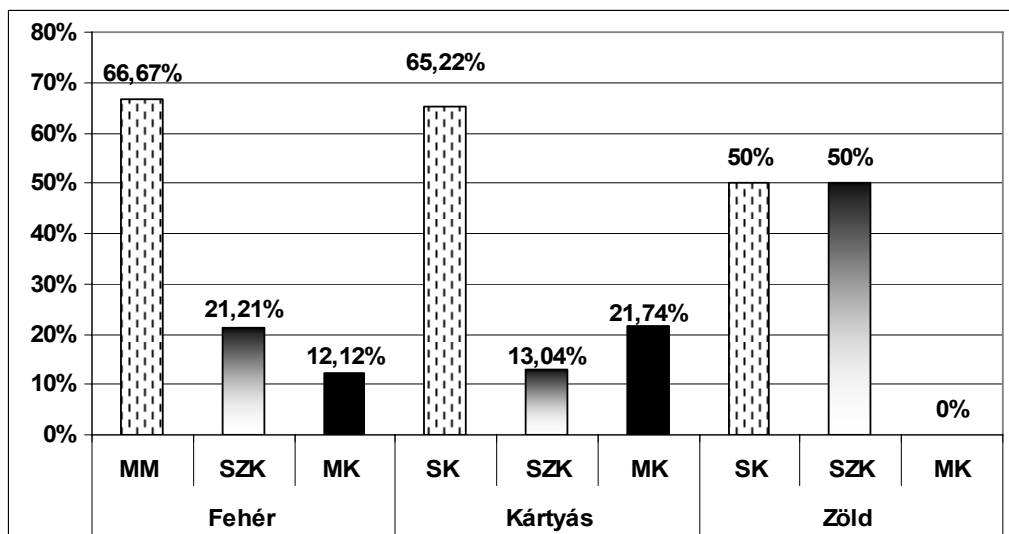
4. ábra: **Kormoltság mértékének megoszlása szarvszíneződésenként (nőivar)**  
*MM: magasan meszelt, SZK: szabályosan kormolt, MK: mélyen kormolt, SK: sekélyen kormolt*

A hímvivarban ez az arány másképp alakult (5. ábra). A fehér és a kártyás szarvak esetében a mélyen kormolt szarvak aránya volt a legnagyobb (43,75% és 45,65%), míg a zöld szarvhoz leggyakrabban (56,52%) sekélyen kormolt szarvhegy társult. A szabályosan kormolt szarvhegyek aránya mindhárom szarvszín esetében a legalacsonyabb volt.



5. ábra: Kormoltság mértékének megoszlása szarvszíneződésenként (hímvivar)  
 MM: magasan meszelt, SZK: szabályosan kormolt, MK: mélyen kormolt, SK: sekélyen kormolt

A tinóknál mind a fehér, mind a kártyás szarvak esetében a sekélyen kormolt szarvhegy volt a legjellemzőbb (arányuk: 66,67% és 65,22%). A zöld szarvszínhez pedig fele-fele arányban sekélyen és szabályosan kormolt szarvhegy kapcsolódott (6. ábra).



6. ábra: Kormoltság mértékének megoszlása szarvszíneződésenként (tinók)  
 MM: magasan meszelt, SZK: szabályosan kormolt, MK: mélyen kormolt, SK: sekélyen kormolt

Az elvégzett függetlenségvizsgálat eredményei alapján megállapítható, hogy a szarvszín és a szarv kormoltságának mértéke két, egymástól független tulajdonság ( $P > 0,01$ ). (Kritikus  $\chi^2$ -érték: 13,277; a minta alapján számított  $\chi^2$ -érték: 6,264). (A bikák és a tinók esetében az alacsony kategóriánkénti elemszám miatt az alábbi elemzés elvégzése nem volt lehetséges).

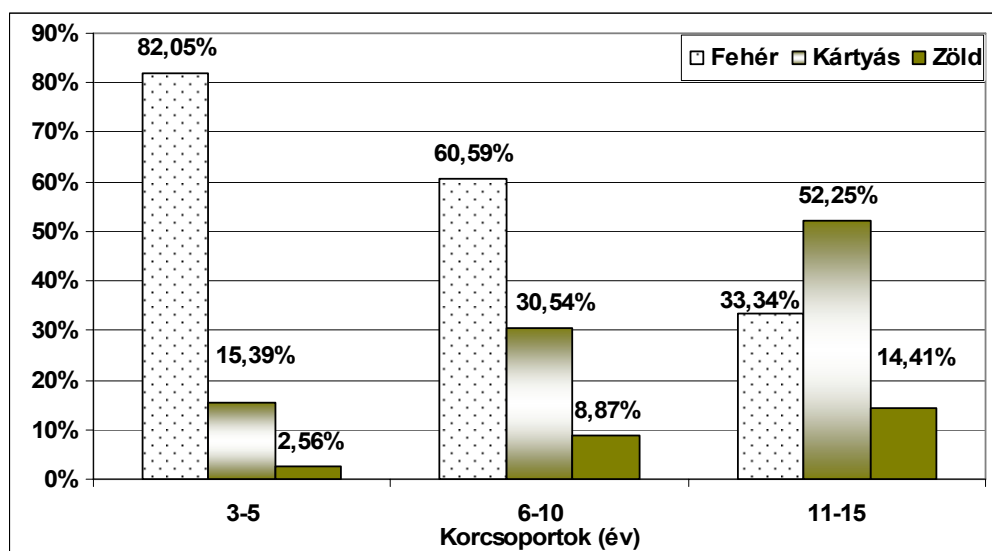
### 5.1.3. A szarvszíneződések korcsoportonkénti megoszlása

A fiatalabb korcsoportokban (3-5 éves egyedek) a fehér szarv nagymértékű túlsúlya figyelhető meg (82,05%). A 6-10 éves tehenek között szintén a fehér szarvú egyedek aránya a legmagasabb (60,59%), ugyanakkor itt már a kártyás és a zöld szarvú egyedek is nagyobb gyakorisággal fordulnak el (7. ábra). Az idősebb tehenek (11-15 évesek) között már leggyakrabban kártyás szarvú egyedeket találunk, de a zöld szarv aránya – mint a másik két csoportban is – itt is a legalacsonyabb (de a három csoport közül itt éri el a legmagasabb értéket).

A  $\chi^2$ -próba eredményei megerősítették, hogy a három vizsgált csoportban (3-5 éves egyedek, 6-10 évesek és a 11-15 éves tehenek) a szarvszíneződések megoszlása statisztikailag is igazolható módon ( $P < 0,01$ ) különböző volt.

(A kritikus  $\chi^2$ -érték minden esetben: 9,210 volt, míg a minta alapján számított  $\chi^2$ -érték a 3-5 éves és a 6-10 éves egyedek összehasonlításakor: 16,319; a 3-5 éves és a 11-15 éves egyedek összehasonlításakor: 55,998; és a 6-10 éves és a 11-15 éves egyedek összehasonlításakor: 22,138).

Tendenciáját tekintve tehát megállapítható, hogy az idősebb egyedek között több volt a kártyás és a zöld szarvú, míg a fiatalabb korcsoportokban a fehér szarv túlsúlya volt jellemző.



7. ábra: Szarvszíneződések korcsoportonkénti megoszlása a vizsgált nőivarú állományban

A bikák esetében a hiányos csoportonkénti elemszám miatt a  $\chi^2$ -próba elvégzésére nem volt lehetőség, de az adatokból (8. táblázat) így is szépen látszik, hogy az idősebb bikák (1997-1998-as születésűek) között egyáltalán nem találunk zöld szarvú egyedeket, és a kártyás szarvú bikák aránya is alacsonyabb. Ennek háttérében az állhat, hogy korábban szinte kizárólag fehér szarvú bikákat választottak ki továbbtenyésztésre. A tenyésztésért felelős szakemberek azonban felismerték annak fontosságát, hogy a bikák szarvszíneződéseit változatosabbá kell tenni. Ennek eredményei már megfigyelhetők a további korcsoportokban (1999-2005 között születettek): minden korcsoportban van legalább egy zöld szarvú tenyészbika és a kártyás szarvú bikák aránya is növekedett.

8. táblázat:

Szarvszíneződések korcsoportonkénti megoszlása a vizsgált bikaállományban

Szarvszín	Születési év									
	1997	1998	1999	2000	2001	2002	2003	2004	2005	Össz. (%)
<b>Fehér</b>	7	10	17	9	16	17	7	20	13	64,09
<b>Kártyás</b>	2	5	2	10	7	8	3	4	2	23,76
<b>Zöld</b>	0	0	1	6	4	2	1	2	6	12,15

Tendenciáját tekintve tehát megállapítható, hogy a tenyészbika állomány szarvszíneződését tekintve változatosabbá vált. Ezt azonban annak a nagyon fontos

szempontnak a figyelembevételével érték el a szakemberek, hogy ezeknek a színváltozatoknak a fenntartása és nem a felszaporítása a cél.

#### 5.1.4. Szarvszíneződések megoszlása a különböző vonalakhoz tartozó bikák és ivadékaik esetében

A magyar szürke marha tenyésztésében elsősorban genealógiai vonalakkal dolgoznak, amelynek első rendszerezése (1957-ben) Anker Alfonz nevéhez fűződik. Jelenleg 9 genealógiai vonalba (A, B, C, K, M, T, V, S, L) sorolják a tenyészvikákat, melyek az alapító bikák nevének kezdőbetűje alapján különböztethetők meg. (Például a B vonal alapítója a Buckó nevű bika volt, az M vonalé Maros, a V vonalé pedig Vándor). (Az S és L vonalak a Szerbiából behozott állományból származnak, ezeknek azonban még nincsenek tenyészbika ivadékaik. A K vonal bugaci eredetű, az A pedig a hortobágyi T vonalból szakadt le).

9. táblázat:

**Különböző vonalú bikák szarvszíneződéseinek megoszlása**

Bikavonalak	Szarvszíneződések		
	Fehér % (n)	Kártyás % (n)	Zöld % (n)
<b>B</b>	59,09 (13)	18,18 (4)	22,73 (5)
<b>C</b>	73,53 (25)	11,76 (4)	14,71 (5)
<b>M</b>	60,00 (18)	23,33 (7)	16,67 (5)
<b>T</b>	69,56 (16)	26,09 (6)	4,35 (1)
<b>V</b>	76,00 (19)	12,00 (3)	12,00 (3)

A homogenitásvizsgálat eredményei megerősítették feltevésünket, miszerint a vizsgált bikavonalak szarvszíneződéseiket tekintve nem különböznek egymástól (9. táblázat) ( $P > 0,01$ ). (A kritikus  $\chi^2$ -érték minden esetben 9,210 volt, míg a minta alapján számított  $\chi^2$ -értékek az alábbi bikavonalak között: B-V: 0,792; B-M: 0,242; B-T: 3,358; B-C: 1,272; C-V: 0,078; M-T: 1,746; C-M: 0,039; C-T: 1,399; és M-V: 0,963).

Eredményeink alátámasztják BODÓ és mtsai (2002), valamint MOLNÁRNÉ és mtsai (2006) mikroszatellit vizsgálatokon alapuló megállapításait, miszerint a magyar szürkemarha genealógiai vonalainak jellemző tulajdonságaik nincsenek és nincs közöttük jelentős különbség.

Az általunk vizsgált ivadékok 6 vonalba (B, C, M, T, V, K) sorolható tenyészbikáktól származtak. K vonalú bikától azonban mindössze két egyed származott, ezért ezeket kihagytuk az összehasonlításból.

10. táblázat:

**Szarvszínváltozatok megoszlása a különböző vonalú tenyészbikák ivadékai esetében**

Bikavonalak	Ivadékok létszáma (n)		Szarvszínváltozatok		
	♀	♂	Fehér % (n)	Kártyás % (n)	Zöld % (n)
	<b>B</b>	62	95 33	57,90 (55)	29,47 (28)
<b>C</b>	93	135 42	53,34 (72)	33,33 (45)	13,33 (18)
<b>M</b>	43	78 35	58,97 (46)	30,77 (24)	10,26 (8)
<b>T</b>	75	110 35	67,28 (74)	27,27 (30)	5,45 (6)
<b>V</b>	61	94 33	54,26 (51)	31,91 (30)	13,83 (13)

Mind az öt vonal esetében megállapítható, hogy az ivadékok több mint fele fehér szarvszínű volt. A kártyás szarvszín az ivadékok közel 30%-ára volt jellemző, míg a zöld szarvú egyedek aránya 5,45% és 13,83% között változott (10. táblázat).

A legtöbb fehér szarvú ivadék (67,28%) T vonalbeli bikától származott, és ebben a csoportban volt a legalacsonyabb (5,45%) a zöld szarvú egyedek előfordulása is. A többi vonalhoz viszonyítva, a C vonalú bikák ivadékai között találtuk a legkevesebb fehér szarvú (53,34%) egyedeket. Zöld szarvú ivadékot legnagyobb gyakorisággal (13,83%) a V vonalú apasággal rendelkező egyedek között találtunk.

Megállapítottuk és homogenitásvizsgálattal igazoltuk ( $P > 0,01$ ), hogy a különböző vonalakba tartozó tenyészbikák ivadékai esetében a szarvszínek megoszlása nem különbözött egymástól.

(A kritikus  $\chi^2$ -érték minden esetben 9,210 volt, míg a minta alapján számított  $\chi^2$ -értékek az alábbi bikavonalak ivadékai között: B-V: 0,251; B-M: 0,247; B-T: 0,278, B-C: 0,493, C-V: 0,053, M-T: 2,102; C-M: 0,767; C-T: 6,538 és M-V: 0,630).

### 5.1.5. Szarvszíneződések megoszlása a különböző családokban

A vizsgált 340 (ismert származású) nőivarú egyed 110 tehéncsaládba volt sorolható. Ezek közül csak a legalább 5 taggal rendelkező családokat mutatjuk be a 11. táblázatban.

11. táblázat:

Szarvszíneződések megoszlása a különböző családokban

Család	Létszám (n)	Szarvszín		
		Fehér	Kártyás	Zöld
BAZSA	9	8	1	0
BIMBÓ	7	5	1	1
BOJTOS	7	4	3	0
BOKROS	6	4	2	0
CÁBÁR	6	3	3	0
CSIPKÉS	9	3	5	1
DARU	7	6	1	0
DÓRA	8	4	3	1
ÉRMES	8	7	1	0
GOMBOS	9	2	6	1
GYILKOS	10	5	3	2
GYÖNGYÖS	7	2	3	2
HANGOS	5	3	1	1
HÉJA	6	4	1	1
MANCI	7	2	5	0
PAJKOS	5	2	1	2
RANGOS	5	2	2	1
RENDES	10	5	5	0
ROJTOS	12	8	3	1
RÓZSA	6	5	1	0
SODRÓ	8	4	4	0
Összesen	157	56,05%	35,03%	8,92%

11 családba tartozó egyedeknél mindhárom szarvszín megtalálható (1. táblázat), míg a másik 10 család tagjai között két szarvszín volt megfigyelhető. Négy (Csipkés, Gombos, Gyöngyös, Manci) kivételével valamennyi család esetében a fehér szarvú egyedek nagyobb aránya figyelhető meg. Ebben a négy családban a kártyás szarvú egyedek túlsúlya volt jellemző. A Cábár, Rendes és Sodró nevű családokban pedig azonos számú fehér és kártyás szarvú tehén található.

### 5.1.6. A szarvszín öröklődése

A magyar szürke szarvasmarhára jellemző szarvszínek öröklésmenetének meghatározásához összesen 216 (ismert szarvszínű szülőktől származó) egyed adatai álltak rendelkezésünkre. A 12. táblázat a különböző szarvszínű szülőktől származó ivadékok szarvszínének megoszlását mutatja.

12. táblázat:

**A szarvszín öröklődése**

Szülők szarvszíne		Ivadék szarvszíne	Vizsgált egyedszám (n)	Feltételezett öröklésmenet
Anyja	Apja			
Fehér	Fehér	Fehér	75	Intermedier
Fehér	Fehér	Kártyás	18	Intermedier
Fehér	Fehér	Zöld	4	Intermedier
Fehér	Kártyás	Fehér	36	Intermedier
Fehér	Kártyás	Kártyás	18	Intermedier
Fehér	Kártyás	Zöld	10	?
Fehér	Zöld	Fehér	15	Domináns-recesszív
Fehér	Zöld	Kártyás	6	Intermedier
Fehér	Zöld	Zöld	4	Domináns-recesszív
Kártyás	Kártyás	Fehér	5	Intermedier
Kártyás	Kártyás	Kártyás	5	Intermedier
Kártyás	Kártyás	Zöld	2	Intermedier
Kártyás	Zöld	Fehér	7	?
Kártyás	Zöld	Kártyás	7	Intermedier
Kártyás	Zöld	Zöld	3	Intermedier
Zöld	Zöld	Kártyás	1	?

A vizsgált adatok a legtöbb esetben az intermedier öröklésmenetet (mozaikhatást) igazolják. E szerint a fehér és a zöld szarvú egyedek homozigóták, míg a kártyás szarvú egyedek heterozigóták a fehér és a zöld allélra nézve (fehér: FF, kártyás: FZ, zöld: ZZ).

		Fehér	
		F	F
Zöld	Z	FZ	FZ
	Z	FZ	FZ

		Fehér	
		F	F
Kártyás	F	FF	FF
	Z	FZ	FZ

		Kártyás	
		F	Z
Kártyás	F	FF	FZ
	Z	FZ	ZZ

		Kártyás	
		F	Z
Zöld	Z	FZ	ZZ
	Z	FZ	ZZ

Intermedier öröklésmentet feltételezve az allélgyakorisági értékek a következőképpen alakultak: F (fehér) allél gyakorisága 76,6%, míg a Z (zöld) allél gyakorisága 23,4%.

13. táblázat:

Szarvszíneződések megoszlása a vizsgált ivadékállományban

Szarvszín	n	Százalékos arány	Alélgyakoriság alapján számított genotípus-gyakoriság
<b>Fehér</b>	138	63,89	58,68
<b>Kártyás</b>	55	25,46	35,85
<b>Zöld</b>	23	10,65	5,47
<b>Összesen</b>	216	100	100

A vizsgált populáció genetikai egyensúlyban van ( $P < 0,01$ ), vagyis nem mutatható ki a fehér szarvszínre végzett korábbi szelekció hatása (13. táblázat).

Az intermedier öröklésmentet nem igazoló esetek előfordulása a módszer szubjektívitasából adódó hibával részben magyarázható. Például a zöld szarvú apa és a zöld szarvú anya párosításából származó kártyás szarvú ivadék egy tenyészbika, melyről – a szarv nem megfelelő mértékű letisztultsága miatt - nem állapítható meg teljes bizonyossággal, hogy a kártyás szarvszín melyik változatával rendelkezik (több vagy kevesebb fehér színt tartalmazó változat, utóbbi közelebb áll a zöld szarvszínhez). Ugyanakkor a fehér szarvú tehéntől és zöld szarvú bikától származó fehér és zöld szarvú ivadékok megjelenése (3:1 arányban) domináns-recesszív öröklésmentre utal.

Véleményünk szerint a magyar szürke szarvasmarha szarvszíneződéseinek öröklődése nagy valószínűséggel intermediér módon történik, de feltevésünk pontos igazolása érdekében nagyobb elemszámmal végzett további vizsgálatok szükségesek. Ezt a munkát segítheti a több generáción keresztül végzett pontos szarvszín-bírálat vagy beltenyésztett egyedekkel végzett célpárosítások végzése is.

## 5.2. Szőrszín vizsgálatok

### 5.2.1. Az újszülött borjak színe

A magyar szürke szarvasmarha a podóliai fajtacsoport tagja, melynek jellegzetes tulajdonsága, hogy a borjak vöröses, ún. pirók színnel születnek és néhány hónapos korukra szürkülnek ki. A pirók szőrszínen belül az alábbi háromszínváltozat különíthető el: pirók (16. kép), világos pirók (17. kép) és sötét pirók (18. kép).

A vizsgált magyar szürke borjúállomány (n=303) 48,52%-ára volt jellemző a pirók szőrszín. Az ettől világosabb, illetve sötétebb színváltozat aránya 29,04%, illetve 22,44%.



16. kép: Pirók borjú



17. kép: Világos pirók borjú



18. kép: Sötét pirók borjú

(Fotók: Radácsi Andrea)

A 14. táblázat a három színváltozat  $L^*a^*b^*$  értékeit ismerteti. A leginkább pigmentált sötét pirok színváltozat esetében figyelhető meg a legalacsonyabb átlagos  $L^*$  érték (jelezvén a sötétebb színt), illetve a legmagasabb átlagos  $a^*$  és  $b^*$  értékek, melyek szintén az intenzívebb színárnyalatra utalnak. A legkevésbé pigmentált világos pirok színváltozatot pedig a legmagasabb átlagos  $L^*$  érték és a legalacsonyabb átlagos  $a^*$  és  $b^*$  értékek jellemzik.

14. táblázat:

Magyar szürke borjak színváltozatainak $L^*a^*b^*$ értékei					
		Min.	Max.	Átlag±Szórás	
világos pirok	n=88	$L^*$	42,12	84,58	63,23±7,63 <sup>A</sup>
		$a^*$	0,02	8,66	3,74±1,76 <sup>a</sup>
		$b^*$	3,71	21,78	12,11±3,32 <sup>a</sup>
pirok	n=147	$L^*$	35,43	69,23	53,15±5,05 <sup>B</sup>
		$a^*$	1,40	7,48	6,25±3,03 <sup>b</sup>
		$b^*$	5,78	24,28	15,63±2,48 <sup>b</sup>
sötét pirok	n=68	$L^*$	33,55	59,58	46,19±4,10 <sup>C</sup>
		$a^*$	2,17	9,96	6,99±1,19 <sup>c</sup>
		$b^*$	8,84	20,99	16,00±2,02 <sup>b</sup>

$L^*$  = világosság,  $a^*$  = színtelítettség vöröstől zöldig,  $b^*$  = színtelítettség sárgától kékgig  
<sup>A,B,C,a,b,c,a,b,c</sup>: az egyes színértékekben való szignifikáns eltérést jelölik ( $P<0,05$ ).

A három színváltozat  $L^*a^*b^*$  értékei között minden esetben szignifikáns különbség mutatkozott ( $P<0,05$ ), kivéve a sötét pirok és pirok színváltozatok  $b^*$  értékeit.

A vizsgálatok során felmerült a kérdés, van-e műszerrel is mérhető különbség a magyar szürke borjak pirok és más, szintén vörös színű borjak szőrszíne között. Ezért 2006. novemberében limousin borjak mérésére is sor került, a két fajta borjúkori szőrszínét jellemző színértékeket a 15. táblázatban hasonlítottuk össze. (A magyar szürke esetében a három pirok színváltozat színértékeinek átlaga szerepel az összehasonlításban).

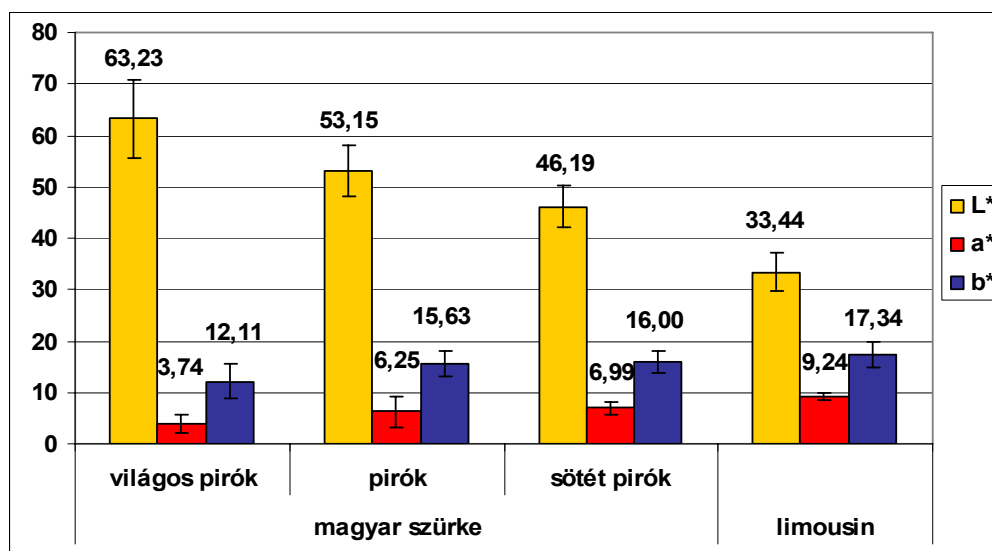
Magyar szürke és limousin borjak szőrszínére vonatkozó L\*a\*b\* értékek

		Min.	Max.	Átlag±Szórás
magyar szürke	n=303			
	L*	33,55	84,58	54,39±8,47 <sup>A</sup>
	a*	0,02	10,90	5,66±1,92 <sup>a</sup>
	b*	3,91	24,28	14,71 ±3,12 <sup>a</sup>
limousin	n=14			
	L*	25,58	41,95	33,44±3,81 <sup>B</sup>
	a*	7,24	12,29	9,24±0,75 <sup>b</sup>
	b*	12,11	23,71	17,34±2,43 <sup>b</sup>

L\* = világosság, a\* = színtelítettség vöröstől zöldig, b\* = színtelítettség sárgától kékig  
<sup>A,B,C,a,b,c,a,b,c</sup>: az egyes színértékekben való szignifikáns eltérést jelölik (P<0,05).

A limousin borjak vörös és a magyar szürke borjak piróknak hívott vöröses szőrszínét vizsgálva megállapítható (15. táblázat), hogy az L\*a\*b\* értékek alapján szignifikáns különbség van a két fajta között (P<0,05). A limousin borjak vörös szőrszíne alacsonyabb L\*, valamint magasabb a\* és b\* értékekkel jellemezhető, vagyis sötétebb és intenzívebb szőrszínről beszélhetünk.

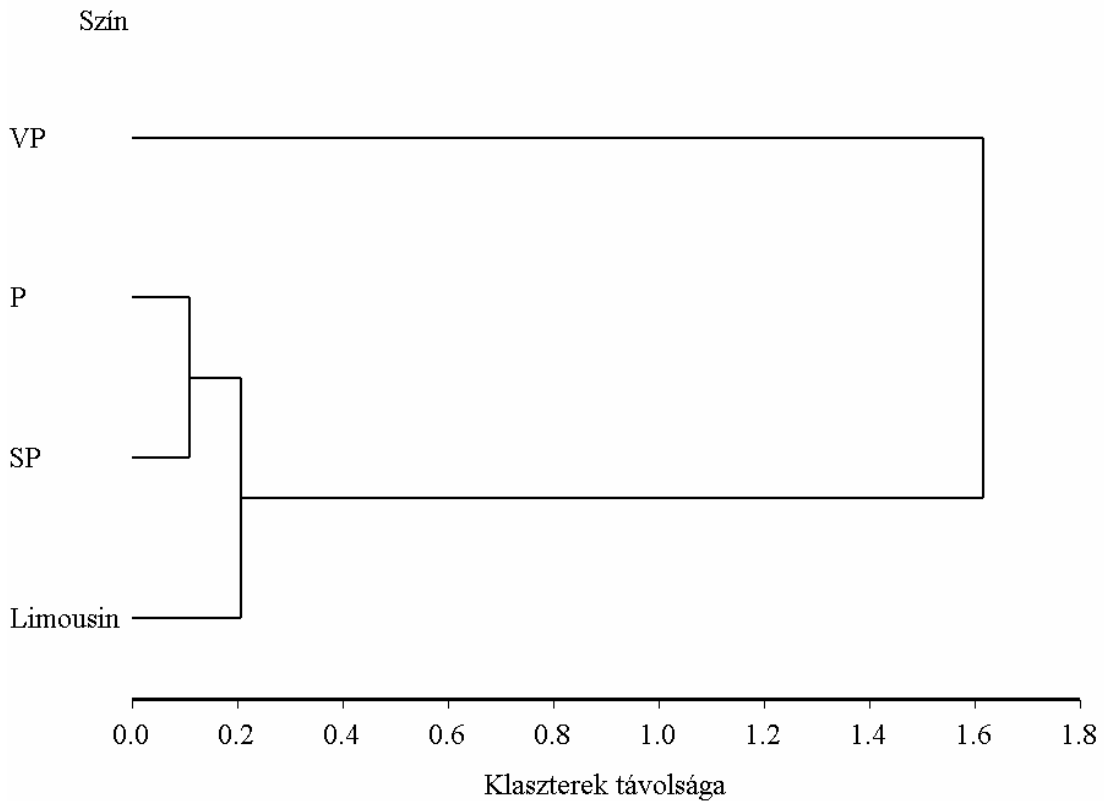
A fennálló különbség a magyar szürke borjak mindhárom színváltozata esetében igaz (8. ábra).



8. ábra: Magyar szürke és limousin borjak születéskori szőrszínének összehasonlítása

L\* = világosság, a\* = színtelítettség vöröstől zöldig, b\* = színtelítettség sárgától kékig

Az egyes borjúszínek színértékei ( $L^*$ ,  $a^*$ ,  $b^*$ ) alapján klaszteranalízissel végeztük el a borjak szőrszínváltozatainak osztályozását. Az elemzés eredményeként kapott dendrogram a 9. ábrán mutatja a szőrszínváltozatok elkülönültségének mértékét.



9. ábra: Az egyes színosztályok elkülönítését ábrázoló dendrogram

*VP: világos pirók, P: pirók, SP: sötét pirók*

A pigmentáltság mértékét tekintve a 4 színosztály közül a világos pirók különül el leginkább a többi háromtól, hiszen ez az a színváltozat, melynél a legkisebb mértékű pigmentáltság figyelhető meg. A pirók és a sötét pirók színváltozat közelebb áll egymáshoz (a  $b^*$  érték esetében nem is mutatható ki szignifikáns különbség a két csoport között). Pigmentáltság tekintetében a limousin borjak vöröses szőrszíne közelebb áll a magyar szürkére jellemző pirók és sötét pirók színváltozatokhoz, mint a kevésbé pigmentált világos pirókhoz.

Összefoglalva, a magyar szürke borjak pirók szőrszíne világosabb, kevésbé vöröses és sárgásabb árnyalatú (vagyis magasabb  $L^*$ , alacsonyabb  $a^*$  és  $b^*$  értékekkel jellemezhető). A limousin borjak intenzívebb vörös szőrszíne sötétebb, vörösebb és sárgásabb színeként jellemezhető. A pirók szőrszínhez képest pedig alacsonyabb világossági ( $L^*$ ), magasabb  $a^*$  és magasabb  $b^*$  értékekkel írható le.

### 5.2.2. A felnőtt állatokra jellemző szőrszínváltozatok

A magyar szürke szarvasmarha az ezüstszürkétől a sötét daruszinig terjedő színváltozatokban fordul elő (BODÓ és mtsai, 2002). A bikák (19. kép) színe általában változatosabb, mint a teheneké (20.-21. kép), de azok sem teljesen egyszínűek.



19. kép: Magyar szürke bika



20. kép: Világos daru tehén



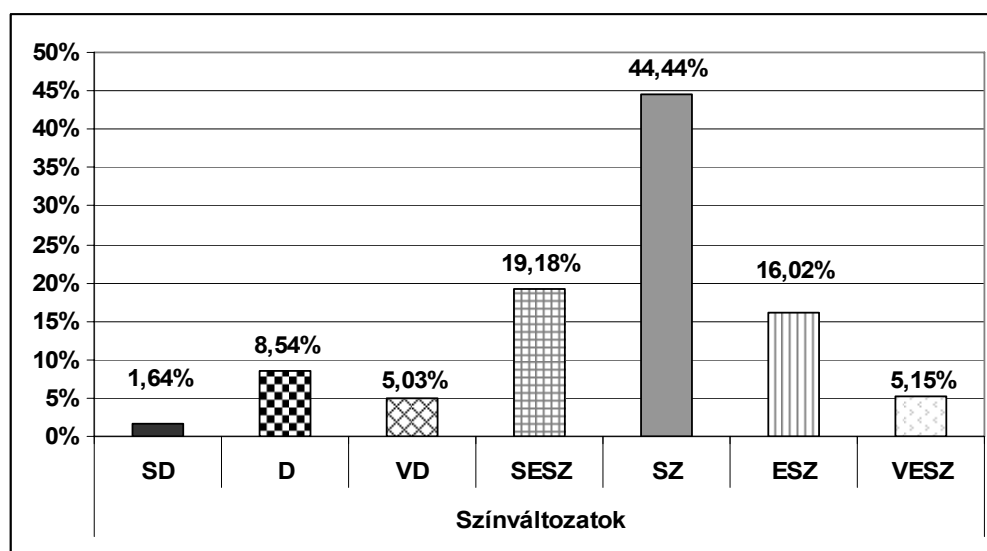
21. kép: Szürke tehén

(Fotók: Radácsi Andrea)

### 5.2.2.1. A műszeres színmérés és a szubjektív színosztályozás összefüggései

A nőivarú egyedeket hét színosztályba soroltuk: sötét daru, daru, világos daru, sötét ezüstszürke, szürke, ezüstszürke, világos ezüstszürke. A vizsgálatok során arra voltunk kíváncsiak, hogy az objektív színmérés mennyire támasztja alá a szubjektív színosztályozást. Vizsgáltuk továbbá, hogy a három ponton (nyak-lapocka, oldal, combfar) mért értékek közül melyeknek van szerepük az egyes színváltozatok elkülönítésében.

A statisztikai osztályba sorolás alapja az egyed csoporton belüli kovariancia mátrix, vagy a közös kovariancia mátrix. Az egyes színváltozatok előzetes valószínűségeit is meghatároztuk (10. ábra).



10. ábra: Az egyes színváltozatok előzetes aránya

*SD = sötét daru, D = daru, VD = világos daru, SESZ = sötét ezüstszürke, SZ = szürke, ESZ = ezüstszürke, VESZ = világos ezüstszürke*

A vizsgált állományban a szürke egyedek előfordulása volt a leggyakoribb (44,44%), a nagyon sötét (SD) és a nagyon világos (VESZ) tehének aránya 1,64% és 5,15% volt. A darus színváltozatok (SD, D, VD), melyeknél a test egészére jellemző a sötétebb szín, az állomány több mint 15%-ára voltak jellemzőek.

A lépcsőzetes diszkriminancia analízis segítségével meghatározható, hogy melyek azok a változók, amelyek a szubjektív módon megállapított színváltozatok elkülönülését

leginkább alátámasztják. A program a változókat egyenként, egymás után illeszti a modellbe, majd a diszkrimináló változók erőssége alapján sorrendet állít fel (16. táblázat).

16. táblázat:

A lépcsőzetes diszkriminancia analízis eredményei

Színérték <sup>1</sup>	Testtáj	R <sup>2</sup> -érték	F-érték	p
L_1	nyak-lapocka	0,78	505,62	***
L_3	comb-far	0,27	51,25	***
L_2	oldal	0,10	16,46	***
b_1	nyak-lapocka	0,04	6,39	***
a_1	nyak-lapocka	0,02	2,82	**
b_2	oldal	0,02	2,48	**
a_3	comb-far	0,09	1,26	ns
b_3	comb-far	0,07	1,02	ns
a_2	oldal	0,06	0,80	ns

<sup>1</sup>L\* = világosság, a\* = színtelítettség vöröstől zöldig, b\* = színtelítettség sárgától kékig  
 \*\*\*p<0,01; \*\*p<0,05; ns: nem szignifikáns

Az eredmények alapján megállapítható, hogy a színváltozatok elkülönítésében mindhárom mérési terület értékei szerepet játszanak. Legfontosabb diszkrimináló változóknak az L\* értékek bizonyultak, azok közül is leginkább a nyak-lapocka mérési területre vonatkozóak. TÓTH (2006) ugyanakkor a különböző lószínek vizsgálatakor azt tapasztalta, hogy a faron mért értékek nem tekinthetőek megbízhatónak.

A három mérési terület kijelölésének jogosultságát a színértékek közötti korrelációk vizsgálata is alátámasztja (17. táblázat). Szoros korrelációt (P<0,01) a nyak-lapocka és az oldal, illetve az oldal és a comb-far L\* értékei között tapasztaltunk. Közepes korreláció mutatkozott a nyak-lapocka és a comb-far világossági értékei között. Az a\* értékeket tekintve szoros korreláció van az oldal és a comb-far között, a b\* értékek esetében pedig nyak-lapocka és az oldal között.

A kapott értékek alapján azonban nem jelenthető ki, hogy valamely testtáj mérésére nincs szükség.

A három mérési terület színértékei közötti korrelációk mértéke

	Nyak-lapocka			Oldal			Comb-far		
	L1	a1	b1	L2	a2	b2	L3	a3	b3
L1		-0,39**	0,22**	<b>0,73**</b>	-0,30**	0,08*	<b>0,67**</b>	-0,30**	0,10**
a1			0,22**	-0,30**	0,53**	0,22**	-0,27**	0,43**	0,11**
b1				0,18**	-0,11**	<b>0,73**</b>	0,74**	-0,34**	0,10**
L2					-0,48**	0,10**	<b>0,74**</b>	-0,34**	0,10**
a2						-0,02	-0,37**	<b>0,72**</b>	-0,06
b2							0,13**	-0,11**	0,53**
L3								-0,51**	0,14**
a3									-0,18**
b3									

*L\** = világosság, *a\** = színtelítettség vöröstől zöldig, *b\** = színtelítettség sárgától kékig  
 \*\*: P<0,01; \*:P<0,05

A szubjektív úton történő besorolásról elmondható, hogy közel 65%-os pontossággal határoztuk meg az egyedek valós szőrszínét. A helytelenül csoportosított színváltozatok aránya a 18. táblázatban látható.

18. táblázat:

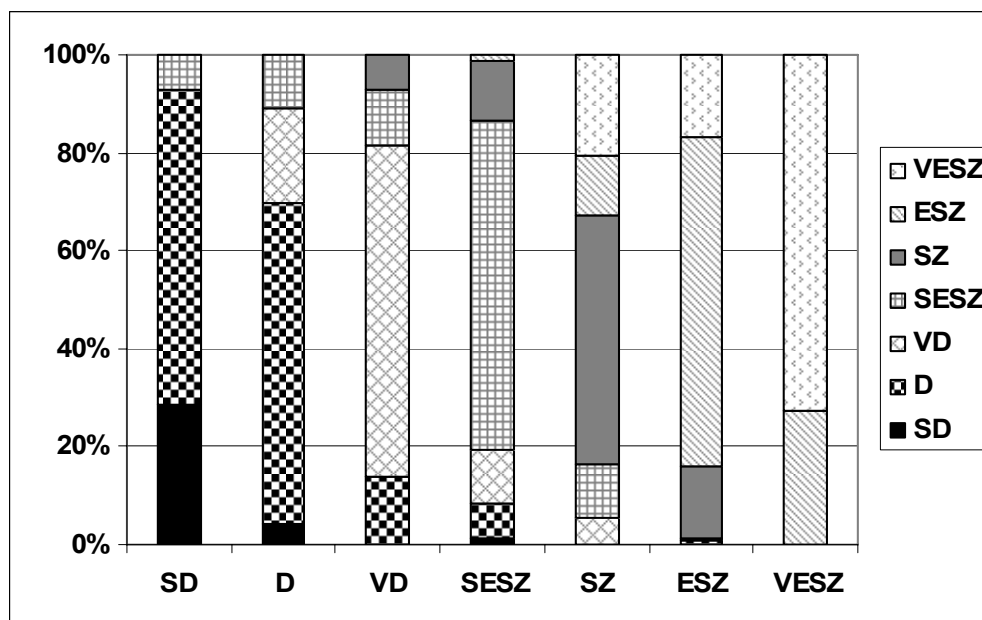
**A helytelenül csoportosított színváltozatok aránya**

Színváltozatok							
	SD	D	VD	SESZ	SZ	ESZ	VESZ
<b>Előzetes becslés</b>	0,02	0,09	0,05	0,19	0,44	0,16	0,05
<b>Arány</b>	0,71	0,34	0,33	0,33	0,36	0,33	0,27

*SD = sötét daru, D = daru, VD = világos daru, SESZ = sötét ezüstszürke, SZ = szürke, ESZ = ezüstszürke, VESZ = világos ezüstszürke*

A nem megfelelő csoportba sorolt egyedek aránya a sötét daru színváltozat esetében a legmagasabb, ebbe a csoportba mindössze a tehének 29%-át kategorizáltuk helyesen. A legpontosabban a világos ezüstszürke egyedek bírálata történt, ide az egyedek 73%-át csoportosítottuk be helyesen.

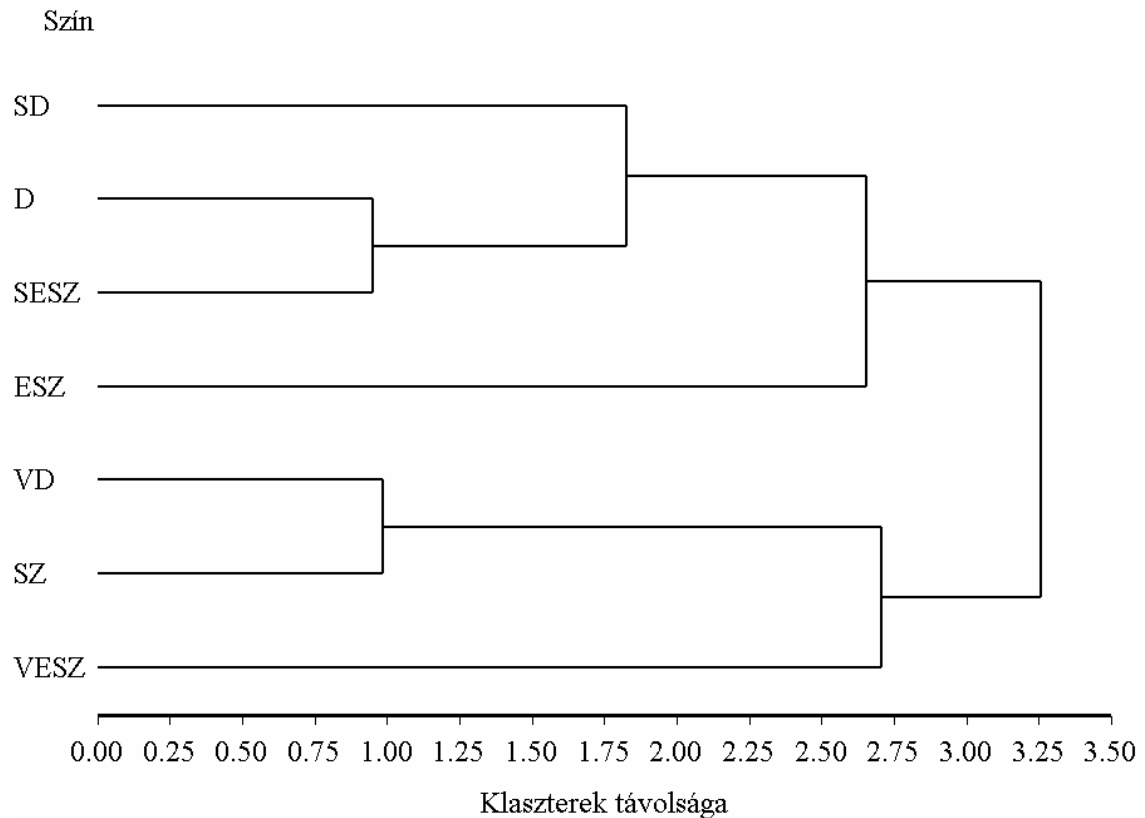
A 11. ábra a program által felállított új klaszterek összetételét mutatja. Például a daru színváltozatba a tehének 65,75%-át soroltuk be helyesen. A klaszter tartalmaz még 19,18% világos darut, 10,96% sötét ezüstszürkét, és 4,11% sötét darut. Ez is jelzi, hogy szubjektív módon történő színbírálat nem teljesen megbízható.



11. ábra: A színváltozatok utólagos csoportosítása

*SD = sötét daru, D = daru, VD = világos daru, SESZ = sötét ezüstszürke, SZ = szürke, ESZ = ezüstszürke, VESZ = világos ezüstszürke*

Annak megállapításához, hogy az egyes színváltozatok milyen mértékben különböznek egymástól, klaszteranalízist (csoportképző analízist) végeztünk a színértékek ( $L^*$ ,  $a^*$  és  $b^*$ ) alapján. Az eredményeket bemutató dendrogram 12. ábrán látható.



12. ábra: Az egyes színváltozatok elkülönülését ábrázoló dendrogram

*SD = sötét daru, D = daru, VD = világos daru, SESZ = sötét ezüstszürke, SZ = szürke, ESZ = ezüstszürke, VESZ = világos ezüstszürke*

A sötétebb (SD, D, SESZ, ESZ) és a világosabb (VD, SZ, VESZ) színváltozatok két nagy csoportja szépen elkülönül az ábrán. A mért értékek alapján a program a darus és a sötét ezüstszürke színváltozatokat tartja egymáshoz legközelebb állóknak, míg a világos ezüstszürke színváltozat az összes többi csoporttól jól elkülönül.

A különböző színváltozatokba sorolt egyedek testjaira vonatkozó  $L^*a^*b^*$  színértékek a 19. táblázatban láthatóak. A világossági érték ( $L^*$ ) alapján a sötétebb és világosabb színváltozatok könnyen elkülöníthetőek egymástól: a nagyobb  $L^*$  értékek a világosabb szint jelölik. STACHURSKA és mtsai (2004), valamint TÓTH (2006) lovak szőrszínének kromaméterrel történő mérésekor szintén hasonló tendenciát állapítottak meg.

## Az egyes színváltozatokra jellemző színértékek

		Színértékek <sup>1</sup>		
Színváltozatok	Mérési terület	L*	a*	b*
Átlag ± Standard hiba				
sötét daru	nyak-lapocka	36,74±6,81 <sup>A</sup>	1,75±0,59 <sup>a</sup>	8,12±3,09 <sup>a</sup>
	oldal	50,45±4,56 <sup>B</sup>	1,52±0,66 <sup>ab</sup>	9,72±1,96 <sup>bc</sup>
	comb-far	50,60±6,61 <sup>B</sup>	1,36±0,68 <sup>b</sup>	9,93±1,59 <sup>b</sup>
daru	nyak-lapocka	44,88±3,81 <sup>A</sup>	1,80±0,94 <sup>a</sup>	8,68±2,38 <sup>a</sup>
	oldal	52,33±3,50 <sup>B</sup>	1,52±0,63 <sup>b</sup>	9,10±2,00 <sup>ab</sup>
	comb-far	53,20±4,35 <sup>C</sup>	1,42±0,74 <sup>b</sup>	9,25±2,05 <sup>b</sup>
világos daru	nyak-lapocka	50,70±3,73 <sup>A</sup>	1,67±0,63 <sup>a</sup>	9,27±2,11
	oldal	53,71±2,79 <sup>B</sup>	1,55±0,46 <sup>ab</sup>	9,15±1,83
	comb-far	54,24±2,67 <sup>B</sup>	1,49±0,43 <sup>b</sup>	9,42±1,97
sötét ezüstszürke	nyak-lapocka	48,68±3,33 <sup>A</sup>	1,77±0,66 <sup>a</sup>	9,25±2,15 <sup>a</sup>
	oldal	57,27±3,29 <sup>B</sup>	1,18±3,27 <sup>b</sup>	9,69±4,38 <sup>b</sup>
	comb-far	58,46±3,10 <sup>C</sup>	1,21±0,49 <sup>bc</sup>	9,59±1,77 <sup>ab</sup>
szürke	nyak-lapocka	54,75±3,15 <sup>A</sup>	1,49±0,74 <sup>a</sup>	10,33±2,30
	oldal	60,45±3,44 <sup>B</sup>	1,16±0,57 <sup>b</sup>	10,26±2,09
	comb-far	60,85±3,32 <sup>C</sup>	1,03±0,62 <sup>c</sup>	10,35±3,54
ezüstszürke	nyak-lapocka	60,21±3,72 <sup>A</sup>	1,10±0,89 <sup>a</sup>	10,22±2,09 <sup>a</sup>
	oldal	63,27±3,27 <sup>B</sup>	1,00±0,56 <sup>a</sup>	9,71±1,80 <sup>b</sup>
	comb-far	63,81±3,11 <sup>C</sup>	0,84±0,59 <sup>b</sup>	10,29±4,81 <sup>a</sup>
világos ezüstszürke	nyak-lapocka	64,69±2,88 <sup>A</sup>	0,69±0,63	9,64±1,63
	oldal	67,93±3,23 <sup>BC</sup>	0,67±0,65	9,58±1,82
	comb-far	68,26±3,04 <sup>B</sup>	0,53±0,68	9,58±1,71

<sup>1</sup>L\* = világosság, a\* = színtelítettség vöröstől zöldig, b\* = színtelítettség sárgától kékig A,B,C,a,b,c,a,b,c: az egyes színértékekben való szignifikáns eltérést jelölik (P<0,05).

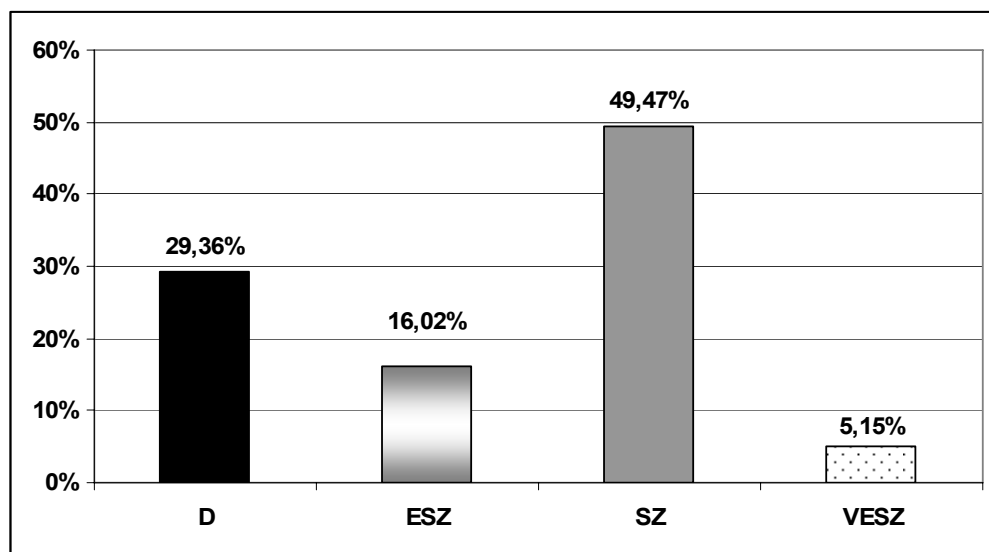
A sötétebb színváltozatok (sötétdaru, daru) magasabb a\* és alacsonyabb b\* értékekkel jellemezhetők, vagyis vörösebb és kevésbé sárgás színeként írhatóak le. A világosabb színváltozatokra (szürke, ezüstszürke) ezzel szemben alacsonyabb a\* és magasabb b\*értékek jellemzők, vagyis ezek a színváltozatok kevésbé vöröses, de sárgásabb árnyalatként értelmezhetők. Az alacsonyabb L\* értékek minden színváltozat esetében

igazolják a gyakorlati megfigyelést, miszerint a test elülső része általában sötétebb. Az oldal és a comb-far mérési területek színértékei azonban nem minden esetben különböznek egymástól statisztikailag is igazolható módon.

#### 5.2.2.2. A négy színosztály alapján történő színbírálat vizsgálata

Az elemzések rávilágítottak arra, hogy a hét színváltozat szubjektív módon való megkülönböztetése számos hibalehetőséget rejt magában. Ezért a klaszteranalízis eredményeit alapul véve, a hét színosztályt négy csoportba vontuk össze: darus, ezüstszürke, szürke és világos ezüstszürke. A darus színosztályba soroltuk a sötét daru, daru és sötét ezüstszürke színváltozatokat. Az ezüstszürke és a világos ezüstszürke színváltozatok megmaradtak önálló színosztályként, a szürke csoportba pedig a világos daru és a szürke színváltozatokat foglaltuk egybe.

A fentiekhez hasonló elvek alapján újabb diszkriminancia analízist végeztünk.

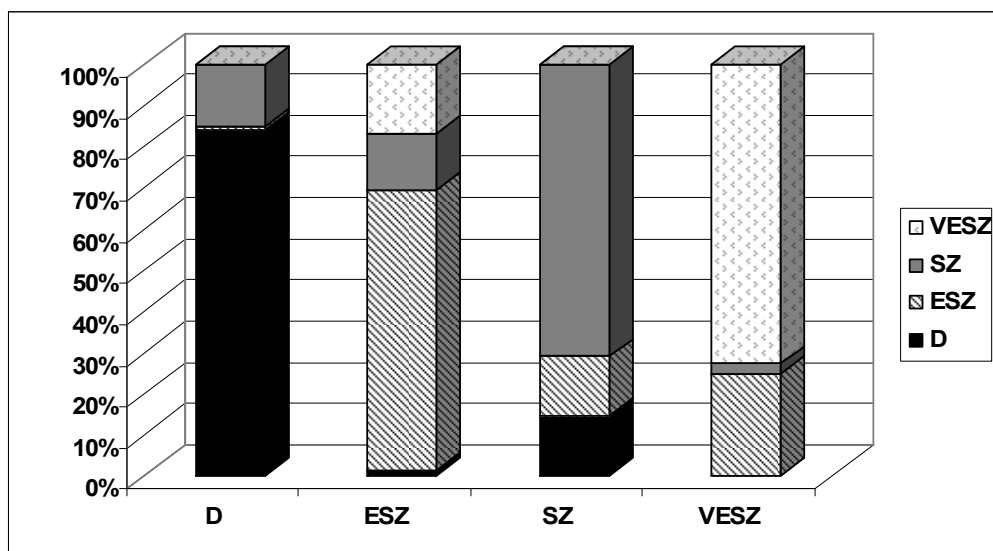


13. ábra: Az újonnan kialakított színosztályok előzetes aránya

*D= darus, ESZ= ezüstszürke, SZ= szürke, VESZ= világos ezüstszürke*

Az új besorolás szerint (13. ábra) a vizsgált állományban szintén a szürke egyedek előfordulása volt a leggyakoribb (49,47%). A darus szín az állomány közel harmadára, az ezüstszürke pedig 16,02%-ára volt jellemző. A világos ezüstszürke színű egyedek előfordulása ritka, alig több mint 5%.

Az egyedek valós szőrszínét az új besorolás szerint közel 75%-os pontossággal határoztuk meg. A hibásan besorolt egyedek aránya a darus színváltozat esetében volt a legalacsonyabb (15,94%) és az ezüstszürke színváltozat esetében a legmagasabb (32,12%). Így ez a csoportosítás pontosabb, objektívebb osztályozási módszert biztosít. A 14. ábrán látható a program által felállított új klaszterek összetétele. Az utólagos csoportosítás alapján a darus klaszter tartalmaz 15,14% szürke és 0,80% ezüstszürke egyedet. Az ezüstszürke klaszterba mind a négy színváltozathoz tartozó egyedek kerültek besorolásra (1,46% darus, 13,87% szürke és 16,79% világos ezüstszürke is). A szürke klaszterban közel azonos arányban (14,66% és 14,42%) találunk darus és ezüstszürke teheneket, valamint 0,24%-os arányban világos ezüstszürke színűeket. A világos ezüstszürke klaszter pedig 25%-os arányban tartalmaz ezüstszürke és 2,27-os arányban szürke egyedeket.



14. ábra: A négy színváltozat utólagos csoportosítása

*D= darus, ESZ= ezüstszürke, SZ= szürke, VESZ= világos ezüstszürke*

Véleményünk szerint az így kialakított négy színosztály alkalmazása pontosabb színbírálatot tesz lehetővé, mint a korábban alkalmazott hét színváltozatra épülő módszer.

Az újonnan kialakított színosztályok jellemző  $L^*a^*b^*$  értékeit a 20. táblázat ismerteti.

## Az újonnan kialakított színosztályokra jellemző színértékek

Színváltozatok	Mérési terület	Színértékek <sup>1</sup>		
		L*	a*	b*
Átlag ± Standard hiba				
darus	nyak-lapocka	46,94±4,77 <sup>A</sup>	1,77±0,75 <sup>a</sup>	9,03±2,30 <sup>a</sup>
	oldal	55,46±4,26 <sup>B</sup>	1,29±2,68 <sup>bc</sup>	9,41±2,00 <sup>bc</sup>
	comb-far	56,53±4,64 <sup>C</sup>	1,28±0,59 <sup>c</sup>	9,51±1,85 <sup>c</sup>
szürke	nyak-lapocka	54,33±3,44 <sup>A</sup>	1,51±0,73 <sup>a</sup>	10,22±2,31
	oldal	59,76±3,95 <sup>B</sup>	1,20±0,57 <sup>b</sup>	10,15±2,09
	comb-far	60,17±3,82 <sup>C</sup>	1,08±0,62 <sup>c</sup>	10,18±1,85
ezüstszerű	nyak-lapocka	60,21±3,72 <sup>A</sup>	1,10±0,89 <sup>a</sup>	10,22±2,09 <sup>a</sup>
	oldal	63,27±3,27 <sup>B</sup>	1,00±0,56 <sup>a</sup>	9,71±1,80 <sup>b</sup>
	comb-far	63,81±3,11 <sup>C</sup>	0,84±0,59 <sup>b</sup>	10,07±1,76 <sup>a</sup>
világos ezüstszerű	nyak-lapocka	64,69±2,88 <sup>A</sup>	0,69±0,63	9,64±1,63
	oldal	67,93±3,23 <sup>BC</sup>	0,67±0,65	9,58±1,82
	comb-far	68,26±3,04 <sup>C</sup>	0,53±0,68	9,59±1,71

<sup>1</sup>L\* = világosság, a\* = színtelítettség vöröstől zöldig, b\* = színtelítettség sárgától kékig  
A,B,C,a,b,c,a,b,c: az egyes színértékekben való szignifikáns eltérést jelölik (P<0,05).

A sötétebb, darus színváltozatot magasabb a\* értékek jellemzik, mint a világosabb színváltozatokat (ezüstszerű, világos ezüstszerű), vagyis ez a színváltozat intenzívebb, vörösebb árnyalatú. A b\* értékeket tekintve ilyen tendencia nem állapítható meg.

A világossági értékeket (L\*) tekintve, a világos ezüstszerű színváltozat kivételével, valamennyi színosztály esetében szépen elkülönül a három mérési terület (nyak-lapocka, oldal, comb-far). Az a\* és a b\* színértékekre vonatkozóan ilyen tendencia nem figyelhető meg, több színváltozat esetében nincs igazolható különbség a mérési területek színértékei között.

### 5.2.3. Az egyes szőrszínváltozatok megoszlása a különböző ivarokban

A nőivar vizsgálatokor kialakított négy színosztályt alkalmaztuk a hímivarú és az ivartalanított egyedek szőrszínének bírálatokor is. A 21. táblázat a teljes állomány, valamint az egyes ivarok szőrszínváltozatainak megoszlását mutatja.

21. táblázat:

**A különböző szőrszínváltozatok aránya a vizsgált állományban**

	Szőrszínváltozatok								
	$\Sigma n$	Darus		Szürke		Ezüstszürke		Világos ezüstszürke	
		n	%	n	%	n	%	n	%
<b>Hímivar</b>	61	9	14,75	28	45,90	16	26,23	8	13,11
<b>Nőivar</b>	684	201	29,36	338	49,47	110	16,02	35	5,15
<b>Tinók</b>	183	33	18,03	57	31,15	66	36,07	27	14,75
<b>Összesen</b>	928	243	26,19	423	45,58	192	20,69	70	7,54

A vizsgált magyar szürkemarha populációra vonatkozóan megállapítható, hogy legnagyobb arányban (45,58%) szürke szőrszínű egyedek fordulnak elő. Az állomány több mint negyede (26,19%) darus szőrszínű, és alig több mint 20%-ára jellemző az ezüstszürke szőrszín. A világos ezüstszürke állatok aránya 10% alatti.

A négy színváltozat aránya az egyes ivarokban a következőképpen alakult: a szürke egyedek túlnyomó többségét találjuk mind a hím-, mind a nőivarban (45,90% és 49,47%), ugyanakkor a tinók között az ezüstszürke egyedek aránya a legmagasabb (36,07%). A darus színváltozat a bikák és a tinók esetében is kevesebb, mint 20%-os arányt képvisel, ugyanakkor a tehenek között ez a színváltozat a második leggyakoribb. Mindhárom csoportban a világos ezüstszürke szőrszínű egyedek aránya legalacsonyabb, százalékos arányát tekintve a tinók esetében éri el a legmagasabb (14,75%), és a nőivarú egyedeknél a legalacsonyabb értéket (5,15%).

A homogenitásvizsgálat eredményei azt mutatták, hogy a színváltozatok megoszlását tekintve nincs statisztikailag is igazolható különbség ( $P > 0,01$ ) a vizsgált bika- és tinóállományok között. (A kritikus  $\chi^2$ -érték: 11,345; a minta alapján számított  $\chi^2$ -érték: 5,947). A négy szőrszínváltozat gyakorisága azonban különbözik a vizsgált tinó és

nőivarú, illetve a hímivarú és nőivarú populációban ( $P < 0,01$ ). (A kritikus  $\chi^2$ -érték mindkét esetben: 11,345; a minta alapján számított  $\chi^2$ -érték a tinók és a tehenek összehasonlításakor: 64,527; míg a bikák és a tehenek esetében: 13,090).

Eredményeink alapján tehát az ivar hatással lehet az egyes színváltozatok előfordulásának gyakoriságára.

Az ivar hatása kimutatható a szőrszínváltozatok színértékei esetében is. Ugyanaz a szőrszínváltozat alacsonyabb világossági értékekkel jellemezhető a bikák, mint a tehenek vagy a tinók esetében.

A magyar szürke **bikák** szőrszíne változatosabb, mint a teheneké: a test elülső része sötétebb árnyalatú. A fajtastandard szerint a nyak, az alkar előrenéző felülete, kissé a váll, a mar, a mellkas, a has oldalt és alul, majd különösen a konc fekete színű, de legalábbis többé-kevésbé kormos. A 22. táblázat a bikák esetében ismerteti a négy színváltozat jellemző színértékeit.

22. táblázat:

**A négy színváltozat színértékei bikák esetében**

		Színértékek <sup>1</sup>		
Színváltozatok	Mérési terület	L*	a*	b*
Átlag ± Standard hiba				
darus	nyak-lapocka	30,86±6,40 <sup>A</sup>	1,40±0,63	5,31±2,21 <sup>a</sup>
	oldal	51,59±5,36 <sup>B</sup>	1,41±0,69	8,66±1,74 <sup>b</sup>
	comb-far	40,27±5,77 <sup>C</sup>	1,59±0,71	7,65±1,53 <sup>c</sup>
szürke	nyak-lapocka	39,59±8,18 <sup>A</sup>	1,57±0,43 <sup>a</sup>	7,42±2,18 <sup>a</sup>
	oldal	56,91±3,27 <sup>B</sup>	1,28±0,40 <sup>b</sup>	9,33±1,17 <sup>b</sup>
	comb-far	47,18±6,72 <sup>C</sup>	1,56±0,58 <sup>a</sup>	8,51±1,27 <sup>c</sup>
ezüstsürke	nyak-lapocka	45,26±5,98 <sup>A</sup>	1,09±0,41 <sup>a</sup>	8,81±1,68 <sup>a</sup>
	oldal	60,92±1,37 <sup>B</sup>	1,58±0,38 <sup>b</sup>	9,80±1,01 <sup>b</sup>
	comb-far	57,10±0,91 <sup>C</sup>	1,54±0,37 <sup>b</sup>	10,10±1,15 <sup>b</sup>
világos ezüstsürke	nyak-lapocka	58,25±3,00 <sup>A</sup>	1,32±0,36 <sup>a</sup>	9,23±1,09 <sup>a</sup>
	oldal	65,12±2,95 <sup>B</sup>	0,97±0,21 <sup>b</sup>	10,18±0,69 <sup>b</sup>
	comb-far	60,49±3,67 <sup>A</sup>	1,12±0,23 <sup>ab</sup>	10,32±0,90 <sup>b</sup>

<sup>1</sup>L\* = világosság, a\* = színtelítettség vöröstől zöldig, b\* = színtelítettség sárgától kékig  
A,B,C,a,b,c,a,b,c: az egyes színértékekben való szignifikáns eltérést jelölik ( $P < 0,05$ ).

Megfigyelések szerint a **tinók** világosabb szőrszínűek, mint a bikák. Ez valószínűleg a tesztoszteron-szint csökkenésével is magyarázható. A tesztoszteron melanin-szintézist befolyásoló hatását patkányokban már kimutatták (MILLS – SPAZIANI, 1966).

Mérési eredményeink (23. táblázat) azt mutatták, hogy a tinók a tehenekhez képest is világosabb szőrszínnel rendelkeznek: minden színváltozat esetében magasabb L\* (világossági) értékeket kaptunk ( $P < 0,05$ ).

23. táblázat:

**A négy színváltozat színértékei tinók esetében**

		Színértékek <sup>1</sup>		
Színváltozatok	Mérési terület	L*	a*	b*
Átlag ± Standard hiba				
darus	nyak-lapocka	52,79±3,21 <sup>A</sup>	1,83±0,36	9,15±0,94 <sup>a</sup>
	oldal	58,65±3,58 <sup>B</sup>	1,62±0,43	10,16±1,54 <sup>b</sup>
	comb-far	56,92±2,94 <sup>BC</sup>	1,88±0,44	10,03±1,32 <sup>b</sup>
szürke	nyak-lapocka	56,18±2,72 <sup>A</sup>	1,63±0,56	9,65±1,64 <sup>a</sup>
	oldal	61,24±2,98 <sup>B</sup>	1,54±0,41	10,89±1,13 <sup>b</sup>
	comb-far	61,19±3,64 <sup>BC</sup>	1,64±0,46	10,27±0,97 <sup>c</sup>
ezüstszürke	nyak-lapocka	59,26±3,05 <sup>A</sup>	1,43±0,54	9,71±1,44 <sup>a</sup>
	oldal	64,56±2,92 <sup>B</sup>	1,31±0,45	10,59±1,32 <sup>b</sup>
	comb-far	63,87±3,09 <sup>BC</sup>	1,44±0,42	10,15±1,21 <sup>c</sup>
világos ezüstszürke	nyak-lapocka	62,68±3,72 <sup>A</sup>	1,22±0,46	9,63±1,32 <sup>a</sup>
	oldal	67,56±3,18 <sup>B</sup>	1,07±0,42	10,39±0,97 <sup>b</sup>
	comb-far	66,50±3,10 <sup>BC</sup>	1,19±0,38	10,08±1,30 <sup>ab</sup>

<sup>1</sup>L\* = világosság, a\* = színtelítettség vöröstől zöldig, b\* = színtelítettség sárgától kékig  
A,B,C, a,b,c: az egyes színértékekben való szignifikáns eltérést jelölik ( $P < 0,05$ ).

Az alacsonyabb L\* értékek mindegyik ivarban igazolják a gyakorlati megfigyelést, miszerint a test elülső része általában sötétebb. A világossági érték (L\*) alapján a comb-far mérési terület a nőivarnál és a hímivarnál statisztikailag is igazolható módon elkülönül az oldal L\* értékeitől, a tinók esetében ez a megállapítás azonban nem érvényes.

#### 5.2.4. Az évszak szőrszín befolyásoló hatása

A fajta küllemének leírásában BODÓ és mtsai (2002) is megemlíti, hogy télen az állatok általában sötétebb színűek. Hasonló megállapítást tartalmaz a romagnola fajtastandardja is (ANABIC, 1999b).

Az évszak szőrszín befolyásoló hatását a 24. táblázat ismerteti. Az  $L^*$  (világossági) értékek mindhárom ivarban, illetve mind a négy színváltozat esetében igazolják a tapasztalati megfigyelést, miszerint a téli szőrzet sötétebb. Ez a megállapítás mindhárom mérési terület esetében is igaznak bizonyult. Arab telivér, shagya arab, lipicai, gidrán és nóniusz lovak téli és nyári szőrzetének vizsgálatokor TÓTH (2006) is ugyanilyen következtetésre jutott. STACHURSKA és mtsai (2004) kutatásai azonban ennek ellentmondó eredménnyel zárultak: az általuk mért konik és bilgoraj lovak télen világosabb szőrzetet mutattak.

BODÓ és mtsai (2002) szerint a magyar szürkemarha őszi-téli hosszú szőrzete rendszerint több rőt árnyalatú szőrszálal is tartalmaz. A CIE által kidolgozott  $L^*a^*b^*$  színrendszerben az  $a^*$  érték mutatja a szín telítettségét vöröstől zöldig terjedően. Vizsgálati eredményeink a fenti megállapítást nem igazolták egyértelműen. A darus színváltozathoz tartozó tehenek esetében a nyak-lapocka mérési területen – a nyári szőrzethez viszonyítva - alacsonyabb  $a^*$  értékeket kaptunk, a másik két mérési területen pedig nem volt statisztikailag is kimutatható különbség az  $a^*$  értékek között. A szürke színváltozat esetében ugyanez volt elmondható, ugyanakkor a comb-far esetében a téli szőr magasabb  $a^*$  értékekkel volt jellemezhető. Az ezüstszürke és a világos ezüstszürke színváltozat esetében az oldal és a comb-far  $a^*$  értékei bizonyultak szignifikánsan magasabbnak, mint a nyári szőrzet esetében tapasztaltak.

A hímivarban is sokszor egymásnak ellentmondó eredményeket kaptunk (25. táblázat). Az egyes mérési területeken sok esetben nem volt statisztikailag is igazolható különbség a téli és a nyári szőrzet  $a^*$  értékei között. Ugyanakkor az ezüstszürke szőrszínű bikák oldala szignifikánsan alacsonyabb, míg a nyak-lapocka terület szignifikánsan magasabb  $a^*$  értékekkel volt jellemezhető. A tinók téli és nyári szőrzetének vizsgálata (26. táblázat) sem mutatott egyértelmű eredményeket az  $a^*$  értékre vonatkozóan.

A téli szőrzet  $a^*$  értékeit tekintve a szakirodalom sem egységes: STACHURSKA és mtsai (2004) alacsonyabb, míg TÓTH (2006) magasabb  $a^*$  értékeket tapasztalt.

A színtelítettséget sárgától kékig terjedően jellemző  $b^*$  érték esetében eredményeink részben megegyeznek a STACHURSKA és mtsai (2004) által lovak esetében tapasztaltakkal. A téli szőrzet a magyar szürkemarha esetében is sárgásabbnak bizonyult, vagyis alacsonyabb  $b^*$  értékekkel volt jellemezhető. Az eredmények ezt a megállapítást egyedül a világos ezüstszürke tehének esetében nem igazolták (a nyaklapocka és a comb-far mérési területen).

## A mérési évszak hatása az egyes színváltozatok színértékeire (nőivar)

		Színértékek <sup>1</sup>			
Színváltozatok	Mérési évszak	Mérési terület	L*	a*	b*
Átlag ± Standard hiba					
darus	nyár	nyak-lapocka	46,94±4,77 <sup>A</sup>	1,77±0,75 <sup>a</sup>	9,03±2,30 <sup>a</sup>
	tél	nyak-lapocka	44,41±6,61 <sup>B</sup>	1,25±0,66 <sup>b</sup>	6,98±2,01 <sup>b</sup>
	nyár	oldal	55,46±4,26 <sup>A</sup>	1,29±0,68	9,41±2,00 <sup>a</sup>
	tél	oldal	52,91±4,61 <sup>B</sup>	1,23±0,82	8,08±1,88 <sup>b</sup>
	nyár	comb-far	56,53±4,64 <sup>A</sup>	1,28±0,59	9,51±1,85 <sup>a</sup>
	tél	comb-far	55,16±3,89 <sup>B</sup>	1,28±0,44	8,43±1,67 <sup>b</sup>
szürke	nyár	nyak-lapocka	54,33±3,44 <sup>A</sup>	1,51±0,73 <sup>a</sup>	10,22±2,31 <sup>a</sup>
	tél	nyak-lapocka	49,46±4,43 <sup>B</sup>	1,18±0,50 <sup>b</sup>	7,95±1,93 <sup>b</sup>
	nyár	oldal	59,76±3,95 <sup>A</sup>	1,20±0,57	10,15±2,09 <sup>a</sup>
	tél	oldal	56,99±4,10 <sup>B</sup>	1,23±0,61	8,52±2,00 <sup>b</sup>
	nyár	comb-far	60,17±3,82 <sup>A</sup>	1,08±0,62 <sup>a</sup>	10,18±1,85 <sup>a</sup>
	tél	comb-far	59,00±4,10 <sup>B</sup>	1,31±0,47 <sup>b</sup>	9,04±1,87 <sup>b</sup>
ezüstszerű	nyár	nyak-lapocka	60,21±3,72 <sup>A</sup>	1,10±0,89	10,22±2,09 <sup>a</sup>
	tél	nyak-lapocka	53,13±3,59 <sup>B</sup>	1,15±0,73	8,69±1,94 <sup>b</sup>
	nyár	oldal	63,27±3,27 <sup>A</sup>	1,00±0,56 <sup>a</sup>	9,71±1,80 <sup>a</sup>
	tél	oldal	58,60±4,08 <sup>B</sup>	1,14±0,48 <sup>b</sup>	8,89±1,98 <sup>b</sup>
	nyár	comb-far	63,81±3,11 <sup>A</sup>	0,84±0,59 <sup>a</sup>	10,07±1,76 <sup>a</sup>
	tél	comb-far	60,56±3,90 <sup>B</sup>	1,21±0,39 <sup>b</sup>	9,35±1,74 <sup>b</sup>
világos ezüstszerű	nyár	nyak-lapocka	64,69±2,88 <sup>A</sup>	0,69±0,63	9,64±1,63
	tél	nyak-lapocka	59,11±4,52 <sup>B</sup>	0,60±0,69	9,51±1,87
	nyár	oldal	67,93±3,23 <sup>A</sup>	0,67±0,65 <sup>a</sup>	9,58±1,82 <sup>a</sup>
	tél	oldal	63,18±3,56 <sup>B</sup>	0,96±0,43 <sup>b</sup>	9,16±1,67 <sup>b</sup>
	nyár	comb-far	68,26±3,04 <sup>A</sup>	0,53±0,68 <sup>a</sup>	9,59±1,71
	tél	comb-far	65,18±3,37 <sup>B</sup>	0,83±0,53 <sup>b</sup>	9,47±1,57

<sup>1</sup>L\* = világosság, a\* = színtelítettség vöröstől zöldig, b\* = színtelítettség sárgától kékig  
A,B,C,a,b,c,a,b,c: az egyes színértékekben való szignifikáns eltérést jelölik (P<0,05).

## A mérési évszak hatása az egyes színváltozatok színértékeire (bikák)

		Színértékek <sup>1</sup>			
Színváltozatok	Mérési évszak	Mérési terület	L*	a*	b*
Átlag ± Standard hiba					
darus	nyár	nyak-lapocka	30,86±6,40 <sup>A</sup>	1,40±0,63	5,31±2,21 <sup>a</sup>
	tél	nyak-lapocka	25,81±2,68 <sup>B</sup>	1,30±0,21	2,58±1,07 <sup>b</sup>
	nyár	oldal	51,59±5,36 <sup>A</sup>	1,41±0,69	8,66±1,74 <sup>a</sup>
	tél	oldal	44,73±3,67 <sup>B</sup>	1,33±0,34	6,53±1,35 <sup>b</sup>
	nyár	comb-far	40,27±5,77	1,59±0,71 <sup>a</sup>	7,65±1,53 <sup>a</sup>
	tél	comb-far	40,23±3,70	1,33±0,34 <sup>b</sup>	6,01±1,49 <sup>b</sup>
szürke	nyár	nyak-lapocka	39,59±8,18 <sup>A</sup>	1,57±0,43	7,42±2,18 <sup>a</sup>
	tél	nyak-lapocka	29,21±4,52 <sup>B</sup>	1,45±0,32	3,90±1,40 <sup>b</sup>
	nyár	oldal	56,91±3,27 <sup>A</sup>	1,28±0,40	9,33±1,17 <sup>a</sup>
	tél	oldal	48,00±3,42 <sup>B</sup>	1,39±0,36	7,32±1,60 <sup>b</sup>
	nyár	comb-far	47,18±6,72	1,56±0,58 <sup>a</sup>	8,51±1,27 <sup>a</sup>
	tél	comb-far	45,85±3,32	1,25±0,31 <sup>b</sup>	6,77±1,93 <sup>b</sup>
ezüstszerű	nyár	nyak-lapocka	45,26±5,98 <sup>A</sup>	1,09±0,41 <sup>a</sup>	8,81±1,68 <sup>a</sup>
	tél	nyak-lapocka	30,69±4,07 <sup>B</sup>	1,35±0,37 <sup>b</sup>	4,08±1,33 <sup>b</sup>
	nyár	oldal	60,92±1,37 <sup>A</sup>	1,58±0,38 <sup>a</sup>	9,80±1,01 <sup>a</sup>
	tél	oldal	50,78±2,84 <sup>B</sup>	1,32±0,29 <sup>b</sup>	7,81±1,11 <sup>b</sup>
	nyár	comb-far	57,10±0,91 <sup>A</sup>	1,54±0,37	10,10±1,15 <sup>a</sup>
	tél	comb-far	48,01±3,20 <sup>B</sup>	1,33±0,33	7,70±1,41 <sup>b</sup>
világos ezüstszerű	nyár	nyak-lapocka	58,25±3,00 <sup>A</sup>	1,32±0,36	9,23±1,09 <sup>a</sup>
	tél	nyak-lapocka	35,17±5,42 <sup>B</sup>	1,39±0,18	5,15±1,15 <sup>b</sup>
	nyár	oldal	65,12±2,95 <sup>A</sup>	0,97±0,21	10,18±0,69 <sup>a</sup>
	tél	oldal	53,16±1,62 <sup>B</sup>	0,87±0,33	8,21±1,04 <sup>b</sup>
	nyár	comb-far	60,49±3,67 <sup>A</sup>	1,12±0,23	10,32±0,90 <sup>a</sup>
	tél	comb-far	50,25±1,69 <sup>B</sup>	0,97±1,26	8,47±1,41 <sup>b</sup>

<sup>1</sup>L\* = világosság, a\* = színtelítettség vöröstől zöldig, b\* = színtelítettség sárgától kékig  
A,B,C,a,b,c,a,b,c: az egyes színértékekben való szignifikáns eltérést jelölik (P<0,05).

## A mérési évszak hatása az egyes színváltozatok színértékeire (tinók)

		Színértékek <sup>1</sup>			
Színváltozatok	Mérési évszak	Mérési terület	L*	a*	b*
Átlag ± Standard hiba					
darus	nyár	nyak-lapocka	52,79±3,21 <sup>A</sup>	1,83±0,36	9,15±0,94 <sup>a</sup>
	tél	nyak-lapocka	46,99±4,69 <sup>B</sup>	1,90±0,43	7,08±1,45 <sup>b</sup>
	nyár	oldal	58,65±3,58 <sup>A</sup>	1,62±0,43 <sup>a</sup>	10,16±1,54 <sup>a</sup>
	tél	oldal	51,31±3,65 <sup>B</sup>	1,81±0,34 <sup>b</sup>	7,51±1,63 <sup>b</sup>
	nyár	comb-far	56,92±2,94 <sup>A</sup>	1,88±0,44	10,03±1,32 <sup>a</sup>
	tél	comb-far	53,46±4,34 <sup>B</sup>	1,70±1,65	7,84±1,65 <sup>b</sup>
szürke	nyár	nyak-lapocka	56,18±2,72 <sup>A</sup>	1,63±0,56 <sup>a</sup>	9,65±1,64 <sup>a</sup>
	tél	nyak-lapocka	54,65±2,42 <sup>B</sup>	1,89±0,75 <sup>b</sup>	8,89±2,08 <sup>b</sup>
	nyár	oldal	61,24±2,98 <sup>A</sup>	1,54±0,41 <sup>a</sup>	10,89±1,13 <sup>a</sup>
	tél	oldal	57,57±3,27 <sup>B</sup>	1,79±0,38 <sup>b</sup>	8,92±1,68 <sup>b</sup>
	nyár	comb-far	61,19±3,64 <sup>A</sup>	1,64±0,46	10,27±0,97 <sup>a</sup>
	tél	comb-far	58,99±2,69 <sup>B</sup>	1,56±0,36	8,71±3,16 <sup>b</sup>
ezüstszerű	nyár	nyak-lapocka	59,26±3,05 <sup>A</sup>	1,43±0,54 <sup>a</sup>	9,71±1,44 <sup>a</sup>
	tél	nyak-lapocka	56,28±4,47 <sup>B</sup>	1,72±0,64 <sup>b</sup>	8,58±2,66 <sup>b</sup>
	nyár	oldal	64,56±2,92 <sup>A</sup>	1,31±0,45 <sup>a</sup>	10,59±1,32 <sup>a</sup>
	tél	oldal	61,15±3,27 <sup>B</sup>	1,68±0,45 <sup>b</sup>	8,96±2,66 <sup>b</sup>
	nyár	comb-far	63,87±3,09 <sup>A</sup>	1,44±0,42	10,15±1,21 <sup>a</sup>
	tél	comb-far	61,23±3,02 <sup>B</sup>	1,56±0,38	8,75±1,58 <sup>b</sup>
világos ezüstszerű	nyár	nyak-lapocka	62,68±3,72 <sup>A</sup>	1,22±0,46	9,63±1,32 <sup>a</sup>
	tél	nyak-lapocka	58,66±3,29 <sup>B</sup>	1,22±0,26	6,83±0,95 <sup>b</sup>
	nyár	oldal	67,56±3,18 <sup>A</sup>	1,07±0,42	10,39±0,97 <sup>a</sup>
	tél	oldal	61,76±2,97 <sup>B</sup>	1,37±0,37	7,04±1,24 <sup>b</sup>
	nyár	comb-far	66,50±3,10 <sup>A</sup>	1,19±0,38	10,08±1,30 <sup>a</sup>
	tél	comb-far	63,11±4,14 <sup>B</sup>	1,27±0,56	7,07±1,13 <sup>b</sup>

<sup>1</sup>L\* = világosság, a\* = színtelítettség vöröstől zöldig, b\* = színtelítettség sárgától kékig  
A,B,C,a,b,c,a,b,c: az egyes színértékekben való szignifikáns eltérést jelölik (P<0,05).

### 5.2.5. Szőrszínváltozatok megoszlása a különböző vonalú bikák ivadékaiban

A vizsgált egyedek 5 vonalba sorolható bikáktól származtak. A 27. táblázat a bikavonalak ivadékainak szőrszínváltozatait elemzi.

27. táblázat:

**Szőrszínváltozatok megoszlása a különböző vonalú bikák ivadékai esetében**

Bikavonalak	Ivadékok száma (n)	Szőrszínváltozatok (%)			
		Darus	Szürke	Ezüstszürke	Világos ezüstszerű
B	50	22,00	44,00	28,00	6,00
C	98	20,41	42,86	23,47	13,26
M	50	48,00	26,00	18,00	8,00
T	58	22,41	41,38	22,41	13,80
V	59	28,81	37,30	18,64	15,25

Az M vonal kivételével valamennyi vonalra igaz, hogy az ivadékok közel 40%-a szürke szőrszínű volt. A világos ezüstszerű ivadékok aránya minden vonal esetében a legalacsonyabb, értéke 6-15,25% között változik. Az ezüstszerű szőrszínű ivadékok aránya a B vonal esetében a legmagasabb (28%), a többi vonalban 20% körüli. A darus szőrszín az M vonalú apák ivadékai között volt a legmagasabb (48%), és a C vonalhoz tartozó bikák ivadékai között a legalacsonyabb (20,41%).

A homogenitásvizsgálat eredményei alapján az M vonalú bikától származó ivadékok szőrszínváltozatainak megoszlása szignifikánsan különbözik ( $P < 0,01$ ) a C vonalú bikák ivadékainál tapasztaltaktól. (A kritikus  $\chi^2$ -érték: 11,345; a minta alapján számított  $\chi^2$ -érték: 12,261;). (A más vonalú bikák ivadékai esetében a minta alapján számított  $\chi^2$ -értékek: M-B: 8,360; M-T: 10,810; M-V: 4,881).

### 5.2.6. Szőrszínváltozatok megoszlása a különböző tehéncsaládokban

A vizsgált egyedek 103 családba voltak sorolhatóak. A 28. táblázat csak a legalább 5 ivadékkal rendelkező családok esetében ismerteti a szőrszínváltozatok megoszlását.

28. táblázat:

**Szőrszínváltozatok megoszlása a különböző családok esetében**

Családok	Létszám (n)	Szőrszínváltozatok			
		Darus	Szürke	Ezüstszürke	Világos ezüstszürke
BAZSA	8	1	3	4	0
BIMBÓ	8	4	3	0	1
BOJTOS	7	0	4	2	1
DARU	7	0	5	1	1
DÓRA	9	2	5	2	0
ÉVA	5	2	0	1	2
GYILKOS	10	2	2	6	0
HANGOS	6	2	2	2	0
HÉJA	10	2	8	0	0
KANCSI	5	2	2	1	0
LEVÉL	7	2	2	3	0
MANCI	13	4	3	3	0
MÁRTA	5	1	3	1	0
RENDES	8	2	3	1	2
RÓZSA	9	3	5	1	0
SODRÓ	5	2	2	1	1
SZOKNYÁS	6	4	1	0	1
VIRÁG	7	1	4	2	0
Összesen	135	27,06%	42,86%	23,31%	6,77%

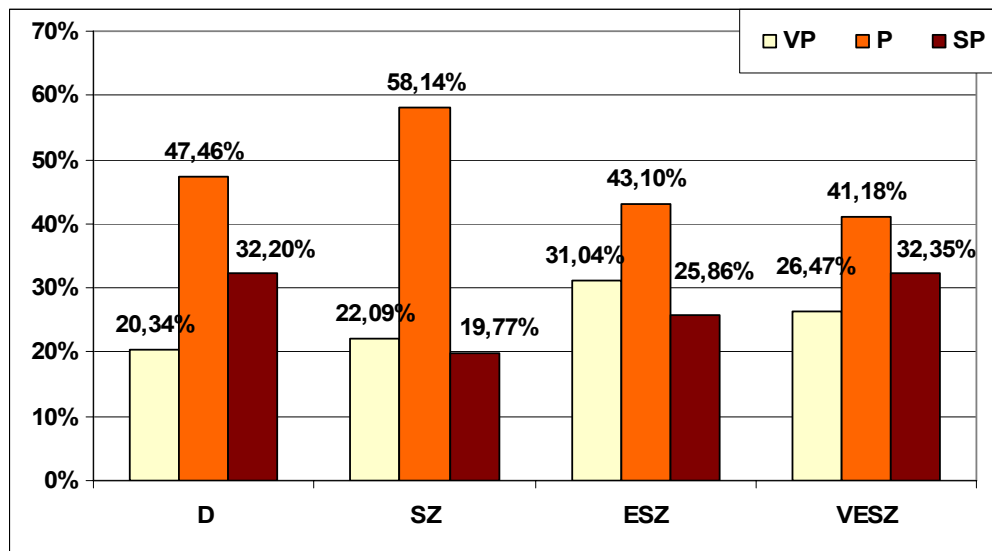
Az alacsony kategóriánkénti elemszám miatt messzemenő következtetéseket nem lehet levonni, de bizonyos képet kaphatunk a különböző tehéncsaládokban megfigyelhető szőrszínváltozatokról.

A vizsgált családok között csupán kettőben (Rendes és Sodró) tapasztaltuk mind a négy színváltozat megjelenését, a Héja családban pedig csak darus és szürke szőrszínű ivadékokat találtunk. Nyolc családban (Bojtos, Daru, Dóra, Héja, Márta, Rendes, Rózsa, Virág) a szürke, háromban (Bimbó, Mancsi, Szoknyás) a darus, kettőben (Bazsa és Gyilkos) pedig az ezüstszürke szőrszínű egyedek voltak többségben. Világos ezüstszürke szőrszínű ivadékokat a 18 család közül mindössze hét családban találtunk.

### 5.3. A vizsgált minőségi tulajdonságok közötti összefüggések vizsgálata

#### 5.3.1. A születéskori és a kifejtéskori szőrszín közötti összefüggések vizsgálata

A 15. ábra a négy színváltozatba sorolt egyedek születéskori szőrszínét ismerteti.



15. ábra: A születéskori és a kifejtéskori szőrszín közötti kapcsolat

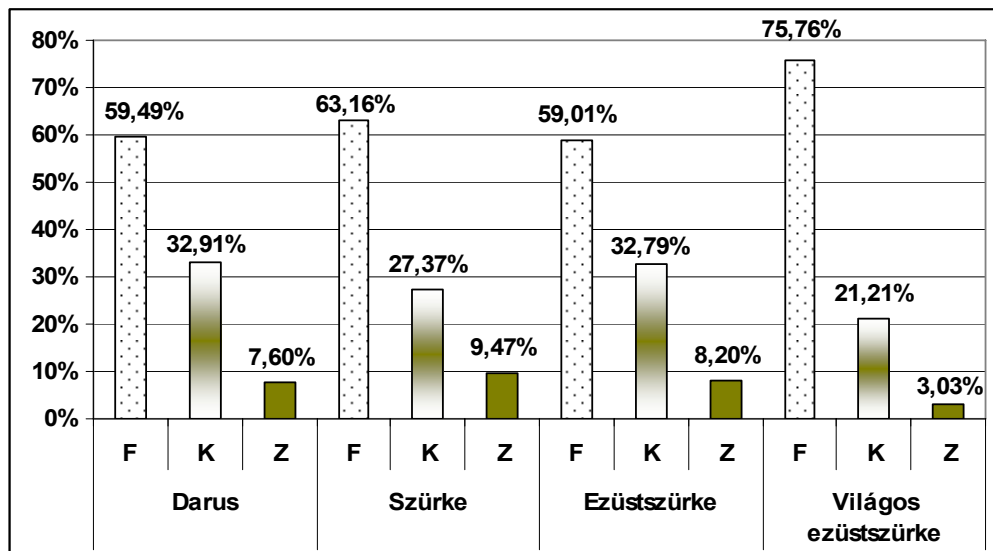
*D: darus, SZ: szürke, ESZ: ezüstszürke, VESZ: világos ezüstszürke, VP: világos pirók, P: pirók, SP: sötét pirók*

Mind a négy színosztály esetében a pirók színnel született egyedek aránya volt a legmagasabb (41,18%-58,14%), és a világos pirók színnel születettek a legalacsonyabb (20,34%-26,47%). Érdekes, hogy a világos ezüstszürke egyedek több mint harmada sötét pirók szőrszínnel született. Ez is azt mutatja, hogy bármely kifejtéskori színváltozat kialakulhat bármely születéskori szőrszínváltozattól.

A függetlenségvizsgálat eredménye azt mutatta, hogy a születéskori és a kifejtéskori szőrszín között nincs igazolható összefüggés ( $P > 0,01$ ). (Kritikus  $\chi^2$ -érték: 16,812; a minta alapján számított  $\chi^2$ -érték: 6,652). Tehát a borjú születéskori szőrszíne alapján nem következtethetünk a kifejtéskori szőrszín árnyalatára.

### 5.3.2. A szarvszín és a szőrszín közötti összefüggések vizsgálata

Felmerülhet a kérdés, vajon a sötétebb szőrszínű magyar szürke egyedek sötétebb szarvszínnel is rendelkeznek-e. A két tulajdonság közötti lehetséges összefüggéseket a 16. ábra mutatja.



16. ábra: A szarv és a szőrzet színe közötti összefüggések

*F: fehér szarv, K: kártyás szarv, Z: zöld szarv*

Mind a négy szőrszínváltozat esetében a fehér szarvú egyedek túlsúlya a jellemző, a legmagasabb arányban (75,76%) a világos ezüstszürke egyedek között találhatóak. A kártyás szarv valamennyi szőrszínváltozat esetében a második leggyakrabban előforduló szarvszíneződés, a zöld szarvú egyedek aránya pedig minden csoportban a legalacsonyabb.

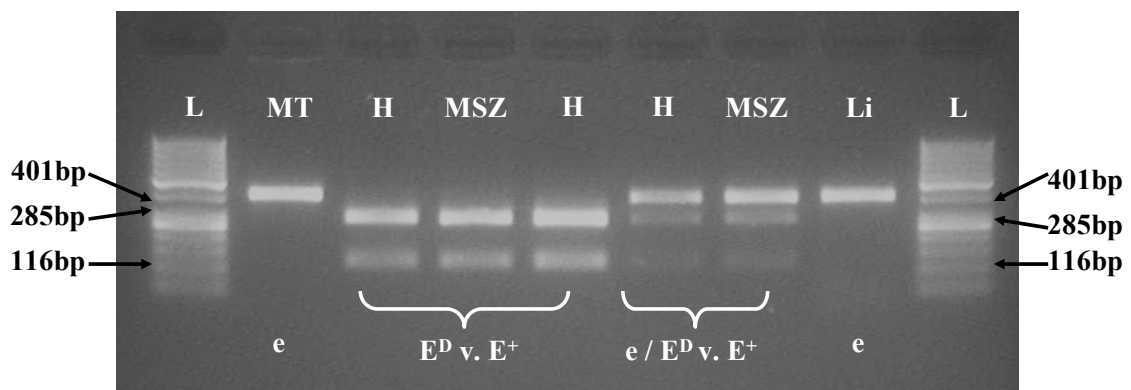
Az elvégzett függetlenségvizsgálat eredményei alapján megállapítható, hogy nincs statisztikailag is igazolható összefüggés a szarv és a szőrzet színe között, vagyis két, egymástól független tulajdonságról beszélhetünk ( $P > 0,01$ ). (Kritikus  $\chi^2$ -érték: 16,812; a minta alapján számított  $\chi^2$ -érték: 3,929).

## 5.4. Az MC1R gén polimorfizmusainak vizsgálata néhány Magyarországon tenyésztett szarvasmarhafajtában

### 5.4.1. MC1R allélek kimutatása különböző szarvasmarhafajtákban

A szarvasmarha (és általában minden emlős faj) kültakarójának színét alapvetően a szőrszálakban jelenlévő vagy hiányzó pigmentek határozzák meg (SEARLE, 1968). A kétféle melanin: az eumelanin (barna/fekete pigmentek) és a feomelanin (vörös/sárga pigmentek) relatív mennyiségét két lókuszt: az extension (MC1R gén) és az agouti (ASIP gén) szabályozza. Több kutatócsoport (ROYO és mtsai, 2005; GIRARDOT és mtsai, 2005; GRAPHODATSKAYA és mtsai, 2006) sem talált azonban eltéréseket a különböző szőrszínű szarvasmarhafajták ASIP génjének kódoló szekvenciájában, ezért feltételezhető, hogy más gének mellett, elsősorban az MC1R gén felelős a szőrzet színének kialakításáért.

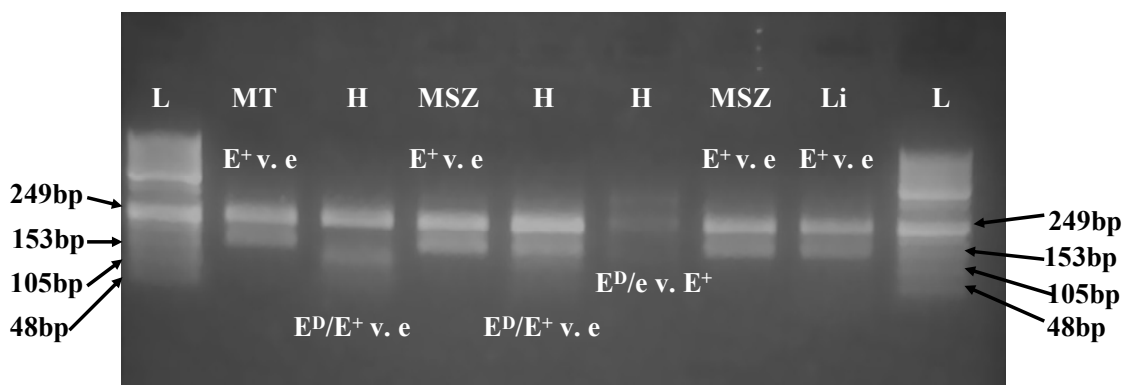
Az alkalmazott PCR-RFLP módszer segítségével a szarvasmarha MC1R lókuszt három allélját (22.-23. kép) sikerült elkülönítenünk: a) a domináns  $E^D$  allélt, mely fekete szőrzetet alakít ki, b) a recesszív  $e$  allélt, mely homozigóta állapotban vörös szőrzetet eredményez és c) a vad-típusú  $E^+$  allélt, mely más, a szőrzet kialakításában szerepet játszó gének hatásától függően változatos színű kültakarót eredményez.



22. kép: *Msp*I emésztés gélképe

*L: 50 bp DNS létra, MT: magyar tarka, H: holstein-fríz, MSZ: magyar szürke, Li: limousin, e: recesszív allél (vörös szín), E<sup>D</sup>: domináns allél (fekete szín), E<sup>+</sup>: vad-típusú allél (változatos szín)*

*(e allél: G deléció a 310 pozícióban. Az MspI restrikciós enzim felismerő helye nincs jelen, az enzim nem vág: 401 bp hosszúságú fragment. Ha nincs jelen ez a mutáció: E<sup>+</sup> vagy E<sup>D</sup> allél: 285 és 116 bp hosszúságú fragmentek)*



23. kép: MspA1I emésztés gélképe

L: 50 bp DNS létra, MT: magyar tarka, H: holstein-fríz, MSZ: magyar szürke, Li: limousin, e: recesszív allél (vörös szín),  $E^D$ : domináns allél (fekete szín),  $E^+$ : vad-típusú allél (változatos szín)

( $E^D$  allél: 249, 105 és 48 bp hosszúságú fragmentek,  $E^+$  vagy a e allél: 249 és 153 bp hosszúságú fragmentek)

29. táblázat:

**A gélképeken látható információk magyarázata**

Minta	magyar tarka	holstein-fríz	magyar szürke	holstein-fríz	holstein-fríz	magyar szürke	limousin
MC1R genotípus	e/e	$E^D/E^D$	$E^+/E^+$	$E^D/E^+$	$E^D/e$	$E^+/e$	e/e
Szőrszín	vörös	fekete	szürke	fekete	fekete	szürke	vörös

A vizsgált egyedek allél-és genotípus gyakorisági értékei a 30. táblázatban láthatók.

A Magyarországon tenyésztett fajták közül kettőben: a holstein-fríz és aberdeen angus fajtákban tudtuk kimutatni az  $E^D$  allél jelenlétét. A recesszív e allél minden vizsgált fajtában megtalálható volt, három fajta: a charolais, a limousin és a magyar tarka esetében az allél rögzülését tapasztaltuk (allélgyakorisági érték: 1,00). A vad-típusú ( $E^+$ ) allél három hazai tenyésztésű fajtában: a magyar szürke, a holstein-fríz fajtákban és az aberdeen angus vörös színváltozata esetében volt jelen, legnagyobb allélgyakorisági értékkel a magyar szürkében mutattuk ki (0,996).

Allél- és genotípus gyakorisági értékek a vizsgált fajták esetében

Fajta	Szőrszín	Vizsgált egyedek száma (n)	MC1R allélek gyakorisága			MC1R genotípusok gyakorisága					
			$E^D$	$E^+$	e	$E^D/E^D$	$E^D/E^+$	$E^D/e$	$E^+/E^+$	$E^+/e$	e/e
magyar szürke	szürke	308	-	0,997	0,003	-	-	-	0,993	0,007	-
magyar tarka	vörös-tarka	74	-	-	1,00	-	-	-	-	-	1,00
holstein-fríz	fekete-tarka	59	0,949	0,017	0,034	0,897	0,034	0,069	-	-	-
charolais	krémszínű	17	-	-	1,00	-	-	-	-	-	1,00
limousin	vörös	10	-	-	1,00	-	-	-	-	-	1,00
aberdeen angus	vörös	30	-	0,033	0,967	-	-	-	-	0,067	0,933
	fekete	16	0,906	-	0,094	0,813	-	0,187	-	-	-

$E^D$  (domináns allél): fekete szín kialakításáért felelős

e (recesszív allél): homozigóta állapotban vörös szőrszint eredményez

$E^+$  (vad-típusú allél): más szőrszint befolyásoló gének hatásától függően változatos szőrszint alakít ki

Várakozásainknak megfelelően az  $E^D$  allélt csak fekete szőrszínű fajtákban: a holstein-frízben és az aberdeen angus fekete színváltozatában tudtuk kimutatni és eredményeink egybeesnek a korábbi vizsgálatok (JÖRG és mtsai, 1996; ROUZAUD és mtsai, 2000; MAUDET – TABERLET, 2002; CREPALDI és mtsai, 2003; ROLANDO – DISTASIO, 2006 és RUSSO és mtsai, 2007) eredményeit.

Az 59 vizsgált holstein-fríz mindegyike fekete-tarka szőrszínű volt, így mindegyik egyed legalább egy  $E^D$  alléllal rendelkezett. Ugyanakkor az is ismert tény, hogy a recesszív  $e$  allél jelen van a fajtában. RUSSO és mtsai (2007) 0,110 allélgyakorisági értékkel mutatták ki a recesszív allélt az olasz holstein állományban. Az általunk vizsgált (kisebb létszámú) állományban kisebb gyakorisággal (0,034) fordult elő a recesszív allél, ugyanakkor kimutattuk (igaz alacsony gyakorisági értékkel: 0,017) a vad-típusú ( $E^+$ ) allélt is. MAUDET – TABERLET (2002) ezzel szemben az  $E^D$  allél rögzülését tapasztalta a francia holstein állományban.

Az aberdeen angus fekete színváltozata esetében (a holstein-fríznél tapasztalttól alacsonyabb gyakorisági értékkel) szintén az  $E^D$  allél majdnem teljes mértékű rögzülését tapasztaltuk, ugyanakkor közel 10%-ban jelen volt a recesszív, vörös színt okozó allél is. A vizsgált egyedek mindegyike fajtatiszta aberdeen angus volt, ezért a recesszív allél előfordulását azzal tudjuk magyarázni, hogy a korábbi generációk során a két színváltozat (fekete és vörös) keveredhetett egymással.

Az aberdeen angus vörös színváltozatában a recesszív  $e$  allél szinte teljes mértékű rögzülését (0,967) mutattuk ki, ugyanakkor heterozigóta formában megjelent a vad-típusú  $E^+$  allél is. (A heterozigóta egyedeknél ez azonban nem befolyásolta a vörös kültakaró létrejöttét).

A magyar tarka fajtában a recesszív allél ( $e$ ) rögzülését tapasztaltuk. Az olasz szimentáli esetében CREPALDI és mtsai (2003) és MAUDET – TABERLET (2002) is az  $e$  allél fixálódást jelentették, RUSSO és mtsai (2007) azonban 0,029 allélgyakorisági értékkel a vad-típusú allélt is kimutatták.

A vizsgált francia eredetű fajták (a vörös szőrszínű limousin és a vörös szín hígult változatával rendelkező charolais) esetében a recesszív allél rögzülését tapasztaltuk.

Eredményeink megegyeznek más szerzők megállapításaival (ROUZAUD és mtsai, 2000; MAUDET – TABERLET, 2002; RUSSO és mtsai, 2007).

A vad-típusú ( $E^+$ ) allélt a vizsgált hazai tenyésztésű fajták közül a magyar szürkében, a holstein-frízben és az aberdeen angus vörös színváltozatában tudtuk kimutatni. Utóbbi kettőben az allél kizárólag heterozigóta formában jelent meg (0,017 és 0,033 allélgyakorisági értékekkel). A magyar szürke szarvasmarhafajtában az allél majdnem 100%-os rögzülése volt tapasztalható: a vizsgált 308 egyed közül mindössze kettőben találtunk recesszív  $e$  allélt heterozigóta formában.

A Hortobágyi Kht. magyar szürke állományán kívül a Fertő-Hanság és Órségi Nemzeti Park állományából is sikerült szőrmintát venni. A vizsgált 54 egyed mindegyike homozigóta volt a vad-típusú allélre ( $E^+$ ) nézve, ezzel is megerősítve, hogy a fajtában az  $E^+$  allél fixálódott.

Több kutatócsoport is vizsgálta a magyar szürke rokonsági körébe tartozó fajták (maremmana, piemonti, marchigiana, chianina, romagnola) MC1R genotípusait. A felsorolt fajták kültakarójának színe nagymértékben hasonló a magyar szürkééhez, igaz a romagnola és a chianina esetében  $e$  színváltozat hígult változatait találjuk. ROLANDO – DI STASIO (2005) az  $E^+$  allél fixálódását jelentette a piemonti fajtában, ugyanakkor RUSSO és mtsai (2007) 8,3%-os allélgyakorisági értékkel kimutatták a recesszív allél jelenlétét is. A recesszív allél kimutatható volt a chianina és a romagnola fajtákban is (MAUDET – TABERLET, 2002; CREPALDI és mtsai, 2003; RUSSO és mtsai, 2007). Utóbbi esetében MARILLI és mtsai (2005) hívták fel a figyelmet annak veszélyére, hogy a fajtatiszta, de heterozigóta formában a recesszív  $e$  allélt hordozó egyedek törzskönyvi regisztrálása problémákat okozhat (hiszen két ilyen heterozigóta egyed párosításából 25%-os eséllyel születhet homozigóta vörös szőrszínű egyed). A szerzőcsoport a recesszív allél bekerülését az esetleges szimentáli-keresztezések hatásaként értelmezte. Valószínűsíthető, hogy a magyar szürke fajtába is a magyartarkával való keresztezések során kerülhetett be a recesszív  $e$  allél. Az 1960-as évek végén, amikor a fajta létszáma nagymértékben lecsökkent, történhetek ilyen keresztezések és az ivadékok, bár fenotípusosan nem mutatták a keresztezések jeleit, bekerülhettek a génmegőrzési céllal kijelölt magyar szürke állományba.

#### 5.4.2. A szőrszínváltozatok és az MC1R genotípusok közötti kapcsolat

Mivel a magyar szürke fajtában a vad-típusú ( $E^+$ ) MC1R allél majdnem teljes mértékű rögzülése volt tapasztalható, ezért az MC1R gén polimorfimuszai nem magyarázzák a fajtában megfigyelhető szőrszínváltozatokat. Azok kialakulásáért valószínűleg más gének, például a TYRP1 és a TYRP2 felelősek, melyek a szín hígulásában játszanak szerepet (KOBAYASHI és mtsai, 1998; GUIBERT és mtsai, 2004).

#### 5.4.3. MC1R gén polimorfizmusainak felhasználása termékek eredetvédelmében

A magyar szürke szarvasmarha populáció létszáma ma már lehetővé teszi, hogy a tenyésztők különböző értékesítési lehetőségeket keressenek. A kizárólag génmegőrzési céllal tartott alappopulációk mellett, ma már árutermelő állományok is kialakultak és az egészséges környezet lehetővé teszi a biotermelést is. Szürkemarha tökehús kapható több hipermarketben vagy a Hortobágyi Kht. székházában nemrégiben megnyílt Bio Hortobágyi Hús üzletben is.

Napjainkban a boltokba kerülő marhahús közel 40%-a selejt holstein tehénből származik, ezért elsősorban ettől a fajtától való megbízható megkülönböztethetőség a legfontosabb. Ahogy azt az előzőekben bemutattuk, valamennyi általunk megvizsgált (fekete-tarka) holstein-fríz tehén legalább egy  $E^D$  alléllal rendelkezett. Ugyanakkor ezt a domináns allélt egyetlen vizsgált magyar szürke egyedben sem mutattuk ki, ezért véleményünk szerint az MC1R gén polimorfizmusainak vizsgálata alapján a két fajta elkülöníthető egymástól (31. táblázat). Ezt a megállapítást az általunk megvizsgált nyers marhahús minták (magyar szürkemarha, illetve egy kontroll minta, melyről előzetesen nem ismert, hogy milyen fajtájú állattól származik) elemzése is alátámasztotta. (A kontroll minta  $E^D/E^D$  genotípusú volt, ezért nagy valószínűséggel holstein-fríz fajtájú egyedből származott).

Az aberdeen angus fekete színváltozata esetében is a domináns allél nagymértékű fixálódását (0,906) tapasztaltuk és a vad-típusú allél szintén nem volt kimutatható, ezért az MC1R genotípus alapján ez a fajta is könnyen elkülöníthető a magyar szürkemarhától.

A húshasznosítású fajták egyedeit zömmel exportra értékesítik, nem jelennek meg a hazai boltokban. Ugyanakkor ezek közül a fedett vörös kültakaróval (limousin) vagy annak hígult változatával (charolais) rendelkező fajtákban a recesszív (e) allél rögzülése tapasztalható, ezért ezek is könnyen elkülöníthetők a magyar szürkemarkhától (31. táblázat). Az aberdeen angus vörös színváltozata nem sorolható ide, hiszen a fajtában kimutatható volt heterozigóta formában (igaz, alacsony gyakorisággal) a vad-típusú allél is, ezért nem lehet megbízható módon megkülönböztetni a magyar szürkétől.

Bár más országok szimentáli jellegű állományjaiban kimutatták a vad-típusú allélt (RUSSO és mtsai, 2007) is, a hazai magyar tarka állományban mi a recesszív allél teljes mértékű fixálódását tapasztaltuk. Figyelembe kell venni azonban azt is, hogy mintáink zömmel két gazdaságból származtak, ezért fennáll a lehetősége, hogy más állományokban jelen van a vad-típusú allél is. A magyar tarka és a magyar szürke fajták elkülöníthetőségét megbízhatóbbá teheti a foltosságért felelős gén (Spotted lókus) azonosítása és polimorfizmusainak vizsgálata.

31. táblázat:

**A fajták elkülöníthetőségének lehetőségei MC1R genotípusuk alapján**

	MT	CH	AA (V)	AA (F)	HF	L	MSZ
MT		-	-	+	+	-	+
CH	-		-	+	+	-	+
AA (V)	-	-		+	+	-	-
AA (F)	+	+	+		-	+	+
HF	+	+	+	-		+	+
L	-	-	-	+	+		+
MSZ	+	+	-	+	+	+	

MT: magyar tarka, CH: charolais, AA (V): aberdeen angus, vörös színváltozat, AA (F): aberdeen angus, fekete színváltozat, HF: holstein-fríz, L: limousin, MSZ: magyar szürke, +: egymástól elkülöníthetők, -: egymástól nem különíthetők el

Fontos hangsúlyozni, hogy a fenti megállapítások csak fajtatizta egyedek esetében érvényesek, keresztezett állatok esetében nem alkalmazhatóak kellő megbízhatósággal.

#### 5.4.4. Az MC1R genotípusok vizsgálata magyar szürkemarha húsból készült feldolgozott termékekből

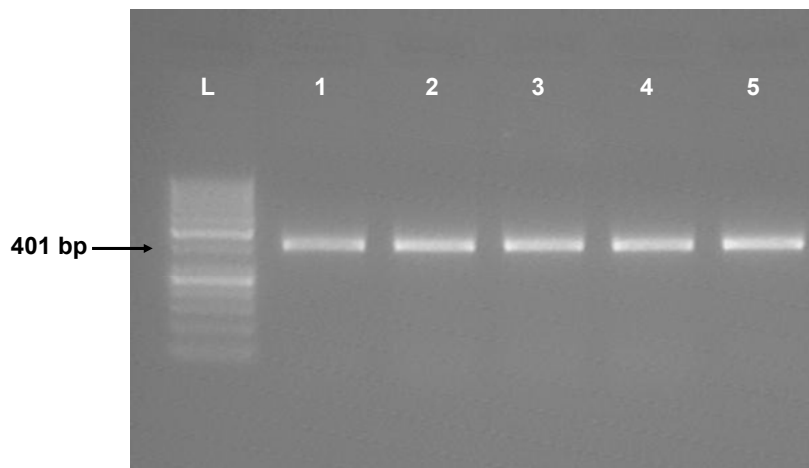
A korábbiakban már ismertetett PCR-RFLP módszert alkalmaztuk több magyar szürke szarvasmarha húsból készült termék esetében annak megállapítására, hogy valóban kizárólag magyar szürkemarha húsból készültek-e. Az eredmények a 32. táblázatban láthatóak.

32. táblázat:

Hústermékekből izolált MC1R genotípusok

	Termék				
	Szürkemarha csemege szalámi	Szürkemarha csípős paprikás szalámi	Szürkemarha párizsi	Vörösboros szürkemarha pörkölt	Bioszalámi paprikás
<b>Izolált genotípus</b>	E <sup>+</sup> /E <sup>+</sup>	E <sup>+</sup> /E <sup>+</sup>	E <sup>+</sup> /E <sup>+</sup>	E <sup>+</sup> /E <sup>+</sup>	E <sup>+</sup> /E <sup>+</sup>

Megállapítottuk, hogy az általunk megvizsgált termékek valóban kizárólag szürkemarha hús felhasználásával készültek. Minden minta esetében ugyanis csak egy MC1R genotípust, a magyar szürkére jellemző homozigóta vad-típust (E<sup>+</sup>/E<sup>+</sup>) sikerült kimutatnunk.



24. kép: Hústermékekből izolált PCR termékek

L: 50 bp DNS létra, 1: szürkemarha csemege szalámi, 2: szürkemarha csípős paprikás szalámi, 3: szürkemarha párizsi, 4: vörösboros szürkemarha pörkölt, 5: paprikás bioszalámi

Az alkalmazott módszer esetében könnyebbséget jelent, hogy más állatfajok (pl. a sertés) MC1R génje szekvenciájában nem azonos a szarvasmarháéval, ezáltal lehetővé válik feldolgozott (több állatfaj húsának, zsírjának keverékéből álló) termékekből is a

szarvasmarha MC1R genotípus meghatározása. A PCR eredményeként csak a szarvasmarha MC1R génjére jellemző hosszúságú fragmenteket (401 bp) kaptunk (24. kép).

A termékek eredetvédelmének alapvető célja, hogy az esetleges csalásokat megakadályozza: ne adhassanak el adott fajta húsból készült termékeket más, általában magasabb minőséget és élvezeti értéket képviselő fajtából készült terméként. Ebből a szempontból a magyar szürke fajta elsődleges „vetélytársaként” a holstein-fríz kell említenünk, hiszen a húshasznosítású fajták vágóállatainak zöme külföldi értékesítésre kerül. A hazai piacon mégis megjelenő húsmarha termékek (zömében tökehús) esetében pedig a tenyésztőszervezetek tevékenységének köszönhetően általában feltüntetik, hogy milyen fajtából készült termékről van szó (például „Minőségi magyartarka hús” védjegy alkalmazása).

Véleményünk szerint ezért, a fenti szempontok figyelembevételével, az MC1R gén polimorfizmusainak vizsgálata jól alkalmazható módszer a (fekete-tarka) holstein-fríz és a magyar szürke tökehús és a feldolgozott termékek megkülönböztetésére és ezáltal az esetleges csalások megakadályozására.

## 6. ÚJ TUDOMÁNYOS EREDMÉNYEK

Dolgozatomban a magyar szürke szarvasmarha szarvának és szőrzetének színét jellemző nagy fenotípusos variabilitást vizsgáltam. A 2004-2007 között végzett vizsgálatok eredményeiből az alábbi új tudományos eredmények állapíthatók meg:

1. A magyar szürke szarvasmarhafajtában a **fehér szarvú egyedek aránya a legmagasabb** (közel 60%). A zöld színű szarv az állomány alig több mint tizedére, míg a két szín keverékéből adódó kártyás szarv az állomány közel harmadára jellemző. A statisztikai elemzések nem igazolták az ivar szarvszín befolyásoló hatását. A **kártyás szarvszíneződésen belül további négy színváltozat** különíthető el a fehér szín aránya alapján (fehér, alig kártyás; kártyás sok fehérrel; kártyás kevés fehérrel és a zöld, alig kártyás). E színváltozatok megoszlása nem különbözött szignifikáns mértékben a vizsgált nőivarú és tinóállományban.
2. A szarvszín és a szarvhegy kormoltságának vizsgálata azt mutatta, hogy mindhárom szarvszín esetében a szabályostól sekélyebben kormolt szarvhegyek előfordulása volt a leggyakoribb és a szabályosan kormoltaké a legritkább. A **szarv színe és kormoltságának mértéke két, egymástól független tulajdonságnak** tekinthető.
3. A magyar szürke borjak piróknak hívott vöröses és a limousin borjak vörös szőrszínét vizsgálva megállapítottam, hogy a színértékek ( $L^*a^*b$ ) alapján szignifikáns különbség van a két fajta között. A magyar szürke borjak pirók szőrszíne világosabb, kevésbé vöröses és sárgásabb árnyalatú (vagyis magasabb  $L^*$ , alacsonyabb  $a^*$  és  $b^*$  értékekkel jellemezhető).
4. Az általam kialakított négy színosztály (darus, szürke, ezüstsürke és világos ezüstsürke) elkülönítésében **mind a három mérési területen** (nyak-lapocka, oldal, comb-far) mért színértékek mérvadónak bizonyultak. A színértékek közül a világossági ( $L^*$ ) értékek voltak a legerősebben diszkrimináló tényezők.

5. A vizsgált minőségi tulajdonságok közötti összefüggések elemzése alapján megállapítottam, hogy **nincs** statisztikailag is igazolható **kapcsolat** az állatok **születés kori és kifejtett kori szőrszíne** valamint a **szarv színe és a szőrszín** között.
  
6. Meghatároztam néhány Magyarországon tenyésztett szarvasmarhafajta (magyar szürke, magyar tarka, holstein-fríz, charolais, limousin és aberdeen angus) **MC1R** (melanocortin-1 receptor) **genotípusait**. A magyar szürkemarában a vad-típusú allél ( $E^+$ ) fixálódását tapasztaltam. Az eredmények azt mutatták, hogy a szőrszín kialakításában fontos szerepet játszó gén polimorfizmusai alapján a magyar szürkemará **nagy biztonsággal elkülöníthető** a holstein-fríz fajtától.

## 7. GYAKORLATNAK ÁTADHATÓ EREDMÉNYEK

1. A magyar szürkemarha szarvszínében megmutatkozó nagy fenotípusos variabilitás fenntartása érdekében javaslom a kártyás szarvszínen belül elkülönített négy színváltozat (fehér, alig kártyás; kártyás sok fehérrel; kártyás kevés fehérrel és zöld, alig kártyás) elnevezésének gyakorlatban való meghonosítását és alkalmazását.
2. A szarvszíneződések megoszlását tekintve a hortobágyi állományban használt öt genealógiai vonal között nincs különbség, ezért adott szarvszínű állomány kialakításához nem tudom bizonyos bikavonalak használatát javasolni.
3. A hortobágyi állományban a nőivarú egyedeket szőrszínük alapján hét osztályba sorolták. Műszeres méréseim eredményei azt mutatták, hogy a hét színosztály szubjektív módon való elkülönítése számos hibalehetőséget rejt magában. Véleményem szerint a színváltozatok összevonásával kialakított négy színosztályba (darus, szürke, ezüstsürke és világos ezüstsürke) való besorolás pontosabb szőrszínbírálatot tesz lehetővé.
4. Az eltérő tenyésztői ízlések előtérbe helyezhetnek bizonyos szarv- vagy szőrszíneződéseket, illetve ezek meghatározott kombinációját. Eredményeim szerint azonban a vizsgált tulajdonságok között nem tapasztalható összefüggés, ezért például a borjú szőrszíne alapján nem lehet megbízható módon következtetni a kifejlítettkori szőrszínre. Hasonlóképpen nem javasolható bizonyos szőrszínű egyedek favorizálása azzal a céllal, hogy ehhez a szőrszínváltozathoz majd meghatározott szarvszín fog társulni.
5. Elsősorban génmegőrzési céllal tartott állományról lévén szó, a magyar szürkemarha esetében is a fajta változatlan fenntartása a cél. Ennek érdekében javaslom a vizsgált minőségi tulajdonságok esetében általunk kiszámított arányok figyelembevételét és követését.

## 8. ÖSSZEFOGLALÁS

Az elmúlt évtizedek jelentős népességnövekedése nagy termelőképességű világfajták elterjedését vonta maga után. A tömegáru-termelés háttérbe szorította a hagyományos értékekkel bíró régi háziállatfajtákat, aminek eredményeként az állati génkészlet variabilitása jelentősen beszűkült. A géntartalékok megőrzésében a legfontosabb a fajtajelleg fenntartása úgy, hogy a fajtára jellemző változatosság megmaradjon, ennek érdekében pedig olyan tulajdonságokat is meg kell őriznünk, melyeknek pillanatnyilag nincs gazdasági haszna.

A magyar szürkemarha fenotípusos és genetikai tulajdonságait régóta kutatják, mégis számos összefüggés még tisztázásra szorul. A fajta küllemileg nem egyöntetű, a különböző tartási-takarmányozási viszonyok és a vidékenként más és más tenyésztői ízlések eltérő típusokat hoztak létre a fajtában. Ezeket a típusokat, illetve a fajtában fellelhető igen változatos szarv-és szőrszíneződéseket mindenképpen feladatunk megőrizni.

A szőrszínváltozatok bírálata, a szubjektív megítélésből eredően hibalehetőségeket rejt magában. A technika fejlődésével azonban lehetővé vált a kategoriális tulajdonságok objektív módon való mérése.

Napjainkban jelentős kutatói törekvés irányul a különböző állatfajokra jellemző szőrszínváltozatok genetikai hátterének megismerésére. A molekuláris genetikai ismeretek és az objektív méréseken alapuló eredmények ötvözésével még pontosabb képet kaphatunk a kültakaró színeződésével kapcsolatban. A szőrszín kialakításában szerepet játszó gének és polimorfizmusaik vizsgálata ezenkívül lehetőséget teremt olyan molekuláris genetikai tesztek kidolgozására, mellyel az állati termékek fajtaazonosságának vizsgálata és eredetvédelme egyszerűbbé válik.

A dolgozat célkitűzései között olyan kutatások kivitelezése szerepelt, melyekkel felmérhető a magyar szürkemarha szarvának és kültakarójának színét jellemző nagy fenotípusos variabilitás. Kutatásaink egyik fő területét ezért a fajtára jellemző szarvszíneződések vizsgálata jelentette. Egy szubjektív bírálati módszer segítségével elkülönítettük a fő szarvszíneződéseket, valamint a fő szarvszíneken belül

megkülönböztethető színváltozatokat. Meghatároztuk ezek arányát a vizsgált hortobágyi állományra vonatkozóan és megállapítottuk, hogy a fajtában a fehér szarvú egyedek előfordulása a leggyakoribb és a három fő szarvszín (fehér, kártyás, zöld) megoszlását tekintve nincs különbség az ivarok között. Ugyancsak nem találtunk különbséget a kártyás szarvszínen belül elkülöníthető négy színváltozat arányának vizsgálatakor a nőivarú és az ivartalanított egyedekre vonatkozóan. Elemeztük a szarv színe és kormoltságának mértéke közötti összefüggéseket és megállapítottuk, hogy a két tulajdonság megjelenése egymástól függetlennek tekinthető. Felmértük a tehéncsaládok és a bikavonalak jellemző szarvszíneződéseit és eredményeink alátámasztották korábbi vizsgálatok tapasztalatait, miszerint a magyar szürkemarha genealógiai vonalai között nincs igazolható különbség.

Dolgozatom másik fő célkitűzése a magyar szürkemarha szőrszínváltozatainak felmérése volt. A szőrszín mérésére kutatásaink során egy nemzetközileg is elfogadott színmérési módszert, a három koordinátát megjelenítő kromamétert (CIE,  $L^*a^*b^*$ ) alkalmaztunk, mely segítségével a szín intenzitása és telítettsége egyaránt mérhető. Az állatok szőrszínét a test bal oldalán mértük több ponton.

A magyar szürkemarha a podóliai fajtacsoport tagja, melyre igaz, hogy a borjak pirók színnel születnek, majd néhány hónapos korukra szürkülnek ki. A fajtára jellemző nagy fenotípusos variabilitás megmutatkozik a borjak születési szőrszínében is. Vizsgálataink során három színváltozatot (pirók, sötét pirók és világos pirók) különítettünk el és megállapítottuk, hogy a vizsgált állományban ezek közül a pirók színváltozat volt a legjellemzőbb. A standardnak tekinthető pirók színváltozattól sötétebb és világosabb színváltozatok aránya pedig 29% és 22% volt.

A kromaméter által megjelenített színértékek ( $L^*$ ,  $a^*$  és  $b^*$ ) statisztikai elemzése is igazolta a három borjú szőrszínváltozat elkülönítését. A vizsgálatok során felmerült a kérdés, van-e műszerrel is mérhető különbség a magyar szürke borjak pirók és más, szintén vörös színű (például limousin) borjak szőrszíne között. Eredményeink azt mutatták, hogy a magyar szürke borjak pirók szőrszíne világosabb, kevésbé vöröses és sárgásabb árnyalatú (vagyis magasabb  $L^*$ , alacsonyabb  $a^*$  és  $b^*$  értékekkel jellemezhető). A limousin borjak intenzívebb vörös szőrszíne sötétebb, vörösebb és

sárgásabb színeként jellemezhető. A pirók szőrszínhez képest pedig alacsonyabb világossági ( $L^*$ ), magasabb  $a^*$  és  $b^*$  értékekkel írható le.

A szőrzet színének nagymértékű variabilitása nem csak a borjak, hanem a felnőtt állatok esetében is megfigyelhető. A magyar szürke szarvasmarha a világos ezüstszürkétől a sötét daruszínig terjedő színváltozatokban fordul elő. A bikák színe általában változatosabb, mint a teheneké, de azok sem teljesen egyszínűek. A műszeres mérés eredményeinek diszkriminancia analízissel való értékelése rávilágított arra, hogy a szubjektív színbírálat számos hibalehetőséget rejt. Ezért a klaszteranalízis eredményeit alapul véve, a hét színosztályt négy csoportba vontuk össze: darus, szürke, ezüstszürke és világos ezüstszürke. Az új besorolással az egyedek valós szőrszínét lényegesen nagyobb pontossággal tudtuk meghatározni.

Vizsgálataink szerint a hortobágyi állományban legnagyobb arányban (45,58%) szürke szőrszínű egyedek fordulnak elő. Az állomány több mint negyede (26,19%) darus szőrszínű, és alig több mint 20%-ára jellemző az ezüstszürke szőrszín. A világos ezüstszürke színű állatok aránya 10% alatti.

A statisztikai elemzések igazolták, hogy a kialakított színosztályok elkülönítésében mind a három mérési területen (nyak-lapocka, oldal, comb-far) mért színértékek mérvadóak. A színértékek közül a világossági ( $L^*$ ) értékek voltak a legerősebben diszkrimináló tényezők. A kültakaró színét befolyásoló hatások vizsgálata során beigazolódott, hogy a szőrszín variabilitása összefügg az állatok korával, ivarával és befolyásolja a mérési évszak (nyári és téli szőr) is.

A vizsgált minőségi tulajdonságok közötti összefüggések elemzése alapján megállapítottuk, hogy nincs statisztikailag is igazolható kapcsolat az állatok születéskori és kifejtéskori szőrszíne valamint a szarv színe és a szőrszín között. Eredményeink alátámasztják a gyakorlati tapasztalatokat.

Kutatásaink során célunk volt egy olyan génteszt kidolgozása, mely segítségével egyszerűen megállapítható, hogy adott termék valóban magyar szürkemarhahús felhasználásával készült-e. PCR-RFLP módszer segítségével meghatároztuk néhány Magyarországon tenyésztett szarvasmarhafajta MC1R genotípusait és allélgyakorisági

értékeit. A kapott eredmények alapján értékeltük, hogy mely fajtától való elkülöníthetőség válik lehetővé az MC1R gén polimorfizmusai alapján. Ugyanezen módszer segítségével igazoltuk néhány szürkemarha húsból készült termékről, hogy valóban szürkemarha húsból készült.

Eredményeink várhatóan hozzájárulnak a fajta küllemében megfigyelhető nagy fenotípusos variabilitás alaposabb megismeréséhez, ezzel is elősegítve a magyar szürkemarha génmegőrzését. Ennek érdekében meghatároztuk és elkülönítettük a magyar szürkemarha fő szarvszíneződéseit és a kártyás szarvszínen belül elkülöníthető színváltozatokat. Kromaméter segítségével objektív módon különítettük el a borjakra és a felnőtt állatokra jellemző különböző szőrszínváltozatokat. Értékeltek a korábban alkalmazott szubjektív színbírálati módszert és a kifejlettkori szőrszín pontosabb meghatározása érdekében négy színosztály kialakítását javasoltuk. A szőrszínre, mint fajtajellegre épülő molekuláris genetikai tesztek elősegítik a veszélyeztetett háziállatfajták termékeinek eredetvédelmét. Ennek érdekében meghatároztuk néhány Magyarországon tenyésztett szarvasmarhafajta MC1R genotípusait és megállapítottuk, hogy a magyar szürkemarhában a vad-típusú ( $E^+$ ) MC1R allél fixálódott.

## 9. SUMMARY

The rapidly growing human population of the last few decades resulted in the spread of world breeds with high producing ability. The increasing production of bulk goods pushed into the background the traditional domestic animal breeds, which resulted in the reduction of animal genetic resources. When preserving genetic resources one of the most important tasks is to maintain the typical characteristics of the breed in order to avoid losing the available genetic variability. Therefore, traits without economic value at the moment should also be conserved.

The qualities (phenotypic and genotypic) of the Hungarian Grey cattle are subject to several research projects, however, many relationships remained unclear. Phenotype of the breed is not uniform, as the different feeding and keeping technologies and breeders' preferences formed different types. These types and the different horn and coat colour varieties which are unique characteristics of the breed have to be maintained.

The judgement of the different coat colour varieties, due to its subjective aspect, can lead to several misinterpretations. However, the development of technology made it possible to treat this categorical trait in an objective way.

There is a sustained research effort to unfold the genetic background of coat colour varieties characteristic to different animal species. By combining the recent developments of molecular genetics and the results based on objective measurements, we can get a more accurate picture of the different coat colour varieties. Analyses of the genes and their polymorphisms that play a crucial role in forming coat colour enable the development of tests that make product traceability easier.

The main goal of our research work was to survey the great variability characteristic to the horn and coat colour of the Hungarian Grey cattle. One main area of our research work was the survey of the different horn colour varieties of the breed. We separated the main horn colours (white, 'cardy' and green) and colour varieties (white with some green; 'cardy' with a large amount of white; 'cardy' with some white; green with some white) using a subjective method. We determined the distribution of these colour

varieties in the observed stock and found that the ratio of white-horned animals is the highest. Our analyses revealed no significant differences in the distribution of horn colours and colour varieties among the different sexes. Relationship between the horn colour and the distribution of the black part on the horn tip was analysed and these traits were found to be without reference to each other. Horn colour varieties characteristic to the different families and bull lines were determined and results confirmed the statement of previous research works: there are no significant differences among the bull lines used in the observed population.

Another aim of our research work was to survey and analyse the different coat colour varieties of the Hungarian Grey cattle. For objective measurement of coat colour the Minolta Chromameter CR-410 was applied, which measures the reflectance of the light from the coat compared to a calibration plate. The  $L^*a^*b^*$  colour space, defined by the International Commission on Illumination (CIE) in 1976 is the most widely used colour space for measuring colour of domestic animals objectively. Colour of the coat was measured on the left side of the body at several points.

The Hungarian Grey cattle belongs to the Podolian group of cattle which is characterized by the fact that calves are born with a reddish coat colour and become grey at the age of 4-6 months. The great phenotypic variability of the breed is present in the coat colour of calves as well. During our research work we separated three coat colour varieties of new-born calves (reddish, light reddish and dark reddish) and determined their ratio in the observed population. We found that the ratio of the reddish coat colour, considered to be the standard colour of calves, was the highest, while the ratio of the light and the dark reddish categories were 22% and 29%, respectively.

The separation of the three coat colour varieties of new-born calves was supported by the results of statistical analyses of the colour variables  $L^*$ ,  $a^*$  and  $b^*$  (CIE). A question came up during our analyses: are there any differences, detectable with the chromameter, between the coat colour of Hungarian Grey calves and of calves belonging to other breeds (e.g. Limousine). Our results showed that the coat colour of Hungarian Grey calves is lighter, less reddish and more yellowish than that of Limousine calves'. That is it can be described by higher  $L^*$ , lower  $a^*$  and higher  $b^*$  values than that of Limousin calves'.

The great variability of coat colours is characteristic to adult animals as well. Coat colour of Hungarian Grey cattle ranges from silvery to dark crane and the colour of the bulls are usually more diversified. Evaluating the data, obtained by measurements with the chromameter, by discriminant analysis revealed that subjective colour judgement can lead to misinterpretations. Therefore, we decided to combine the previously used seven coat colour classes into four (crane, grey, silvery and light silvery). (Our decision was based on results of cluster-analysis). This new coat colour classification system resulted in more accurate colour judgement.

Results of our survey showed that the ratio of grey-coloured animals was the highest (45.58%) in the observed population. More than quarter of the population (26.19%) was crane-coloured, while the ratio of silvery and light silvery animals were 20.69% and 7.54%, respectively.

Results of statistical analyses confirmed that colour variables ( $L^*$ ,  $a^*$  and  $b^*$ ) measured on all three measurement areas (neck-shoulder, side, thigh-croup) are important for separating coat colour varieties.  $L^*$  values (lightness) proved to be the strongest discriminant factors. Analyses of factors influencing coat colour confirmed that variability of coat colour is associated with age and sex of animals and is affected by season of measurements (winter and summer coat).

Analyses of relationships among the observed qualitative traits revealed no significant association between the coat colour of new-born calves and adult animals, and between the colour of the horn and the coat. Our results confirm the experiences of Hungarian Grey cattle breeders.

The fourth main aim of our research work was to work out a gene test which enables the breed identification of products made of Hungarian Grey cattle meat. MC1R genotypes of some cattle breeds bred in Hungary were determined by PCR-RFLP. Breed identification and product traceability were evaluated based on the results.

Results of our thesis may contribute to better understanding of the great phenotypic variability characteristic to the Hungarian Grey cattle. Moreover, it can be used as a tool for improving the conservation of genetic resources of the breed. Therefore, the main

horn colours and horn colour varieties of the Hungarian Grey cattle were determined. Coat colour varieties of new-born calves and adult animals were separated objectively with the help of a chromameter. The previously applied colour judgement system was evaluated and in order to avoid misinterpretations the application of a system containing four coat colour varieties was suggested. Development of molecular genetic tests, based on the fact that the coat colour is a tool for breed identification, may improve product traceability. MC1R genotypes of some cattle breeds bred in Hungary were determined and results have shown that the wild-type ( $E^+$ ) allele is fixed in the Hungarian Grey cattle.

## 10. IRODALOMJEGYZÉK

1. **ABRIL, M. – CAMPO, M.M. – ÖNENÇ, A. – SAÑUDO, C. – ALBERTÍ, P. – NEGUERUELA, A.I. (2001):** Beef colour evolution as a function of ultimate pH. *Meat Science*. 58-69-71.p.
2. **ALALUF, S. – ATKINS, D. – BARRETT, K. – BLOUNT, M. – CARTER, N. – HEATH, A. (2002):** The impact of epidermal melanin on objective measurements of human skin colour. *Pigment Cell Research*. 15: 119-126.p.
3. **ANABIC (1999a):** The Maremmana Breed. Tenyésztőszervezeti kiadvány.
4. **ANABIC (1999b):** The Romagnola Breed. Tenyésztőszervezeti kiadvány.
5. **ANDERSON, D.E. (1991):** Genetic study of eye cancer in cattle. *The Journal of Heredity*. 82: 21-26.p.
6. **AQUADRO, C.F. - JENNINGS, R.M. – BLAND, M.M. – LAURIE, C.C. – LANGLEY, C.H. (1992):** Patterns of naturally occurring restriction map variation, dopa decarboxylase activity variation and linkage disequilibrium in the Ddc gene region of *Drosophila melanogaster*. *Genetics*. 132: 443-452.p.
7. **ARCHIBALD, A. – HALEY, C. (1993):** Mapping the complex genomes of animals and man. *Outlook on Agriculture*. 22: 79-84.p.
8. **BARÁTH CS.NÉ – ITTZÉS A. – UGRÓSDY GY. (1996):** Biometria, módszertani alapok és a MINITAB programcsomag alkalmazása. Mezőgazda Kiadó, Budapest.
9. **BARENDSEE, W. – VAIMAN, D. – KEMP, S.J. – SUGIMOTO, Y. – ARMITAGE, S.M. – WILLIAMS, S.M. – SUN, H.S. – EGGEN, AGABA, M. – ALEYASIN, S.A. - BAND, M. – BISHOP, M.D. – BUITKAMP, J. – BYRNE, K. - COLLINS, F. - COOPER, L. - COPPETTIERS, W. – DENYS, B. - DRINKWATER, R.D. - EASTERDAY, K. - ELDUQUE, C. – ENNIS, S. - ERHARDT, G. – FERRETTI, L. - FLAVIN, L. - GAO, Q. – GEORGES, M. - GURUNG, R. - HARLIZIUS, B. - HAWKINS, G. - HETZEL, J. – HIRANO, T. – HULME, D. – JORGENSEN, C. - KESSLER, M. – KIRKPATRICK, B.W. – KONFORTOV, B. – KOSTIA, S. – KUHN, C. - LENSTRA, J.A. – LEVEZIEL, H. - LEWIN, H.A. - LEYHE, B. – LIL, L. - MARTIN BURRIEL, I. – MCGRAW, R.A. – MILLER, J.R. – MOODY, D.E. - MOORE, S.S. - NAKANE, S. – NIJMAN, I.J. – OLSAKER, I. – POMP, D. – RANDO, A. – RON, M. – SHALOM, A. – TEALE, A.J. – THIEVEN, U. – URQUHART, B.G.D. - VAGE, D.I. - VAN DE WEGHE, A. – VARVIO, S. – VELMALA, S. – VILKKI, J. - WEIKARD, R. – WOODSIDE, C. - WOMACK, J.E. – ZANOTTI, M. – ZARAGOZA' P. (1997):** A medium-density genetic linkage-map of the bovine genome. *Mammalian Genome*. 8: 21-28.p.

10. **BARTOSIEWITZ L. (1997):** The Hungarian Grey cattle: a traditional European breed. *Animal Genetic Resources Information* 21. FAO – Roma. 49-60.p.
11. **BARTOSIEWITZ L. (2000a):** A magyar szürke marha történetének áttekintése. *A magyar szürke marha eredete. Vitaülés. Bugacpuszta, 2000. november 23-24.* 6-13.p.
12. **BARTOSIEWITZ L. (2000b):** Craniometric investigations on Hungarian Grey and other long horned cattle. *A magyar szürke marha eredete. Vitaülés. Bugacpuszta, 2000. november 23-24.* 79-90.p.
13. **BECERILL, C.M. – WILCOX, C.J. (1994):** Transformation of measurements percentage of white coat color for Holsteins and estimation of heritability. *Journal of Dairy Science.* 77: 2651-2657.p.
14. **BERETTI, F. – FINOCCHIARO, R. – PORTOLANO, B. – RUSSO, V. – DAVOLI, R. – FONTANESI, L. (2007):** Mutations of the MC1R gene in Sicilian goat breeds, relationships with coat colours and perspectives for their use in breed traceability systems of goat products. *Book of Abstract of the 58th Annual Meeting of the European Association for Animal Production. (Dublin, Ireland. 26-29 August, 2007). Session 25, Poster presentation No. 59.* 270.p.
15. **BERRYERE, T.G. – SCHMUTZ, S.M. – SCHIMPF, R.I. – COWAN, C.M. – POTTER, J. (2003):** TYRP1 is associated with dun coat colour in Dextercattle or how now brown cow? *Animal Genetics.* 34: 169-175.p.
16. **BERTIPAGLIA, E.C.A. – DA SILVA, R.G. – CARDOSO, V. – FRIES, L.A. (2007):** Hair coat characteristics and sweating rate of Braford cows in Brazil. *Livestock Science.* doi: 10.1016/j.livsci.2007.01.159.
17. **BÓDI L. (2003):** A baromfihús minősége – fogyasztói szempontok, mérési módszerek. *A Baromfi.* 1: 14-17.p.
18. **BODÓ I. (1987):** Magyar szürke szarvasmarha. (Dunka B. ed.) Hortobágyi nemzeti Park Igazgatósága. 6-7.p.
19. **BODÓ I. - GERA I. - KOPPÁNY G. (2002):** A magyar szürke szarvasmarha. Bp., Magyar Szürke Szarvasmarhát Tenyésztők Egyesülete. 46-49.p.
20. **BODÓ I. – REMÉNYI K. A. (1986):** Adatok a magyar szürke szarvasmarha fej-és szarvalakulásának megítéséhez. Óshonos és honosult háziállatfajtáink genetikai sajátosságai. Kutatási jelentés. Kaposvár., 30-46.p.

21. **BODÓ I. (2003):** Régi háziállatfajták védelmének története. In: Tózsér, J. – Bedő, S. (ed): Történelmi állatfajaink enciklopédiája. Bp. Mezőgazda Kiadó, 8.p.
22. **BOTSTEIN, D. – WHITE, R.L. – SKOLNICK, M. – DAVIS, R.W. (1980):** Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *American Journal of Human Genetics*. 32: 314-331.p.
23. **BREM, G. – KRÄUBLICH, H. (2003):** A küllem változása a domesztikáció hatására. In: Brem (ed). A gazdasági állatok küllemi bírálata. Mezőgazda Kiadó, Budapest. 22.p.
24. **BREM, G. (2003):** A szín és a pigmentmennyiség jelentősége az állattenyésztésben. In: Brem (ed). A gazdasági állatok küllemi bírálata. Mezőgazda Kiadó, Budapest. 119.p.
25. **BULTMAN, S.J. – MICHAUD, E.J. – WOYCHIK, R.P. (1992):** Molecular characterization of the mouse agouti locus. *Cell*, 71: 1195–1204.p.
26. **CARRIÓN, D. – DAY, A. – EVANS, G. – MITSUHASHI, T. – ARCHIBALD, A. – HALEY, C. – ANDERSSON, L. – PLASTOW, G. (2003):** The use of MC1R and KIT genotypes for breed characterization. Poster presentation. *Arch. Zootec. (Archivos Latinamericanos de Nutricion)* 52: 237-244.p.  
[http://www.uco.es/organiza/servicios/publica/az/php/img/web/30\\_10\\_17\\_14carri on.pdf](http://www.uco.es/organiza/servicios/publica/az/php/img/web/30_10_17_14carri on.pdf) (2007.05.05.)
27. **CHARLIER, C. – DENYS, B. – BELANCHE, J.I. – COPPIETERS, W. – GROBET, L. – WOMACK, J. – HANSET, R. – GEORGES, M. (1996):** Microsatellite mapping of the bovine roan locus: a major determinant of white heifer disease. *Mammalian Genome*. 7: 138-142.p.
28. **CIE: Commission Internationale de l'Eclairage (<http://www.cie.co.at>)** (2008.01.10).
29. **CONE, R.D. – LU, D. – KOPPULA, S. – VAGE, D.I. – KLUNGLAND, H. – BOSTON, B. – CHEN, W. – ORTH, D.N. – POUTON, C. – KESTERSON, R.A. (1996):** The melanocortin receptors: agonist, antagonists, and the hormonal control of pigmentation. *Recent Progress in Hormone Research*. 51: 287–318.p.
30. **CREPALDI, P. – MARILLI, M. – MEGGIOLARO, D. – FORNARELLI, F. – RENIERI, C. – MILANESI, E. – AJMONE-MARSAN, P. (2003):** The

MC1R gene polymorphism in some cattle breeds raised in Italy. *Pigment Cell Research*. 16: 578.p.

31. **CURIK I. – SELTENHAMMER M. – SÖLKNER J. (2002):** Quantitative genetic analysis of melanoma and grey level in Lipizzan horses. WCGALP-Organizing Committee (Ed.), *Proceedings 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*, 19.-23.8. 2002, Montpellier, F; CD-ROM: ISBN 2-7380-1052-0, Communication No, 05-09.
32. **D'AGATA M. – RUSSO C. – PREZIUSO G. – FILIPPINI F. (2005):** Relationship between carcass colour and some meat quality traits in chianina beef. *4th World Italian Beef Cattle Congress. (Gubbio, Italy. 29 April – 1 May, 2005.)* 511-512. p.
33. **DALGOODHORNS (2007):** <http://dalgoodlonghorns.com/tljarticle.htm> (2007.11.10)
34. **DINULESCU, D.M. – CONE, R.D. (2000):** Agouti and Agouti-related protein: analogies and contrasts. *Journal of Biological Chemistry*. 275: 6695–6698.p.
35. **DOWLING, T.E. – MORITZ, C. – PALMER, J.D. (1990):** Nucleic acids II: restriction site analysis. *Molecular Systematics*. (Eds: D.M. Hillis and C. Moritz). Sunderland, Mass Sinauer Associates, 250-317.p.
36. **EBOZOJE, M.O. – IKEOBI, C.O.N. (1998):** Colour variation and reproduction in the West African Dwarf (WAD) goats. *Small Ruminant Research*. 27: 125-130.p.
37. **ERNST J. - TAKÁCS I. - ESZES F. - GERA I. (1991):** HORN CONFORMATION – Szarvalakulások. Kétnyelvű kiadás (Szövegét írta Szöllősi G., angol szöveg: Reményi K.A., Kovács Gy.) Felelős kiadó: Bodó Imre és az Állatorvostudományi Egyetem Állattenyésztési Tanszéke.
38. **FAJARDO, V. – GONZÁLEZ, I. – MARTÍN, I. – ROJAS, M. – HERNÁNDEZ, P.E. – GARCÍA, T. – MARTÍN, R. (2007):** Differentiation of European wild boar (*Sus scrofa scrofa*) and domestic swine (*Sus scrofa domestica*) meats by PCR analysis targeting the mitochondrial D-loop and the nuclear melanocortin receptor 1 (*MC1R*) genes. *Meat Science*. doi:10.1016/j.meatsci. (2007.06.18.)
39. **FAO/IEAE (2004):** FAO Handbook of laboratory Exercise. FAO/IEAE Inter-regional Training course on Molecular Methods in Livestock Genetics and Breeding. Seibersdorf. Austria. 18.p.

40. **FEHÉR Gy. (1980):** A háziállatok funkcionális anatómiája. III. kötet. 727-735.p.
41. **FELIUS, M. (1985):** Genus Bos: Cattle breeds of the world. MSD AGVET. 63-82.p.
42. **FERNÁNDEZ, A. – ÓVILO, C. – CASTELLANOS, C. – RODRÍGUEZ, M.C. – TORO, M.A. – SILIÓ, L. (2002):** Identification of a new haplotype for the MC1R gene in Iberian pig. *International Conference on Animal Genetics, August 2002, Göttingen, Germany.*
43. **FERNÁNDEZ, E. DE PEDRO - NÚÑEZ,N. - SILIÓ, L. - GARCÍA-CASCO, J. – RODRÍGUEZ, C. (2003):** Genetic parameters for meat and fat quality and carcass composition traits in Iberian pigs. *Meat Science.* 64: 405–410.p.
44. **FÉSÜS L. – KOMLÓSI I. – VARGA L. – ZSOLNAI A. (2000):** Molekuláris genetikai módszerek alkalmazása az állattenyésztésben. Agroinform Kiadó és Nyomda Kft., Budapest.
45. **FÉSÜS L. – ZSOLNAI A. – KOMLÓSI I. (2005):** Influence of porcine coat colour genotypes on haematological parameters, birth weight and body weight gain until weaning. *Journal of Animal Breeding and Genetics.* 122: 127-130.p.
46. **FINCH, V.A. (1986):** Body temperature in beef cattle: a control and relevance to production in the tropics. *Journal of Animal Science.* 62: 531-542.p.
47. **GAN, H.Y. – LI, B.J. – WANG, H.M. – GAO, Y.D. – LIU, W.H. – LI, J.P. – ZHONG, J.F. (2007):** Allele frequencies of TYR and MC1R in Chinese native cattle. *Animal Science Journal.* 78: 484-488.p.
48. **GARCIA, D. – MARTÍNEZ, A. – DUNNER, S. – VEGA-PLA, J.L. – FERNÁNDEZ, C. – DELGADO, J.V. – CANÓN, J. (2006):** Estimation of the genetic admixture composition of Iberian dry-cured ham samples using DNA multilocus genotypes. *Meat Science.* 72: 560-566.p.
49. **GIRARDOT, M. – MARTIN, J. – GUIBERT, S. – LEVEZIEL, H. – JULIEN, R. (2005):** Widespread expression of the bovine Agouti gene results from at least three alternative promoters. *Pigment Cell Research.* 18: 34–41.p.
50. **GOODWIN, P.J. - JOSEY, M. - COWAN, J.M. (1995):** Coat color and its effect on production in Holstein-Friesians in Southeast Queensland. *Proc. 11<sup>th</sup> Australian Assoc. Anim. Breeding and Genetics Conference,* 295-298.p. Australian Association of Animal Breeding and Genetics, Sydney, Australia.

51. **GRAPHODATSKAYA, D. – JOERG, H. – ASAI-COAKWELL, M. – JANETT, F. – STRAZINGER, G. (2006):** Expression and function of agouti signaling protein in cattle. *Animal Science Journal*. 77: 33-41.p.
52. **GROSZ, M.D. - MACNEIL, M.D. (1999):** The "spotted" locus maps to bovine chromosome 6 in a Hereford cross population. Brief communication. *Journal of Heredity*. 90: 233-236.p.
53. **GUIBERT, S. – GIRARDOT, M. – LEVEZIEL, H. – JULIEN, R. – OULMOUDEN, A. (2004):** Pheomelanin coat colour dilution in French cattle breeds is not correlated with the TYR, TYRP1 and DCT transcription levels. *Pigment Cell Research*. 17: 337-345. p.
54. **HA, T. – JAVEDAN, H. – WATERTSON, K. – NAYSMITH, L. – REES, J.L. (2003):** The relationship between constitutive pigmentation and sensitivity to ultraviolet radiation induced erythema is dose-dependent. *Pigment Cell Research*. 16: 477-479.p.
55. **HEARING, V.J. – KING, R.A. (1993):** Determination of skin color: melanocytes and melanization. *Pigmentation and Pigmentary Disorders*. Levine, N.M.D. (ed.) CRC Press. London, UK. 3–32.p.
56. **HERMAN O. (1914):** A magyar pásztorok nyelvkinése. Bp., Hornyánszky
57. **HILL, H. Z. (1992):** The function of melanin or six blind people examine an elephant. *Bioessays*. 14: 49-56.p.
58. **HOLLÓ G. – SEREGI J. – ENDER, K. – NUERNBERG, K. – WEGNER, J. – SEEGNER, J. – HOLLÓ I. – REPA, I. (2003):** A mangalica sertések húsmínőségének, valamint az izom-és a szalonna zsírsavösszetételének vizsgálata. *Acta Agraria Kaposvariensis*. 7: 19-32.p.
59. **HOLLÓ G. – SEREGI J. – HOLLÓ I. – ANDRÁSSY Z. (2004):** Magyar szürke és holstein-fríz hízóbikák temperamentumának értékelése. *Állattenyésztés és Takarmányozás*. 8: 25-31.p.
60. **HORN A. (1971):** Állattenyésztési enciklopédia. Mezőgazdasági Kiadó, Budapest.
61. **HORN P. (1995):** Állattenyésztés 1. Szarvasmarha, juh, ló. Bp., Mezőgazda Kiadó, 94-95.p.
62. **INRA (2007):**  
<http://locus.jouy.inra.fr/fpc/cattle/WebAGCoL/WebChrom/Chr18CtgFWView.html>

63. **ITLA (2000):** International Texas Longhorn Association. <http://www.itla.com>
64. **ITO, S. – WAKAMATSU, K. – OZEKI, H. (2000):** Chemical analysis of melanins and its application to the study of the regulation of melanogenesis. *Pigment Cell Research*. 13: (Suppl.8.) 103-109.p.
65. **JACKSON I.J. (1997):** Homologous pigmentation mutation in humans, mouse and other model organisms. *Human Molecular Genetics*. , 6: 1613–1624.p.
66. **JÖRG, H. – FRIES, H.R. – MEIJERINK, E. – STRAZINGER, G.F. (1996):** Red coat color in Holstein cattle is associated with a deletion in the MSHR gene. *Mammalian Genome*. 7: 317-318.p.
67. **KANTANEN, J. – OLSAKER, I. – BRUSGAARD, K. – EYTHORSDDOTTIR, E. – HOLM, L-E. – LIEN, S. – DANELL, B. – ADALSTEINSSON, S. (2000):** Frequencies of genes for coat colour and horns in Nordic cattle breeds. *Genetics Selection Evolution*. 32: 561-576.p.
68. **KLUNGLAND, H. – VAGE, D. I. (2003):** Pigmentary switches in domestic animal species. *Annals of the New York Academy of Sciences*. 994. 331-338.p.
69. **KLUNGLAND, H. – VAGE, D.I. - GOMEZ-RAYA, L. – ADALSTEINSSON, S. - LIEN S. (1995):** The role of melanocyte-stimulating hormone (MSH) receptor in bovine coat color determination. *Mammalian Genome*. 6: 636-639.p.
70. **KOBAYASHI, T. – IMOKAWA, G. – BENNETT, D.C. – HEARING, V.J. (1998):** Tyrosinase stabilization by Tyrp1 (the brown locus protein). *Journal of Biological Chemistry*. 273: 31801-31805.p.
71. **KÖNIG, S. – ANDRESEN, D. – WEMHEUER, W. – BRENIG, B. (2007):** Effects of allele variants at the E-locus on production, fertility and conformation traits in Holstein dairy cattle. *Book of Abstract of the 58th Annual Meeting of the European Association for Animal Production*. (Dublin, Ireland. 26-29 August, 2007). Session 10, Poster presentation No. 87. 94.p.
72. **KÜHN, CH. – WEIKARD, R. (2007):** An investigation into the genetic background of coat colour dilution in a Charolais x German Holstein F2 resource population. *Animal Genetics*. 38: 109-113.p.
73. **LEEB, T. – DEPPE, A. – KRIEGESMANN, B. – BRENIG, B. (2000):** Genomic structure and nucleotide polymorphisms of the porcine agouti signalling protein gene (ASIP). *Animal Genetics*. 31: 333–346.p.

74. **MACIEJOWSKI – ZIEBA (1982)** In: Stachurska, A. – Pieta, M. – Jaworski, Z. – Ussing, A.P. – Brusniak, A. – Florek, M. (2004): Colour variation in blue dun Polish Konik and Bilgoraj horses. *Livestock Production Science*. 90: 201-209.p.
75. **MARILLI, M. – FORNARELLI, F. – CASALEGGI, M. – MILANESI, E. – FILLIPPINI, F. – CREPALDI, P. (2005)**: MC1R gene and coat colour of Romagnola breed. Proceedings of the 4th World Italian Beef Cattle Congress. (Gubbio, Italy. 29 April-1 May, 2005).
76. **MAUDET, C. – TABERLET, P. (2002)**: Holstein's milk detection in cheeses inferred from melanocortin 1 receptor (MC1R) gene polymorphism. *Journal of Dairy Science*. 85: 707-715.p.
77. **MEISSNER K. (1929)**: A magyar fajta szarvasmarha standardja. *Köztelek*, 39./10 szám
78. **MIHÓK S. (2002)**: Génmegőrzés; Kutatási eredmények régi háziállatfajták értékeiről. Debrecen, 2002. október 16. 5-6.p.
79. **MILLS, T.M. – SPAZIANI, E. (1966)**: Hormonal control of melanin pigmentation in scrotal skin of rat. *Experimental Cell Research*. 44: 13-22.p.
80. **MILTENBERGER, R.J. – WAKAMATSU, K. – ITO, S. – WOYCHIK, R.P. – RUSSELL, L.B. - MICHAUD E.J. (2002)**: Molecular and phenotypic analysis of 25 recessive, homocigous-viable alleles at the mouse agouti locus. *Genetics*, 160: 659–674.p.
81. **MOLNÁRNÉ GYURMÁN A. – TAKÁCS E. – GERA I. – BODÓ I. (2006)**: A magyar szürke szarvasmarha apai vonalainak összehasonlítása. Mihók, S. (szerk) Génmegőrzés. „Hagyományos háziállatfajták genetikai és gazdasági értékeinek tudományos feltárása”. DE ATC, 31-36.p.
82. **MONSERRAT, L. (2000)**: Long horned cattle in the Iberian Peninsula. *A magyar szürke marha eredete*. Vitaülés. Bugacpuszta, 2000. november 23-24. 63-70.p.
83. **MORRIS, S.T. – PARKER, W.J. – GRANT, D.A. (1994)**: Herbage intake, liveweight gain, and grazing behaviour of Friseian Piemontese x Friesian, and Belgian-Blue x Friesian bulls. *New-Zealand Journal of Agricultural Research*. 36: 231-236.p.

- 84. MOUNTJOY, K.G. – ROBBINS, L.S. – MORTRUD, M.T. – CONE, R.D. (1992):** The cloning of a family of genes that encode the melanocortin receptors. *Science*. 257: 1248–1251.p.
- 85. MULLIS, K.B. – FALOONA, F.A. (1987):** Specific synthesis of DNA in vitro via a polimerase chain reaction. *Methods in Enzymology*. Academic Press, San Diego, CA. 155: 335-350.p.
- 86. NAGATSU, T. – LEVITT, M. – UDENFRIEND, S. (1964):** Tyrosine hydroxylase: the initial step in norepinephrine biosynthesis. *Journal of Biological Chemistry*. 239: 2910-2917.
- 87. NAGY L. (2006):** A magyar racka juh teljesítményének értékelése. Doktori (PhD) disszertáció. Debrecen.
- 88. NDUMU, N.D. – BAUMUNG, R. – WURZINGER, M. – DRUCKER, A.G. – OKEYO, A.M. – SEMAMBO, D. – SÖLKNER, J. (2007):** Performance and fitness traits versus phenotypic appearance in the African Ankole Longhorn cattle: A novel approach to identify selection criteria for indigenous breeds. *Livestock Science*. doi: 10.1016/j.livsci.2007.04.004
- 89. NEWTON, J. – WILKIE, A. – HE, L. – JORDAN, S. – METALLINOS, D. – HOLMES, N. – JACKSON, I.J. – BARSH, G. (2000):** Melanocortin 1 receptor variation in the domestic dog. *Mammalian Genome*. 11: 24-30.p.
- 90. OECD – FAO (2007):** Agricultural Outlook 2007-2016.  
<http://www.oecd.org/dataoecd/6/10/38893266.pdf>
- 91. OLSON, T.A. (1998):** Genetics of colour variation. R. Fries, A. Ruvinsky (eds), *The Genetics of Cattle*. CABI Publishing, Wallingford, 33–53.p.
- 92. OSINOWO, O.A.. - BUVANENDRAN, V. - KONING, N.L. (1988):** A study of coat type, pigmentation and wattle incidence in Yankasa sheep and their effects on fertility and weaning weight. Paper presented at the *13th Annual Conference of the Nigeria Society for Animal Production at the University of Calabar*, 20-24th March, 10.p.
- 93. PÁLFY T. – GUNDEL J. (2006):** A takarmány zsírtartalmának hatása a csirkehús oxidatív stabilitására és színére. *Debreceni Egyetem. Agrártudományi Közlemények. Acta Agraria Debreceniensis*. 21: 25-30.p.
- 94. PARISET, L. – VALENTINI, A. (2003):** A simple PCR-RFLP test for direct identification of Melanocortin Receptor 1 (MC1R) alleles causing red coat

colour in Holstein cattle. Short communication. *Italian Journal of Animal Science*. 2: 151-155.p.

95. **PETERS, K.J. – HORST, P. – KLEINHEISTERKAMP, H.H. (1982):** The importance of coat colour and coat type productive adaptability of beef cattle in a sub-tropical environment. *Tropical Animal Production*. 7: 296-304.p.
96. **PROTA, G. (1992):** Melanins and melanogenesis. *New York: Academic Press*. 1-290.p.
97. **REINSCH, N. – THOMSEN, H. – XU, N. – BRINK, M. – LOOFT, C. – KALM, E. – BROCKMANN, G.A. – GRUPE, S. – KÜHN, C. – SCHWERIN, M. – LEYHE, B. – HIENDLEDER, S. – ERHARDT, G. – MEDJUGORAC, I. – RUSS, I. – FÖRSTER, M. – REENTS, R. – AVERDUNK, G. (1999):** A QTL for the degree of spotting in cattle shows synteny with the KIT locus on chromosome 6. *The Journal of Heredity*. 90: 629-634.p.
98. **RIEDER, S. – TAOURIT, S. – MARIAT, D. – LANGLOIS, B. - GUERIN, G. (2001):** Mutations in the agouti (ASIP), the extension (MC1R) and the brown (TYRP1) loci and their association to coat color phenotypes in horses (*Equus caballus*). *Mammalian Genome*. 12: 450–455.p.
99. **RILEY, P.A. (1997):** Molecules in focus: melanin. *International Journal of Biochemistry & Cell Biology*. 29: 1235-1239.p.
100. **ROBBINS, L.S. – NADEAU, J.H. – JOHNSON, K.R. – KELLY, M.A. - ROSELLI-REHFUSS, L. – BAACK, E. – MOUNTJOY, K.G. – CONE, R.D. (1993):** Pigmentation phenotypes of variant extension locus alleles result from point mutations that alter MSH receptor function. *Cell*, 72: 827–834.p.
101. **ROLANDO, A. - DI STASIO, L. (2005):** MC1R gene analysis applied to breed traceability of beef. Short communication. *Italian Journal of Animal Science*. 5: 87-91.p.
102. **ROUZAUD, F. – KADEKARO, A.L. - ABDEL-MALEK, Z.A. – HEARING, V.J. (2005):** MC1R and the response of melanocytes to ultraviolet radiation. Review. *Mutation Research*. 133-152.p.
103. **ROUZAUD, F. – MARTIN, J. – GALLET, P.F. – DELOURM, D. - GOULEMOT-LEGER, . – AMIGUES, Y. – MENISSIER, F. – LEVEZIEL, H. – JULIEN, R. – OULMOUDEN, A. (2000):** A first genotyping assay

- French cattle breeds based on a new allele of the extension gene encoding the melanocortin-1 receptor (MC1R). *Genetics Selection Evolution* 32: 511-520.p.
- 104.ROYO, L.J. – ALVAREZ, I. – FERNÁNDEZ, I.J. – GÓMEZ, E. – GOYACHE, F. (2005):** The coding sequence of the ASIP gene is identical in nine wild-type coloured cattle breeds. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 122: 357-360.p.
- 105.RUSSO, V. – FONTANESI, L. – SCOTTI, E. – TAZZOLI, M. – DALL’OLIO, S. – DAVOLI, R. (2004):** Study of melanocortin receptor 1 (MC1R) gene polymorphisms in some Italian dairy cattle breeds and their possible use for traceability of milk and milk products. *Book of abstracts of the 55th Annual Meeting of the European Association for Animal Production. (Bled, Slovenia. 5-8 September, 2004.) Session G4. Poster presentation No. 49.* 62.p.
- 106.RUSSO, V. – FONTANESI, L. – SCOTTI, E. – TAZZOLI, M. – DALL’OLIO, S. – DAVOLI, R. (2007):** Analysis of melanocortin 1 receptor (MC1R) gene polymorphisms in some cattle breeds: their usefulness and application for breed traceability and authentication of Parmeggiano Reggiano cheese. *Italian Journal of Animal Science*. 6: 257-272.p.
- 107.SAS INSTITUTE INC. (1999):** SAS/STAT Software Release 8.2, Cary, NC. USA.
- 108.SASAZAKI, M. – USUI, M. – MANNEN, H. – HIURA, CH. – TSUJI, S. (2005):** Allele frequencies of the extension locus encoding the melanocortin-1 receptor in Japanese and Korean cattle. *Animal Science Journal*. 129-132.p.
- 109.SASAZAKI, S. – MUTOH, H. – TSURIFUNE, K. – MANNEN, H. (2007):** Development of DNA markers for discrimination between domestic and imported beef. *Meat Science*. doi: 10.1016/j.meatsci.2007.02.24.
- 110.SCHLEGER, A.V. (1962):** Physiological attributes of coat colour in beef cattle. *Australian Journal of Agricultural Research*. 13: 943-959.p.
- 111.SCHMIDTZ, B.H. - BUCHANAN, F.C. - PLANTE, Y. - SCHMUTZ, S.M. (2001):** Linkage mapping of the tyrosinase gene to bovine chromosome 29. *Animal Genetics*. 32: 119-120.p.
- 112.SEARLE, A.G. (1968):** Comparative genetics of coat colour in mammals. Logos Press. London.
- 113.SEITZ, J.J. – SCHMUTZ, S.M. – THUE, T.D. – BUCHANAN, F.C. (1999):** A missense mutation in the bovine MGF gene is associated with the roan

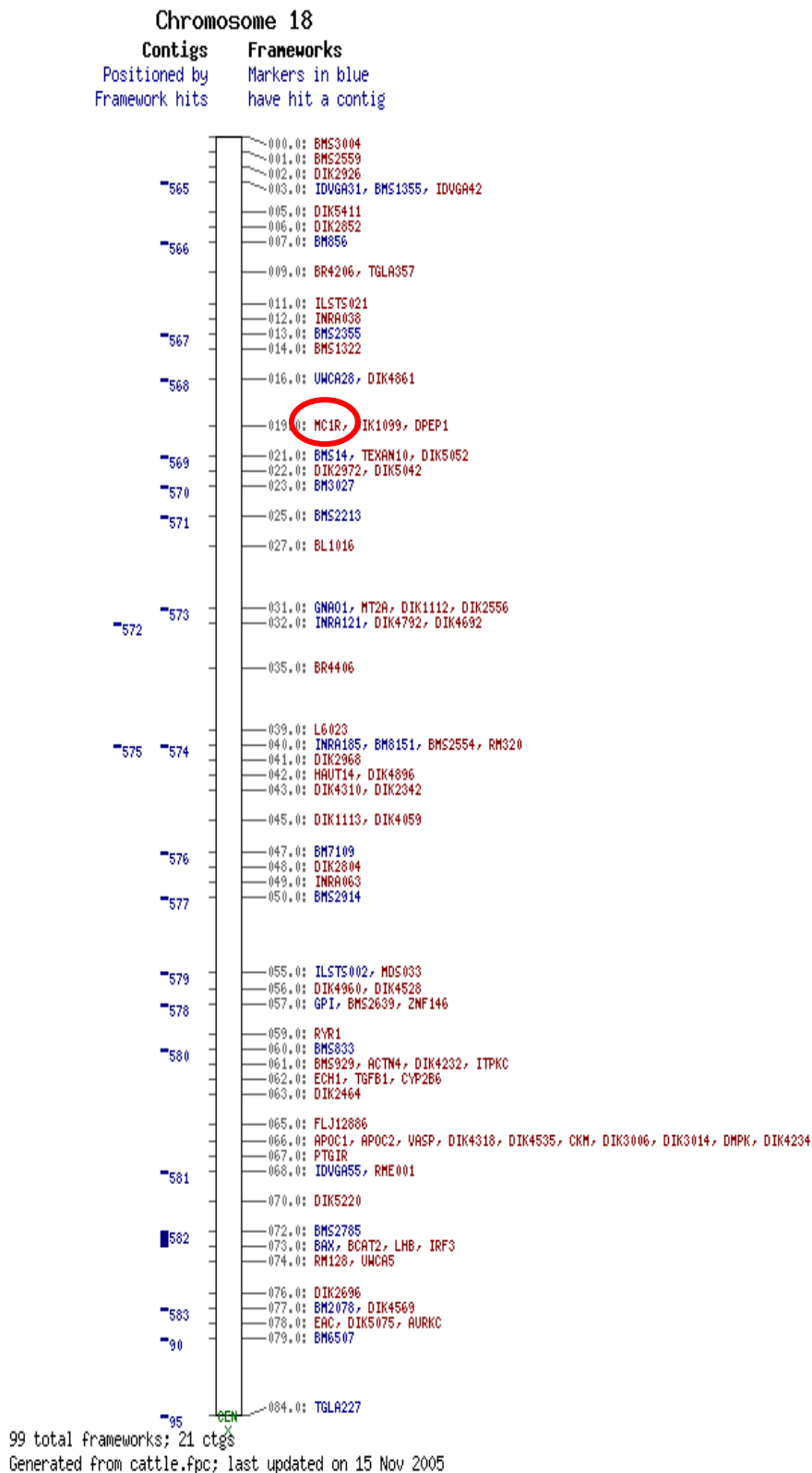
- phenotype in Belgian Blue and Shorthorn Cattle. *Mammalian Genome* 10: 710–712.p.
- 114.SPONENBERG, D.P. – WEISE, M.C. (1997):** Dominant black in horses. *Genetic Selection Evolution*. 29: 403-408.p.
- 115.SPSS:** SPSS Base 11.0 for Windows User's Guide. SPSS Inc., Chicago IL.
- 116.STACHURSKA, A. – BRODACKI, A. (2000):** Genetic structure of Malopolski horse population with respect to basic coat colours. *Annual Animal Science*. 27. 2: 9-18.p.
- 117.STACHURSKA, A. – BRODACKI, A. (2007):** Variation of gene frequencies in ASIP, MC1R and GREY loci in Thoroughbred horses. *Livestock Science*. doi: 10.1016/j.livsci.2007.03.007.
- 118.STACHURSKA, A. – PIETA, M. – JAWORSKI, Z. – USSING, A.P. – BRUSNIAK, A. – FLOREK, M. (2004):** Colour variation in blue dun Polish Konik and Bilgoraj horses. *Livestock Production Science*. 90: 201-209.p.
- 119.STACHURSKA, A. – PIETA, M. – LOJEK, J. – SZULOWSKA, J. (2006):** Performance of racehorses of various colours. *Livestock Science*. 106: 282-286.p.
- 120.STACHURSKA, A. – PIETA, M. (2006):** Is there a relationship between the coat colour, age and racing performance in the horse? *Annual Animal Science*. 6. 2: 249-255.p.
- 121.STERBETZ I. (1979):** Élő örökségünk, generáció, génbank. Mezőgazdasági Kiadó. Budapest.
- 122.STRICKLIN, W.R. – HEISLER, C.E. – WILSON, L.L. (1980):** Heritability of temperament in beef cattle. *Journal of Animal Science*. 5: 109-110.p.
- 123.SULAIMON, S.S. – KITCHELL, B.E. (2003):** Review article. The biology of melanocytes. *Veterinary Dermatology*. 14: 57-65.p.
- 124.TLH (2007):** Texas Longhorn - Horn Co. : <http://www.txlonghorns.com>
- 125.TORMAY B. (1901):** A szarvasmarha és tenyésztése I-II. Athenaeum Irodalmi és Nyomdai Rt., Budapest.
- 126.TÓTH Zs. (2006):** A lovak színének vizsgálata kvantitatív genetikai módszerekkel. Doktori (Ph.D) értekezés. Debrecen.
- 127.TÓZSÉR J. – MAROS K. – SZENTLÉLEKI A. – ZÁNDOKI R. – WITTMAN K. – BALÁZS F. – BAILO, A. – ALFÖLDI L. (2003):**

Temperamentum teszt alkalmazása egy hazai angus és holstein-fríz tenyészetben. *Állattenyésztés és Takarmányozás*. 52: 517-525.p.

- 128.VAGE, D.I. - LU, D. – KLUNGLAND, H. – LIEN, S. – ADALSTEINSSON, S. – CONE, R.D. (1997):** A non-epistatic interaction of agouti and extension in the fox, *Vulpes vulpes*. *Nature Genetics* 15: 311–315.p.
- 129.WAGNER, J.K. – JOVEL, C. – NORTON, H.L. – PARRA, E.J. – SHRIVER M.D. (2002):** Comparing quantitative measures of erythema, pigmentation and skin response using reflectometry. *Pigment Cell Research*. 15: 379-384.p.
- 130.WERTH, L.A. – HAWKINS, G.A. – EGGEN, A. – PETIT, E. – ELDUQUE, C. – KREIGESMANN, B. – BISHOP, M.D. (1996):** Rapid Communication: Melanocyte Stimulating Hormone Receptor (MC1R) maps to bovine chromosome 18. *Journal of Animal Science*. 74: 262.p.
- 131.WONG, T.H. – REES, J.L. (2005):** The relation between Melanocortin 1 Receptor (MC1R) variation and the generation of phenotypic diversity in the cutaneous response to ultraviolet radiation. *Peptides*. 26: 1965–1971.p.
- 132.ZELENÁK L. – VADÁNÉ KOVÁCS M. – KÖRMENDY L. (2004):** Magyar szürke marha húsminőségének vizsgálata. *A Hús*. 2: 79-84.p.
- 133.ZÖLDÁG L. (2003):** A kültakaró pigmentációs zavarainak genetikai alapjai. *Magyar Állatorvosok Lapja*. 9: 561-571.p.
- 134.ZÖLDÁG L. (2004a):** A kültakaró színöröklése háziállatokban 1. A pigmentképződés. *Kistermelők Lapja*. 4: 37.p.
- 135.ZÖLDÁG L. (2004b):** A kültakaró színöröklése háziállatokban 4. Részleges albínók és álalbínók. *Kistermelők Lapja*. 7: 37.p.
- 136.ZSOLNAI A. – ORBÁN L. (1999):** Accelerated separation of random complex DNA patterns in gels: comparing the performance of discontinuous and continuous buffers. *Electrophoresis*, 7: 1462-1468.p.

## 11. MELLÉKLETEK

### 1. melléklet: Az MC1R gén elhelyezkedése a 18. szarvasmarha kromoszómán



Forrás: INRA (2007)

**2. melléklet: A szarvasmarha (*Bos taurus*) melanocortin-1 receptor gén (MC1R) mRNS-szekvenciája (GénBank azonosító: AF445642.1).**

```

1 ctaccgcggc ccggttaaggc aggaggtccc cacaggacag gaggaggcaa gcggcccaaga
61 aatgtctgcc tgtgggcaac cgcacatcca ggaagaggt ggggaggcgg actgagaaca
121 gaagagcgaa gccgcgcccc gagggctggc cccataagct tggggccatg cctgggcccga
181 catttgcca gccagggagg ggaggtgtga ggccccctcc aggggagcca tgagttgagc
241 aggaccctga gagcaagcac cccttcctgc tcctgcggg acgatgcctg cacttggtctc
301 ccagaggcgg ctgctgggtt cccttaactg cacgccccca gccaccctcc ccttcacct
361 ggcccccaac cggacggggc cccagtgcct ggaggtgtcc atccctgacg ggctctttct
421 cagcctgggg ctggtgagtc tcgtggagaa cgtgctggta gtggtgcca ttgccaagaa
481 ccgcaacctg cactccccca tgtactactt tatctgctgc ctggctgtgt ctgacttgct
541 ggtgagcgtc agcaacgtgc tggagacggc agtcatgccg ctgctggagg ccggtgtcct
601 ggccaccag gcggccgtgg tgcagcagct ggacaatgtc atcgacgtgc tcactgctgg
661 atccatggtg tccagcctct gcttcctggg tgccattgct gtggaccgct acatctccat
721 cttctacgcc ctgcggtacc acagtgttgt gacactgccc cgagcgtgga ggatcattgc
781 ggccatctgg gtggccagca tcctcaccag cctgctcttc atcacctact acaaccacaa
841 ggtcatcctg ctgtgcctcg ttggcctctt catagcatg ctggccctga tggcctctct
901 ctacgtccac atgctggccc gggcctgcca gcatgcccgg ggcattgccc ggctccagaa
961 gaggcagcgc ccattcatc agggctttgg cctcaagggc gctgccaacc tcaccatcct
1021 gctgggcgtc ttcttcctct gctggggccc cttcttcctg cacctctcgc tcatcgtcct
1081 ctgccccag caccacacct gtggctgcat cttcaagaac ttcaacctct tctggccct
1141 catcatttgc aacgccattg tggacccccct catctatgcc ttccgcagcc aggagctccg
1201 gaagacgctc caagaggtgc tgcagtgtc ctggtgaggg tggcagtgcc gtcgtgtgcc
1261 ccaggcctgt gaggccaggg cagtcccttg acaaagagga tcggctagac catccctgaa
1321 ggtgaggggtg cacaggcctt tggggcctga gagggggaatc tcaggactct ccaggaggct
1381 gtgcagaatg aggaggctgg ggagatggtg gggcatggcc tcccacacct agaaaggagg
1441 gccccacc ctccatctgg gggcccactc tggggccggg gccacacccc caccacccc
1501 aaagctgtgg gaagtcccgc tccaaggact tcatgaccag cacaggagga ggtggggccc
1561 acagtggggg gcttttctct tctaacgctc tgtggtgact gggagccggg ctcagcccgt
1621 ctgccagcag cacatgcatt cggcagacac cccagccagg cctgctctgg ggaaccagca
1681 gccaatatgc aggtccagg gccaggaagc agtgcagcag tattaataaa cgtgatgctt
1741 ggtgcaacct caaaaaaaaa aaaaaaaaaa

```

A mutációkat **sárgával**, a PCR során alkalmazott forward és reverse primereket **pirossal** jelöltük.

### **3. melléklet: Genomiális DNS izolálása nyers marhahúsból és magyar szürke hústermékekből**

Szükséges vegyszerek:

- E.Z.N.A. Tissue DNS Kit (mely tartalmazza a következő reagenseket: TL puffer, OB proteáz, BL puffer, Wash puffer, Elution puffer)
- abszolút etanol

Termékenként 30 mg mintát folyékony nitrogénben elporítottunk, majd 1,5 ml-es eppendorf csőbe helyeztünk. Hozzáadtunk mintánként 220 $\mu$ l TL puffert és 25 $\mu$ l OB proteázt. A mintákat vortexelés után 55°C-on inkubáltuk egy éjszakán keresztül. Másnap minden mintához 220 $\mu$ l BL puffert adagoltunk, vortexeltük, majd 10 percen keresztül 70°C-on inkubáltuk. Következő lépésben 220 $\mu$ l abszolút etanolt adagoltunk a mintákhoz és vortexeltük. Ezután HiBind csöveket tettünk 2 ml-es gyűjtő tubusokba és az etanolos elegyet ezekbe a kettős tubusokba helyeztük át. 8000/perc fordulaton 1 percig centrifugáltuk, majd a folyadékot és a gyűjtő tubusokat eldobva új gyűjtő tubusokba helyeztük át a HiBind csöveket. Minden mintához 700 $\mu$ l etanollal hígított Wash puffert adagoltunk, majd ismét 8000/perc fordulaton centrifugáltuk 1 percig. A gyűjtő tubusokat ismét eldobtuk, majd újabb 700 $\mu$ l etanollal hígított Wash pufferrel megismételtük a centrifugálást. A folyadékot leöntöttük, majd 10.000/perc fordulaton 2 percig centrifugáltuk a mintákat. A HiBind csöveket ezután steril 1,5 ml-es eppendorf csövekbe helyeztük, és 100 $\mu$ l 70°C-ra melegített Elution puffert adagoltunk a mintákhoz. 3 percig szobahőmérsékleten tároltuk, majd 8000/perc fordulaton 1 percig centrifugáltuk a csöveket, majd a folyamatot megismételtük. Az így tisztított DNS-t -20°C-on tároltuk a további vizsgálatig.

## 12. ÁBRÁK JEGYZÉKE

1. ábra: A pigmentszintézis folyamata	23
2. ábra: Szarvszínváltozatok megoszlása a kártyás kategórián belül a nőivarban	50
3. ábra: Szarvszínváltozatok megoszlása a kártyás kategórián belül (tinók)	50
4. ábra: Kormoltság mértékének megoszlása szarvszíneződésenként (nőivar)	52
5. ábra: Kormoltság mértékének megoszlása szarvszíneződésenként (hímivar)	53
6. ábra: Kormoltság mértékének megoszlása szarvszíneződésenként (tinók)	53
7. ábra: Szarvszíneződések korcsoportonkénti megoszlása a vizsgált nőivarú állományban	55
8. ábra: Magyar szürke és limousin borjak születés kori szőrszínének összehasonlítása	64
9. ábra: Az egyes színosztályok elkülönítését ábrázoló dendrogram	65
10. ábra: Az egyes színváltozatok előzetes aránya	67
11. ábra: A színváltozatok utólagos csoportosítása	70
12. ábra: Az egyes színváltozatok elkülönülését ábrázoló dendrogram	71
13. ábra: Az újonnan kialakított színosztályok előzetes aránya	73
14. ábra: A négy színváltozat utólagos csoportosítása	74
15. ábra: A születés kori és a kifejlétkori szőrszín közötti kapcsolat	86
16. ábra: A szarv és a szőrzet színe közötti összefüggések	87

### 13. TÁBLÁZATOK JEGYZÉKE

1. táblázat: A szarvasmarha szőrszínének kialakításában szereplő gének	24
2. táblázat: A szarvszín vizsgálatokba vont állatok száma	31
3. táblázat: A vizsgálatok során mért egyedek száma	35
4. táblázat: A vizsgálatban szereplő fajták, egyedszámok és a minták származási helye	39
5. táblázat: A vizsgált tehén-, bika- és tinóállományok szarvszíneződéseinek megoszlása	47
6. táblázat: A kártyás színváltozatok aránya a vizsgált populációban	49
7. táblázat: Kormoltság mértékének megoszlása szarvszíneződésenként	52
8. táblázat: Szarvszíneződések korcsoportonkénti megoszlása a bikaállományban	55
9. táblázat: Különböző vonalú bikák szarvszíneződéseinek megoszlása	56
10. táblázat: Szarvszínváltozatok megoszlása a különböző vonalú tenyészbikák ivadékai esetében	57
11. táblázat: Szarvszíneződések megoszlása a különböző családokban	58
12. táblázat: A szarvszín öröklődése	59
13. táblázat: Szarvszíneződések megoszlása a vizsgált ivadékállományban	60
14. táblázat: Magyar szürke borjak színváltozatainak $L^*a^*b^*$ értékei	63
15. táblázat: Magyar szürke és limousin borjak szőrszínének $L^*a^*b^*$ értékek	64
16. táblázat: A lépcsőzetes diszkriminancia-analízis eredményei	68
17. táblázat: A három mérési terület színértékei közötti korrelációk mértéke	69
18. táblázat: A helytelenül csoportosított színváltozatok aránya	70
19. táblázat: Az egyes színváltozatokra jellemző színértékek	72
20. táblázat: Az újonnan kialakított színosztályokra jellemző színértékek	75
21. táblázat: A különböző szőrszínváltozatok aránya a vizsgált állományban	76
22. táblázat: A négy színváltozat színértékei bikák esetében	77
23. táblázat: A négy színváltozat színértékei tinók esetében	78
24. táblázat: A mérési évszak hatása a színváltozatok színértékeire (nőivar)	81
25. táblázat: A mérési évszak hatása a színváltozatok színértékeire (bikák)	82
26. táblázat: A mérési évszak hatása a színváltozatok színértékeire (tinók)	83
27. táblázat: Szőrszínváltozatok megoszlása a különböző vonalú bikák ivadékai esetében	84
28. táblázat: Szőrszínváltozatok megoszlása a különböző családok esetében	85

29. táblázat: A géleképeken látható információk magyarázata	89
30. táblázat: Allél- és genotípus gyakorisági értékek a vizsgált fajták esetében	90
31. táblázat: A fajták elkülöníthetőségének lehetőségei MC1R genotípusuk alapján	94
32. táblázat: Hústermékekből izolált MC1R genotípusok	95

## 14. KÉPEK JEGYZÉKE

1. kép: Minolta Chromameter CR-410	33
2. kép: CIE L*a*b* színrendszer	33
3. kép: Magyar szürke borjú	34
4. kép: Limousin borjú	34
5. kép: Mérés területek	35
6. kép: Fehér szarv	46
7. kép: Kártyás szarv	46
8. kép: Zöld szarv	46
9. kép: Fehér, alig kártyás színváltozat (FAK)	48
10. kép: Kártyás sok fehérrel színváltozat (KSF)	48
11. kép: Kártyás kevés fehérrel színváltozat (KKF)	48
12. kép: Zöld, alig kártyás színváltozat (ZAK)	48
13. kép: Szabályosan kormolt, fehér szarv (SZK)	51
14. kép: Magasan meszelt, fehér szarv (MM)	51
15. kép: Mélyen kormolt, fehér szarv (MK)	51
16. kép: Pirók borjú	62
17. kép: Világos pirók borjú	62
18. kép: Sötét pirók borjú	62
19. kép: Magyar szürke bika	66
20. kép: Világos daru tehén	66
21. kép: Szürke tehén	66
22. kép: Msp1 emésztés géliképe	88
23. kép: MspA1I emésztés géliképe	89
24. kép: Hústermékekből izolált PCR termékek	95

## 15. KÖSZÖNETNYILVÁNÍTÁS

Köszönetemet szeretném kifejezni témavezetőimnek, **Prof. Dr. Bodó Imre** egyetemi tanárnak és **Dr. Béri Béla** egyetemi docensnek a vizsgálataimhoz szükséges feltételek megteremtésében, kivitelezésében és a dolgozat megírásában nyújtott segítségükért.

Köszönöm **Dr. Czeglédi Levente** egyetemi adjunktusnak a molekuláris genetikai vizsgálatok tervezésében és kivitelezésében nyújtott segítségét.

Köszönettel tartozom a **Hortobágyi Természetvédelmi és Génmegőrző Kht.-nak**, hogy magyar szürkemarka állományukban elvégezhettem a vizsgálataimat. Megköszönöm továbbá a **hortobágyi gulyások** mindenkori segítségnyújtását, nélkülük nem jöhetett volna létre a dolgozat.

Külön köszönetet mondok **Kaltenecker Endre** tenyésztésvezetőnek a vizsgálatok kivitelezésében nyújtott segítségéért és hasznos szakmai tanácsaiért.

Köszönöm **Kiss Jánosnénak** a származási adatok összegyűjtéséhez nyújtott segítségét, **dr. Jakab Balázs** állatorvosnak, **Csontos Istvánnak** és **Szatmári Tamásnak** a vérmintavételekhez nyújtott segítségüket.

Megköszönöm **Borics Imrének**, hogy a szarvszín vizsgálatok kapcsán megosztotta velem gyakorlati tapasztalatait.

Köszönöm a **Mezőgazdasági Szakigazgatási Hivatal Központ laboratóriumának**, hogy a molekuláris genetikai vizsgálatokhoz DNS-mintákat bocsátott a rendelkezésünkre.

Köszönöm **Kosztai Jánosnak** és a **Fertő-Hanság és Órségi Nemzeti Park többi munkatársának**, hogy magyar szürkemarka állományukban szőrmintákat gyűjthettünk.

Megköszönöm az **Állattenyésztéstudományi Intézetben** dolgozó valamennyi **Kolléga** önzetlen együttműködését és segítségét.

Köszönöm a **Magyar Szürke Szarvasmarhát Tenyésztők Egyesülete munkatársainak** mindenkori baráti segítségnyújtásukat és hasznos szakmai tanácsaikat.

Köszönettel és hálával tartozom **Családomnak**, türelmük és támogatásuk nélkül nem készülhetett volna el ez a dolgozat.

## 16. NYILATKOZATOK

### NYILATKOZAT

Ezen értekezést a Debreceni Egyetem Agrártudományi Centrum Mezőgazdaságtudományi Karán az Állattenyésztési Tudományok Doktori Iskola keretében készítettem a Debreceni Egyetem ATC MTK doktori (PhD) fokozatának elnyerése céljából.

Debrecen, 200.....

.....  
a jelölt aláírása

### NYILATKOZAT

Tanúsítom, hogy Radácsi Andrea doktorjelölt 2004 – 2007 között a fent megnevezett Doktori Iskola keretében irányításommal – irányításunkkal végezte munkáját. Az értekezésben foglalt eredményekhez a jelölt önálló alkotó tevékenységével meghatározóan hozzájárult, az értekezés a jelölt önálló munkája. Az értekezés elfogadását javaslom – javasoljuk.

Debrecen, .....

.....  
a témavezető(k) aláírása