

A SZARVASMARHA DGAT1 GÉN K232A POLIMORFIZMUSÁNAK HATÁSA MAGYARTARKA TEHENEK TEJTERMELÉSI TULAJDONSÁGaira

FARKAS VALÉRIA – KOVÁCS KATALIN – HOLLÓ GABRIELLA – ZSOLNAI ATTILA –
SZABÓ FERENC – POLGÁR J. PÉTER – ANTON ISTVÁN

ÖSSZEFOGLALÁS

A szerzők 195 magyartarka tejelő tehén DGAT1 polimorfizmusát vizsgálták. A vérminták tipizálására restrikciós fragmenthossz polimorfizmus (PCR–RFLP) módszert használtak. A kísérlet során CfrI restrikciós endonukleázzal hasított szarvasmarha DGAT1 gén két változatát (AA, GC) azonosították. A genotípusok, valamint a kétlaktációs tejtermelési tulajdonságok közötti összefüggés feltárására többtényezős varianciaanalízist végeztek (SPSS 15.0).

Az AA allél (lizin variáns) gyakorisága 0,52; a GC allélé pedig 0,48 volt. A három genotípus megoszlása a következőképpen alakult: 15,38% (AA/AA); 73,85% (AA/GC); 10,77% (GC/GC). A statisztikai elemzés a 305 napos tejtermelési adatok (tejhozam (kg), tejszír %, a tejfehérje %, tejfehérje kg), a legnagyobb napi tej (kg) és az átlag napi tejmennyiség (kg) valamint a DGAT1 genotípusok között szignifikáns különbséget mutatott.

SUMMARY

Farkas, V. – Kovács, K. – Holló, G. – Zsolnai, A. – Szabó, F. – Polgár, J. P. – Anton, I.: EFFECT OF THE DGAT1 GENE POLYMORPHISM ON THE MILK PRODUCTION TRAITS IN HUNGARIAN SIMMENTAL COWS

195 Hungarian Simmental cows, from one herd, were typed for the bovine DGAT1 gene using PCR-RFLP method. CfrI restriction site of the gene generates two alleles: AA and GC. Multivariate analyses (by SPSS 15.0 software) were carried out to evaluate the relationship between genotypes and milk production.

Allele frequency values for the AA and GC allele were 0.52 and 0.48, respectively. Distribution of the three genotypes (AA/AA, AA/GC, GC/GC) were 15.38% (AA/AA); 73.85% (AA/GC); 10.77% (GC/GC), respectively. Statistical results showed significant difference between DGAT1 genotypes and 305-day milk production (milk yield, milk fat percent, milk protein percent, milk protein yield), as well as maximum and average monthly milk yield.

BEVEZETÉS

A gazdasági állatok fontos kvantitatív tulajdonságait (tejhozam, tejszír- és fehérje mennyiség, hústermelés) különböző gének (QTL) alakítják ki. Tejelő szarvasmarhák esetében számos, a tejösszetételt, illetve a tejhozamot befolyásoló tulajdonságokhoz kapcsolt QTL-t már azonosítottak. Az újabb kutatások ezért elsősorban az egyes QTL-ek markerek segítségével történő azonosítására irányulnak. Ezek ismerete és a szelekcióban való felhasználása a genetikai előrehaladást nagymértékben felgyorsíthatja.

A számos ismert marker között jelentős a diacilglicerol-O-acyltransferáz (DGAT1), amely egyre inkább a vizsgálatok középpontjába kerül. A DGAT1 egy mikroszómális enzim, amely a triglicerid szintézis utolsó lépését katalizálja (Cases és mtsai, 1998). A DGAT1 gén tejtermelésre kifejtett hatása egy lizin/alanin (K 232 A) polimorfizmusból ered, amelyet már több szerző is jelzett és szignifikáns különbségeket állapított meg a tejszír, a tejfehérje és a tejmennyiség vonatkozásában (Grisart és mtsai, 2002; Winter és mtsai, 2002).

Grisart és mtsai (2002) a szarvasmarha 14. kromoszómájának térképezésekor, 3cM pontossággal azonosították az elsősorban a tej zsírtartalmára ható DGAT1 gént a kromoszóma centromér régiójában. A gént több fajban is szekvenálták.

Lehner és Kuksis (1996), valamint Coleman és mtsai (2000) megállapították, hogy a trigliceridek bioszintézise az endoplazmatikus retikulum membránjában játszódik le. Emlősökben a trigliceridek *in vivo* bioszintézisének két útja ismeretes, a glicerol-3-foszfát út és a monoacilglicerol út.

A tejben lévő tejszír szintézise a tőgy mirigyhámsejtjeiben történik, ahol a tejszír 65–70%-a illózsírsavakból képződik. Itt képződnek a rövid és a közepes hosszúságú zsírsavak. A tejben lévő hosszú szénláncú zsírsavak egy része közvetlenül a táplálékból, másik része a zsírszövetben és a májban szintetizált zsírból származik (Csapó és mtsai, 2007).

A tejlipidek többségét a trigliceridek alkotják. A tej kis mennyiségben foszfolipideket, koleszterint, zsírolldható vitaminokat, szabad zsírsavakat, monoacilglicerideket és számos egyéb lipidet vagy lipidszerű anyagot is tartalmaz. A tejmirigy szöveteiben folyó zsírszintézishez szükséges glicerin a vérglükózból származik, kérődzőkben ugyanakkor a propionát is fő forrásként számít (Husvéth, 2000). A trigliceridek szintézisének *glicerol-3-foszfát* útját szemlélteti az 1. ábra (Csapó és mtsai, 2007).

1. ábra: A glicerol-3-foszfát út
(Csapó és mtsai, (2007) nyomán Farkas (2010))

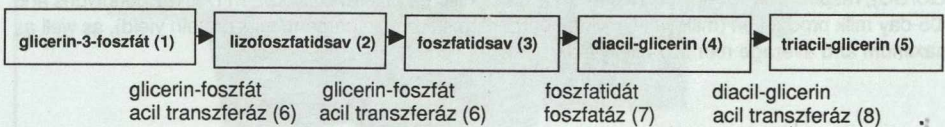


Figure 1.: Glycerol-3-phosphate pathway

glycerol-3-phosphate (1), lysophosphatide (2), phosphatidate (3), diacylglycerol (4), triacylglycerol (5), glycerol-phosphate acyltransferase (6), phosphatidate phosphatase (7), diacylglycerol acyltransferase (8)

Smith és mtsai (2000) vizsgálatai igazolták, hogy a DGAT1-nek nem csak a tejmirigyekben zajló lipid szintézisben van szerepe, hanem nélkülözhetetlen a tejtermelésben. DGAT1 hiányos egereket vizsgálva azt tapasztalták, hogy azok nem termeltek tejet.

Winter és mtsai (2002) leírták, hogy az alanin variánsok esetében a 232-es pozícióban lévő alanin nagy valószínűséggel negatív hatással van a DGAT zsírsav-CoA megkötő képességére. Tehát ezzel magyarázható, hogy az alanin variáns (GC/GC) egyedek alacsonyabb zsírtartalmú tejet termelnek. A lizin variánsok a hatékonyabb zsír szintézist képviselhetik, hiszen a tanulmány szerint a lizin variánsoknál következetesen magasabb volt a tej zsírtartalma, mint az alanin variánsok esetében.

A DGAT1 gén hatásait új-zélandi és holland holstein populációkban *Grisart és mtsai* (2002), új-zélandi holstein populációban *Spelman és mtsai* (2002), és német holstein populációban *Thaller és mtsai* (2003) vizsgálták.

Az idézett szerzők megfigyelték, hogy a lizin/alanin polimorfizmusnak erős hatása van a tej zsír- és fehérjetartalmára.

Spelman és mtsai (2002) által leírt eredmények szerint tejelő teheneknél a tej magasabb zsírtartalma alacsonyabb fehérjetartalommal és tejmennyiséggel párosult.

Régóta ismert összefüggés, hogy negatív korreláció figyelhető meg a tejhozam és a tej összetevőinek százalékos aránya között. A magasabb tejhozamot produkáló egyedek tejének fehérje- és zsírtartalma általában alacsonyabb.

Anton és mtsai (2008) a hazai holstein-fríz populációt vizsgálva azt tapasztalta, hogy a GC/GC genotípusú (alanin variáns) egyedeknél szignifikánsan magasabb volt a tej zsír- mennyisége (kg), mint az AA/AA és AA/GC genotípusú csoportokban. A tejfehérje mennyisége (kg) ugyancsak a GC/GC genotípusú állatok esetében mutatott szignifikánsan magasabb értéket, mint az AA/AA genotípusú csoportban. Az AA/GC genotípusú egyedek esetében nem tapasztaltak szignifikáns eltérést e tulajdonságban. Ezen kívül, a lizin variánst (AA/AA) hordozó egyedeknél az alacsonyabb tejhozamhoz magasabb tejzsír % és fehérje % párosult, mint az AA/GC genotípusú egyedeknél. A GC/GC genotípusú egyedek esetében nem tapasztaltak szignifikáns eltérést e három tulajdonságban. Hasonló negatív korrelációt mutattak *Strzalkowska és mtsai* (2005) vizsgálati eredményei, melyeket lengyel fekete-fehér (fríz) szarvasmarhákon végeztek.

A jelen vizsgálat célja a magyartarka szarvasmarha fajta egy populációjában a DGAT1 polimorfizmus, valamint az enzim genotípus és a tejtermelés összefüggésének vizsgálata volt.

ANYAG ÉS MÓDSZER

A vizsgálathoz 195, legalább két laktációt zárt magyartarka tejelő tehéntől vettünk vértmintát a Rádóci Agrár Mezőgazdasági Termelő és Szolgáltató Kft. szarvasmarha telepén. A vizsgált tehenek génhányad összetételét és a genotípus szerinti megoszlását az 1. táblázat szemlélteti. A 300 férőhelyes telepen kötetlen, mélyalmos istállóban helyezik el a fejősteheneket, termelési színvonaluk szerint csoportosítva. A telepen 5 csoportot (nagy-, közepes-, kis termelésű, szárazonálló ill. előkészítés időszakában álló csoport) alakítanak ki. A tehenek táplálékanyag szükségletét komplett takarmány adagok (TMR = total mixed ration) etetésével

biztosítják a különböző csoportokban. Fő tömegtakarmány komponens a silóku-korica szilázs, melynek mennyisége csoportonként 8–12 kg között változik. Nyári időszakban a szilázzsal együtt zöldtakarmányokat (rozs, lucerna) etetnek. A tehének emellett még lucerna és réti szénát is kapnak 1–3 kg adagban. Az abrak takarmányban a gazdasági abrakok (kukorica, rozs, árpa) mellett extrahált napraforgó-, ill. repce dara továbbá ásványi és vitamin premix szerepel. Az egyes csoportok táplálóanyag szükséglete szerint változik a tömegtakarmány és az abrak aránya.

A tehenektől vett vérmintákat NaEDTA-s vérvételi csövekben –20 °C-on tároltuk a DNS izolálásáig. A DNS izolálása a *Zsolnai és mtsai* (2003) által ismertetett módszer szerint történt.

Az állatok DGAT1 genotípusát PCR-RFLP (restrikciós fragmenthossz-polimorfizmus) módszerrel határoztuk meg *Winter és mtsai*, 2002 által leírt PCR körülmények adaptálásával.

A felszaporított termék hasítását, vagyis a polimorf hely azonosítását, a CfrI (10 u/μl) (ER0162, MBI Fermentas, St. Leon-Rot, Germany) restrikciós endonukleázzal végeztük. A reakciókeveréket (10 μl amplifikált DNS, 1,3 μl 10 x puffer, 0,5 μl CfrI enzim, 1,2 μl steril desztillált víz) 12 órán át inkubáltuk 37 °C-os vízfürdőben. A hasított DNS fragmentumokat ethidium bromiddal festett 4%-os metafor agaróz gélen választottuk el egymástól, amelyek a festék hatására UV fényben jól elkülöníthetők.

A tehenek tejtermelési adatait az első és a második laktáció során az Állattenyésztési Teljesítményvizsgáló Kft. által havonta végzett befejeések adatai alapján értékeltük.

A vizsgált polimorfizmus feltételezett hatásainak elemzéséhez az állatok 305 napos laktációs adatait (tejhozam (kg), tejszír (kg, %), tejfehérje (kg, %)), valamint a legnagyobb napi tejhozamát (kg) és a befejeések átlag tejhozamát (kg) használtuk.

A statisztikai analízist SPSS 15.0 for Windows szoftver segítségével végeztük.

A vizsgált lókuszt (DGAT1), valamint a termelési adatok közötti feltételezett kapcsolat felderítésére többtényezős varianciaanalízis, Általános Lineáris Modell (GLM) és a legkisebb négyzetes különbségek (LSD) módszerét alkalmaztunk.

Az értékelés során a tehenek DGAT1 genotípusát, születési évét és laktáció sorszámát, fix hatásnak tekintettük, a genotípus hatásának elemzéséhez az utóbbiakra – azok zavaró hatásának kiszűrése érdekében – korrekciót alkalmaztunk.

Az általános lineáris modell matematikai képlete a következő volt:

$$y_{ijklm} = \mu + DGAT1_i + \text{laktáció száma}_j + \text{születési év}_k + e_{ijk}$$

ahol y a vizsgált tulajdonság fenotípusos megnyilvánulása, μ az általános átlag, $DGAT1_i$ az állat DGAT1 genotípusa (AA/AA, AA/GC, GC/GC), a *laktáció száma* a lezárt laktációk számára utal, valamint az adott állat *születési évén* túl e a maradék hiba.

EREDMÉNYEK ÉS MEGBESZÉLÉSÜK

A Cfrl hasítás eredményeként háromféle gélmintázat keletkezett (AA/AA, AA/GC, GC/GC). Az AA allél (lizin variáns) gyakorisága 0,52; a GC allél pedig 0,48 volt. A három genotípus megoszlása az alábbiak szerint alakult: 15,38% (AA/AA); 73,85% (AA/GC); 10,77% (GC/GC) (1. táblázat).

1. táblázat

A vizsgált magyar tarka tehenek génhányad összetétele és genotípus megoszlása

Génhányad %(1)		Állatok száma(4)	Genotípusok(5)			Allél(6)	
Magyar tarka(2)	Holstein fríz(3)		AA/AA	AA/GC	GC/GC	AA allél	GC allél
100%	–	14	7,14%	78,57%	14,29%	0,47	0,53
≥ 96,88%	≤ 3,12%	38	15,79%	71,05%	13,16%	0,52	0,48
≥ 93,75 és < 96,88%	≤ 6,25% és > 3,12%	23	17,39%	78,26%	4,35%	0,57	0,43
≥ 87,5% és < 93,75%	≤ 12,5% és > 6,25%	51	15,69%	76,47%	7,84%	0,54	0,46
≥ 75% és < 87,5%	≤ 25% és > 12,5%	69	15,94%	71,02%	13,04%	0,52	0,48
		Összesen: 195	15,38%	73,85%	10,77%	0,52	0,48

Table 2: Blood proportion composition and genotype distribution in Hungarian Simmental cows blood proportion (1), Hungarian Simmental (2), Holstein Friesian (3), number of animals (4), genotypes AA/AA, AA/GC, GC/GC, alleles AA, GC(6)

A feltételezett populáció egyensúlyt a χ^2 érték kiszámolásával vizsgáltuk, mely jelen esetben $\chi^2 = 45,554$ volt. Ez a magas χ^2 érték az alacsony szignifikancia szinttel párosulva azt jelenti, hogy a populáció nincs genetikai egyensúlyban. A Hardy-Weinberg aránytól való szignifikáns eltérés esetén feltételezhetjük, hogy a vizsgált lokuszra nézve a populáció nem ideális, tehát pl. a párosodás nem véletlenszerű, a vizsgált egyedek száma kicsi, vagy az utódok életbenmaradási esélye attól is függ, hogy a lokusz mely allélját hordozzák (szelekció). A genetikai egyensúlytól való eltérés egyértelműen mutatja a DGAT1 génen keresztül a tejzsírra való szelekció hatását, illetve azt, hogy szoros összefüggés van a lokusz és a tulajdonság között.

Winter és mtsai (2002) 66 szimentáli szarvasmarha vizsgálatakor 0,07 (lizin variáns) és 0,93 (alanin variáns) allélgyakoriságot kaptak. Thaller és mtsai (2003) 23 német szimentáli szarvasmarha család vizsgálatakor a lizint kódoló variáns (allél) esetében 0,072 gyakoriságot mutattak ki. Kaupe és mtsai (2004) 126 német szimentáli szarvasmarha esetében 0,06 (lizin variáns) és 0,94 (alanin variáns) allélgyakoriságot tapasztaltak. Ezek az értékek eltérnek az általunk mért allélgyakoriságtól. Ennek magyarázatául szolgálhat, hogy az általunk vizsgált magyartarka

állományban korábban holstein-fríz keresztezések fordultak elő, és e fajta bizonyos százalékban növelhette a pozitív (lizin variáns) allél gyakoriságát. A holstein fríz fajtánál ugyanis a lizint kódoló allél esetében nagyobb allélgyakoriság tapasztalható, mint a szimentáli fajtánál. Ezt *Thaller és mtsai* (2003) vizsgálatai is igazolják, akik holstein fríz fajtánál 0,55; míg a szimentáli fajtánál 0,07 allélgyakoriságot tapasztaltak. Számos szerző, többek között *Spelman és mtsai* (2002) 1527 új-zélandi holstein fríz vizsgálatkor 0,60; *Winter és mtsai*, (2002) 40 német holstein esetében 0,34; *Anton és mtsai* (2008) 250 magyar holstein fríz vizsgálatkor pedig 0,84 allélgyakoriságot figyelt meg a lizint kódoló allél esetében.

A statisztikai elernzés során az állatok keresztezett voltát nem vettük figyelembe. Ennek oka az volt, hogy a 100%-ban magyartarka egyedek AA allél gyakorisága alig maradt el a holstein fríz keresztezettektől (1. táblázat). A statisztikai elemzés a 305 napos termelési adatok (tejhozam, tejszír %, tejfehérje %, tejfehérje kg), a legnagyobb napi tej és átlag napi tejmennyiség, valamint a DGAT1 genotípusok között szignifikáns kapcsolatot mutatott (2. táblázat).

2. táblázat

A vizsgált tejtermelési paraméter legkisebb négyzetes átlaga és a standard hiba értéke az eltérő DGAT1 genotípus csoportok között

	AA/AA	AA/GC	GC/GC
LSD±SE			
305 napos tejhozam (kg)(1)	4511,90±138,07 ^a	4863,20 ± 85,19 ^b	4818,71 ± 151,29 ^b
305 napos tejszír (%) (2)	4,40±0,08 ^a	4,00 ± 0,05 ^b	3,99±0,09 ^b
305 napos tejszír (kg)(3)	197,12±5,58	193,54 ± 3,45	190,35±6,29
305 napos tejfehérje (%) (4)	3,66±0,03 ^a	3,49 ± 0,02 ^b	3,60±0,04 ^a
305 napos tejfehérje (kg)(5)	162,83±5,04 ^a	168,88 ± 3,11 ^b	170,97±5,68 ^b
Legnagyobb napi befetés (kg)(6)	20,11±0,6 ^a	21,55 ± 0,38 ^b	22,16±0,67 ^b
Átlagos napi befetés (kg)(7)	15,66±0,49 ^a	16,81 ± 0,30 ^b	16,66±0,54 ^b

a, b: A különböző betűvel jelölt értékek szignifikánsan eltérnek egymástól $p<0,005$

Table 3: Least square means and standard errors of some milk production parameters in DGAT1 genotype groups

(a, b: different characters indicate significant difference between genotypes)

305-day milk yield (1), 305-day milk fat % (2) 305-day milk fat yield (3), 305-day milk protein % (4), 305-day milk protein yield (5), max. amount of daily milk yield (6), mean amount of daily milk yield (7)

Az AA/AA genotípusú egyedek esetében szignifikánsan alacsonyabb ($p<0,05$) 305 napos tejmennyiséget (kg), 305 napos tejfehérje mennyiséget (kg), legnagyobb napi tejmennyiséget (kg), valamint átlagos napi tejmennyiséget (kg) tapasztaltunk a másik két genotípust hordozó állatokhoz képest.

Szignifikáns ($p<0,05$) összefüggést lehetett kimutatni a 305 napos tejszír %, a 305 napos tejfehérje % és a DGAT1 genotípusok között is.

Az AA/AA genotípusú tehének 305 napos tejszír % adatai szignifikánsan magasabbak ($p<0,05$) voltak a másik két genotípust hordozó állatok értékeinél.

Az AA/GC genotípusú tehének esetében szignifikánsan alacsonyabb ($p<0,05$) 305 napos tejfehérje %-ot tapasztaltunk, mint az AA/AA és GC/GC genotípusú egyedeknél.

Mindezek alapján megállapíthatjuk, hogy az AA allél pozitív hatással van a tejszír mennyiségére és arányára és negatív hatással a 305 napos tejhozamra, a legnagyobb ill. az átlagos napi tejmennyiségre, valamint a 305 napos tejfehérje mennyiségére egyaránt.

Ezt a megállapítást *Grisart és mtsai* (2002); *Spelman és mtsai* (2002); valamint *Thaller és mtsai* (2003) által elért eredmények is megerősítik, melyek szerint a lizin variánszt hordozó egyedek esetében magasabb tejszír arány és mennyiség volt kimutatható, ugyanakkor ez a tejhozam, illetve a tejfehérje mennyiség (kg) csökkenésével párosult. Ezt a negatív korrelációt mindhárom szerző igazolta.

A vizsgálati eredmények, az irodalmi adatokkal megegyezően, azt jelzik, hogy a DGAT1 gén minden bizonnyal hatással van a tejszír termelésre.

E megállapítás lehetőséget nyújt arra, hogy a szóban forgó gént, mint markert, felhasználjuk a tejelő állományok szelekciójában. A genotipizálás tehát megteremti a tenyésztők számára a szelekció egészen korai (akár születés után azonnali) lehetőségét, jóval azelőtt, hogy a tejtermelés elkezdődne.

Vizsgálatainkat az OTKA (78174) ill. a NKFP (4/025/2005) támogatásával végeztük.

IRODALOM

- Anton I. – Kovács K. – Fésüs L. – Várhegyi J. – Lehel L. – Hajda Z. – Polgár J. P. – Szabó F. – Zsolnai A. (2008): Effect of DGAT1 and TG gene polymorphism on intramuscular fat and milk production traits in different cattle breeds in Hungary. *Acta Vet. Hun.*, 56. 181–186.
- Cases, S. – Smith, S.J. – Zheng, Y.W. – Myers, H.M. – Lear, S.R. – Sande, E. – Novak, S. – Collins, C. – Welch, C.B. – Lusi, A.J. (1998): Identification of a gene encoding an acyl CoA:diacylglycerol acyltransferase, a key enzyme in triacylglycerol synthesis. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 95. 13018–13023.
- Coleman, R. A. – Lewin, T. M. – Muoio, D. M. (2000). Physiological and nutritional regulation of enzymes of triacylglycerol synthesis. *Annu. Rev. Nutr.*, 20. 77–103.
- Csapó J. – Csapóné K. Zs. (2007): *Biokémia állattenyésztőknek*. Mezőgazda Kiadó, Budapest, 225–226. 334–335.
- Grisart, B. – Coppieters, W. – Farnir, F. – Karim, L. – Ford, C. – Berzi, P. – Cambisano, N. – Mni, M. – Reid, S. – Simon, P. – Spelman, R. – Georges, M. – Snell, R. (2002): Positional candidate cloning of a QTL in dairy cattle: identification of a missense mutation in the bovine DGAT1 gene with major effect on milk yield and composition. *Genome Res.*, 12. 222–231.
- Husvéth F. (2000): *A gazdasági állatok élettana az anatómiai alapjaival*. Mezőgazda Kiadó, Budapest, 589–590.
- Kaupe, B. – Winter, A. – Fries, R. – Erhardt, G. (2004): DGAT1 polymorphism in *Bos indicus* and *Bos taurus* cattle breeds. *J. Dairy Res.*, 71. 182–187.
- Lehner, R. – Kuksis, A. (1996). Biosynthesis of triacylglycerols. *Prog. Lipid. Res.*, 35. 169–201.
- Smith, S. J. – Cases, S. – Jensen, D. R. – Chen, H. C., – Sande, E. – Tow, B. – Sanan, D. A. – Raber, J. – Eckel, R. H. – Farese, R. V., Jr. (2000): Obesity resistance and multiple mechanisms of triglyceride synthesis in mice lacking Dgat. *Nat. Genet.*, 25. 87–90.
- Spelman, R. J. – Ford, C. A. – McElhinney, P. – Gregory, G. C. – Snell, R. G. (2002): Characterization of the DGAT1 gene in the New Zealand dairy population. *J. Anim. Sci.*, 85. 3514–3517.
- Strzalkowska, N. – Siadkowska, E. – Sloniewski, K. – Krzyzewski, J. – Zwierzchowski, L. (2005): Effect of the DGAT1 gene polymorphism on milk production traits in Black-and-White (Friesian) cows. *Anim. Sci. Pap. Rep.*, 23. 189–197.

- Thaller, G. – Kühn, C. – Winter, A. – Ewald, G. – Bellmann, O. – Wegner, J. – Zühlke, H. – Fries, R. (2003): DGAT1, a new positional and functional candidate gene for intramuscular fat deposition in cattle. *Anim. Genet.*, 34. 354–357.
- Winter, A. – Kramer, W. – Werner, F. – Kollers, S. – Kata, S. – Durstewitz, G. – Buitkamp, J. – Womack, J. – Thaller, G. – Fries, R. (2002): Association of a lysine-232/alanine polymorphism in a bovine gene encoding acyl-Co A: diacylglycerol acyltransferase (DGAT1) with variation at a quantitative trait locus for milk fat content. *Proc. Nat. Acad. Sci. USA*, 99. 9300–9305.
- Zsolnai A. – Anton I. – Kühn C. – Fésüs L. (2003) Detection of single-nucleotide polymorphisms coding for three ovine prion protein variants by primer extension assay and capillary electrophoresis. *Electrophoresis*, 24. 634–638.

Érkezett: 2010. 03. 29.

Szerzők címe: Farkas Valéria – Szabó Ferenc – Polgár J. Péter
 Authors' address: Pannon Egyetem GMK
 University of Pannonia, Georgikon Faculty of Agriculture
 Deák F. u. 16., 8360 Keszthely, Hungary
 e-mail: valiafarkas@freemail.hu

Holló Gabriella
 Kaposvári Egyetem, Állattudományi Kar
 University of Kaposvár, Faculty of Animal Sciences
 Guba S. u. 40., 7400 Kaposvár, Hungary

Anton István – Kovács Katalin – Zsolnai Attila
 Állattenyésztési és Takarmányozási Kutatóintézet
 Research Institute for Animal Breeding and Nutrition
 Gesztenyés u. 1., 2053 Herceghalom, Hungary