

Szent István Egyetem
Állatorvos-tudományi Doktori Iskola

**A magyar szürke szarvasmarha fajta
fenotípusos és genotípusos vizsgálata**

PhD értekezés tézisei

Dr. Maróti-Agóts Ákos

2010

Szent István Egyetem
Állatorvos-tudományi Doktori Iskola

Témavezető:

Dr. Zöldág László egyetemi tanár, DSc

Szent István Egyetem Állatorvos-tudományi Kar

Állattenyésztési, takarmányozástani és laborállat-tudományi intézet

Az értekezés a Dr. Szabó József elnökletével Budapesten
2009. december 12-én tartott munkahelyi vita nyomán nyerte el
végleges formáját.

Készült 20 példányban. Ez a _____. sz. példány.

.....
Dr. Maróti-Agóts Ákos

1. Bevezetés

Jelen értekezés őshonos fajtánk a magyar szürke szarvasmarha küllemét és örökítőanyagát vizsgáltam. A videókép analízis teszméret fölvétel módszerével (VATEM) végzett vizsgálatok alapján vált lehetővé a jelenlegi állomány fenotípusos leírása, a mitokondriális DNS szekvenciáinak alapján a fajta eredetével kapcsolatos információk mellett a magyar szürke mitokondriális sokszínűségét vizsgáltam. Az utolsó vizsgálatban a hőtűrőképességgel kapcsolatba hozható, a magi DNS állományt érintő polimorfizmus (HSP 70.2) vizsgálatán keresztül igyekeztem megmutatni, hogy hogyan válhat fontossá egy régen honosult fajta a klimatikus szempontból változó jövő kihívásaival kapcsolatban.

2. A Magyar szürke szarvasmarha küllemi leírása, és összehasonlítása más podóliai fajtákkal VATEM méretek alapján

Bevezetés és célkitűzés

A magyar szürke szarvasmarhafajta küllemének, testméreteinek leírására az elmúlt évszázadban két alapvetőnek tekinthető munkában került sor Magyar (1941) és Kerékgyártó (1941) közös kutatásaiban majd 1968-ban Bodó Imre vett fel testméreteket Hortobágyon. Az azóta eltelt negyven év tenyésztői munkájának eredményeiről a testméretek vonatkozásában eddig nem voltak adataink. A technológiai fejlődéssel napjainkra lehetővé vált a digitális videofelvétel készítés és a számítógépes képfeldolgozás melyek gyors és olcsó optometriai eljárásokat tesznek alkalmazhatóvá számos területen. Az állat helyett az állatról készült mozgókép megállítása a méréshez még egy szilaj magyar szürke

gulyánál sem igazán veszélyes, ezért fejlesztettem ki az Állatorvos-tudományi Egyetem Állattenyésztési Tanszék munkatársainak ötletén alapuló Videókép Analizálásos Testméretfelvétel (VATEM) módszerét a testméretek felvételére.

A 2000-ben kezdett vizsgálataim célja a következő volt:

- a fajta öt legnagyobb tenyészetének VATEM felvétele és a testméretek meghatározása
- a mért adatok alapján a fajta küllemének leírása, a statisztikai mérőszámok meghatározása
- a jelen állapot fényképes dokumentációjával azt a fajta történeti fordulópontot is rögzíteni kívántam ahonnan a létszám növekedésének köszönhetően az árutermelésre irányuló szelekciós munka is újraindult.

Anyag és módszer

1.táblázat: VATEM-vizsgálatokba bevont, podóliai fajtakörbe tartozó állományok

tenyészet	állomány	felvétel éve	n
Hortobágy	magyar szürke tehének	2000	800
Hortobágy	magyar szürke tehének (ismétlés)	2001	850
Hortobágy	bivalytehének	2001	60
Apaj	magyar szürke tehének	2001	450
Tiszaigar	magyar szürke tehének	2003	280
Bugac	magyar szürke tehének	2004	300
Torre-Mancina, Olaszország	maremman tehének	2004	30
Bandirma, Törökország	anatóliai szürke tehének	2005	120
Sarród	magyar szürke tehének	2006	113
összesen			3003

A módszer alapja az állatokról videokamerával készített mozgókép,

melyet a lépés egy meghatározott pillanatában kimerevítve, standard testhelyzetű képhez jutunk. A megfelelő anatómiai pontokat a képeken kijelölve kapjuk meg a kiválasztott testméreteket cm-ben. Az e célra kifejlesztett szoftver ugyanis a helyszínen rögzített etalon képéhez viszonyítja a kijelölt pontok közötti távolságokat. A szoftver „kimeneti adatbázisának” adatai alkalmasak a statisztikai feldolgozásra.

A módszer ismételhetőségét és hibáját meghatározó számításokat követően a VATEM és a klasszikus módon felvett testméreteket regressziós egyenletek segítségével a főbb testméretek esetében átszámíthatóvá tettük.

Eredmények

A testméretek felvétele után a meghatároztam a fajta és a gulyák testméretének átlagát és statisztikai mérőszámait.

2. táblázat: A teljes vizsgált magyar szürke szarvasmarha állomány VATEM testméretinek statisztikai jellemzői

	n	min.	max.	átlag	szórás	variancia
marmagasság	1090	113,37	149,15	133,11	5,71	32,67
hátközépmagasság	1090	113,86	151,53	131,53	5,76	33,22
farbúbmagasság	1090	113,37	158,90	133,78	6,08	37,03
ferdetörzshossz	1090	125,11	184,47	157,64	9,81	96,29
mellkasmélység	1090	52,40	90,19	76,94	4,35	18,95
törzshossz	1090	115,85	180,90	152,70	10,70	114,57
mellkasszélesség	1090	32,38	64,71	45,52	4,35	18,93
far III	1090	10,53	39,31	24,33	4,59	21,10

A gulyák összehasonlítását diszkriminancia analízissel elvégezve megmutattam a főbb eltéréseket a tenyészetek között.

A feldolgozás során, elsőként az összes egyedet együtt vizsgálva, megállapítottuk a testméretek statisztikai jellemzőit. Ezek a korábban más szerzők által is vizsgált mérőszámok fenotípusosan jellemzik a magyar szürke szarvasmarha állomány jelenleg tenyésztési szempontból legfontosabb részét.

Az állományokat külön-külön vizsgálva meghatároztuk az egyes gulyák testméretekre vonatkozó leíró statisztikai jellemzőit, s ezeket összevetve, gulyánként részleteiben vizsgáltuk az adatokat.

Végül egyutas varianciaanalízis (ANOVA) módszerével vizsgáltuk az állományok különbözőségét, azaz, hogy a testméretek tekintetében kimutatható-e szignifikáns különbség a felmért gulyák között. Eredményeink alapján az ANOVA-tesztben felhasználható testméretek közül az egyes állományokban mindegyik szignifikánsan eltérő.

Következtetések

A fenotípusos felmérés eredményeként kijelenthetjük, hogy a fajta küllemét tekintve a mért adatok statisztikai paramétereinek tükrében sokszínű. A megőrző szelekció céljának megfelelően nem engedte eltűnni a szélsőséget képviselő egyedek génállományát, így azokat az élő állományban is megtalálhatjuk.

3. A magyar szürke szarvasmarha-fajta mitokondriális DNS alapú diverzitás- és fajtaeredeti vizsgálata

Bevezetés és célkitűzés

A mitokondriális örökítőanyag a sejtmagi DNS-től eltérő öröklésmenete miatt az elmúlt időszak filogenetikai kutatásainak egyik leggyakrabban használt eszköze. A csak a nőivarú vonalakon, rekombináció nélkül öröklődő mitokondriális DNS generációk során át követhető nyomon. A mitokondrium DNS-ének nem kódoló szakaszainak mutációs rátája a magi DNS sokszorosa, polimorfizmusai fontos információkat hordoznak az eltérő változatok, haplotípusok leszármazási kapcsolatairól.

A magyar szürke szarvasmarha tehéncsaládjainak, azaz mitokondriális vonalainak vizsgálata több kérdésre is választ adhat. Elsősorban a fajta eredetével kapcsolatos elméletek közül segítheti a legvalószínűbb kiválasztását új molekuláris, populációgenetikai összefüggések föltárásával. Továbbá választ adhat egy hasonlóan fontos kérdésre a genetikai diverzitás mértékének megállapítására, amely felmérhetővé teszi az 1960-as évek palacknyak hatásának genetikai következményeit.

Vizsgálataim célja a következő volt:

- a magyar szürke szarvasmarha törzskönyv alapján a tehéncsaládok számbavétele, azaz az élő és kihalt családok felrajzolása az élő állomány mitokondriális vonalakba való besorolása
- a mintavételi a mitokondriális DNS öröklésmenetéhez igazodó módszerének kidolgozása a legteljesebb reprezentáció céljával

- a minták nem kódoló mitokondriális D-hurok szekvenciáinak megállapítása
- a kapott szekvenciák besorolása haplocsoportokba
- a mtDNS diverzitás értékek megállapítása
- a lehetséges filogenetikai összefüggések feltárása, különös tekintettel a fajta eredetével kapcsolatos elméletekre

Anyag és módszer

Vizsgálatomban főként a hortobágyi és bugaci magyar szürke szarvasmarha állományból származó mintákat vizsgáltam (n=80). Az alapító (founder) tehén nőivarú utódainak feltérképezésével minden véletlenszerűen kiválasztott tehéncsaládból, azaz lehetséges mtDNS haplotípusból csak egyet vizsgáltam a minta reprezentációjának maximalizálása érdekében.

A reakcióhoz a mitokondriális D-hurok teljes hipervariábilis részét körülfogó primerpárt terveztem, majd belső szekvenáló primerpárral végeztem el a kétirányú szekvenálást.

A rokon és más fajtákkal valamint az archaikus mintákkal való összehasonlításhoz felhasznált szekvenciákat a GenBank-ből töltöttem le.

Eredmények

A kapott szekvenciákat elemezve a diverzitásra vonatkozó eredményeket a 3. táblázatban foglaltam össze.

3. táblázat: A vizsgálati minta mitokondriális DNS szekvenciáinak statisztikai alap adatai (n=80)

variábilis pozíciók száma:	40
összes mutáció száma:	41
G+C nukleotidok aránya (401 sites):	0,389
Haplotípusok száma, h:	37
Haplotípus diverzitás értéke, Hd:	0,854
A haplotípus diverzitás varianciája:	0,00138
A haplotípus diverzitás standard hibája :	0,037
Nukleotid diverzitás (pozíciókénti), Pi:	0,00621
a nukleotid diverzitás szórása a mintában:	0,0000004
a nukleotid diverzitás standard szórása a mintában:	0,00063
A nukleotid különbségek átlagos száma a mintában, k:	2,49074

4. táblázat: A magyar szürke és kontinensenként csoportosított bos taurus fajták egymástól számított genetikai távolsága (átló feletti értékek) és az ezekhez tartozó p értékek (átló alatti értékek) (msz: magyar szürke, podóliai: romagnola, chinanina, maremmana, eu: európai fajták, archa: régészeti minták, K-kelet: közel-keleti fajták, afrika: afrikai fajták, ázsia: ázsiai fajták)

	msz	podoliai	eu	archa	k-kelet	afrika	ázsia
msz	0	0.05229	0.01450	0.11308	0.06995	0.55987	0.13777
podolia	0.00000	0	0.01611	0.09911	0.01682	0.37888	0.12233
eu	0.00198	0.00198	0	0.20873	0.04673	0.42557	0.16660
archa	0.00000	0.00000	0.00000	0	0.11734	0.24550	0.15740
k-kelet	0.00000	0.00430	0.00000	0.00000	0	0.32629	0.11641
afrika	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0	0.21259
ázsia	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0

Következtetések

Eredményeim alapján a magyar szürke szarvasmarhafajta

mitokondriális szinten tapasztalható diverzitása, amely közvetlenül vonatkoztatható a palacknyak-időszak állományára, az irodalmi adatok alapján átlagosnak, azaz elegendően változatosnak tekinthető. A haplotípusok statisztikai elemzése alapján a palacknyak-időszak élőállományában is kimutatható volt a nagymértékű létszámcsökkenés mitokondriális szintű jele. Valószínűsíthetően a fajtaváltás, majd a két világháború súlyos nyomait viselte már akkor is a fajta. A populációk közötti genetikai távolságot először a podóliai fajtacsoporton belül vizsgálva jutottam arra az eredményre, hogy a magyar szürke a podóliai fajtcsoport GENBANK-ban található mintái közül leginkább a romagnola, legkevésbé a görög szürke fajtára hasonlít. Az összes felelhető szarvasmarha fajta mtDNS szekvenciával történő összehasonlítás alapján legtávolabb az afrikai, majd az ázsiai fajtától van. Az őstulok szekvenciáktól számított genetikai távolsága a felvázolt legújabb elméletnek megfelelően nagyobb, mint a legközelebb álló európai, majd podóliai, és a Közel-keleti fajtáktól számított. Az utóbbi tény arra utal, hogy egy másik közel keleti őst lehetett az európai fajták domesztikációs őse és nem a kihalt európai őstulok. Végül a lehetőségek számbavételével a magyar szürke szarvasmarha eredetével kapcsolatban az adatok legvalószínűbben egy a Neolitikum végén érkező, háziasított, keleti eredetű kárpát-medencei állománytól való mitokondriális származásra utalnak. Ez az állomány fenotípusában az archeozoológiai adatok alapján eltért a „modern” nagyszarvú fajtától. A fenotípus változásának lehetséges idejét egy az időben visszafelé kis lépésekkel haladó, a történeti korokat folyamatos lépésekkel lefedő archeozoológiai leletekre alapozott vizsgálat volna képes pontosítani. A tény, hogy a

szarvméretre való szelekció viszonylag egyszerű és ennek öröklődhetősége magas valószínűsíti azt a lehetőséget, hogy viszonylag rövid idő alatt jelent meg a hosszú szarv. A hosszú szarv jelentősége mint áruvédjegy letagadhatatlan, hiszen például a mai napig áll Nürnbergben a magyar ökör szobra is, amelyet még fekvő helyzetében is messziről felismerhetünk a jellegzetes szarváról.

A magyar szürke szarvasmarha a többi európai szarvasmarhafajtákkal történő összevetésben mitokondriális vonatkozásban, nem tekinthető unikális fajtának.

4. A HSP 70.2 hősokkfehérje promóter régiójának vizsgálata a magyar szürke szarvasmarha fajtában

Bevezetés

A globális klímaváltozás a közeljövő állattenyésztésének egyik legnagyobb kihívása. Az elmúlt évtizedek meteorológiai adatainak elemzése és hosszú távú klímamodellek hazánkra vonatkozó adataiból kitűnik, hogy az elkövetkező évtizedekben a jelenlegi alacsony hőtűrésű fajtákkal csak komoly kockázatok mellett lehet termelni.

A tartástechnológiai átalakítások mellett a hőtűrő fajták bevezetése az alkalmazkodás legkézenfekvőbb formája.

A hőstresszhez való alkalmazkodás különböző szintű folyamatai sokat kutatott területe az élettannak. A sejtszintű alkalmazkodásban fontos szerepet játszanak a hősokk-fehérjék (Heat Shock Protein, HSP), amelyeknek sok eltérő feladatot ellátó csoportja van. A HSP 70.2 fehérje szintézisét a hőstresszt jelentő környezeti körülmények (hőmérséklet – páratartalom index, THI > 68)

megsokszorozzák. Szarvasmarhában a HSP70.2 fehérjét kódoló génszakaszról történő mRNS átíródást szabályozó promóter régió polimorfizmust, változatosságot mutat. A vad allél hatására szignifikánsan több, míg a mutáns allél jelenlétekor kevesebb mRNS képződik. Ennek hatása a képződő fehérje mennyiségére pozitív korrelációt mutat, így feltételezhető, hogy a vad típusú allél gyorsabb és hatékonyabb alkalmazkodást eredményezhet a hőstresszes időszakokban. A fentieket alátámasztó irodalmi adatok a húshasznú szarvasmarhá esetében a vad típusú allélnak tulajdoníthatóan nagyobb választási súlyokat figyeltek meg és a tejparaméterek változására gyakorolt hatását írták le

Jelen kutatásban célul tűztük ki, hogy megállapítsuk a HSP 70.2 hőshockfehérje promóter régiójának működését befolyásoló irodalmi adatok alapján polimorfizmust mutató szakaszán előforduló allélok gyakoriságát reprezentatív minta alapján a magyar szürke szarvasmarhában. A további vizsgálatok irányának kijelölése érdekében a norvég vörös szarvasmarh-fajta egy kisebb mintáját is genotipizáltuk.

Anyag és módszer

A Magyar szürke szarvasmarha fajtát évszázadok óta tenyésztik hazánkban. A fajta tenyészközpontjaként számontartott Hortobágy a mai napig a legfontosabb tenyészállat előállító, bikanevelő állománynak ad otthont. Vizsgálatunkhoz 253 hortobágyi egyedről vett vérmintát használtunk. A minta reprezentativitását a törzskönyvi adatbázis alapján elvégzett válogatás, majd véletlenszerű kijelölés biztosította. Mintakijelölésnél minden fontosabb bikavonalból és tehéncsaládból válogattunk 3 generáción belül 1 közös ősnél többel

nem rendelkező egyedeket.

Mintánkba külső csoportként, kontroll csoportként teljesen eltérő klimatikus körülmények között, skandináviában kitenyésztett tejhasznú szarvasmarha fajtát választottunk. A norvég vörös szarvasmarha-fajtát (NFR) 1935-ben őshonos norvég fajták (Telemark, Trønderfe, Rødkolle) és Svéd Vörös, Finn Ayrshire fajták keresztezésével hozták létre, egy megbízható termelésű tejhasznú fajta kitenyésztésének céljával. 20 NFR mintát használtunk a norvégiai Kysnes-gard farmról. A válogatás szempontja ebben az esetben a 2 generáción belül fellelhető legfeljebb egy közös ős volt.

A HSP 70.2 gén rutinszerű genotipizálását PCR-RFLP módszerrel végeztük, amelyben az első lépés fentebb leírt PCR reakciójában a kérdéses szakasz nem specifikus felszaporítása után specifikus restriktív endonukleáz enzimmel végzett emésztés után végzett elektroforézis során alakul ki az úgynevezett restriktív mintázat (hosszúság polimorfizmus) amely alapján az egyed genotípusa meghatározható

Az eredmények statisztikai elemzését az R statisztikai szoftver (R Development Core Team 2003) Hardy-Weinberg (Graffelman 2008) elemző csomagja segítségével végeztük el.

Eredmények

A DNS tisztítás az összes vizsgálatba vont minta esetében sikeresen volt, a teljes DNS hozamok 30 µl-ben 1 és 10 ng/µl közöttiek voltak. A DNS mintákkal végzett PCR reakciók minden esetben sikeresek voltak, az összes termék azonos (539 bp) hosszúságú volt.

A vizsgálat során 5 minta PCR termékének szekvenálását végeztük

el. A sikeres szekvenálást követően a kapott bázissorrendek vizsgálata igazolta a reakció specifikusságát, azaz, hogy a PCR termékek valóban a kérdéses genomi szakaszt tartalmazzák.

Az elvégzett, ismétlésekkel együtt 280 PCR-RFLP vizsgálat mind a 273 egyed esetében egyértelmű eredményt adtak, amelyet az alábbi táblázatban foglaltunk össze.

Táblázat 34: Az elvégzett genotipizálás alapján számított allélgyakoriságok fajtánként.

fajta	wt/wt (n)	wt/AP2 (n)	AP2/AP2 (n)	p(wt)	q(AP2)
Magyar szürke	201	48	4	0,859419	0,140580
Norvég vörös	6	8	6	0,5	0,5

Mintáinkat a kapott eredmények tükrében a Hardy-Weinberg egyensúly fennállásának szempontjából is teszteltük. A tesztelés eredménye mindkét minta esetében a Hardy-Weinberg egyensúly fennállását jelezte.

Következtetések

A magyar szürke szarvasmarha-fajtában a nagyobb mennyiségű mRNS szintézist lehetővé tevő vad típusú allél gyakorisága nagyon közel van a teljes fixáltság eléréséhez, azaz szinte teljesen kiszorította a mutáns allélváltozatot. A természetes szelekció folyamatai során jól ismert egy-egy nem előnyös mutáció eltűnése a természetes populációkból. A fixált allélváltozatok egyértelműen jelzik az adott allél fitnesszre gyakorolt pozitív hatását.

Esetünkben a vizsgált őshonos magyar fajta tenyésztése évszázadok óta folyik külterjes módon a hőstressz szempontjából

erősen kitett Hortobágyi tenyészcentrumban. A vemhesülési problémák és a szoptatási időszakban elégtelen tejmennyiség, amelyek háttérében a hőstressz állhat, fontos szempontja a legkorábbi időktől a tenyésztési-, mesterséges szelekciónak. A szelektációs nyomás, azaz a folyamatosan jelentkező hőstressz periódusok feltételezhetően elősegítették az adaptációt, azaz a vad allél gyakoriságának növekedését a fajtában.

Az állattenyésztés szelektációs folyamatai a természetes populációkban lezajló változásokkal nem mindig jellemezhetőek. A tenyészcélban kicsúcsosodó szelektációs irány, szelektációs cél sokszor a klasszikus értelemben vett fitness rovására növeli meg egyes allélok gyakoriságát például kapcsolt helyzetben lévő gének esetében.

Annak érdekében, hogy ezen hibás következtetések levonását eredményező tényezőket kiküszöböljük, terveink között szerepel egy nagymintás vizsgálat végrehajtása az őshonos norvég szarvasmarhafajták és az NFR fajta bevonásával. Elképzelésünk szerint a hőstressznek nem kitett területeken kitenyésztett fajták esetében az allélgyakoriságok szintjén a hiányzó szelektációs nyomás hatására észlelhető eltérések valószínűsíthetőek.

Jelen vizsgálatban a fenti elképzelés előzetes tesztelésre a norvég vörös fajta kisméretű mintáján elvégzett genotipizálás eredménye ezt az elképzelést alátámasztani látszik, mert az NFR fajtában a két allél gyakorisága megegyezik.

Új tudományos eredmények

A magyar szürke szarvasmarha fenotípusos és mitokondriális alapú genotípusos vizsgálata során a következő új tudományos eredményeket értem el:

1. A VATEM módszer létrehozásával külterjesen tartott állományok testméret-felvételének, könnyen szállítható, biztonságosan használható eszközét (tárgyi eszközök, számítógépes szoftver) fejlesztettem ki.
2. A magyar szürke szarvasmarha öt legnagyobb a fajta szempontjából legfontosabb tenyészetében a 2-évnél idősebb tehenekről videofelvételt készítettem és testméreteiket meghatároztam. A képanyag archiválását könnyen visszakereshető módon oldottam meg.
3. Olaszországi maremman és törökországi török szürke állományok testméret-felvételezésével a podóliai fajtakör legnyugatibb és legkeletibb képviselőjének testméreteit is meghatároztam.
4. A magyar állományra majd az egyes gulyákra valamint a külföldi állományokra vonatkozó testméretek statisztikai feldolgozásával hasonlítottam össze a fajtakör fajtáit.
5. A mitokondriális alapú fajtaeredeti vizsgálatokhoz igazodó, új, részletesen meghatározott mintavételi stratégia kialakítása (founder sampling). Founder mintázás alkalmazása a magyar szürke szarvasmarha tehéncsaládok azonosítása után az élő állományból.
6. A magyar szürke szarvasmarha 80 tehéncsaládjának mitokondriális D-hurok szekvenciájának megállapítása és közzététele a GenBank-ban (elérési számok: EU982211 - EU982290) A fajta mitokondriális diverzitásának megállapítása.

7. A fajta eredetével kapcsolatos hipotézisek értékelése a mitokondriális DNS vizsgálatok eredményeinek tükrében, a közös európai szarvasmarha ősből történt helyi kitenyésztés elméletének valószínűsítésével.
8. A magyar szürke szarvasmarha és más szarvasmarha fajtáktól számított genetikai távolságának megállapítása GenBank-i és saját adatok alapján
9. A HSP 70.2 hősokk fehérjét kódoló gén felső promoter szakasz allélváltozatainak gyakoriságának megállapítása a magyar szürke szarvasmarha fajtában.

Tudományos közlemények

Folyóiratokban megjelent / közlésre elfogadott, lektorált, teljes szövegű tudományos közlemények, angol nyelven

Maróti-Agóts Á., Bodó I., Jávorka L., Gyurmán Alice, Solymosi N., Zenke Petra, Skogseth Marita, Zöldág L.: Possible genetic sign of heat stress adaptation in Hungarian Grey Bos taurus breed.
Acta Biologica Hungarica submitted for publication

Maróti-Agóts Á., Bodó I., Jávorka L., Gyurmán A., Zenke P., Egyed B., A. M. Choyke, Bartosiewicz L., Zöldág L.: Genetic diversity and origins of the Hungarian Grey cattle breed based on mitochondrial D-loop sequence variation
Journal of Applied Genetics submitted for publication

Solymosi N., Kern Anikó, **Maróti-Agóts Á.**, Horváth L. and Erdélyi K.: Tety: an easy to use tool for extracting climatic parameters from tyndall data sets
Environmental Modelling & Software 2007

Solymosi N, Torma C, Kern A, **Maróti-Agóts A**, Barcza Z, Könyves L, Berke O, Reiczigel J.: Changing climate in Hungary and trends in the annual number of heat stress days.
J.Int J Biometeorol. 2010 Jan 8.

Zenke P, **Maroti-Agots Á**, Padar Z, Zoldag L. Characterization of the wilms-tf microsatellite marker in hungarian dog populations
Acta Biologica Hungarica Vol. 60 Issue: 3 Pages: 329-332 2009

Folyóiratokban megjelent / közlésre elfogadott, lektorált, teljes szövegű tudományos közlemények, magyar nyelven

Zenke P, **Maróti-Agóts Á**, Pádár Zs, Gáspárdy A, Komlósi I, Zöldág L.: Adatok a kutyaállományok beltenyésztettségének értékeléséhez.

Magyar Állatorvosok Lapja 129: (8) pp. 484-489
Silvia M, Jozef T, Monika, Jan B, **Maroti-Agots A**, Massanyi P,
Zoldag L.: Genetic structure and variability of IGF2 gene in domestic
pig breeds and wild boar in Slovakia
Magyar Allatorvosok Lapja Volume: 132 Issue:2, 2010

Mindekova S, Trakovicka A, Trandzik J, Buleca J, **Maroti-Agots A**,
Jakabova D, Massanyi P, Zoldag L.:Correlation of pig LEPR and H-
FABP parental genotypes with fat content of meat in offsprings
Magyar Allatorvosok Lapja Volume:132 Issue:1, 2010

Zidek R, Jakabova D, Trandzik J, Gralak B, Burocziova M, Buleca J,
Maroti-Agots A, Peter M, Dvorak J, Riha J, Laszlo Z.:Diversity
analysis of Hucul horse population based on molecular genetic data
Magyar Allatorvosok Lapja Volume: 131 Issue: 11 2009

Zidek R, Trandzik J, Buleca J, **Maroti-Agots A**, Jakabova-Satkova
D, Bulla J, Zoldag L.: Application of conventional microsatellite
markers and quantitative trait loci in porcine genetic research
Magyar Allatorvosok Lapja Volume: 131 Issue: 10 2009

Reiczigel J., Solymosi N., Könyves L., **Maróti-Agóts A.**, Kern A. és
Bartyik J.: A hőstressz okozta tejtermelés-kiesés vizsgálata
hőmérséklet-páratartalom indexek alkalmazásával.
Magyar Állatorvosok Lapja Vol.131 Issue 3 2009

Maróti-Agóts Á., Markó A., Zöldág L.: Macskák polycystás
vesebetegségének (PKD) meghatározása módosított molekuláris
diagnosztikai eljárással
Magyar Állatorvosok Lapja Vol.130 Issue 4 2008 205 pp.

**Tudományos konferenciákon bemutatott poszter vagy szóbeli
közlés:**

Solymosi N., **Maróti-Agóts, Á.** Ózsvári L., Könyves L., Horváth L.,
Kern A.:Region specific heat stress forecast for cattle production

based on climate change scenarios,
GISVET'07, Copenhagen, Denmark, 2007, oral presentation

Maróti-Agóts A., Bodó I., Jávorka L., Gera I. Comparison of body measurements of Hungarian Grey and Maremman cattle breed.
2005 World Congress of Italian Beef Cattle Breeds, Gubbio, Italy, oral presentation

Maróti-Agóts, Á., Bodó, I., Solymosi, N., és Zöldág, L.:Phylogenetics of the hungarian grey cattle breed based on mitochondrial DNA.
XXV. World Buiatrics Congress, Budapest, Hungary. , 2008 oral presentation

Reiczigel, J., Solymosi, N., Könyves, L., **Maróti-Agóts, Á.**, Kern, A
Estimation of the effect of heat stress on milk production.
Deutsche Veterinärmedizinische Gesellschaft, Graz, Austria, oral presentation 2008

Horváth, L., Solymosi, N., Kern, A., **Maróti-Agóts, Á.**, és Erdélyi, K.:TETYN: An easy to use tool for extracting climatic parameters from Tyndall data sets.
In World Conference on Agricultural Information an IT, Joint Conference of IAALD, AFITA and WCCA, Tokyo, Japan. 2008 poster

Solymosi, N., **Maróti-Agóts, Á.**, Könyves, L., Kern, A., és Berke, O.,
Climate change scenarios and the projection of geographic risk for heat stress in hungarian dairy cattle
XXV. World Buiatrics Congress, Budapest, Hungary. 2008 poster

Maróti-Agóts, A., Ratkóczy O., Jávorka L., Szabára L. Bodó I.:
Analysis of external characteristics of the native Hungarian Grey Cattle Breed
52th Annual Meeting of the European Association for Animal Production 2001 Budapest, Hungary, poster

Maróti-Agóts, Á., Zöldág, L., Solymosi, N., és Egyed, B.: Effect of different sampling methods on cattle mtDNA phylogenetic studies. In 59th Annual Meeting of the European Association for Animal Production, Vilnius, Lithuania., 2008poster

Maróti-Agóts, Á., Bodó, I., Zöldág, L: Phenotypical description of present Hungarian Grey cattle breed by Video Aided Measurement method
59th Annual Meeting of the European Association for Animal Production, Vilnius, Lithuania, 2008 poster

Köszönetnyilvánítás

Köszönöm témavezetőmnek, Prof. Dr. Zöldág Lászlónak, az Állattenyésztési és Genetikai Osztály vezetőjének, hogy munkám során mindvégig támogatott, és tudományos eredményeim közlésében segítően közreműködött.

Köszönöm Prof. Dr. Szabó Józsefnek és Dr. Hullár Istvánnak, a SZIE ÁOTK Állattenyésztési, Takarmányozástani és Laborállattudományi Intézet volt és jelenlegi vezetőjének folyamatos figyelmüket, támogatásukat.

A molekuláris genetikai technikákat Bakonyi Tamástól tanultam, aki hallgatóként nagy bizalommal és türelemmel fogadott.

Solymosi Norbert baráti tanácsai a statisztikai és módszertani fejezetekben jelentettek értékes segítséget.

Közvetlen munkatársaimnak Zenke Petrának, Egyed Baláznak, Pádár Zsoltnak türelmüket és segítségüket a labormunkában.

Nem utolsósorban köszönöm az Intézet összes munkatársának a kitartó türelmüket.